

## نحوه توارث صفات مرتبط با کیفیت دانه در گلرنگ (*Carthamus tinctorius* L.)

پوران‌دخت گلکار<sup>۱\*</sup>، احمد ارزانی<sup>۲</sup> و عبدالمجید رضائی<sup>۳</sup>  
۱، استادیار دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان  
۲، ۳، استادان دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان  
(تاریخ دریافت: ۹۰/۳/۸ - تاریخ تصویب: ۹۰/۹/۲)

### چکیده

به منظور برآورد اجزای ژنتیکی در صفات مرتبط با کیفیت دانه از جمله فیبر، خاکستر، پروتئین و عملکرد روغن، نتاج حاصل از تلاقی‌های دای آل ۸ رقم گلرنگ زراعی در نسل‌های  $F_1$  و  $F_2$  مورد ارزیابی قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های دای آل کامل در نسل  $F_1$  (۶۴ ژنوتیپ) و تلاقی‌های دای آل یک‌طرفه آنها در نسل  $F_2$  (۳۶ ژنوتیپ) به صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار در مزرعه کشت شدند. نتایج تجزیه واریانس ژنتیکی نشان‌دهنده معنی‌دار بودن ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) و ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) برای تمام صفات مرتبط با کیفیت دانه بود و در نتیجه بیانگر اهمیت توام اثرات افزایشی و غیر افزایشی زن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفات بود. میانگین مربعات اثرات تلاقی‌های متقابل برای فیبر دانه و عملکرد روغن معنی‌دار گردید که بیانگر اهمیت توارث سیتوپلاسمی در کنترل صفات ذکر شده می‌باشد. در صفات فیبر و عملکرد روغن، اهمیت بیشتر اثرات افزایشی بیانگر کارایی بالای انتخاب در نسل‌های اول حاصل از تلاقی در اصلاح این صفات بود. قابلیت توارث خصوصی پائین و مقدار بیشتر واریانس غالبیت در صفات خاکستر دانه بیانگر اهمیت بیشتر اثرات غالبیت در کنترل ژنتیکی این صفات بود، بنابراین به منظور اصلاح این صفت می‌توان از روش‌های مبنی بر تولید هیبرید استفاده کرد. اهمیت توام اثرات افزایشی و غالبیت در کنترل ژنتیکی محتوای پروتئین بیانگر کارایی توام روش‌های مبنی بر انتخاب و تولید هیبرید در اصلاح این صفت بود.

**واژه‌های کلیدی:** افزایشی، غالبیت، ترکیب‌پذیری، گلرنگ، وراثت‌پذیری

### مقدمه

محصولاتی با پتانسیل و حتی‌الامکان بومی که به جهت داشتن سازگاری مناسب کشت هستند، صورت‌گیرد. در این راستا گلرنگ به واسطه خصوصیات زراعی، سازگاری‌های مناسب به شرایط اقلیمی ایران و کیفیت روغن مناسب، جایگاه ویژه‌ای دارد.

گلرنگ با نام علمی (*Carthamus tinctorius* L.) گیاهی یک‌ساله است که امروزه به عنوان گیاه دانه

کشورهای مصرف‌کننده و روند افزایش مصرف سرانه روغن نباتی از جمله عواملی هستند که اهمیت توسعه کشت دانه‌های روغنی و گسترش برنامه‌های پژوهشی را در این زمینه بدیهی می‌سازند.

نیازهای اساسی کشور به منابع روغنی و پروتئین، ایجاب می‌کند که سرمایه‌گذاری‌های کشاورزی روی

معمولاً در مغز دانه و فیبر در پوست دانه قرار دارد (Dajue & Mundel, 1996). روغن دانه گلرنگ یکی از مرغوب‌ترین روغن‌های گیاهی از نظر کیفیت محسوب می‌شود (Hamdan et al., 2009). روغن‌های اولئیکی (اسید اولئیک بالا) در مصارف آشپزی به کار می‌روند و روغن‌های لینولئیکی (اسید لینولئیک بالا) برای مصارف صنعتی کاربرد دارند (Fernandez-Martinez et al., 1993). ژنوتیپ‌های مختلف گلرنگ بین ۲۷ الی ۴۰ درصد روغن دارند و عدم وجود اسید لینولئیک در روغن گلرنگ، مانع از اکسید شدن روغن و سبب افزایش ماندگاری روغن می‌شود (Camas et al., 2007). روغن گلرنگ در دماهای بالا از پایداری خوبی برخوردار است و در طی فرآیند هیدروژنه کردن پایداری بهتری را نسبت به روغن‌های سویا و کانولا دارد (Weiss, 2000). از اهداف مهم اصلاحی در گلرنگ افزایش عملکرد روغن و بهبود کیفیت آن می‌باشد.

آگاهی از نحوه توارث صفات مرتبط با کیفیت بذر و روغن گلرنگ، در طراحی روش‌های انتخاب به منظور ایجاد لاین‌های برتر ضروری می‌باشد. تعیین روش اصلاحی مناسب نیازمند اطلاعات کافی در زمینه پارامترهای ژنتیکی کنترل‌کننده صفات، ترکیب‌پذیری عمومی (GCA)، ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) و اثرات متقابل ژنوتیپ‌ها (REC) و همچنین تعیین اثرات ژنی می‌باشد (Hallauer & Miranda, 1981). برآورد ترکیب‌پذیری عمومی صفات نقش به‌سزایی را در انتخاب والدین جهت شروع پروژه‌های اصلاحی و همچنین تعیین روش اصلاحی مناسب برای ژنوتیپ‌های مورد بررسی خواهد داشت (Banerjee & Kole, 2009). به‌منظور آگاهی از ژنتیک صفات و برآورد پارامترهای ژنتیکی و بهره‌برداری از اثرات افزایشی ژن‌ها، همچنین افزایش احتمال نوترکیب‌های مطلوب، طرح‌های تلاقی دای‌آل نیز توسط اصلاحگران به کار گرفته شده‌است (Baker, 1978). از طرح تلاقی‌های دای‌آل در گلرنگ به منظور مطالعه نحوه کنترل ژنتیکی صفات و برآورد وراثت‌پذیری صفات مختلف زراعی و کیفی استفاده شده است (Ragab & Fried, 1992; Mandal & Banerjee, 1997; Gupta & Singh, 1988; Pahlavani et al., 2007).

روغنی مورد کشت قرار می‌گیرد (Singh, 2007). در گذشته از گلبرگ‌های گلرنگ در مصارف رنگرزی و صنایع نساجی استفاده می‌شده است (Dajue & Mundel, 1996). زراعت گلرنگ به منظور استفاده از روغن آن سابقه زیادی ندارد و از این گیاه بعنوان گیاه زراعی روغنی نسبتاً جدید یاد می‌شود (Weiss, 2000). به عقیده Knowles (1969) ایران یکی از مراکز تنوع اصلی گلرنگ زراعی محسوب می‌شود. میوه گلرنگ از نظر گیاه‌شناسی اکن یا فندقه است (Singh, 2007). دانه از نظر شکلی شبیه یک دانه کوچک آفتابگردان است ولی پوسته آن فیبر بیشتری داشته و ضخیم‌تر است. وزن هزاردانه گلرنگ از ۳۰ تا ۵۰ گرم متغیر است (Ashri, 1971). دانه گلرنگ از یک پوشش فیبری محکم تشکیل شده که مغز دانه را در بر گرفته است (Deharo et al., 1991). دانه تا ۱۰ میلیمتر طول و پوستی ضخیم دارد (Dajue & Mundel, 1996). پوست دانه گلرنگ حاوی ۷۰ درصد سلولز، ۲۱ درصد لیگنین و ۱ درصد خاکستر می‌باشد، اما مقدار کل خاکستر دانه از ۳/۵ تا ۳ درصد متغیر است (Dwiedi et al., 2005). اندازه دانه همانند ضخامت پوسته با میزان روغن موجود در دانه همبستگی دارد (Dajue & Mundel, 1996). به طور کلی ترکیبات دانه گلرنگ حاوی ۵-۸ درصد رطوبت، ۲۸-۳۲ درصد روغن، ۱۴-۲۰ درصد پروتئین، ۲-۱۴ درصد پروتئین، ۲-۴ درصد خاکستر و ۳۲-۳۴ درصد فیبر خام می‌باشد (Fernandez-Martinez et al., 1999; Johnson et al., 1993). تیپ‌های پوست نازک پروتئین بیشتری نسبت به انواع پوست کلفت دارند (Dajue & Mundel, 1996). همبستگی منفی بین میزان پوست دانه و مقدار روغن وجود دارد (Johnson et al., 1999). کنجاله گلرنگ فیبر بالایی دارد ولی پروتئین آن از نظر اسید آمینه لیزین فقیر است (Dajue & Mundel, 1996). کنجاله‌های کم فیبر ۴۲ درصد پروتئین و ۱۶ درصد فیبر دارند. معمولاً کنجاله گلرنگ دارای ۳۰ تا ۴۰ درصد فیبر خام است که در غذای برخی از دام‌ها استفاده شده است (Dajue & Mundel, 1996). پروتئین فرآوری شده گلرنگ با ۸۷-۹۶ درصد خلوص، ماده ای مقوی است که در تهیه انواع شیرینی به کار می‌رود (Singh, 2007). پروتئین خالص و چربی

مزرعه چاه اناری واقع در دانشگاه صنعتی اصفهان انجام شد. تلاقی‌ها به صورت دستی و مطابق با روش نولز (Knowles, 1969) انجام شد. پس از حصول بذور  $F_1$ ، بخشی از بذور هر تلاقی (۱۰-۸ بذر) جهت تولید بذور  $F_2$  در تیر ماه ۱۳۸۶ در مزرعه چاه‌اناری کشت شدند و به منظور جلوگیری از دگرگرده افشانی، هر بوته در مرحله غوزه دهی توسط توری‌های پارچه‌ای ایزوله شد تا از خودگشنی کامل ژنوتیپ‌ها اطمینان حاصل شود. بذور والدین به همراه بذور هر کدام از نسل‌های  $F_1$  و  $F_2$  حاصل از تلاقی‌های دای‌آلل در مزرعه تحقیقات کشاورزی دانشکده کشاورزی واقع در لورک نجف‌آباد در فروردین سال ۱۳۸۷ کشت گردید. تلاقی‌های  $F_1$  (۶۴ ژنوتیپ) و تلاقی‌های  $F_2$  (۳۶ ژنوتیپ) به صورت طرح بلوک کامل تصادفی با ۳ تکرار کشت شدند. بذور نسل‌های  $F_1$  و  $F_2$  به ترتیب در یک و دو ردیف ۱/۵ و ۲/۵ متری و به صورت همزمان کشت شدند. قبل از کشت، کود فسفات آمونیوم (۲۰۰ کیلوگرم در هکتار) با خاک کاملاً مخلوط شد و سپس کشت بذور به صورت ردیفی و دستی با فاصله بین ردیف ۵۰ و فاصله بین بوته ۵ سانتی‌متر انجام شد. پس از برداشت تک بوته‌های ژنوتیپ‌های والدینی،  $F_1$  و  $F_2$  خصوصیات کیفی دانه گلرنگ شامل فیبر، خاکستر و پروتئین (بر حسب درصد برای تمامی صفات اندازه‌گیری شده) در والدین و نتاج  $F_1$  و  $F_2$  با استفاده از دستگاه NIR-8200 ساخت شرکت Perten اندازه‌گیری و تعیین شد. به منظور افزایش دقت در اندازه‌گیری صفات مذکور، از هر تکرار مزرعه ای ۳ مرتبه نمونه‌برداری و ارزیابی انجام شد. در هر مرتبه نمونه‌برداری حدود ۲۰ گرم بذر توسط آسیاب آزمایشگاهی به صورت کاملاً یکنواخت آرد شد و داخل دستگاه به منظور اندازه‌گیری قرار داده شد. از میانگین ۳ مرتبه نمونه‌برداری برای هر ژنوتیپ، جهت تجزیه و تحلیل آماری صفات استفاده شد. مقدار عملکرد روغن ژنوتیپ‌های مختلف برحسب حاصلضرب عملکرد تک بوته (برحسب گرم) در محتوای روغن هر ژنوتیپ (برحسب درصد) محاسبه شد. تجزیه واریانس و محاسبه ضرایب همبستگی فنوتیپی تلاقی‌های دای‌آلل  $F_1$  و  $F_2$  با استفاده از نرم‌افزار آماری SAS (1997) انجام شد. کلیه خصوصیات مورد مطالعه در نسل  $F_1$  بر مبنای طرح

در رابطه با نحوه کنترل ژنتیکی محتوای روغن و اسیدهای چرب در گلرنگ مطالعات متعددی صورت گرفته است (Deshmukh et al., 1991; Ragab & Fried, 1967; Yermanos et al., 1992). مطالعه نسل‌های  $F_1$ ،  $F_2$  و  $F_3$  حاصل از تلاقی دو ژنوتیپ گلرنگ هندی نشان داد که کنترل ژنتیکی محتوای روغن توسط چندین ژن و بدون وجود اثرات غالبیت معنی‌دار بوده‌است و محتوای روغن و عدد یدی تحت کنترل وراثت مادری نبود (Yermanos et al., 1967). با بررسی نتاج  $F_1$  و  $F_2$  حاصل از تلاقی دو لاین‌گزینش شده با لاین معمولی در گلرنگ، کنترل ژنتیکی مقدار اسید استتاریک و اسید پالمیتیک، تک ژنی و با اثرات افزایشی گزارش شد (Hamdan et al., 2009). Kotecha (1979) با بررسی توارث پرز دانه (به عنوان یک صفت نامطلوب در تجارت صنعتی گلرنگ) بیان نمود که این صفت توسط حداقل دو مکان ژنی کنترل می‌شود و بیشترین سهم واریانس ژنتیکی ناشی از واریانس افزایشی بود ضمن اینکه اثرات غیر افزایشی نیز مشاهده شد. با این وجود بررسی منابع نشان می‌دهد که تاکنون مطالعه جامعی در زمینه کنترل ژنتیکی صفات مرتبط با کیفیت دانه از جمله فیبر، خاکستر، پروتئین و عملکرد روغن دانه صورت نگرفته است. بنابراین مطالعه حاضر به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و نحوه توارث صفات مرتبط با کیفیت دانه در گلرنگ اجرا شده است.

### مواد و روش‌ها

در این مطالعه از ۸ ژنوتیپ گلرنگ شامل  $C_{4110}$  و  $C_{111}$  (گزینش شده از توده اصفهان)،  $K_{21}$  (گزینش شده از توده کردستان)،  $A_2$  (گزینش شده از توده آذربایجان)،  $IL_{111}$  (گزینش شده از توده ارومیه)،  $ISF_{14}$  (گزینش شده از توده اصفهان) و دو ژنوتیپ خارجی  $GE_{62918}$  (از آلمان) و ۱۹۱-۲۲ (از مکزیک) به عنوان والدین تلاقی‌های دای‌آلل استفاده شد. در انتخاب والدین ضمن توجه به وجود تنوع ژنتیکی از نظر خصوصیات کمی و کیفی، سعی گردید که ژنوتیپ‌ها تقریباً از نواحی جغرافیایی مختلف انتخاب گردند. به منظور همزمانی در گلدهی و امکان افزایش تعداد تلاقی و تولید بذور  $F_1$ ، کشت در ۳ تاریخ با فواصل دو هفته‌ای در بهار ۱۳۸۶ در

( $\sigma_{GCA}^2$ ) و واریانس ترکیب‌پذیری خصوصی ( $\sigma_{SCA}^2$ ) استفاده شد (Banerjee & Kole, 2009)، به طوری که هرچقدر میزان فاکتور تشخیص به عدد یک نزدیک‌تر باشد، بیانگر اهمیت بیشتر اثرات افزایشی در کنترل ژنتیکی صفت مورد مطالعه می‌باشد. میزان انحراف فاکتور تشخیص (F) از عدد یک بیانگر نقش بیشتر اثرات غالبیت در کنترل ژنتیکی صفت مورد نظر می‌باشد (Banerjee & Kole, 2009).

### نتایج و بحث

در تجزیه و تحلیل ژنتیکی نسل‌ها و تلاقی‌های دای‌آلل وجود تنوع ژنتیکی کافی بین والدین و نتاج ضروری می‌باشد. به این منظور تجزیه واریانس داده‌های حاصل از ارزیابی ژنوتیپ‌ها در آزمایش صورت‌گرفت (جدول ۱). نتایج تجزیه واریانس بر اساس طرح بلوک کامل تصادفی نشان داد که تفاوت بین ژنوتیپ‌ها برای صفات مورد بررسی در نسل‌های ارزیابی  $F_1$  و  $F_2$  در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود (جدول ۱). نتایج تجزیه واریانس طرح ژنتیکی دای‌آلل با روش‌های اول و دوم گریفینگ برای صفات مورد مطالعه در نسل‌های  $F_1$  و  $F_2$  به ترتیب در جدول‌های ۲ و ۳ آورده شده‌اند. نتایج تجزیه واریانس برای تمام صفات ارزیابی شده بر مبنای روش یک گریفینگ در نسل  $F_1$  نشان داد که

ژنتیکی دای‌آلل کامل، در روش اول گریفینگ (Griffing, 1956) و نسل  $F_2$  به همراه والدها (تلاقی‌های یک‌طرفه) به روش دوم گریفینگ، همچنین برآورد پارامترهای ژنتیکی Jinks & Hayman (1953) توسط نرم‌افزار Diallel (Burrow & Coors, 1994) و SAS، (Zhang & Kang 1997)، مورد تجزیه و تحلیل ژنتیکی قرار گرفتند. به منظور محاسبه وراثت‌پذیری عمومی ( $H_b$ ) و وراثت‌پذیری خصوصی ( $H_n$ ) از روابط زیر استفاده شد که در آنها واریانس خطای طرح بلوک تقسیم بر تعداد تکرار،  $\sigma_A^2$  و  $\sigma_D^2$  به ترتیب اجزاء متشکله واریانس افزایشی و غالبیت بودند (Mather & Jinks, 1982).

$$H_b = \frac{\sigma_A^2 + \sigma_D^2}{\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_e^2}$$

$$H_n = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_e^2}$$

همچنین در این مطالعه از شاخص عامل تشخیص (Prediction Factor) استفاده شد که به طریق ذیل محاسبه می‌شود:

$$PF = \frac{2\sigma_{GCA}^2}{2\sigma_{GCA}^2 + \sigma_{SCA}^2}$$

از فاکتور تشخیص به عنوان معیاری در جهت مقایسه اهمیت نسبی واریانس ترکیب‌پذیری عمومی

جدول ۱- میانگین مربعات صفات اندازه‌گیری شده مرتبط با کیفیت دانه در نسل‌های ارزیابی  $F_1$  و  $F_2$  در گلرنگ

آزمایش ارزیابی نسل $F_1$					
میانگین مربعات					
منبع تغییر	درجه آزادی	فیبر دانه	خاکستر دانه	پروتئین دانه (%)	عملکرد روغن
بلوک	۲	۳۹/۲۱**	۲/۰۵**	۳۲/۷۹**	۱/۶۰**
ژنوتیپ	۶۳	۲۵/۸۱**	۰/۳۲**	۴/۴۷**	۱۵/۴۲**
خطا	۱۲۶	۸/۰۶	۰/۱۱	۲/۳۸	۰/۱۲
آزمایش ارزیابی نسل $F_2$					
میانگین مربعات					
منبع تغییر	درجه آزادی	فیبر دانه	خاکستر دانه	پروتئین دانه (%)	عملکرد روغن
بلوک	۲	۱۴۹/۷۱**	۰/۰۷	۳۱/۰۴**	۱/۹۰**
ژنوتیپ	۳۵	۲۹/۲۲**	۰/۳۹**	۵/۴۷**	۲۶/۷۵**
خطا	۷۰	۸/۰۶	۰/۰۴	۱/۶۵	۰/۱۲

\*، \*\* به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد.

ژن‌های هسته‌ای و ژن‌های سیتوپلاسمی) در کنترل ژنتیکی صفات مزبور می‌باشد (جدول ۲). معنی‌دار بودن اثر تلاقی‌های متقابل در تلاقی‌های دای‌آل گلرنگ را برای میزان روغن (Ramachandram & Goud, 1981). عدم معنی‌دار بودن تلاقی‌های متقابل در کنترل ژنتیکی مقدار روغن گلرنگ گزارش شده است (Yermanos et al., 1967). اجزای ژنتیکی برآورد شده ( $\sigma_A^2$ ,  $\sigma_D^2$ ,  $\sigma_{SCA}^2$  و  $\sigma_{GCA}^2$ ) برای صفات مختلف در نسل  $F_1$  ارزیابی در جدول ۲ آورده شده است. نتایج جدول بیانگر اهمیت

میانگین مربعات قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) و قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی (SCA) در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند (جدول ۲). این نتیجه حاکی از اهمیت توأم اثرات افزایشی و غیر افزایشی در کنترل ژنتیکی این صفات در نسل  $F_1$  بود. میانگین مربعات اثرات تلاقی‌های متقابل در روش یک گریفینگ برای مقدار فیبر دانه و عملکرد روغن در نسل ارزیابی  $F_1$  معنی‌دار گردید، که مبین اهمیت اثرات سیتوپلاسمی (اثرات مادری، ژن‌های سیتوپلاسمی، اثرات متقابل بین

جدول ۲- میانگین مربعات برای صفات ارزیابی شده در والد‌ها و نسل  $F_1$  به روش اول گریفینگ در گلرنگ

میانگین مربعات				درجه آزادی	منابع تغییر
عملکرد روغن	پروتئین دانه	خاکستر دانه	فیبر دانه		
۱۵/۴۲**	۴/۴۷**	۰/۲۳**	۲۵/۸۱**	۶۳	ژنوتیپ
۹۵/۸۹**	۱۰/۷۸*	۰/۵۹**	۸۷/۳۱**	۷	GCA
۷/۳۹**	۵/۱۲**	۰/۲۱**	۱۶/۵۹**	۲۸	SCA
۳/۳۲**	۲/۲۴	۰/۱۵	۱۹/۶۶**	۲۸	Recip.
برآورد اجزای ژنتیکی با استفاده از روش گریفینگ (مدل ۱)					
۳/۶۸±۲/۰۱	۰/۲۲±۰/۱۸	۰/۰۱±۰/۰۱۲	۲/۹۴±۱/۹۴		$\sigma_A^2$
۱/۳۶±۰/۳۱	۰/۵۱±۰/۱۸	۰/۰۲±۰/۰۱	۱/۰۳±۰/۸۷		$\sigma_D^2$
۱/۸۴±۱/۰۱	۰/۱۱±۰/۱۰	۰/۰۰۷±۰/۰۰۴	۱/۴۷±۰/۹۷		$\sigma_{GCA}^2$
۱/۳۶±۰/۳۱	۰/۵۱±۰/۱۸	۰/۰۱۹±۰/۰۱	۱/۰۳±۰/۸۷		$\sigma_{SCA}^2$
۰/۹۸±۰/۱۱	۰/۵۱±۰/۰۷	۰/۴۸±۰/۰۷۲	۰/۶±۰/۰۰۶		وراثت‌پذیری عمومی
۰/۷۲±۰/۱۴	۰/۲۱±۰/۰۸	۰/۳۱±۰/۰۶۸	۰/۴۵±۰/۰۰۵		وراثت‌پذیری خصوصی
۰/۷۳	۰/۳۰	۰/۴۲	۰/۷۴		فاکتور تشخیص

\*، \*\*، به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد.

جدول ۳- میانگین مربعات برای صفات ارزیابی شده در والد‌ها و نسل  $F_2$  به روش دوم گریفینگ در گلرنگ

میانگین مربعات				درجه آزادی	منابع تغییر
عملکرد روغن	پروتئین دانه	خاکستر دانه	فیبر دانه		
۲۶/۷۵**	۵/۴۷**	۰/۴**	۲۹/۲۲**	۳۵	ژنوتیپ‌ها
۶۶/۵۱**	۱۲/۸**	۱/۱۰**	۷۸/۲۱**	۷	GCA
۱۶/۸۱**	۳/۶۳**	۰/۲۱**	۱۶/۹۸**	۲۸	SCA
برآورد اجزای ژنتیکی با استفاده از روش گریفینگ (مدل ۲)					
۶/۶±۲/۸	۰/۶±۰/۳۹	۰/۱۱±۰/۰۷	۸/۶۸±۵/۲		$\sigma_A^2$
۸/۹۶±۳/۶	۰/۶۵±۰/۷۲	۰/۲۱±۰/۰۸	۱۱/۸۸±۳/۱۶		$\sigma_D^2$
۱/۶۵±۰/۷	۰/۳±۰/۱	۰/۰۲۹±۰/۰۱	۲/۱۷±۱/۳		$\sigma_{GCA}^2$
۲/۲۴±۰/۹	۰/۶۵±۰/۱۸	۰/۰۵±۰/۰۱۹	۲/۹۷±۰/۷۹		$\sigma_{SCA}^2$
۰/۹۷±۰/۱۵	۰/۶۵±۰/۰۵۹	۰/۷۷±۰/۰۳۸	۰/۸۷±۰/۰۴		وراثت‌پذیری عمومی
۰/۷۱±۰/۱۴	۱/۳۵±۰/۰۳۸	۰/۳۱±۰/۰۱۹	۰/۳۷±۰/۰۲۱		وراثت‌پذیری خصوصی
۰/۵۹	۰/۴۸	۰/۵۲	۰/۶۰		فاکتور تشخیص

\*، \*\*، به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد.

ارزیابی متعلق به میزان فیبر (%/.) بود (جدول‌های ۲ و ۳). میانگین اثرات GCA و میانگین والدین برای صفات مختلف ارزیابی شده در نسل‌های F<sub>1</sub> و F<sub>2</sub> در جدول ۴ آورده شده است. مطابق با جدول ۴، بیشترین مقدار فیبر در بین ژنوتیپ‌های والدینی، در نسل‌های ارزیابی F<sub>1</sub> و F<sub>2</sub> به ترتیب متعلق به والد C<sub>111</sub> و GE<sub>62918</sub> با مقادیر ۴۱/۵۳ و ۴۶/۷۰ درصد بود. کمترین مقدار فیبر در هر دو نسل متعلق به والد ۱۹۱-۲۲ بود. بیشترین مقدار اثر مثبت و معنی‌دار GCA برای فیبر متعلق به والد K<sub>21</sub> در هر دو نسل ارزیابی و کمترین مقدار اثر GCA متعلق به والد ISF<sub>14</sub> در هر دو نسل بود. در صفت خاکستر دانه، بالاترین و کمترین مقدار میانگین به ترتیب در نسل‌های ارزیابی F<sub>1</sub> و F<sub>2</sub> متعلق به والد A<sub>2</sub> و C<sub>111</sub> بود (جدول ۴). بیشترین مقدار اثر GCA برای فیبر دانه متعلق به والدهای A<sub>2</sub> و C<sub>4110</sub> به ترتیب در نسل‌های ارزیابی F<sub>1</sub> و F<sub>2</sub> بود. کمترین مقدار اثرات GCA برای درصد خاکستر متعلق به والد ۱۹۱-۲۲ در هر دو نسل ارزیابی بود.

محدوده تغییرات اثرات GCA برای درصد پروتئین در نسل F<sub>1</sub> ارزیابی از ۰/۵۱- (IL.111) تا ۰/۷۲ (C<sub>4110</sub>)

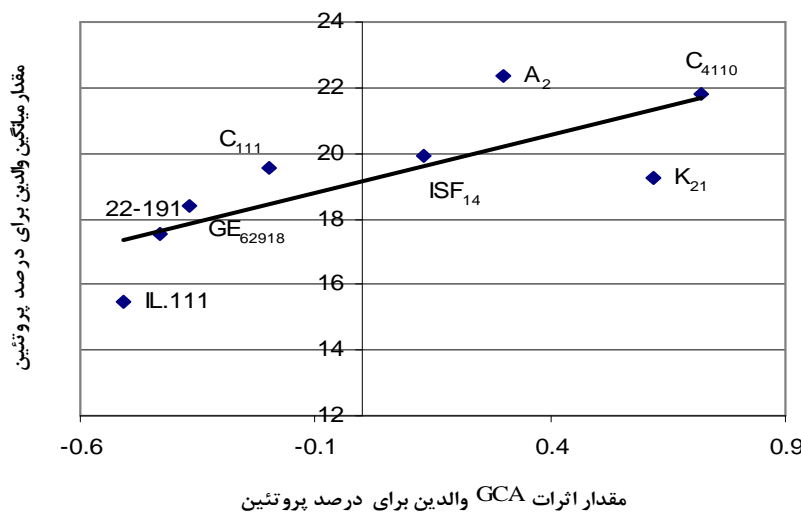
بیشتر  $\sigma_{GCA}^2$  برای صفات فیبر دانه و عملکرد روغن نسبت به  $\sigma_{SCA}^2$  در نسل F<sub>1</sub> ارزیابی بود. لذا می‌توان استنباط نمود که اثرات افزایشی نسبت به اثرات غالبیت نقش بیشتری در کنترل ژنتیکی این صفات داشته‌اند. در ارزیابی نسل F<sub>2</sub> میانگین مربعات GCA و SCA برای تمام صفات ارزیابی شده در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود (جدول ۳). این نتیجه بیانگر اهمیت توأم اثرات افزایشی و غالبیت در کنترل ژنتیکی این صفات بود. برآورد اجزای ژنتیکی در نسل ارزیابی F<sub>2</sub> نشان داد که  $\sigma_{SCA}^2$  نسبت به  $\sigma_{GCA}^2$  در تمامی صفات ارزیابی شده بیشتر بود. همچنین افزایش مقدار  $\sigma_D^2$  نسبت به مقدار  $\sigma_A^2$  برای صفات ارزیابی شده در نسل F<sub>2</sub> نسبت صفات ارزیابی شده در نسل F<sub>1</sub> مشاهده شد (جدول‌های ۲ و ۳). این نتیجه می‌تواند گویای وجود پیوستگی بین ژن‌های کنترل‌کننده هر صفت از نوع جذب و یا وجود اپیستازی از نوع تکمیلی باشد (Hayman, 1954). مقایسه فاکتور تشخیص برای صفات مختلف ارزیابی شده بیانگر میزان انحراف کمتر این فاکتور (PF) از یک برای صفات درصد فیبر و عملکرد روغن می‌باشد. بیشترین مقدار فاکتور تشخیص در هر دو نسل مورد

جدول ۴- مقادیر صفات و اثرات GCA برای والدین مربوط به نسل‌های ارزیابی F<sub>1</sub> و F<sub>2</sub> در گلرنگ

والد	نسل ارزیابی	فیبردانه (%/.)		خاکستردانه (%/.)		پروتئین دانه (%/.)		عملکرد روغن	
		میانگین	GCA	میانگین	GCA	میانگین	GCA	میانگین	GCA
GE <sub>62918</sub>	F <sub>1</sub>	۳۶/۱۶	-۰/۶۲*	۳/۵۳	۰/۰۲	۱۸/۴۰	-۰/۳۷*	۶/۹۷	-۰/۹۷**
	F <sub>2</sub>	۴۶/۷۰	۱/۸۳**	۳/۳۳	-۰/۱۳**	۱۸/۴	-۰/۷**	۷/۰۱	-۲/۳۱**
C <sub>111</sub>	F <sub>1</sub>	۴۱/۵۳	۰/۸۵**	۳/۱۴	۰/۰۰۶	۱۹/۵۶	-۰/۲	۸/۵۸	۰/۱۵**
	F <sub>2</sub>	۳۸/۵۰	۰/۱۳**	۳/۱۳	-۰/۰۰۷	۱۹/۵۷	-۰/۲۵	۹/۴۲	۰/۱۸**
C <sub>4110</sub>	F <sub>1</sub>	۳۹/۰۶	۰/۰۲	۳/۱۶	-۰/۰۱	۲۱/۸	۰/۷۲**	۹/۱۴	-۰/۴۳**
	F <sub>2</sub>	۳۷/۲	-۰/۰۱**	۳/۹۰	۰/۱۹**	۲۱/۸۲	۰/۹۳**	۱۰/۵۱	-۰/۳۸**
ISF <sub>14</sub>	F <sub>1</sub>	۳۶/۱۳	-۱/۱۷**	۳/۷۹	۰/۱۱**	۱۹/۹۳	۰/۱۳	۹/۷۷	۰/۲۹**
	F <sub>2</sub>	۳۶/۸۳	-۲/۰۱**	۳/۸۰	۰/۱۳**	۱۹/۹۴	۰/۳۵	۹/۴۹	-۰/۰۹
A <sub>2</sub>	F <sub>1</sub>	۴۰/۲۳	-۰/۵۱*	۳/۸۱	۰/۱۳**	۲۲/۳۳	۰/۰۳	۶/۶۲	-۲/۰۱**
	F <sub>2</sub>	۳۸/۹۶	-۰/۲۶**	۳/۹۳	۰/۱۵**	۲۲/۳۲	۰/۵*	۶/۰۵	-۱/۸۹**
K <sub>21</sub>	F <sub>1</sub>	۴۱/۳۳	۱/۸۱**	۳/۴۴	۰/۰۲	۱۹/۲۳	۰/۶۳**	۱۳/۶۹	۱/۲۸**
	F <sub>2</sub>	۴۴/۵۰	۲/۵۸**	۳/۴۶	-۰/۰۰۵	۱۹/۲۴	۰/۴۴*	۱۵/۶۷	۱/۰۱**
IL.۱۱۱	F <sub>1</sub>	۳۹/۰۶	۰/۷۹**	۳/۱۹	-۰/۰۰۷	۱۵/۴۶	-۰/۵۱**	۷/۷۶	-۰/۵۷۱**
	F <sub>2</sub>	۴۰/۰۶	۰/۴۲**	۳/۲۰	-۰/۱۴**	۱۵/۴۵	-۰/۹۱**	۸/۸۷	-۰/۱
۱۹۱-۲۲	F <sub>1</sub>	۳۴/۹۰	-۱/۱۵**	۳/۴۱	-۰/۲۱**	۱۷/۵۶	-۰/۴۳	۱۲/۱۶	۲/۵۸**
	F <sub>2</sub>	۳۶/۶۰	-۱/۷۰**	۳/۶۰	-۰/۳۳**	۱۷/۵۴	-۰/۳۶	۱۲/۶۴	۲/۱۴**

\*، \*\* به ترتیب معنی‌دار در سطح ۵ و ۱ درصد.





شکل ۱- بررسی روند تغییرات اثرات GCA در مقابل میانگین والدها برای درصد پروتئین در نسل ارزیابی  $F_1$  در گلرنگ

فیبر در نسل  $F_1$  متعلق به تلاقی  $C_{111} \times K_{21}$  ( $41/7$ ) و در نسل  $F_2$  متعلق به تلاقی  $GE_{62918} \times K_{21}$  ( $44/1$ ) بود. والدین هر دو تلاقی دارای اثرات GCA مثبت و معنی‌دار بودند که این نتیجه بیانگر این موضوع است که گزینش بر اساس لاین‌های با ترکیب‌پذیری عمومی مثبت می‌تواند منجر به حصول تلاقی‌هایی با میانگین برتر شود که این یافته تأکیدی بر اهمیت اثرات افزایشی در کنترل ژنتیکی فیبر دانه می‌باشد. در صفت خاکستر دانه بیشترین و کمترین مقدار در نسل  $F_1$  به ترتیب متعلق به تلاقی  $IL.111 \times 22-191$  ( $3/01$ ) و  $C_{111} \times K_{21}$  ( $3/84$ ) بود. در نسل ارزیابی  $F_2$  بیشترین و کمترین مقدار خاکستر به ترتیب متعلق به تلاقی  $C_{4110} \times ISF_{14}$  ( $4/06$ ) و  $IL.111 \times 22-191$  ( $2/56$ ) بود (جدول ۵). در صفت پروتئین دانه دامنه تغییرات در ارزیابی نسل  $F_1$  از  $15/75$  درصد در تلاقی  $GE_{62918} \times 22-191$  تا  $21/62$  درصد در تلاقی  $GE_{62918} \times K_{21}$  متغیر بود (جدول ۵). استفاده از تلاقی‌های با کمینه و یا بیشینه در میزان پروتئین بسته به نوع هدف اصلاحی، می‌تواند در اولویت قرار گیرد. در صفت عملکرد روغن (گرم در تک بوته) بیشترین مقدار عملکرد روغن در نسل‌های ارزیابی  $F_1$  و  $F_2$  متعلق به تلاقی  $K_{21} \times 22-191$  و کمترین آن متعلق به تلاقی  $GE_{62918} \times A_2$  در نسل  $F_1$  ( $6/15$ ) و  $GE_{62918}$  در نسل  $F_2$  ( $6/37$ ) بود (جدول ۵). جدول ۶ ضرایب همبستگی فنوتیپی بین صفات مختلف کیفی ارزیابی شده بین تمام ژنوتیپ‌های ارزیابی شده (والدین

(شکل ۱) و در نسل  $F_2$  ارزیابی از  $-0/91$  ( $IL.111$ ) تا  $0/93$  ( $C_{4110}$ ) (شکل ۲) بود. میانگین درصد پروتئین در ژنوتیپ‌های والدی در ارزیابی نسل‌های  $F_1$  و  $F_2$  از  $15/46$  درصد در والد  $IL.111$  تا  $22/3$  درصد در والد  $A_2$  متغیر بود (شکل‌های ۱ و ۲). والدهای  $C_{4110}$  و  $K_{21}$  با برخورداری از اثرات GCA مثبت و معنی‌دار در گروه بهترین والدهای ترکیب‌پذیر از نظر میزان افزایش پروتئین هستند (جدول ۴).

در صفت عملکرد روغن (برحسب تک بوته) بیشترین مقدار عملکرد روغن در نسل‌های ارزیابی  $F_1$  و  $F_2$  متعلق به ژنوتیپ  $K_{21}$  بود (شکل‌های ۳ و ۴). بیشترین و کمترین مقدار اثرات GCA در نسل  $F_1$  ارزیابی به ترتیب متعلق به والد  $22-191$  و  $A_2$  بود (شکل ۳). همچنین، بیشترین و کمترین مقدار اثرات GCA در نسل  $F_2$  ارزیابی به ترتیب متعلق به والد  $22-191$  و  $GE_{62918}$  بود (شکل ۴). ژنوتیپ‌های والدی  $22-191$ ،  $C_{111}$  و  $K_{21}$  با برخورداری از اثرات GCA مثبت و معنی‌دار (جدول ۴) و بعنوان ترکیب‌شونده‌های عمومی مطلوب، در برنامه‌های اصلاحی افزایش عملکرد روغن می‌تواند به کار گرفته شوند. از اثرات GCA بیشتر و مثبت حاصل از تجزیه لاین  $\times$  تستر چند ژنوتیپ گلرنگ جهت معرفی بهترین ترکیب‌شونده‌ها برای بهبود میزان روغن دانه استفاده شده است (Deshmukh et al., 1991).

میانگین‌های صفات ارزیابی شده برای ژنوتیپ‌های مختلف در جدول ۵ آورده شده است. بیشترین مقدار

یکی از والدین تلاقی، در اعمال برنامه‌های هیبریداسیون با والدینی که دارای GCA مثبت و معنی‌دار برای عملکرد روغن باشد، می‌تواند منجر به افزایش محتوای روغن و تولید ژنوتیپ‌های برتر شود. همچنین صرفنظر از اهمیت زراعی گلرنگ به عنوان یک گیاه دانه روغنی، در صورتی که در برنامه‌های اصلاحی هدف افزایش پروتئین دانه به منظور بهبود کیفیت تغذیه‌ای آن و یا استفاده از کنجاله آن در خوراک دام مد نظر باشد، در تلاقی بین والدین دارنده GCA مثبت و معنی‌دار برای خاکستر دانه و پروتئین دانه، امکان افزایش درصد پروتئین دانه در نتاج تلاقی نسبت به والدین وجود خواهد داشت.

مقایسه وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی صفات مختلف در نسل ارزیابی  $F_1$  و  $F_2$  نشان می‌دهد که

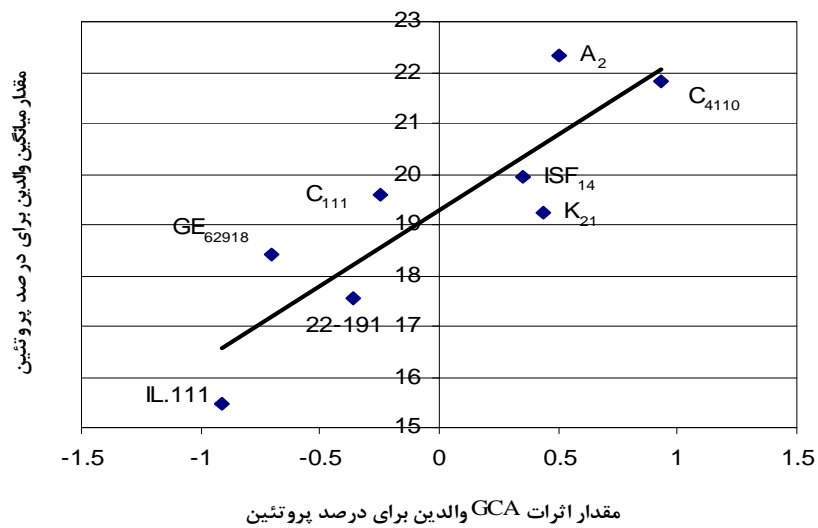
و نتاج آنها) در نسل  $F_1$  (۶۴ ژنوتیپ) و در نسل  $F_2$  (۳۶ ژنوتیپ) را نشان می‌دهد و مطابق با نتایج به دست آمده، همبستگی مثبت و معنی‌دار ( $r=0.53^{**}$ ) بین پروتئین دانه (٪) و خاکستر دانه (٪) وجود دارد. لذا در صورتی که هدف افزایش مقدار پروتئین دانه باشد، استفاده تلاقی‌هایی که مقدار پروتئین بالاتر و یا خاکستر دانه بیشتری دارند، مفید می‌باشد. همچنین بین خاکستر دانه و عملکرد روغن همبستگی منفی و معنی‌دار در نسل  $F_2$  وجود داشت ( $r=-0.6^{**}$ ). لذا به نظر می‌رسد چنانچه مقدار فیبر و خاکستر دانه کاهش یابد، افزایش در عملکرد روغن به دست آید.

بنابراین به نظر می‌رسد، انتخاب والدینی که دارای GCA منفی برای مقدار فیبر دانه می‌باشند به عنوان

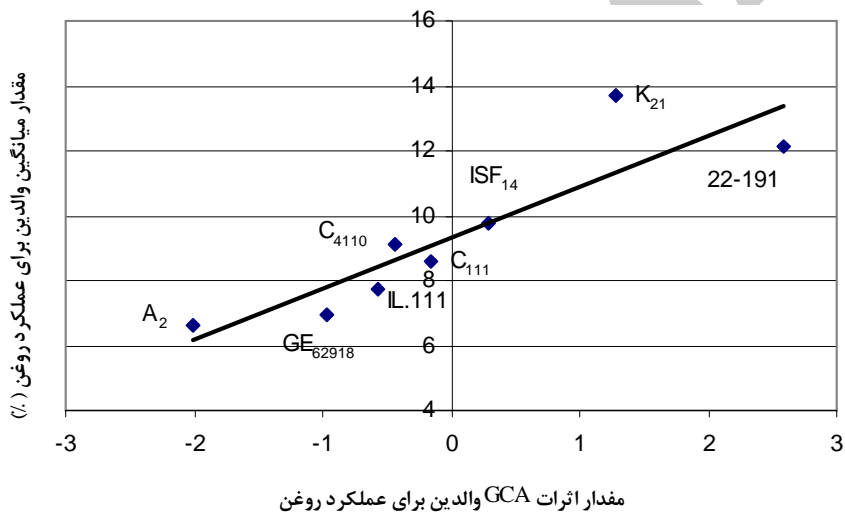
جدول ۵- میانگین تلاقی‌ها برای صفات مختلف ارزیابی شده در نسل‌های  $F_1$  و  $F_2$  در گلرنگ

ژنوتیپ‌ها	فیبر (٪)		خاکستر (٪)		پروتئین (٪)		عملکرد روغن (گرم در تک بوته)	
	$F_1$	$F_2$	$F_1$	$F_2$	$F_1$	$F_2$	$F_1$	$F_2$
GE <sub>62918</sub> ×C <sub>111</sub>	۴۰/۸	۴۰/۲	۳/۵	۳/۸	۱۸/۸	۱۸/۵	۷/۱	۷/۲
GE <sub>62918</sub> ×C <sub>4110</sub>	۳۸/۳	۴۰/۱	۳/۶	۳/۵	۲۰/۰	۱۹/۵	۷/۰	۸/۲
GE <sub>62918</sub> ×ISF <sub>14</sub>	۳۶/۲	۳۳/۱	۳/۷	۳/۴۰	۱۹/۳	۱۹/۰	۷/۹	۸/۲
GE <sub>62918</sub> ×A <sub>2</sub>	۳۸/۹	۴۱/۸	۳/۸	۳/۷	۱۹/۵	۱۹/۳	۶/۱	۶/۷
GE <sub>62918</sub> ×K <sub>21</sub>	۴۰/۲	۴۴/۱	۳/۳	۳/۴	۲۱/۶	۲۱/۲	۱۱/۶	۶/۳
GE <sub>62918</sub> ×IL <sub>111</sub>	۳۸/۳	۴۰/۱	۳/۲	۳/۱	۱۹/۴	۱۸/۶	۶/۹	۸/۷
GE <sub>62918</sub> ×۲۲-۱۹۱	۳۶/۰	۴۲/۱	۳/۴	۳/۲	۱۵/۷	۱۹/۴	۱۱/۵	۸/۲
C <sub>111</sub> ×C <sub>4110</sub>	۳۹/۹	۴۰/۳	۳/۱	۳/۹	۱۹/۷	۱۹/۴	۹/۲	۱۳/۳
C <sub>111</sub> ×ISF <sub>14</sub>	۳۸/۲	۳۸/۵	۳/۷	۳/۸	۱۹/۲	۱۹/۶	۹/۶	۱۱/۷
C <sub>111</sub> ×A <sub>2</sub>	۳۷/۰	۳۸/۱	۳/۷	۳/۹۰	۱۹/۳	۱۸/۹	۷/۱	۹/۱
C <sub>111</sub> ×K <sub>21</sub>	۴۱/۷	۴۲/۶	۳/۸۴	۳/۸	۲۱/۰	۱۸/۶	۹/۲	۸/۹
C <sub>111</sub> ×IL <sub>111</sub>	۳۹/۷	۳۵/۴	۳/۶	۳/۸۰	۲۰/۶	۲۰/۷	۹/۱	۱۱/۷
C <sub>111</sub> ×۲۲-۱۹۱	۳۷/۸	۳۶/۹	۳/۴	۳/۱	۱۹/۶	۲۰/۴	۱۱/۹	۱۲/۱
C <sub>4110</sub> ×ISF <sub>14</sub>	۳۷/۵	۳۹/۵	۳/۵	۴/۰۶	۲۱/۲	۲۱/۳	۸/۸	۱۳/۵
C <sub>4110</sub> ×A <sub>2</sub>	۳۶/۵	۳۹/۹	۳/۷	۳/۹	۲۰/۲	۲۱/۲	۶/۳	۷/۰
C <sub>4110</sub> ×K <sub>21</sub>	۳۹/۰	۳۹/۹	۳/۸	۳/۷	۲۱/۰	۲۱/۸	۹/۶	۷/۳
C <sub>4110</sub> ×IL <sub>111</sub>	۴۰/۸	۳۷/۶	۳/۶	۳/۷	۲۱	۲۰/۴	۸/۵	۱۲/۰
C <sub>4110</sub> ×۲۲-۱۹۱	۳۸/۸	۳۸/۰	۳/۴	۳/۶	۲۰/۴	۲۱/۷	۱۰/۸	۹/۵
ISF <sub>14</sub> ×A <sub>2</sub>	۳۵/۵	۳۶/۳	۳/۸	۳/۸۰	۱۹/۳	۲۰/۸	۹/۵	۸/۵
ISF <sub>14</sub> ×K <sub>21</sub>	۴۰/۲	۳۹/۹	۳/۶	۳/۸	۲۰/۵	۲۱/۶	۸/۶	۸/۵
ISF <sub>14</sub> ×IL <sub>111</sub>	۳۸/۸	۴۱/۳	۳/۶	۴/۰۱	۲۱/۱	۲۱/۱	۹/۰	۷/۶
ISF <sub>14</sub> ×۲۲-۱۹۱	۳۷/۹	۳۶/۹	۳/۲	۳/۲	۱۹/۸	۱۹/۶	۱۲/۲	۱۴/۸
A <sub>2</sub> ×K <sub>21</sub>	۴۰/۴	۴۳/۰	۳/۶	۳/۶	۲۰/۳	۲۰/۱	۷/۷	۸/۴
A <sub>2</sub> ×IL <sub>111</sub>	۴۱/۱	۴۰/۰	۳/۷	۳/۷	۱۸/۹	۱۹/۵	۵/۴	۸/۷
A <sub>2</sub> ×۲۲-۱۹۱	۳۶/۲	۳۷/۵	۳/۲۰	۲/۶	۱۹/۸	۱۹/۹	۸/۲	۱۱/۵
K <sub>21</sub> ×IL <sub>111</sub>	۴۰/۵	۴۱/۷	۳/۵	۳/۵	۲۰/۲	۱۹/۹	۸/۸	۱۱/۴
K <sub>21</sub> ×۲۲-۱۹۱	۴۱/۰	۳۹	۳/۲	۳/۴	۲۰/۵	۲۱/۲	۱۴/۱	۱۹/۰
IL <sub>111</sub> ×۲۲-۱۹۱	۳۷/۹	۳۷/۵	۳/۰	۲/۵	۱۸/۶	۱۹/۲	۱۲/۹	۱۲/۰

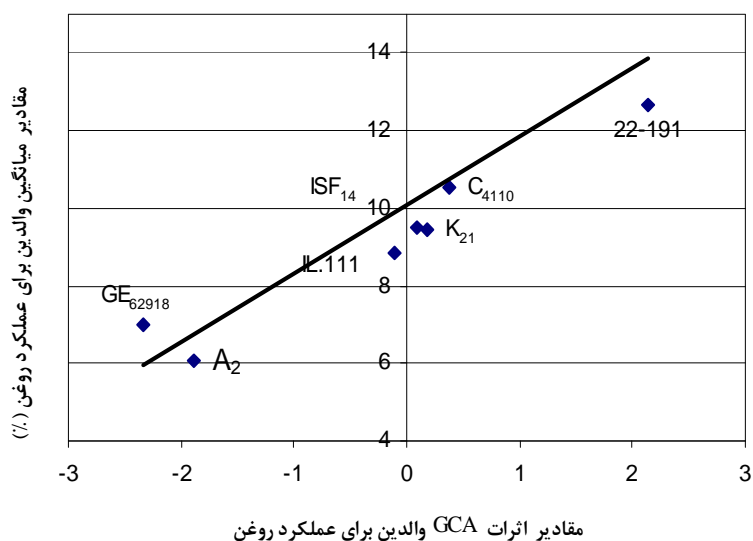




شکل ۲- بررسی روند تغییرات اثرات GCA در مقابل میانگین والد‌ها برای درصد پروتئین در نسل ارزیابی F<sub>2</sub> در گلرنگ



شکل ۳- بررسی روند تغییرات اثرات GCA در مقابل میانگین والد‌ها برای عملکرد روغن در نسل ارزیابی F<sub>1</sub> در گلرنگ



شکل ۴- بررسی روند تغییرات اثرات GCA در مقابل میانگین والد‌ها برای عملکرد روغن در نسل ارزیابی F<sub>2</sub> در گلرنگ

ژنتیکی این صفت در بین والدین می‌باشد. برآورد مثبت  $H_1-H_2$  مبین عدم تساوی تعداد آلل‌های مثبت و منفی در کلیه مکان‌های ژنی کنترل‌کننده درصد پروتئین می‌باشد. جدول ۶ پارامترهای ژنتیکی برآورد شده به روش جینکز-هیمن را برای صفت درصد پروتئین نشان می‌دهد.

همچنین با توجه به نقش کم اثرات افزایشی در کنترل ژنتیکی صفت درصد خاکستر می‌توان نقش اثرات اپیستازی و سایر اثرات متقابل ژنی (افزایشی  $\times$  غالبیت  $\times$  غالبیت) را در کنترل این صفات مد نظر قرار داد (Mather & Jinks, 1982). Pahlavani et al. (2007) و Yermanos et al. (1967) استفاده از تجزیه و تحلیل میانگین نسل‌ها در گلرنگ نشان داد که مدل افزایشی-غالبیت در توجیه تنوع میزان روغن بین نسل‌ها ناتوان بوده و احتمالاً اثرات اپیستازی در کنترل میزان روغن دانه نقش داشته است.

به جز عملکرد روغن، مقدار وراثت‌پذیری عمومی برای صفات فیبر دانه، خاکستر دانه و پروتئین دانه در نسل  $F_1$  در محدوده متوسط قرار داشت. این نتیجه، نقش معنی‌دار اثرات محیطی را در کنترل واریانس فنوتیپی این صفات بیان می‌کند. محاسبه فاکتور تشخیص، که بیانگر اهمیت نسبی اثرات افزایشی و غالبیت می‌باشد (Baker, 1978)، نشان داد که در صفات فیبر و عملکرد روغن (در نسل ارزیابی  $F_1$ )  $\sigma_{GCA}^2$  نسبت به  $\sigma_{SCA}^2$  اهمیت بیشتری داشته است. در سایر صفات اندازه‌گیری شده با توجه به انحراف بیشتر مقدار عددی فاکتور تشخیص از یک، اهمیت بیشتر اثرات غیرافزایشی (از جمله غالبیت) نسبت به اثرات افزایشی مشخص شد. مقایسه بین نتایج حاصل از ارزیابی صفات مختلف در نسل‌های  $F_1$  و  $F_2$  نشان می‌دهد که مقدار واریانس غالبیت ( $\sigma_D^2$ ) نسبت به واریانس افزایشی ( $\sigma_A^2$ ) در نسل  $F_2$  افزایش بیشتری برای هر صفت داشته است. این نتیجه می‌تواند گویای وجود اپیستازی تکمیلی و یا لینکاژ از نوع جذب بین ژن‌های کنترل‌کننده این صفات، بجز درصد پروتئین دانه، باشد (Ramachandram & Goud, 1981; Hayman, 1954). لذا به نظر می‌رسد که استفاده از نسل‌های پیشرفته تلاقی در این ژنوتیپ‌ها سبب افزایش احتمال شکستن لینکاژهای ژنی شود

بالاترین مقدار توارث عمومی و خصوصی در هر دو نسل متعلق به عملکرد روغن و کمترین مقدار وراثت‌پذیری عمومی به ترتیب متعلق به صفات خاکستر دانه (در نسل  $F_1$ ) و پروتئین دانه (در نسل  $F_2$ ) بود.

وراثت‌پذیری خصوصی پائین برای صفات درصد خاکستر و درصد پروتئین دانه بیانگر نقش بیشتر اثرات غیر افزایشی (از جمله غالبیت) در واریانس ژنتیکی این صفات بود. وراثت‌پذیری پائین عملکرد روغن در گلرنگ توسط سایر محققین گزارش شده است (Camas et al., 2007; Gupta & Singh, 1988). متوسط برای صفت فیبر در هر دو نسل، بیانگر نقش بیشتر اثرات افزایشی در کنترل ژنتیکی این صفت بود.

این نتایج با مقایسه اجزای واریانس ژنتیکی ( $\sigma_A^2$  و  $\sigma_D^2$ ) و مقایسه اهمیت نسبی هر کدام از این اجزاء مطابقت نشان داد. به طوری که می‌توان استنباط نمود که در نسل‌های ارزیابی  $F_1$  و  $F_2$ ، اثرات افزایشی در کنترل ژنتیکی درصد فیبر و عملکرد، اثرات غالبیت در کنترل ژنتیکی درصد خاکستر و اثرات افزایشی و غالبیت به طور توأم در کنترل ژنتیکی محتوای پروتئین دانه ( $\%$ ) نقش داشته‌اند.

به منظور انجام تجزیه ژنتیکی روش هیمن و برآورد پارامترهای ژنتیکی در این روش، ابتدا فرضیات لازم روش جینکز-هیمن توسط روش رگرسیون مورد آزمون قرار گرفت. نتایج بررسی فرضیات آزمون نشان داد که فقط، فرضیات برای کنترل ژنتیکی میزان پروتئین ( $\%$ ) صادق است. مقایسه میزان پارامترهای ژنتیکی  $D$  (بیانگر اثرات افزایشی) و  $H_1$  (بیانگر اثرات غالبیت) و متوسط درجه غالبیت برابر با یک  $[H_1/D]^{0.5}$  برای درصد پروتئین در نسل‌های ارزیابی  $F_1$  و  $F_2$  بیانگر اهمیت توأم اثرات افزایشی و غیرافزایشی در کنترل ژنتیکی این صفت می‌باشد. نتایج این مطالعه با گزارش Pahlavani et al. (2007) مبنی بر وجود مدل افزایشی-غالبیت در کنترل ژنتیکی درصد پروتئین دانه در گلرنگ مطابقت دارد. برآورد مقدار مثبت  $F$  در هر دو نسل ارزیابی بیانگر فراوانی بیشتر آلل‌های غالب نسبت به آلل‌های مغلوب در کنترل ژنتیکی درصد پروتئین دانه می‌باشد. اختلاف مقدار  $H_2/4H_1$  با  $0/25$  در نسل‌های  $F_1$  و  $F_2$  بیانگر عدم تعادل تقارن در توزیع آلل‌های مثبت و منفی در کنترل

جدول ۶- جدول ضرایب همبستگی بین صفات مختلف کیفی مرتبط با کیفیت دانه در ژنوتیپ‌های ارزیابی شده (والدها و تلاقی‌ها) در نسل‌های  $F_1$  و  $F_2$  در گلرنگ

عملکرد روغن	پروتئین دانه (%)	خاکستر دانه (%)	فیبر دانه (%)		
			۱	$F_1$	فیبردانه
			۱	$F_2$	
		۱	-۰/۰۲	$F_1$	خاکستر دانه
		۱	۰/۰۶	$F_2$	
	۱	۰/۲۶	۰/۳۱	$F_1$	پروتئین دانه
	۱	۰/۵۳**	۰/۲۷	$F_2$	
۱	۰/۰۵	-۰/۲۸	-۰/۰۲	$F_1$	عملکرد روغن
۱	-۰/۲۹	-۰/۰۶**	۰/۰۵	$F_2$	

\*\* معنی‌دار در سطح ۱ درصد.

جدول ۷- برآورد پارامترهای ژنتیکی کنترل‌کننده به روش جینکز-همین برای پروتئین دانه (%) در نسل‌های ارزیابی  $F_1$  و  $F_2$

B (Wr/Vr)	(H1/D) <sup>0.5</sup>	H <sub>2</sub> /4H <sub>1</sub>	H1-H2	h	F	H <sub>2</sub>	H <sub>1</sub>	D	(%)
۱/۰۳±۰/۲۶	۱/۰۱	۰/۱۱	۲/۳۵	۱/۳۳*	۵/۷۸**	۱/۸۴	۴/۱۹**	۴/۱۱	$F_1$
۱/۲۵±۰/۱۶	۱/۰۵	۰/۱۳	۲/۲۴	۱/۵۶**	۵/۳۱**	۲/۵۹**	۴/۸۳**	۴/۳۱**	$F_2$

\*\* معنی‌دار در سطح ۱ درصد.

مشخص شد که در کنترل ژنتیکی صفات فیبر و عملکرد روغن اثرات افزایشی و در کنترل ژنتیکی صفات خاکستر و درصد پروتئین اثرات غالبیت نقش عمده را ایفا نمودند، لذا استفاده از تلاقی‌های برتر  $F_1$  به عنوان هیبریدهای برتر و بهره‌گیری از قدرت هتروزیس به منظور تولید ژنوتیپ‌هایی که اثرات غالبیت نقش عمده در کنترل ژنتیکی آنها دارند، توصیه می‌گردد. همچنین با در نظر گرفتن سیستم تولیدمثلی گلرنگ و وجود مشکلات تکنیکی از نظر تهیه ارقام هیبرید در گیاهان خودگشن به منظور بهبود صفات کیفی با وراثت‌پذیری خصوصی پائین، می‌توان از روش‌های انتخاب در نسل‌های پیشرفته تلاقی، انتخاب غیرمستقیم و انتخاب بر مبنای نشانگر مولکولی، استفاده کرد. به این ترتیب که QTL‌های خصوصیات مزبور مورد شناسایی قرار گیرند و سپس گزینش بر مبنای نشانگرهایی که با خصوصیات کمی با وراثت‌پذیری پائین پیوستگی دارند، صورت گیرد. در صفات فیبر و عملکرد روغن که اثرات افزایشی از اهمیت بیشتری برخوردار بوده‌اند و وراثت‌پذیری خصوصی بالاتری نیز داشتند، انتخاب تلاقی‌های برتر در نسل‌های اولیه در حال تفکیک ( $F_2$ ) و استفاده از روش‌های انتخاب شجره‌ای می‌تواند در جهت بهبود کیفی این صفات مؤثر واقع شود. لذا جمعیت  $F_2$  می‌تواند به عنوان یک جامعه مبنای در شروع برنامه اصلاحی به کار گرفته شود.

(Ramachandram & Goud, 1981). عدم تطابق کافی بین نتایج ارزیابی در نسل‌های  $F_1$  و  $F_2$  را می‌توان دلیل دیگری بر اهمیت بیشتر اثرات غالبیت وجود پیوستگی‌های ژنی و یا اپیستازی بین ژن‌های کنترل‌کننده برای صفات درصد فیبر، درصد خاکستر و عملکرد روغن عنوان نمود (Hill et al., 2001).

با در نظر گرفتن اثرات GCA والدین و تلاقی‌های برتر شناخته شده در این مطالعه می‌توان از ژنوتیپ‌های والدینی، هیبریدهای  $F_1$  و یا ژنوتیپ‌های برتر در نسل در حال تفکیک  $F_2$  به منظور بهبود صفات مختلف کیفی در برنامه‌های اصلاحی مختلف گلرنگ در کشور استفاده نمود. لذا چنانچه در برنامه‌های اصلاحی افزایش کیفیت بذر مدنظر باشد، استفاده از روش تلاقی بین والد‌های با ترکیب‌پذیری منفی و معنی‌دار برای صفات فیبر و خاکستر ( $ISF_{14}$  و ۱۹۱-۲۲) با والد‌های برخوردار از قابلیت ترکیب‌پذیری مثبت و معنی‌دار برای صفت محتوای روغن ( $C_{111}$ ، ۱۹۱-۲۲ و  $K_{21}$ ) می‌تواند منجر به تولید نتایج برتر از نظر کیفیت مطلوب بذر شود. همچنین در برنامه‌های اصلاحی با هدف افزایش پروتئین دانه، استفاده از والد‌های با ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار ( $C_{4110}$  و  $K_{21}$ ) در برنامه‌های تلاقی و همچنین استفاده از هیبریدهای برتر این مطالعه نظیر  $ISF_{14} \times IL.111$  مفید خواهد بود. با بررسی نتایج

## REFERENCES

1. Ashri, A. (1971). Evaluation of the world collection of safflower, *Carthamus tinctorius* L. I. Reaction to several diseases and associations with morphological characters in Israel. *Crop Sci*, 11, 253-257.
2. Baker, C. M. (1978). Issues in diallel analysis. *Crop Sci*, 18, 533-536.
3. Banerjee, P. P. & Kole, P. C. (2009). Analysis of genetic architecture for some physiological characters in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Euphytica*, 168, 11-22.
4. Burrow, M. D. & Coors, J. G. (1994). Diallel: A microcomputer program for the simulation and analysis of diallel crosses. *Agron J*, 86, 154-158.
5. Camas, N., Cirak, C. & Esendal, E. (2007). Seed yield, oil content and fatty acid composition of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) grown in Northern Turkey conditions. *J Fac Agric* 22, 98-104.
6. Dajue, L. & Mundel, H. H. (1996). Safflower (*Carthamus tinctorius* L.). IPGRI, Italy.
7. Deharo, A., Rio, M. D., Lopez, J. C., Garcia, M. A., Palomares, M. J. & Fernandez-Martinez, J. (1991). Evaluation of a world collection of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) for oil quality and other seed characters. *Sesame Safflower Newsl*, 6, 94-99.
8. Deshmukh, M. P., Patil, B. R. & Chopade, P. B. (1991). General evaluation of some selected lines of safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *Indian J Agric Res*, 25, 181-188.
9. Dwiedi S. L., Upadhyaya, H. D. & Hegde, D. M. (2005). Development of core collection in safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm. *Genet Resour Crop Evol*, 52, 821-830.
10. Fernandez-Martinez, J. M., Rio, M. & Haro, M. (1993). Survey of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm for variants in fatty acid composition and other seed characters. *Euphytica* 69, 115-122.
11. Griffing, B. (1956). Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust J Biol Sci*, 9, 463-493.
12. Gupta, R. K. & Singh, S. B. (1988). Diallel analysis for seed yield, oil content and other economic traits in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *Genetika-Yugoslavia*, 20, 161-173.
13. Hallauer, A. R. & Miranda, J. B. (1981). *Quantitative genetics in maize breeding*, Iowa State University Press, Ames, IA.
14. Hamdan, Y. A. S., Perez-Vich, B., Fernandez-Martinez, J. M. & Velasco, L. (2009). Novel safflower germplasm with increased saturated fatty acid content. *Crop Sci*, 49, 127-132.
15. Hayman, B. I. (1954). The analysis of variance of diallel tables. *Biometrics*, 10, 235-244.
16. Hill, J., Wagoire, W. W., Ortiz, R. & Stolen, O. (2001). Analysis of a combined F<sub>1</sub>/F<sub>2</sub> diallel cross in wheat. *Theor Appl Genet*, 102, 1076-1081.
17. Jinks, J. L. & Hayman, B. I. (1953). The analysis of diallel crosses. *Maize Genet. Coop. News*. 27:48-54.
18. Johnson, R. C., Bergman, J. W. & Flynn, C. R. (1999). Oil and meal characteristics of core and non-core safflower accessions from the USDA collection. *Genet Resour Crop Evol*, 46, 611-618.
19. Knowles, P. F. (1969). Centers of plant diversity and conservation of crop germplasm. Safflower. *Econ Bot*, 23, 324-329.
20. Kotecha, A. (1979). Inheritance and association of six traits in safflower. *Crop Sci*, 19, 523-527.
21. Mandal, A. B. & Banerjee, S. P. (1997). Diallel analysis of yield and yield components in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *J Genet Breed*, 51, 211-215.
22. Mather, K. & Jinks, J. L. (1982). *Biometrical genetics*. Chapman and Hall: London.
23. Pahlavani, M. H., Saeidi, G. & Mirlohi, A. F. (2007). Genetic analysis of seed yield and oil content in safflower using F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> progenies of diallel crosses. *Int J Plant Prod*, 2, 129-140.
24. Ragab, A. I. & Fried, W. (1992). Combining ability and reciprocal effects for some agronomic and oil quality traits in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *Sesame Safflower Newsl*, 7, 62-69.
25. Ramachandram, M. & Goud, J. V. (1981). Genetic analysis of seed yield, oil content and their components in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *Theor Appl Genet*, 60, 191-195.
26. SAS Institute. SAS/ STAT software (1997). Changes and enhancements, through release 6.12. SAS Institute Inc., Cary, NC.
27. Singh, R. J. (2007). *Genetic Resources, Chromosome Engineering and Crop Improvement*. CRC Press Inc. Boca Raton, Florida, USA.
28. Weiss, E. A. (2000). *Oil seed Crops*. 2nd ed. Blackwell Science, Oxford.
29. Yermanos, S., Hemstreet, S & Garber, M. J. (1967). Inheritance of quality and quantity of seed-oil in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *Crop Sci*, 7, 417-422.
30. Zhang, Y. & Kang, M. S. (1997). DIALLEL-SAS: A SAS program for Griffing's diallel analyses. *Agron J*, 89, 176-182.