

گزینش چندصفتی لاین‌های پیشرفته امیدبخش کلزا با استفاده از شاخص انتخاب ژنوتیپ مطلوب

امیر قلی‌زاده^۱، حسن امیری اوغان^{۲*}، ولی‌اله رامنه^۳، کمال پیغام‌زاده^۴، بهنام بخشی^۵، بهرام علیزاده^۶، سید علیرضا دلیلی^۶، شهریار کیا^۷ و فرناز شریعتی^۷

۱- استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان

۲- دانشیار، بخش تحقیقات دانه‌های روغنی، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج

۳- دانشیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مازنداران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری

۴- استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی سیستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، زابل

۵- استاد، بخش تحقیقات دانه‌های روغنی، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج

۶- استادیار، بخش تحقیقات گیاه‌پزشکی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مازنداران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری

۷- استادیار، بخش تحقیقات دانه‌های روغنی، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۳/۱۹ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۶/۰۱)

چکیده

وجود تنوع ژنتیکی برای تداوم و پیشرفت برنامه‌های به‌نژادی گیاهان زراعی و افزایش کارایی انتخاب ضروری است. در این مطالعه تعداد ۱۹ لاین پیشرفته امیدبخش (نسل F7) به همراه دو رقم دلگان و RGS003 در سه ایستگاه تحقیقاتی (گرگان، ساری و زابل) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در سال زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹ مورد ارزیابی قرار گرفتند. بالاترین ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی به ترتیب برای صفات تعداد شاخه‌های فرعی و تعداد خورجین در بوته به دست آمد. بیشترین درصد وراثت‌پذیری عمومی به ترتیب مربوط به روز تا پایان گلدهی و روز تا گلدهی بود و کمترین مقدار وراثت‌پذیری به ارتفاع بوته اختصاص داشت. ژنوتیپ‌های G16، G18، G15، G1، G2، G5 و G20 با داشتن مقدار شاخص انتخاب ژنوتیپ مطلوب SIIG (Selection index of ideal genotype) بالا و همچنین عملکرد دانه بالاتر از میانگین، به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و سایر صفات زراعی شناخته شدند و می‌توان از آن‌ها برای انجام آزمایش‌های بیشتر از جمله آزمایش سازگاری استفاده نمود. همچنین نتایج تجزیه به عامل‌ها و ضرایب همبستگی ژنتیکی نشان‌دهنده ارتباط مثبت صفات تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد خورجین در بوته و تعداد دانه در خورجین با عملکرد دانه بود. به‌طور کلی می‌توان نتیجه گرفت که صفات تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد خورجین در بوته و تعداد دانه در خورجین می‌توانند به‌عنوان شاخص‌های مناسب در برنامه‌های به‌نژادی برای انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا در کلزا مورد استفاده قرار گیرند.

واژگان کلیدی: ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی، همبستگی ژنتیکی، عملکرد دانه، کلزا، لاین پیشرفته امیدبخش

* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: amirioghan@spii.ir

مقدمه

کلزا یکی از مهم‌ترین گیاهان دانه‌روغنی می‌باشد که با داشتن ویژگی‌هایی از قبیل سازگاری بالا با شرایط آب‌وهوایی متنوع، دارا بودن ژنوتیپ‌های پاییزه و بهاره، کنترل علف‌های هرز، ارزش تناوبی بالا، عملکرد روغن بالا و تأمین کنجاله و سوخت‌های زیستی از اهمیت بالایی برخوردار است (Alizadeh et al., 2019). با توجه به این ویژگی‌های خاص، تولید کلزا در کشور باید افزایش یابد. از طرف دیگر به دلیل وجود محصولات رقیب و محدودیت اراضی زراعی، تولید کلزا با چالش مواجه است. یکی از راه‌حل‌های موثر در افزایش تولید کلزا، افزایش عملکرد در واحد سطح با کشت ژنوتیپ‌های پرمحصول خواهد بود (Alizadeh et al., 2021). بنابراین به‌نژادگران کلزا باید به دنبال اصلاح و تولید ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه بالا باشند. از طرف دیگر عملکرد یک صفت کمی است که به دلیل وراثت پیچیده و برهمکنش ژنوتیپ و محیط، ممکن است که انتخاب صرفاً بر اساس عملکرد از کارایی بالایی برخوردار نباشد (Gholizadeh and Dehghani, 2016). عملکرد دانه در کلزا ناشی از اثرات تجمعی اجزای متشکله و برهمکنش آن‌ها است. 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., 2021b). بنابراین ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های کلزا باید بر مبنای مجموعه‌ای از صفات و اجزای عملکرد صورت گیرد.

ارزیابی ژنوتیپ‌ها با استفاده از مجموعه‌ای از صفات، احتمال پیدا کردن ژنوتیپ‌های مطلوب را افزایش می‌دهد. شاخص انتخاب ژنوتیپ مطلوب (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). به کمک روش SIIG، تمام شاخص‌ها و صفات به صورت یک شاخص درآمده و در نتیجه رتبه‌بندی و تعیین ژنوتیپ‌های برتر بسیار راحت‌تر می‌شود. از جمله مزیت‌های این روش آن است که صفات یا شاخص‌های به کار رفته برای مقایسه می‌توانند دارای واحدهای سنجش متفاوتی بوده و طبیعت منفی و مثبت داشته باشند (Najafi Mirak et al., 2018). از روش شاخص انتخاب ژنوتیپ مطلوب (SIIG) در کلزا (Abdollahi et al., 2016, 2019; Zali et al., 2020; Hesar et al., 2020)، گندم نان (Tahmasebi et al., 2018)، جو (Karimizadeh et al., 2020; Zali and Barati, 2020)، گندم دوروم (Gholizadeh et al., 2021) و آفتابگردان (Gholizadeh et al., 2021) برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها بر اساس مجموعه‌ای از صفات یا شاخص‌ها استفاده شده است.

تجزیه به عامل‌ها یکی از روش‌های آماری چندمتغیره است که به منظور دسته‌بندی صفات، تعیین میزان اهمیت و ارتباط هر یک از آن‌ها در ایجاد تغییرات کل داده‌ها و شناسایی صفات موثر بر عملکرد مورد استفاده قرار می‌گیرد. تشخیص صفات موثر 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 and 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 ژرم‌پلاس و گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب سودمند باشد. بنابراین این تحقیق به منظور بررسی تنوع ژنتیکی و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر کلزا بر اساس عملکرد و صفات زراعی و همچنین تعیین روابط بین صفات با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره (شاخص SIIG و تجزیه به عامل‌ها) انجام شد.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه، تعداد ۱۹ لاین (F7) امیدبخش بهاره کلزا به همراه دو رقم دلگان و RGS003 در ایستگاه‌های تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، ساری و زابل در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در سال زراعی (۱۴۰۰-۱۳۹۹) مورد ارزیابی قرار گرفتند. نام و مبداء ژنوتیپ‌ها در جدول ۱ و برخی مشخصات اقلیمی مناطق اجرای آزمایش در جدول ۲ بیان شده است. هر کرت آزمایشی شامل چهار ردیف پنج‌متری با فاصله بین ردیف‌های ۳۰ سانتی‌متر بود. کشت به‌صورت جوی و پشته و آبیاری نشتی انجام شد. کشت بر اساس دستورالعمل کشت کلزا در تاریخ‌های توصیه شده برای هر منطقه انجام شد. عملیات تهیه زمین شامل شخم، دیسک (جهت خرد کردن کلوخه‌ها) و ماله (جهت تسطیح) بود و بر اساس نتایج آزمون خاک اقدام به کود دهی شد. پس از آماده‌سازی زمین بر اساس نتایج آزمون خاک، مقدار پتاسیم و فسفر موردنیاز به ترتیب از منابع کودی سولفات پتاسیم و سوپرفسفات تریپل قبل از کاشت به زمین داده شد. کود ازته از منبع اوره نیز به‌صورت سرک در سه مرحله کاشت، شروع ساقه‌رفتن و زمان ظهور اولین غنچه‌های گل مصرف شد. در طول فصل رشد و نمو عملیات زراعی به طور مرتب انجام شد و از سموم سیستمیک دیماکارون (نیم لیتر در هکتار) و اکاتین (یک لیتر در هکتار) برای کنترل شته مومی کلم استفاده شد.

به‌منظور ارزیابی صفات گیاهی شامل ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، طول خورجین (سانتی‌متر)، تعداد شاخه فرعی، تعداد خورجین در بوته، تعداد دانه در خورجین و وزن هزار دانه (گرم) در پنج بوته از هر ژنوتیپ به طور تصادفی یادداشت‌برداری و میانگین‌گیری شد. پس از رسیدگی محصول، جهت اندازه‌گیری عملکرد دانه، تمام بوته‌های کرت با کمباین مخصوص آزمایش‌های برداشت شدند و دانه‌های به دست آمده با ترازوی دقیق توزین گردید و پس از تبدیل، به عنوان عملکرد دانه در واحد سطح (کیلوگرم در هکتار) محاسبه شد. صفات روز تا شروع گلدهی (بر حسب تعداد روز از اولین آبیاری تا ۱۰ درصد

گلدهی بوته‌های هر کرت)، روز تا پایان گلدهی (بر حسب تعداد روز از اولین آبیاری تا ۹۰ درصد گلدهی بوته‌های هر کرت)، طول دوره گلدهی (بر حسب تفاضل صفات روز تا پایان گلدهی و روز تا شروع گلدهی) و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک (بر حسب تعداد روز از اولین آبیاری تا تغییر رنگ ۵۰ درصد خورجین‌های ساقه اصلی) نیز یادداشت‌برداری گردید.

تجزیه و تحلیل آماری: ابتدا نرمال بودن داده‌ها از طریق آزمون کولموگوروف-سمیروف (Kolmogorov-Smirnov) با نرم افزار SPSS 19 (SPSS, 2010) ارزیابی شد. سپس به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بر اساس همه صفات مورد مطالعه، از شاخص SIIG (Zali et al., 2015, 2016) استفاده شد. نحوه محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ مطلوب (SIIG) به شرح ذیل است: **تشکیل ماتریس داده‌ها:** با توجه به تعداد ژنوتیپ‌ها و تعداد صفات مختلف، ماتریس داده‌ها به‌صورت رابطه (۱) تشکیل می‌شود.

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

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

تبدیل ماتریس داده‌ها به یک ماتریس نرمال: از رابطه زیر برای نرمال کردن داده‌ها استفاده می‌شود:

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

ماتریس R به‌صورت رابطه (۳) تعریف می‌شود:

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

پیدا کردن ژنوتیپ مطلوب و ژنوتیپ ضعیف: در این مرحله برای هر صفت به‌طور جداگانه، بهترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ انتخاب می‌شود.

محاسبه فاصله از ژنوتیپ مطلوب و ژنوتیپ ضعیف: در این مرحله برای هر صفت، فاصله از ژنوتیپ مطلوب و

فاصله از ژنوتیپ ضعیف به‌ترتیب از روابط (۴ و ۵) محاسبه می‌شوند:

$$d_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^+)^2} \quad (\text{رابطه ۴})$$

$$i = 1, \dots, n$$

$$d_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^-)^2} \quad (\text{رابطه ۵})$$

$$i = 1, \dots, n$$

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

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

$$SIIG = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \quad (\text{رابطه ۶})$$

$$i = 1, 2, \dots, m$$

$$0 \leq SIIG \leq 1$$

مقدار SIIG بین صفر و یک تغییر می‌کند و هرچه گزینه موردنظر به ژنوتیپ مطلوب نزدیک‌تر باشد، مقدار SIIG آن به یک نزدیک‌تر خواهد بود (Zali et al., 2015, 2016). به‌عبارت دیگر می‌توان از شاخص‌های منفی و مثبت به شکل ترکیبی در این روش استفاده کرد. براساس این روش، بهترین ژنوتیپ، نزدیک‌ترین ژنوتیپ به ژنوتیپ‌های مطلوب و دورترین از ژنوتیپ‌های ضعیف است. در اینجا منظور از ژنوتیپ مطلوب، ژنوتیپی فرضی است که از نظر صفات مورد بررسی در بهترین حالت باشد، در حالی که ژنوتیپ ضعیف، ژنوتیپی فرضی است که از نظر صفات مورد بررسی در شرایط مطلوب نباشد (Zali et al., 2015, 2016). به‌طور خلاصه، ژنوتیپ مطلوب از مجموع مقادیر مطلوب هر یک از صفات به‌دست می‌آید، درحالی‌که ژنوتیپ

ضعیف از مجموع مقادیر ضعیف هر یک از صفات حاصل می‌شود. به‌عنوان مثال در مورد عملکرد، حداکثر عملکرد یک ژنوتیپ، مقدار مطلوب و عملکرد پایین، به‌عنوان مقدار ضعیف در نظر گرفته می‌شود. همچنین در مورد روز تا رسیدگی، مقدار مطلوب برابر کمترین مقدار روز تا رسیدگی برای ژنوتیپ‌ها و مقدار ضعیف، برابر با بیشترین مقدار روز تا رسیدگی برای ژنوتیپ‌ها است.

ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنتیکی براساس امیدهای ریاضی میانگین مربعات برآورد شدند. ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنتیکی و وراثت‌پذیری عمومی هر صفت به‌ترتیب از روابط ۷، ۸ و ۹ محاسبه شدند (Roy, 2000).

$$PCV(\%) = \sqrt{\frac{\sigma_g^2}{\bar{x}}} \times 100 \quad (\text{رابطه ۷})$$

$$GCV(\%) = \sqrt{\frac{\sigma_g^2}{\bar{x}}} \times 100 \quad (\text{رابطه ۸})$$

$$H_b = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_p^2} \times 100 \quad (\text{رابطه ۹})$$

ضرایب همبستگی ژنتیکی بین صفات با استفاده از واریانس‌ها و کوواریانس‌های ژنتیکی از طریق رابطه ارائه شده توسط هالند (Holland, 2006) به شرح زیر محاسبه گردید.

$$r_{gij} = \frac{\hat{\sigma}_{Gij}}{\hat{\sigma}_{Gi} \hat{\sigma}_{Gj}} \quad (\text{رابطه ۱۰})$$

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 به کار رفتند. در هر عامل اصلی و مستقل ضرایب عاملی ۰/۵ به بالا صرف‌نظر از علامت آن‌ها معنی‌دار در نظر گرفته شدند.

از میانگین داده‌های سه منطقه برای انجام تجزیه‌های آماری و برای انجام تجزیه به عامل‌ها از نرم‌افزار آماری SAS ver 9.1 (SAS Inc, 2011) استفاده شد.

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

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

شماره	نام	شجره	شماره	نام	شجره
Code	Name	Pedigree	Code	Name	Pedigree
G1	SRL-99-1	Rameh 97-10	G12	SRL-99-10	Ogh-Beh-5 (RGS003* SLM046)
G2	SRL-99-2	Ogh-Beh-10	G13	SRL-99-11	Ogh-Beh-6
G3	SRL-99-3	Zabol-6	G14	SRL-99-12	Ogh-Beh-4
G4	SRL-99-4	Ogh-Beh-9	G15	SRL-99-13	Rameh 97-1
G5	Dalgan	Dalgan	G16	SRL-99-14	Rameh 97-2
G6	SRL-99-5	Ogh-Beh-11	G17	SRL-99-15	Ogh-Beh-3
G7	SRL-99-6	Zabol-9	G18	SRL-99-16	Rameh 97-9
G8	SRL-99-7	Ogh-Beh-2	G19	SRL-99-17	Zabol-8
G9	SRL-99-8	Ogh-Beh-7	G20	SRL-99-18	Ogh-Beh-8
G10	RGS003	RGS003	G21	SRL-99-19	LH98-Rameeh
G11	SRL-99-9	Rameh 97-11 (RGS003* Okapi)			

جدول ۲- خصوصیات اقلیمی محیط‌های مورد مطالعه در این تحقیق

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

مکان	ارتفاع از سطح دریا (متر)	طول جغرافیایی	عرض جغرافیایی	میانگین بارندگی سالانه (میلی‌متر)
Location	Altitude (m)	Longitude (E)	Latitude (N)	Average annual rainfall (mm)
گران	155	54° 20'	36° 55'	460
Gorgan				
ساری	29	53° 10'	36° 41'	650
Sari				
زابل	489	61° 32'	31° 50'	50
Zabol				

نتایج و بحث

شاخص انتخاب ژنوتیپ مطلوب (SIIG): در این پژوهش به‌منظور انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها با استفاده از تمام صفات مورد بررسی از شاخص انتخاب ژنوتیپ مطلوب (SIIG) استفاده شد. شاخص SIIG بر مبنای ۱۱ صفت (به جزء عملکرد دانه) روز تا شروع گلدهی، روز تا پایان گلدهی، طول دوره گلدهی، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، ارتفاع بوته، تعداد شاخه فرعی، طول خورجین، تعداد خورجین در بوته، تعداد دانه در خورجین و وزن هزار دانه محاسبه شد (جدول ۳). در محاسبه شاخص SIIG فرض بر این بود که ژنوتیپ‌هایی با بیشترین ارتفاع بوته، تعداد شاخه فرعی، طول خورجین، تعداد خورجین در بوته، تعداد دانه در خورجین و وزن هزار دانه و کمترین مقدار روز تا شروع گلدهی، روز تا پایان گلدهی، طول دوره گلدهی و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک مطلوب 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 آنجایی که که میزان تغییرات شاخص SIIG بین صفر و یک است، هر چه مقدار SIIG برای ژنوتیپی به یک نزدیک باشد، آن ژنوتیپ از وضعیت مطلوب‌تری برخوردار است و هر چه مقدار SIIG برای ژنوتیپی به صفر نزدیک باشد، آن ژنوتیپ از وضعیت مطلوبی برخوردار نیست. در واقع شاخص انتخاب ژنوتیپ مطلوب (SIIG)، یک مدل گزینش‌گر بوده و به‌منظور انتخاب مطلوب‌ترین ژنوتیپ(ها) از بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی به کار می‌رود و با استفاده از این شاخص محقق تصمیم نهایی را در انتخاب بهترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد مطالعه می‌گیرد (Zali *et al.*, 2015, 2016). بر اساس شاخص SIIG، ژنوتیپ‌های G16، G18، G15، G19، G1، G2، G5 و G20 با مقدار SIIG بیشتر (به ترتیب ۰/۷۶۵، ۰/۷۰۴، ۰/۶۳۱، ۰/۶۱۰، ۰/۶۰۶، ۰/۵۷۰، ۰/۵۴۶ و ۰/۵۱۲) جزء ژنوتیپ‌های برتر بودند (جدول

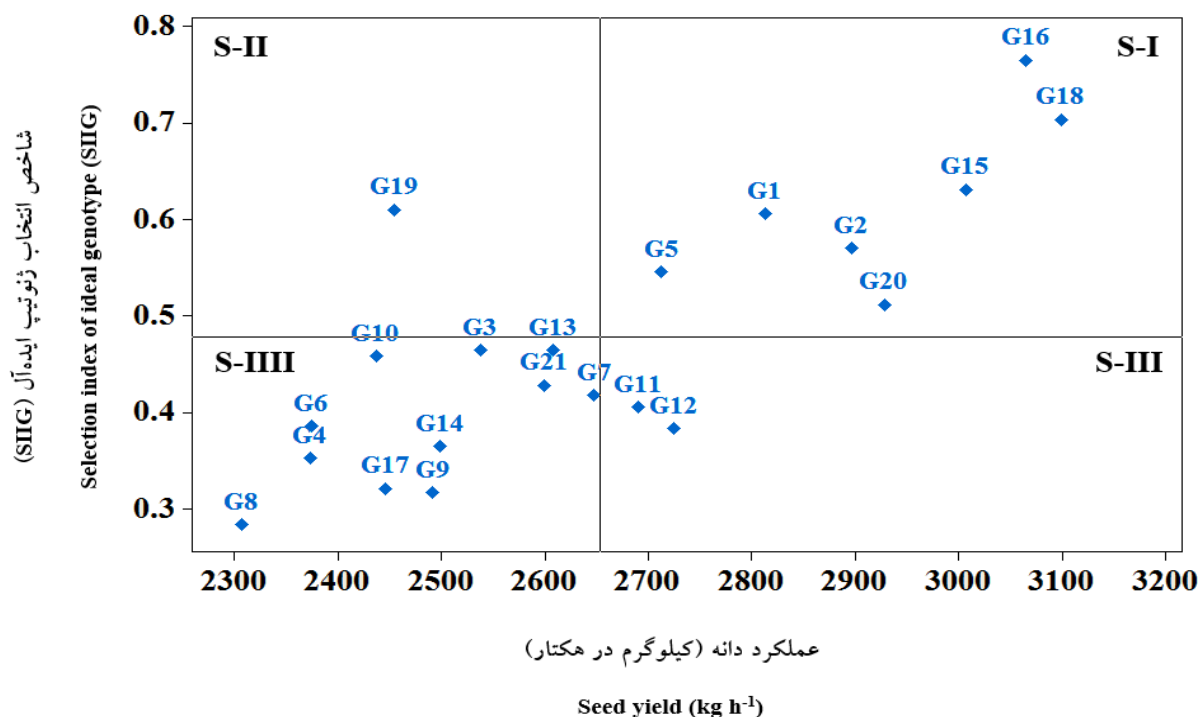
۳). از طرفی ژنوتیپ‌های G8، G9، G17، G4، G14، G12 و G6 با مقدار SIIG کمتر (به ترتیب ۰/۲۸۴، ۰/۳۱۷، ۰/۳۲۱، ۰/۳۵۲، ۰/۳۶۵، ۰/۳۸۳ و ۰/۳۸۶) جزء ژنوتیپ‌های ضعیف از نظر اکثریت صفات مورد بررسی بودند (جدول ۳).

به‌منظور انتخاب ژنوتیپ‌هایی که هم از نظر صفات زراعی و هم عملکرد دانه در وضعیت مطلوبی باشند، از نمودار دوبعدی (شکل ۱) استفاده شد. با توجه به نتایج نمودار دوبعدی، ژنوتیپ‌های G16، G18، G15، G1، G2، G5 و G20 با داشتن مقدار SIIG بالا و همچنین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل، جزء ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و سایر صفات زراعی بودند. از طرفی دیگر ژنوتیپ‌های G8، G17، G9، G4، G14 و G6 با مقدار SIIG پایین و همچنین عملکرد دانه کمتر از میانگین کل، به عنوان ژنوتیپ‌های ضعیف از نظر عملکرد دانه و سایر صفات زراعی شناسایی شدند (شکل ۱). عبدالمی حسار و همکاران (Abdollahi Hesar et al., 2020) صفات زراعی مختلف کلزا را با استفاده از شاخص SIIG را ادغام نموده و گزارش کردند که شاخص SIIG با ادغام صفات مختلف، انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب را موثرتر انجام می‌دهد. 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 مورفولوژیک، فیزیولوژیک و همچنین سایر روش‌های تجزیه پایداری می‌باشد. در تحقیقی دیگر قلی‌زاده و همکاران (Gholizadeh et al., 2021a) از شاخص SIIG به‌منظور ادغام صفات زراعی در آفتابگردان استفاده نمودند و گزارش کردند که شاخص SIIG یک روش ترکیبی جدید و کارا در انتخاب موثرتر ژنوتیپ‌های مطلوب است. شاخص SIIG به‌منظور انتخاب ارقام و لاین‌های پایدار از نظر آماره‌های مختلف پایداری در گندم دوروم (Karimizadeh et al., 2021) نیز مورد استفاده قرار گرفته است.

ضرب‌تنوع و توارث‌پذیری: مقادیر ضرب‌تنوع در جدول ۴ بیانگر بالاترین ضرب‌تنوع تغییرات ژنتیکی به ترتیب برای صفات تعداد خورجین در بوته (۸/۷۶)، تعداد شاخه‌های فرعی (۸/۱۶)

و تعداد دانه در خورجین (۸/۰۸) است. بالا بودن ضرب‌تنوع تغییرات ژنتیکی برای این صفات نشان می‌دهد که می‌توان آن‌ها را با گزینش اصلاح کرد. بیشترین ضرب‌تنوع تغییرات فنوتیپی به ترتیب برای صفات تعداد شاخه‌های فرعی (۱۰/۸۷)، تعداد خورجین در بوته (۱۰/۸۴) و عملکرد دانه (۱۰/۶۱) بود. همچنین کمترین میزان ضرب‌تنوع تغییرات فنوتیپی ژنوتیپ‌ها به ترتیب مربوط به صفات روز تا رسیدگی فیزیولوژیک (۱/۲۹) و روز تا پایان گلدهی (۱/۶۰) بود (جدول ۴) که نشان‌دهنده کمترین درصد تنوع مشاهده شده بین این صفات بود. وجود تنوع ژنتیکی مناسب در بین مواد گیاهی مورد مطالعه می‌تواند اصلاح‌گر را در کشف روابط بین صفات یاری کرده و کارایی انتخاب را بالا ببرد (Moradi and Soltani Howyzeh, 2018). ضرایب تغییرات فنوتیپی بیشتر از ضرایب تغییرات ژنتیکی بود، ولی در بسیاری از حالات این دو تفاوت کمی داشتند و این نشان می‌دهد که تأثیر عوامل محیطی بر روی این صفات پایین است. مقادیر وراثت‌پذیری عمومی صفات در جدول ۴ نشان می‌دهد که در تمام صفات مورد بررسی مقدار وراثت‌پذیری عمومی نسبتاً بالا بود. بیشترین میزان وراثت‌پذیری مربوط به صفات روز تا پایان گلدهی (۸۹/۴۲ درصد) و روز تا گلدهی (۸۳/۶۵ درصد) بود که بیانگر این است که تنوع فنوتیپی در این صفات بیشتر تحت کنترل عوامل ژنتیکی است. وجود تنوع ژنتیکی و وراثت‌پذیری بالا برای این صفات سبب افزایش بازده ناشی از گزینش در بهبود این صفات خواهد شد. کمترین مقدار وراثت‌پذیری به ارتفاع بوته (۴۷/۴۸ درصد) اختصاص داشت که نشان می‌دهد این صفت تأثیرپذیری بیشتری از عوامل محیطی دارد.

نتایج حاصل از این مطالعه با نتایج برخی دیگر از پژوهشگران (Roostabaghi et al., 2013; Moradi and Soltani Howyzeh, 2018) کمتر بودن وراثت‌پذیری این صفت نسبت به سایر صفات بیانگر این موضوع است که تأثیر محیطی قسمت بیشتر تغییرات فنوتیپی این صفت را به وجود می‌آورد و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بر اساس این ویژگی نمی‌تواند چندان موثر باشد.



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.

جدول ۳- شاخص انتخاب ژنوتیپ مطلوب کلزا بر مبنای همه صفات مورد مطالعه و فواصل از ژنوتیپ مطلوب (d^+)، ژنوتیپ نامطلوب (d^-) و عملکرد دانه

Table 3. Selection index of ideal rapeseed genotype based on all studied traits and distance from ideal genotype (d^+), non-ideal genotype (d^-) and seed yield

نام ژنوتیپ Genotype name	d^+	d^-	شاخص SIIG SIIG index	عملکرد دانه Seed yield
G1	0.076	0.117	0.606	2813
G2	0.096	0.127	0.570	2897
G3	0.114	0.099	0.464	2538
G4	0.130	0.070	0.352	2374
G5	0.084	0.101	0.546	2713
G6	0.117	0.074	0.386	2375
G7	0.116	0.083	0.418	2648
G8	0.152	0.060	0.284	2307
G9	0.141	0.065	0.317	2492
G10	0.112	0.095	0.458	2437
G11	0.127	0.087	0.405	2691
G12	0.119	0.074	0.383	2725
G13	0.106	0.091	0.464	2608
G14	0.129	0.074	0.365	2499
G15	0.072	0.124	0.631	3007
G16	0.049	0.161	0.765	3065
G17	0.137	0.065	0.321	2446
G18	0.063	0.150	0.704	3099
G19	0.080	0.126	0.610	2455
G20	0.106	0.112	0.512	2928
G21	0.113	0.085	0.428	2600
Means	میانگین		0.476	2653

جدول ۴- تخمین پارامترهای ژنتیکی برای صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های کلزا

Table 4. Estimation of genetic parameters for studied traits in rapeseed genotypes

صفات	واریانس ژنتیکی	واریانس فنوتیپی	ضریب تغییرات ژنتیکی	ضریب تغییرات فنوتیپی	وراثت‌پذیری عمومی
Traits	Genotypic variance	Phenotypic variance	Genotypic coefficient of variation	Phenotypic coefficient of variation	Broad sense heritability
روز تا گلدهی	6.67	7.97	2.23	2.44	83.65
Days to start of flowering					
روز تا پایان گلدهی	5.57	6.23	1.51	1.60	89.42
Days to end of flowering					
طول دروه گلدهی	4.35	5.58	5.16	5.84	78.03
Flowering period					
روز تا رسیدگی فیزیولوژیک	3.88	5.48	1.08	1.29	70.80
Days to physiological maturity					
ارتفاع بوته	20.98	45.14	3.55	5.21	46.48
Plant height					
تعداد شاخه‌های فرعی	0.22	0.39	8.16	10.87	56.30
Number of lateral branches					
طول خورجین	0.23	0.36	6.83	8.51	64.47
Pod length					
تعداد خورجین در بوته	335.96	514.59	8.76	10.84	65.29
Number of pods per plant					
تعداد دانه در خورجین	3.36	4.81	8.08	9.66	69.95
Number of seeds per pod					
وزن هزار دانه	0.02	0.04	4.01	5.18	59.89
Thousand seed weight					
عملکرد دانه	45535.69	79243.54	8.04	10.61	57.46
Seed yield					

تجزیه به عامل‌ها: در این مطالعه، ۱۱ صفت اندازه‌گیری شده، برای تجزیه به عامل‌ها استفاده شدند. لازم به یادآوری است که مقادیر KMO (Kaiser Meyer Olkin) به‌دست آمده و نیز معنی‌دار بودن آزمون اسفیریستی 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، چهار عامل مشخص شد. این عامل‌ها مجموعاً توانستند ۶۳/۷ درصد از تنوع کل داده‌ها را توجیه نمایند (جدول ۵). سهم عامل‌های اول تا چهارم به‌ترتیب برابر ۲۸/۸۷، ۲۲/۲۹، ۱۶/۲۰ و ۹/۲۶

درصد برآورد گردید (جدول ۵). عامل اول که بیشترین میزان از تغییرات داده‌ها را توجیه نمود (۲۸/۸۷ درصد)، دارای ضرایب بزرگ و مثبت برای صفات تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد خورجین در بوته، تعداد دانه در خورجین و عملکرد دانه بود که این فاکتورها را می‌توان عوامل موثر بر اجزای عملکرد و عملکرد اقتصادی نام‌گذاری نمود. این ضرایب نشانگر آن است که انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس افزایش عامل اول می‌تواند منجر به افزایش عملکرد در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه گردد. نتایج ضرایب همبستگی ژنتیکی نیز نشان داد که صفات تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد

مثبتی را بین صفت تعداد دانه در خورجین با عملکرد دانه گزارش کرده‌اند و آن‌ها گزینش غیرمستقیم برای عملکرد دانه را از طریق صفت تعداد دانه در خورجین را موثر دانسته‌اند (Majidi et al., 2016; Moradi et al., 2017; Soltani Howyzeh et al., 2018).

عامل دوم که ۲۹/۲۲ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کرد، دارای ضرایب بزرگ و مثبت برای صفات روز تا شروع گلدهی، روز تا پایان گلدهی و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و ضریب منفی برای صفت طول خورجین بود که این عامل را می‌توان به عنوان عامل موثر بر فنولوژی و خصوصیات رسیدگی نام‌گذاری کرد (جدول ۵). عامل سوم که ۲۰/۱۶ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کند، دارای ضرایب بزرگ و مثبت برای طول دوره گلدهی و وزن هزار دانه بود که این عامل را می‌توان به عنوان عامل موثر بر مقصد فیزیولوژیک نام‌گذاری نمود. ارتباط مثبت طول دوره گلدهی با وزن هزاردانه نشان‌گر آن است که با افزایش طول دوره گلدهی، وزن دانه کلزا افزایش می‌یابد. علت افزایش وزن هزار دانه را به عواملی از قبیل ژنتیک گیاه، افزایش میزان تقسیم و رشد سلول‌ها، شدت فتوستتسز و انتقال مواد فتوستتتری نسبت داده‌اند (Safari and Mehrabi, 2016). در عامل چهارم که ۲۶/۹ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کند، صفت ارتفاع بوته با ضریب بزرگ و مثبت قرار گرفت که این عامل را می‌توان به عنوان عامل موثر بر رشد رویشی نام‌گذاری کرد (جدول ۵). انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس عامل چهارم می‌تواند منجر به افزایش رشد رویشی در جمعیت مورد مطالعه گردد.

گزینش ژنوتیپ‌های اصلاح‌شده با عملکرد دانه و روغن بالا نقش مؤثری در توسعه کشت و افزایش تولید کلزا دارد. از طرفی عملکرد دانه، صفت کمی پیچیده‌ای است که توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شود. از آنجایی‌که این صفت به شدت تحت تأثیر محیط قرار می‌گیرد، لذا از وراثت‌پذیری پایینی برخوردار است.

خورجین در بوته و تعداد دانه در خورجین، همبستگی ژنتیکی مثبت و معنی‌داری را با عملکرد دانه داشتند (جدول ۶) که با نتایج تجزیه به عامل‌ها هم‌راستا بود. ارتباط مثبت تعداد شاخه‌های فرعی با عملکرد دانه نشان‌گر آن است که با افزایش تعداد شاخه‌های فرعی، عملکرد دانه 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 شاخه‌های فرعی با عملکرد دانه دور از انتظار نیست. مجیدی و همکاران (Majidi et al., 2016) نیز در آزمایش خود ارتباط مثبتی را بین تعداد شاخه‌های فرعی و عملکرد دانه در کلزا مشاهده کردند که موافق با نتایج پژوهش حاضر بود.

ارتباط مثبتی بین تعداد خورجین در بوته و عملکرد دانه نیز مشاهده شد (جدول ۵). تعداد خورجین در بوته از عوامل موثر بر عملکرد دانه در کلزا محسوب می‌شود و به عواملی از قبیل نوع ژنوتیپ، 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 معنی‌داری بین تعداد خورجین در بوته و عملکرد دانه گزارش دادند و بیان کردند که در گزینش ژنوتیپ‌های کلزا می‌توان گزینش را بر مبنای صفت تعداد خورجین در بوته انجام داد. همچنین نتایج نشان داد که بین عملکرد دانه و تعداد دانه در خورجین ارتباط مثبتی وجود داشت (جدول ۵). صفت تعداد دانه در خورجین از اجزای عملکرد کلزا محسوب می‌شود و توارث‌پذیری نسبتاً بالایی دارد، بنابراین گزینش بر اساس این صفت ممکن است راه مطمئن و سریعی برای غربال کردن جوامع گیاهی و بهبود عملکرد باشد. در توافق با پژوهش حاضر سایر محققان نیز ارتباط

جدول ۵- ضرایب عاملی در تجزیه به عامل‌ها به روش مؤلفه‌های اصلی و دوران واریماکس در کلزا

Table 5. 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
روز تا گلدهی Days to start flowering	0.09	<u>0.61</u>	-0.31	0.57
روز تا پایان گلدهی Days to end of flowering	0.03	<u>0.65</u>	0.50	0.42
طول دروه گلدهی Flowering period	-0.13	-0.13	<u>0.87</u>	-0.20
روز تا رسیدگی فیزیولوژیک Days to physiological maturity	0.28	<u>0.68</u>	-0.14	0.24
ارتفاع بوته Plant height	0.10	0.09	-0.01	<u>0.87</u>
تعداد شاخه‌های فرعی Number of lateral branches	<u>0.78</u>	0.18	0.29	-0.30
طول خورجین Pod length	0.21	<u>-0.90</u>	-0.10	0.10
تعداد خورجین در بوته Number of pods per plant	<u>0.72</u>	0.25	0.07	0.37
تعداد دانه در خورجین Number of seeds per pod	<u>0.68</u>	-0.39	0.29	0.27
وزن هزار دانه Thousand seed weight	0.30	0.09	<u>0.69</u>	0.09
عملکرد دانه Seed yield	<u>0.87</u>	-0.09	-0.21	0.08
مقادیر ویژه Initial Eigenvalues	3.18	2.45	1.78	1.02
مقدار ویژه (درصد) % of variance	28.87	22.29	16.20	9.26
درصد تجمعی (درصد) Cumulative (%)	28.87	51.17	67.37	76.63

جدول ۶- ضرایب همبستگی ژنتیکی بین صفات اندازه‌گیری شده در ژنوتیپ‌های کلزا

Table 6. Genetic correlation coefficients among measured traits in rapeseed genotypes

Traits	DFS	DEF	FP	DPM	PH	NLB	PL	NPP	NSP	TSW
DEF	0.64**									
FP	-0.45*	0.40								
DPM	0.49*	0.51*	-0.01							
PH	0.42	0.31	-0.09	0.44*						
NLB	-0.04	0.22	0.29	0.40	-0.13					
PL	-0.54*	-0.55**	0.03	-0.45*	0.01	-0.04				
NPP	0.36	0.27	-0.07	0.39	0.59**	0.65**	-0.10			
NSP	0.01	0.12	0.15	0.05	0.24	0.64**	0.57**	0.45*		
TSW	-0.01	0.34	0.38	-0.14	0.18	0.52*	-0.23	0.46*	0.43*	
SY	0.17	-0.07	-0.24	0.22	0.11	0.70**	0.38	0.63**	0.69**	0.24

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح پنج و یک درصد را نشان می‌دهند. DFS: روز تا شروع گلدهی؛ DEF: روز تا پایان گلدهی؛ FP: طول دروه گلدهی؛ DPM: روز تا رسیدگی فیزیولوژیک؛ PH: ارتفاع بوته؛ NLB: تعداد شاخه‌های فرعی؛ PL: طول خورجین؛ NPP: تعداد خورجین در بوته؛ NSP: تعداد دانه در خورجین؛ TSW: وزن هزار دانه؛ SY: عملکرد دانه.

* and **: Significant at the 0.05 and 0.01 probability levels, respectively. DFS: Days to start of flowering; DEF: Days to end of flowering; FP: Flowering period; DPM: Days to physiological maturity; PH: Plant height; NLB: Number of lateral branches; PL: Pod length; NPP: Number of pods per plant; NSP: Number of seeds per pod; TSW: Thousand seed weight; SY: Seed yield.

شاخص SIIG، ژنوتیپ‌های G16، G18، G15، G1، G2، G5 و G20 با داشتن مقدار SIIG بالا و همچنین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل، جزء ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد و سایر صفات زراعی بودند. علاوه بر شاخص SIIG، تجزیه به عامل‌ها در دسته‌بندی صفات و شناسایی صفات موثر بر عملکرد ژنوتیپ‌های مورد بررسی موفقیت‌آمیز عمل کرد. نتایج تجزیه به عامل‌ها و ضرایب همبستگی ژنتیکی نشان‌دهنده ارتباط مثبت صفات تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد خورجین در بوته، تعداد دانه در خورجین و عملکرد دانه بود. بنابراین می‌توان با گزینش و اصلاح برای صفات تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد خورجین در بوته و تعداد دانه در خورجین، عملکرد اقتصادی کلزا را به نحو مطلوبی افزایش داد.

سپاسگزاری

این پژوهش بر اساس نتایج حاصل از اجرای پروژه مصوب به شماره ۹۹۱۲۴۹-۱۵۶-۰۳-۰۳-۰۴ موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر است. بدین‌وسیله از معاونت زراعت وزارت جهاد کشاورزی و موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر به پاس تأمین هزینه‌های اجرای پروژه و نیز از مراکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان‌های گلستان، مازندران و سیستان و بلوچستان به جهت فراهم نمودن امکانات اجرای پروژه تقدیر و تشکر به عمل می‌آید.

با توجه به وراثت‌پذیری پایین عملکرد می‌توان از صفاتی که رابطه بالایی با آن دارند، در انتخاب بهتر ژنوتیپ‌های مطلوب استفاده کرد. عملکرد از اثر تجمعی اجزای متشکله آن است. 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 شاخه‌های فرعی، تعداد خورجین در بوته، تعداد دانه در خورجین و عملکرد دانه بود. بنابراین انتخاب ژنوتیپ‌های با مقادیر بالای این صفات منجر به انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا می‌شود و صفات مذکور به عنوان صفات مناسب جهت گزینش ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه بالا در کلزا به شمار می‌روند. در توافق با پژوهش حاضر، سایر محققان نیز ارتباط مثبتی را بین صفات تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد خورجین در بوته، تعداد دانه در خورجین با عملکرد دانه گزارش کرده‌اند و آن‌ها گزینش غیرمستقیم برای عملکرد دانه از طریق صفات مذکور را موثر دانسته‌اند (Sabaghnia *et al.*, 2010; Roostabaghi *et al.*, 2013).

در این مطالعه به منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و سایر صفات زراعی در کلزا از روش شاخص انتخاب ژنوتیپ مطلوب (SIIG) استفاده شد. نتایج نشان داد که این روش ابزار فوق‌العاده قوی برای انتخاب ژنوتیپ‌های مختلف کلزا از لحاظ همه صفات زراعی بود. بر اساس

References

- Abdollahi Hesar, A., Sofalian, O., Alizadeh, B., Asgharii, A. and Zali, M. (2020). Evaluation of some autumn rapeseed genotypes based on morphological traits and SIIG index. *Journal of Crop Breeding*, 12: 151-159 (In Persian).
- Alizadeh, B., Rezaizad, A., Yazdandoost Hamedani, M., Shiresmaeili, G., Nasserghadimi, F. and Khademhamzeh, H.R. (2021). Investigation of genotype $\times$ environment interaction and seed yield stability of rapeseed genotypes in cold and mild cold regions of Iran *Plant Genetic Researches*, 7: 65-82 (In Persian).
- Alizadeh, B., Yazdandust Hamedani, M., Rezaei Zad, A., Azizinia, S., Khiyavi, M., Shirani Rad, A. H., Javidfar, F., Pasban Eslam, B., Mostafavi Rad, M., Shariati, F., Rahmanpour Ozan, S., Alem Khumaram, M.H., Majd Nasiri, B., Amiri Oghan, A. and Zareei Siahbidi, A. (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: 61-76 (In Persian).

- Ghanbari, S., Nooshkam, A., Fakheri, B.A. and Mahdinezhad, N.** (2019). Relationship between yield and its component in soybean genotypes (*Glycine Max* L.) using multivariate statistical methods. *Journal of Crop Breeding*, **11**: 85-92 (In Persian).
- Gholizadeh, A. and 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**: 473-486.
- Gholizadeh, A., Ghaffari, M. and Shariati, F.** (2021a). 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. and Sharifi-Zagheh, A.** (2021b) 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*, **67**: 1-15.
- Holland, J.B.** (2006). Estimating genotypic correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc MIXED. *Crop Science*, **46**: 642-654.
- Kanwal, N., Ali, F., Ali, Q. and Sadaqat, H.A.** (2019). Phenotypic tendency of achene yield and oil contents in sunflower hybrids. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section B—Soil & Plant Science*, **69**: 690-705.
- Karimizadeh, R., Hosseinpour, T., Sharifi, P., Alt Jafarby, J., Shahbazi, K. and Keshavarzi, K.** (2021). Evaluation of grain yield stability of durum wheat genotypes using parametric and non-parametric methods. *Plant Genetic Researches*, **8**: 115-132 (In Persian).
- Leilah, A. and Al-Khateeb, S.** (2005). Statistical analysis of wheat yield under drought conditions. *Journal of Arid Environments*, **61**: 483-496.
- Majidi, M.M., Jafarzadeh Ghahdarijani, M., Rashidi, F. and 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).
- Moradi, M. and Soltani Howyzeh, M.** (2018). Evaluation of genetic diversity and heritability of the grain yield and yield components in spring rapeseed cultivars. *Journal of Crop Breeding*, **10**: 207-214 (In Persian).
- Moradi, M., Soltani Howyzeh, M. and Shahbazi, E.** (2017). Study the relations between grain yield and related traits in canola by multivariate analysis. *Journal of Crop Breeding*, **9(23)**: 187-194 (In Persian).
- Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Andarzian, B., Farzadi, H., Bahari, M. and Zali, H.** (2018). Assessment of non-parametric methods in selection of stable genotypes of durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. durum). *Iranian Journal of Crop Sciences*, **20**: 126-138 (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.
- Roostabaghi, B., Dehghan, H., Alizadeh, B. and Sabaghnia, N.** (2013). Study of diversity and evaluation of relationships between yield and yield components of rapeseed via multivariate methods. *Journal of Crop Production and Processing*, **2(6)**: 53-63 (In Persian).
- Roy, D.** (2000). *Plant breeding, Analysis and Exploitation of Variation*. Alpha Science International, Oxford, UK.
- Sabaghnia, N., Dehghani, H., Alizadeh, B. and Mohghaddam, M.** (2010). Interrelationships between grain yield and 20 related traits of 49 canola (*Brassica napus* L.) genotypes in non-stressed and water-stressed environments. *Spanish Journal of Agricultural Research*, **8**: 356-370.
- Safari, S. and Mehrabi, A.A.** 2016. Genetic relationships of rapeseed cultivars revealed by RAPD markers. *Journal of Crop Breeding*, **8(19)**: 170-177 (In Persian).
- SAS, Inc.** (2011). *Base SAS 9.1 Procedures Guide*. SAS Institute Inc, Cary, North Carolina, USA.
- Soltani Howyzeh, M., Moradi, M., Saki nezhad, T., Zakernezhad, S. and Etaa, A.** (2018). Evaluation of the relationships among yield and related traits in spring canola cultivars using path analysis. *Journal of Crop Breeding*, **10(27)**: 125-134 (In Persian).
- SPSS, Inc.** (2010). *SPSS 20. Users Guied*. IBM Corp, Chicago, USA.

- Tahmasebi, S., Dastfal, M., Zali, H. and Rajaie, M.** (2018). Drought tolerance evaluation of bread wheat cultivars and promising lines in warm and dry climate of the south. *Cereal Research*, **8**: 209-225 (In Persian).
- Zali, H. and Barati, A.** (2020). Evaluation of selection index of ideal genotype (SIIG) in other to selction of barley promising lines with high yield and desirable agronomy traits. *Journal of Crop Breeding*, **12**: 93-104 (In Persian).
- Zali, H., Hasanloo, T., Sofalian, O., Asghari, A. and 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., Hasanloo, T., Sofalian, O., Asgharii, A. and Enayati Shariatpanahi, M.** (2019). Identifying drought tolerant canola genotypes using selection index of ideal genotype. *Journal of Crop Breeding*, **11**: 117-126 (In Persian).
- Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asgharii, A. and 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-An International Journal*, **7(2)**: 703-711.

Multi-Trait Selection of Promising Advanced Lines of Rapeseed Using Selection Index of Ideal Genotypes

Amir Gholizadeh¹, Hassan Amiri Oghan^{2*}, Valiollah Rameeh³, Kamal Payghamzadeh², Behnam Bakhshi⁴, Bahram Alizadeh⁵, Seyed Alireza Dalili⁶, Shahriar Kia² and Farnaz Shariati⁷

- 1- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran
- 2- Associate Professor, Oil Crops Research Department, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
- 3- Associate Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Sari, Iran
- 4- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Sistan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Zabol, Iran
- 5- Professor, Oil Crops Research Department, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
- 6- Assistant Professor, Plant Protection Research Department, Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Sari, Iran
- 7- Assistant Professor, Oil Crops Research Department, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

(Received: June 9, 2022- Accepted: August 23, 2022)

Abstract

Genetic diversity is key to breeding programs and increasing selection efficiency. In this study, 19 promising advanced lines (F7 generation) along with two cultivars, Dalgan and, RGS003 were evaluated in a randomized complete block design with three replications in three experimental field stations (Gorgan, Sari and, Zabol) during the 2020–2021 growing season. The highest phenotypic and genotypic coefficient of variations was found for number of lateral branches and number of pods per plant, respectively. The highest broad sense heritability was estimated for days to end of flowering, and days to start of flowering and the lowest broad sense heritability was estimated for the plant height. The genotypes G16, G18, G15, G1, G2, G5, and G20 with a higher SIIG values as well as a higher seed yield above average were introduced as superior genotypes with respect to yield and other agronomic traits. Therefore, these genotypes can be used for further testing, including adaptation tests. Also, the results of factor analysis and genetic correlation coefficients indicated a positive relationship between number of lateral branches, number of pods per plant and number of seeds per pod with seed yield and seed yield. Generally, it can be concluded that number of lateral branches, number of pods per plant and number of seeds per pod traits could be used as the appropriate criteria to select for increasing seed yield in rapeseed breeding programs.

Keywords: Phenotypic and genotypic coefficient of variation, Genetic correlation, Seed yield, Rapeseed, Promising advanced line

* Corresponding Author, E-mail: amirioghan@spii.ir