



## به‌شادی گیاهان زراعی و باغی

دوره ۱ ■ شماره ۲ ■ پاییز و زمستان ۱۳۹۲

صفحه‌های ۸۷-۹۹

# مطالعه ژنتیکی بعضی صفات مورفولوژیکی ریشه چغندرقد از طریق تجزیه دای‌آلل و روش GGE-بای‌پلات

محسن نیازیان\*<sup>۱</sup>، ابادر رجبی<sup>۲</sup>، رضا امیری<sup>۳</sup>، سید محمدمهدی مرتضویان<sup>۴</sup> و محمدرضا اوراضی‌زاده<sup>۵</sup>

۱. دانشجوی دکتری اصلاح نباتات- ژنتیک بیومتری، گروه علوم زراعی و اصلاح نباتات، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران، پاکدشت، ایران و عضو باشگاه پژوهشگران جوان دانشگاه آزاد اسلامی واحد اسلام‌آباد غرب، اسلام‌آباد غرب، ایران (نویسنده مسئول مکاتبات\*).
۲. استادیار بخش اصلاح نباتات، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه بذر چغندرقد، کرج، ایران
۳. دانشیار گروه علوم زراعی و اصلاح نباتات، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران، پاکدشت، ایران
۴. استادیار گروه علوم زراعی و اصلاح نباتات، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران، پاکدشت، ایران
۵. کارشناس پژوهشی بخش اصلاح نباتات، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه بذر چغندرقد، کرج، ایران

تاریخ پذیرش مقاله: ۹۲/۱۰/۷

تاریخ وصول مقاله: ۹۱/۷/۱۶

### چکیده

به‌منظور مشخص کردن نحوه کنترل ژنتیکی و وراثت‌پذیری تعدادی از صفات مورفولوژیکی ریشه چغندرقد که می‌توانند برای افزایش عملکرد ریشه، عملکرد قند و عملکرد قند قابل استحصال در چغندرقد زمستانه مفید باشند، از تلاقی دای‌آلل و روش بای‌پلات داده‌های دای‌آلل استفاده شد. بدین منظور، نه ژنوتیپ به نام‌های 436-104, 261, 452, 474, 7173, 7112-36, SB-FIROZ, RR607 و 436 به‌صورت دای‌آلل یک‌طرفه تلاقی داده شدند. والدین به همراه ۳۶ هیبرید حاصل از آن‌ها در قالب یک طرح لاتیس سه‌گانه با ۴۹ تیمار در سه تکرار در ایستگاه تحقیقاتی صفی‌آباد واقع در شهرستان دزفول در سال زراعی ۱۳۸۷-۱۳۸۸ بررسی شدند. صفات بررسی شده شامل طول ریشه، قطر ریشه و ارتفاع طوقه بودند. نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که بین تیمارها برای صفات طول ریشه و ارتفاع طوقه در سطح احتمال یک‌درصد و برای صفت قطر ریشه در سطح احتمال پنج‌درصد تفاوت معنادار وجود دارد. بیشترین میزان وراثت‌پذیری عمومی برای صفات مطالعه‌شده مربوط به صفت طول ریشه بود. در کنترل صفت طول ریشه نقش اثرهای غیرافزایشی ژن‌ها بیشتر از اثرهای افزایشی بود. همچنین برای صفات قطر ریشه و ارتفاع طوقه اثرهای افزایشی ژن‌ها مهم‌تر از اثرهای غیرافزایشی بود. ترکیب‌پذیری عمومی ژنوتیپ‌ها برای هر سه صفت مورفولوژیک در سطح احتمال پنج‌درصد معنادار بود. جهت ارزیابی پتانسیل ژنوتیپ‌های والدینی از روش گرافیکی GGE biplot استفاده شد. ژنوتیپ 7173 ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنادار برای قطر ریشه داشت. همچنین بهترین هیبریدها برای صفات طول ریشه کوتاه‌تر، قطر ریشه بیشتر و ارتفاع طوقه کمتر به ترتیب هیبریدهای 436 × 7173، 436 × 436-104 و 261 × 436 بودند.

کلیدواژه‌ها: بای‌پلات، تجزیه ژنتیکی، تجزیه دای‌آلل، ریشه، صفات مورفولوژیکی.

## مقدمه

با توجه به افزایش روزافزون جمعیت و نقش شکر به منزله یکی از اجزای مهم جیره غذایی بشر، پژوهش‌ها پیرامون این ماده غذایی روزبه‌روز اهمیت بیشتری پیدا می‌کند. قند ماده‌ای بسیار قوی و انرژی‌زا در جیره غذایی محسوب می‌شود، به طوری که برای تولید ۱۰۰ کالری حرارت در بدن انسان فقط کافی است ۲۵ گرم قند مصرف شود (۲). امروزه این ماده مهم غذایی از دو گیاه نیشکر و چغندر قند به دست می‌آید و در این میان، نیشکر سهم بیشتری دارد، به طوری که حدود ۲۵ درصد قند تولید شده در جهان از چغندر قند و بقیه از نیشکر حاصل می‌شود (۸). در گیاهان دگرگشن از جمله چغندر قند تهیه ارقام هیبرید (F<sub>1</sub>) از اهمیت خاصی برخوردار است. در به‌نژادی چغندر قند، صفات زراعی و فیزیولوژیک متعددی به‌منزله معیارهای گزینش در نظر گرفته می‌شود. در چغندر قند، مجموعه صفات زراعی از جمله عملکرد ریشه و قند، عیار قند، خلوص شربت، مقدار اجزای غیرقندی، فرم ریشه و سازگاری از اهمیت خاصی برخوردار است (۱۱).

برنامه‌ریزی و مدیریت پروژه‌های به‌نژادی در جهت بهبود عملکرد گیاهی مستلزم آگاهی از میزان تنوع ژنتیکی، روابط بین صفات، میزان اثر و عمل ژن (ها) روی تظاهر صفات و همچنین، میزان توارث‌پذیری<sup>۱</sup> صفات است (۵). برخی پژوهشگران با مطالعه ضرایب همبستگی صفات مورفولوژیک چغندر قند نشان دادند که وزن ریشه همبستگی مثبت و معنادار با طول برگ، عرض برگ، طول دم‌برگ، اندازه طوقه، طول ریشه و قطر ریشه دارد، در حالی که عیار قند همبستگی مثبت و معنادار با تعداد برگ، ضخامت برگ و تعداد حلقه‌های آوندی دارد (۱۵). در ریشه‌های ۱۰ لاین چغندر قند، تنوع وزن ریشه و درجه

بریکس مطالعه شد و پس از محاسبه پارامترهای ژنتیکی نتیجه گرفته شد که از لحاظ وزن ریشه، قسمت‌های نزدیک به طوقه وراثت‌پذیری عمومی بیشتری نسبت به قسمت‌های نزدیک نوک ریشه داشتند به طوری که مقادیر وراثت‌پذیری عمومی برای برش‌های i تا v به ترتیب ۵/۲، ۴۲/۶، ۴۰/۸، ۳۸/۴ و ۳۸/۲ درصد و وراثت‌پذیری عمومی کل وزن ریشه نیز ۴۷/۴ درصد بود (۱۷). با استفاده از روش تلاقی دای آل ناقص برای مطالعه ژنتیکی صفات عملکرد ریشه، عیار قند، اجزای مضره شربت شامل پتاسیم، سدیم و نیتروژن مضره و صفات بالای ریشه مانند وزن قسمت‌های هوایی بین پنج ژنوتیپ اتایپ و نر عقیم چغندر قند گزارش شد که برای صفات عملکرد ریشه، وزن قسمت‌های هوایی و نیتروژن مضره واریانس غالبیت بیشتر از واریانس افزایشی بود و میزان وراثت‌پذیری خصوصی برای صفات وزن ریشه و قسمت‌های هوایی را به ترتیب ۴۲ و ۵/۴ درصد گزارش شد (۱۶). در مطالعه‌ای دیگر، با محاسبه ضرایب همبستگی بین صفات مورفولوژیک چغندر قند مشاهده شد که وزن ریشه همبستگی مثبت و معناداری با اندازه طوقه (۰/۵۴)، طول ریشه (۰/۴۲) و قطر ریشه (۰/۵۸) دارد (۱۲).

با استفاده از طرح ژنتیکی II (فاکتوریل) به‌منظور بررسی اجزای واریانس ژنتیکی تعدادی از صفات اجزای عملکرد و صفات طول ریشه، قطر ریشه، ارتفاع طوقه و قطر طوقه در ژرم‌پلاسم تک‌جوانه چغندر قند حاصل از تلاقی پنج رگه اتایپ با ۱۵ رگه نر عقیم گزارش شد که واریانس افزایشی تنها در سطح احتمال ۱۰ درصد برای راندمان استحصال و در سطح احتمال ۱۲ درصد برای صفات عیار قند، شکر قابل استحصال و نیتروژن معنادار شد (۱). واریانس غالبیت در سطح احتمال پنج درصد برای شکر قابل استحصال و در سطح ۱۲ درصد برای عملکرد شکر سفید و عیار قند معنادار شد. همچنین، وراثت‌پذیری خصوصی

## 1. Heritability

مقادیر منفرد است به صورت رابطه ۱ است:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = \sum \lambda_i \xi_{ij} \eta_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad (1)$$

در این رابطه،  $Y_{ij}$  میانگین انتری  $i$  در تستر  $j$ ،  $\mu$  میانگین کل،  $\beta_j$  اثر اصلی تستر  $j$ ،  $\lambda_i$  مقادیر منفرد برای مؤلفه اصلی  $i=1, 2, \dots, k$  و  $PCI$  و  $K=2$  برای بای پلات دوبعدی،  $\eta_{ij}$  بردار ویژه تستر  $j$  برای  $PCI$  و  $\varepsilon_{ij}$  باقی مانده مدل است.

مقدار منفرد برای یک مؤلفه اصلی برابر ریشه دوم مجموع مربعات توجیه شده توسط آن مؤلفه اصلی است (۲۰). در گراف بای پلات فاصله افقی هر ژنوتیپ از محور عمودی مختصات تستر متوسط<sup>۴</sup> و آن هم در جهت فلش محور افقی بیانگر مقدار مثبت ترکیب پذیری عمومی است. ترکیب پذیری عمومی و خصوصی ژنوتیپها با استفاده از موقعیت میانگین آزمونگرها تعیین می شود. بدین منظور از مبداء مختصات خطی به میانگین آزمونگرها وصل و به دو طرف ادامه می یابد تا دیواره های نمودار را قطع کند که این خط همان مختصات تستر متوسط است. ژنوتیپهایی که در انتهای مثبت این خط قرار می گیرند بیشترین ترکیب پذیری عمومی را دارند و به عکس. از آنجا که اثرات ترکیب پذیری عمومی و خصوصی متعامد هستند، فاصله ژنوتیپها با محور افقی مختصات تستر متوسط، بیانگر ترکیب پذیری خصوصی برای ژنوتیپهای مختلف است (۲۱).

با توجه به ارتباط صفات مورفولوژیکی ریشه چغندر قند با صفات عملکرد ریشه و عیار قند و تأثیر مثبت صفت قطر ریشه بر صفات عملکردی و تأثیر منفی صفات طول ریشه و ارتفاع طوقه بر صفت عیار قند و افزایش ناخالصیها، هدف از انجام پژوهش حاضر، بررسی نحوه کنترل ژنتیکی و وراثت پذیری صفات مورفولوژیکی ریشه و تشخیص

برای صفات عیار قند، شکر قابل استحصال و نیتروژن در سطح احتمال ۱ درصد معنادار شد و برای بقیه صفات مقدار آن پایین بود. همچنین در مطالعه مذکور به دلیل اینکه در صفات مورفولوژیکی ریشه هر دو منبع نر در گروه و نر × ماده در گروه یا دارای میانگین مربعات کوچکتر از میانگین مربعات اشتباه مربوط به خود یا دارای  $F$  بسیار کوچک بودند، لذا از مطالعه حذف شدند. بنابراین، از وراثت پذیری و نحوه کنترل ژنتیکی آنها گزارشی مشاهده نشد با برآورد اجزای واریانس و وراثت پذیری صفات زراعی و کیفیت محصول در توده های چغندر قند با استفاده از روش حداکثر درست نمایی محدود شده<sup>۱</sup> وراثت پذیری عمومی برآورد شده برای صفات طول ریشه، قطر ریشه و ارتفاع طوقه را به ترتیب ۲۷، ۲۷ و ۲۹ درصد گزارش شد (۴). همچنین با انجام تجزیه رگرسیون به روش حذف پس رونده<sup>۲</sup> بر روی وزن ریشه نشان دادند که صفاتی همچون قطر ریشه، قطر طوقه، نیتروژن مضره، طول برگ، عرض برگ و قند ملاس بیشترین سهم را در توجیه تغییرات وزن ریشه دارند. براساس نتایج با انجام تجزیه همبستگی کانونیک، با افزایش طول و قطر ریشه و کاهش قطر طوقه، میزان ناخالصی های ریشه کاهش می یابد (۶).

در پژوهشی با استفاده از ویژگی های نمودار بای پلات و تجزیه به مؤلفه های اصلی، روش نوین  $GGE^3$  بای پلات را معرفی کردند (۲۰). هر چند روش بای پلات برای آزمایشات ناحیه ای ایجاد شده است اما کاربرد آن برای همه داده های دوطرفه که ساختار ژنوتیپ-تستر دارند، از جمله داده های آزمایش دای آلل که در آن هر والد هم ژنوتیپ (Entry) و هم یک آزمونگر (Tester) است، فراهم است (۲۰). روش  $GGE$  بای پلات که مبتنی بر تجزیه به

1. Restricted Maximum Likelihood
2. Backward Elimination
3. Genotype plus Genotype-Environment interaction

4. ATC: Average Tester Coordinate

**جدول ۱. مشخصات ژنوتیپ‌های والدینی و ارقام شاهد در تجزیه دای آلل و تجزیه GGE - بای پلات چغندر قند**

شماره	نام ژنوتیپ / والدین	مشخصات و ویژگی‌ها
۱	۷۱۱۲-۳۶	نر عقیم سیتوپلاسمی - اتایپ - منورم
۲	۷۱۷۳	نر عقیم سیتوپلاسمی - اتایپ - منورم
۳	۴۷۴	نر عقیم سیتوپلاسمی - اتایپ - منورم
۴	۴۵۲	نر عقیم سیتوپلاسمی - اتایپ - منورم
۵	۲۶۱	نر عقیم سیتوپلاسمی - اتایپ - منورم
۶	۴۳۶-۱۰۴	نر عقیم سیتوپلاسمی - اتایپ - منورم
۷	SB-FIROZ	نر عقیم سیتوپلاسمی - اتایپ - منورم
۸	RR۶۰۷	نر عقیم سیتوپلاسمی - اتایپ - منورم
۹	۲۳۶	نر عقیم سیتوپلاسمی - اتایپ - منورم

**تجزیه داده‌ها**

تجزیه واریانس داده‌ها براساس طرح لاتیس سه‌گانه با استفاده از نرم‌افزار SAS انجام گرفت (۱۰). از آنجا که سودمندی نسبی طرح لاتیس نسبت به طرح بلوک‌های کامل تصادفی در محدوده ۱۰۰ درصد برآورد شد، تجزیه داده‌ها براساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی انجام شد. پس از تجزیه طرح پایه و اطلاع از وجود تفاوت ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های بررسی‌شده، در مرحله دوم، اقدام به تجزیه ترکیب‌پذیری ژنوتیپ‌های بررسی‌شده در این پژوهش شد. اثرهای ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی از روش دوم مدل مخلوط B گریفینگ و با استفاده از نرم‌افزار DIALL (Version 1.1) برآورد شد (۹). در برآورد واریانس اثرهای افزایشی و غالبیت به‌دلیل اینکه لاین‌های آزمایش‌شده اتایپ بودند، میزان F (ضریب خویشاوندی) برابر ۰/۷۵ در نظر گرفته شد.

برای تجزیه داده‌های دای آلل از روش GGE بای پلات مبتنی بر تجزیه به مقادیر منفرد استفاده شد. همچنین ریشه دوم مقادیر منفرد برای مؤلفه اصلی k ام براساس رابطه ۲

والدین و هیبریدها با ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی مطلوب برای صفات طول ریشه، قطر ریشه و ارتفاع طوقه بود تا بتوان از آن‌ها در برنامه‌های آتی اصلاحی برای افزایش عملکرد ریشه، عملکرد قند و کاهش ناخالصی‌های ریشه بهره‌مند شد.

**مواد و روش‌ها**

در این پژوهش، نه ژنوتیپ اتایپ<sup>۱</sup> چغندر قند (ژنوتیپ‌های حفظ‌کننده نر عقیمی) تهیه‌شده از مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه بذر چغندر قند شامل 452، 474، 7173، RR607، SB -FIROZ، 436-104، 261 و 7112-36 به همراه ژنوتیپ‌های نر عقیم آن‌ها در قالب روش دای آلل یک‌طرفه (۹ × ۹) تلاقی داده شدند. تلاقی دای آلل با روش دوگریفینگ انجام شد. ۳۶ هیبرید F<sub>1</sub> حاصل به همراه نه والد و چهار تیمار شاهد (جدول ۱) در قالب طرح لاتیس سه‌گانه با سه تکرار در مزرعه مرکز تحقیقات کشاورزی صفی‌آباد واقع در شهرستان دزفول در سال زراعی ۱۳۸۷-۱۳۸۸ کشت شدند. هر کرت شامل دو خط به طول شش متر و با فاصله بین خطوط ۶۱ سانتی‌متر بود که هنگام برداشت نیم‌متر از بالا و پایین هر کرت به‌عنوان اثر حاشیه حذف شد. در طول فصل زراعی ۱۰ بوته رقابت‌کننده به‌طور تصادفی از هر کرت انتخاب و کلیه صفات موردنظر روی این بوته‌ها اندازه‌گیری شد. نحوه اندازه‌گیری این صفات به شرح زیر بود (۱۳):

طول ریشه = فاصله محل برش طوقه تا نقطه‌ای از ریشه به قطر حدود یک سانتی‌متر.

قطر ریشه = میانگین بزرگ‌ترین قطر ریشه در ۱۰ بوته از هر واحد آزمایشی.

ارتفاع طوقه = فاصله بین پایین‌ترین قسمت بافت سبز ریشه تا نقطه اتصال بیرونی‌ترین برگ به طوقه.

1. O-type

به دست آمد:

بای پلات حاصل شد. این نمودارها با استفاده از نرم افزار EXCEL رسم شد. از گراف بای پلات برای تعیین ترکیب پذیری عمومی و خصوصی، بهترین آزمونگر و بهترین هیبریدها استفاده شد.

$$\lambda_k^{1/2} = (x_k n)^{1/4} \quad (2)$$

در این رابطه،  $x_k$  مقدار منفرد برای مؤلفه اصلی  $k$ ام و  $n$  تعداد ژنوتیپ است. برای مقیاس بندی متقارن (Symmetrical Scaling) بردارهای ویژه ژنوتیپها و آزمونگرها (تسترها)، از روابط ۳ و ۴ استفاده شد:

$$\xi_{ik}^* = \lambda_k^{1/2} \xi_{ik} = (\lambda_k \xi_{ik}) \lambda_k^{1/2} \quad (3)$$

$$\eta_{jk}^* = \lambda_k^{1/2} \eta_{jk} = \eta_{jk} \lambda_k^{1/2} \quad (4)$$

در این رابطهها،  $\xi_{ik}^*$  و  $\eta_{jk}^*$  به ترتیب بردارهای ویژه اینترای  $i$ ام و تستر  $j$ ام برای مؤلفه اصلی  $k$ ام ( $k=1$  یا  $2$ ) هستند، همچنین  $\xi_{ik}^*$  و  $\eta_{jk}^*$  بردارهای ویژه پس از مقیاس بندی متقارن برای اینترای  $i$ ام و تستر  $j$ ام برای مؤلفه اصلی  $k$ ام هستند.

در این مرحله نیز از نرم افزار SAS استفاده شد (۱۰). پس از مقیاس بندی متقارن بردارهای ویژه ژنوتیپها و آزمونگرها، مقادیر مورد نیاز برای رسم نمودارهای

### نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس ساده صفات بررسی شده نشان داد که بین ژنوتیپهای بررسی شده برای صفات طول ریشه و ارتفاع طوقه در سطح احتمال یک درصد و برای صفت قطر ریشه در سطح احتمال پنج درصد اختلاف معنادار وجود دارد (جدول ۲). تجزیه ترکیب پذیری عمومی ژنوتیپها نشان داد که ترکیب پذیری عمومی برای صفات طول ریشه، قطر ریشه و ارتفاع طوقه در سطح احتمال پنج درصد معنادار است. براساس نتایج موجود، برای صفت طول ریشه، مقادیر واریانس غالبیت بیشتر از واریانس افزایشی برآورد شد (جدول ۳).

جدول ۲. تجزیه واریانس و تجزیه دای آل صفات مورفولوژیک ریشه در چغندرقد پاییزه

منابع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات		
		طول ریشه	قطر ریشه	ارتفاع طوقه
تجزیه واریانس				
بلوک	۲	۳۶/۱۹ <sup>ns</sup>	۱۹/۷۱ <sup>**</sup>	۵۰/۴۰ <sup>**</sup>
تیمار	۴۸	۲۷/۵۷ <sup>**</sup>	۲/۱۹ <sup>*</sup>	۲/۰۲ <sup>**</sup>
اشتباه	۹۶	۱۳/۴۱	۱/۴۷	۱/۰۸
تجزیه تلاقی دای آل				
تکرار	۲	۱۰/۱۲ <sup>ns</sup>	۲۵/۹۵ <sup>**</sup>	۵۱/۴۷ <sup>**</sup>
GCA <sup>۱</sup>	۸	۲۳/۵۴ <sup>*</sup>	۲/۸ <sup>*</sup>	۸/۵۴ <sup>*</sup>
SCA <sup>۲</sup>	۳۶	۱۷/۶۲ <sup>ns</sup>	۱/۲۶ <sup>ns</sup>	۱/۰۵ <sup>ns</sup>
اشتباه	۸۸	۱۱/۶۷	۱/۲۱	۱/۰۸

\*\* و \* به ترتیب معنادار در سطح احتمال ۱ و ۵ درصد، ns: غیر معنادار، <sup>۱</sup>GCA=قابلیت ترکیب پذیری عمومی، <sup>۲</sup>SCA=قابلیت ترکیب پذیری خصوصی

جدول ۳. برآورد مقادیر وراثت‌پذیری عمومی ( $H^2_b$ )، وراثت‌پذیری خصوصی ( $H^2_n$ )، درصد واریانس‌های افزایشی، غالبیت و خطا نسبت به کل واریانس فتوتیپی از نظر صفات مورفولوژیک ریشه در چغندر قند

$H^2_n$	$H^2_b$	نسبت بیکر	افزایشی		غالبیت		خطا		فتوتیپ		صفت
			واریانس	%	واریانس	%	واریانس	%	واریانس	%	
۱۰/۸۶	۴۶/۴۵	۰/۲۵	۰/۷۹	۱۰/۸۶	۲/۵۸۷	۳۵/۵۸	۳/۸۹۳	۵۳/۵۴	۷/۲۷	۱۰۰	طول ریشه
۲۰/۳۳	۲۴/۷۲	۰/۸۴	۰/۱۰۹	۲۰/۳۳	۰/۰۲۳۵	۴/۳۸	۰/۴۰۴	۷۵/۳۷	۰/۵۳۶	۱۰۰	قطر ریشه
۸/۶۲	۸/۶۲	۱	۰/۰۳۴	۸/۶۲	۰	۰	۰/۳۶	۹۱/۳۷	۰/۳۹۴	۱۰۰	ارتفاع طوقه

برای عملکرد ریشه، درجه بریکس، عملکرد قند، قطر ریشه، طول ریشه و نسبت طول ریشه به قطر ریشه را به ترتیب ۲۰، ۴۹/۹، ۱۵/۹، ۱۴/۴، ۱۰/۴ و ۱۶ درصد به دست آوردند (۱۸). همان‌طور که ملاحظه می‌شود میزان وراثت‌پذیری‌های برآوردشده در مطالعات دیگر برای صفات مورفولوژیک ریشه پایین بوده است و از این لحاظ نتایج این پژوهش با نتایج سایر مطالعات مطابقت دارد و تفاوت‌های مشاهده‌شده می‌تواند ناشی از متفاوت بودن ژنوتیپ‌های به‌کاررفته یا روش برآورد وراثت‌پذیری باشد.

نظر به اینکه پژوهش حاضر در یک سال و یک مکان اجرا شده است، به‌علت وجود احتمالی اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط و همچنین به‌دلیل زیادبودن تعداد ژنوتیپ‌ها و بالابودن واریانس ژنتیکی، مقادیر برآوردشده وراثت‌پذیری‌ها تا حدی بزرگ‌تر از مقدار واقعی به‌دست‌آمده است. بنابراین، چنانچه آزمایش در چند سال و چند مکان تکرار شود، اثر متقابل محیط  $\times$  ژنوتیپ از اثر ژنوتیپ جدا می‌شود و مقادیر برآوردشده وراثت‌پذیری‌ها به مقادیر واقعی نزدیک‌تر خواهد شد (۴).

همچنین، نسبت بیکر  $\left[ \frac{2\sigma_{gca}^2}{2\sigma_{gca}^2 + \sigma_{sca}^2} \right]$  نشان داد که

در کنترل صفت طول ریشه نقش اثرهای غیرافزایشی ژن‌ها بیشتر از اثرهای افزایشی است (۷). براساس این نسبت برای صفات قطر ریشه و ارتفاع طوقه نقش اثرهای افزایشی ژن‌ها مهم‌تر از اثرهای غیرافزایشی بود و از این لحاظ، نتایج مندرج در جدول‌های ۳ و ۲ با همدیگر مطابقت دارند. بنابراین، به‌نظر می‌رسد کارایی‌گزینه‌ها برای صفت قطر ریشه بیشتر از صفات طول ریشه و ارتفاع طوقه باشد، زیرا صفاتی که به‌وسیله اثرهای افزایشی ژن‌ها کنترل می‌شوند، قابل‌گزینش‌اند و می‌توان مطمئن شد که از والدین به نتاج منتقل می‌شوند (۴).

بیشترین میزان وراثت‌پذیری عمومی مربوط به صفت طول ریشه با میزان ۶۶/۴۵ درصد بود، درحالی‌که کمترین میزان وراثت‌پذیری عمومی مربوط به صفت ارتفاع طوقه با میزان ۸/۶۲ درصد بود. بیشترین میزان وراثت‌پذیری خصوصی برآوردشده مربوط به صفت قطر ریشه ۲۰/۳۳ و کمترین میزان آن مربوط به صفت ارتفاع طوقه ۸/۶۲ درصد بود. پژوهشگران ۱۹ لاین چغندر قند را از لحاظ رابطه شکل ریشه با عملکرد آن‌ها مطالعه کردند و وراثت‌پذیری عمومی

### برآورد مقادیر ترکیب پذیری عمومی و خصوصی صفات آزمایش شده

برآورد مقادیر ترکیب پذیری عمومی (GCA) برای هر یک از لاین‌ها نشان داد که برای صفت طول ریشه، لاین SB-Firoz دارای ترکیب پذیری عمومی مثبت و معنادار در سطح احتمال یک درصد و لاین‌های 452 و 436 دارای ترکیب پذیری عمومی منفی اما غیرمعنادار بودند (جدول ۴). ترکیب پذیری خصوصی برای صفت طول ریشه در هیبرید 436 × 7173 در سطح احتمال پنج درصد منفی و معنادار بود (جدول ۴). بنابراین، می‌توان از این ترکیب به منزله والد مادری در تهیه هیبریدهایی با طول ریشه کمتر استفاده کرد.

برای صفت قطر ریشه، لاین 7173 دارای ترکیب پذیری عمومی مثبت و معنادار در سطح احتمال پنج درصد بود در حالی که ژنوتیپ‌های RR607 و 474 که ترکیب پذیری عمومی منفی و معنادار در سطح احتمال پنج درصد داشتند (جدول ۵). همچنین، تلاقی 261 × 36-7112 دارای ترکیب پذیری خصوصی مثبت و معنادار در سطح احتمال یک درصد و تلاقی RR607 × 452 دارای بیشترین هتروزیس برای این صفت بود (جدول ۵). برای صفت ارتفاع طوقه، ژنوتیپ RR607 ترکیب پذیری عمومی مثبت و معنادار در سطح احتمال پنج درصد و ژنوتیپ 474 ترکیب پذیری عمومی منفی اما غیرمعنادار داشت (جدول ۶).

جدول ۴. مقادیر ترکیب پذیری خصوصی (بالای قطر)، درصد هتروزیس نسبت به میانگین والدین (MPH<sup>1</sup>) (پایین قطر) و ترکیب پذیری عمومی در ژنوتیپ‌های والدینی و هیبریدهای F<sub>1</sub> آن‌ها برای صفت طول ریشه در تجزیه دای آل چغندر قند

GCA <sup>1</sup>	Testers									Entries
	۴۳۶	RR۶۰۷	SB-Firoz	۴۳۶-۱۰۴	۲۶۱	۴۵۲	۴۷۴	۷۱۷۳	۷۱۱۴-۳۶	
۰/۳۸۵ <sup>ns</sup>	۲/۶۸ <sup>ns</sup>	-۰/۸۱ <sup>ns</sup>	-۲/۶۲ <sup>ns</sup>	۰/۴۲ <sup>ns</sup>	-۱/۳ <sup>ns</sup>	۴/۲۷*	۰/۷۴ <sup>ns</sup>	۰/۱۷ <sup>ns</sup>	-۱/۷۶ <sup>ns</sup>	7112-36
-۰/۴۵ <sup>ns</sup>	-۳/۹۸*	۱/۰۱ <sup>ns</sup>	۱/۱۵ <sup>ns</sup>	۳/۳۶ <sup>ns</sup>	۲/۰۷ <sup>ns</sup>	-۰/۱۲ <sup>ns</sup>	-۱/۱۱ <sup>ns</sup>	-۱/۲۷ <sup>ns</sup>	۱/۶۹ <sup>1</sup>	7173
۰/۵۴ <sup>ns</sup>	-۰/۶۷ <sup>ns</sup>	-۱/۲۸ <sup>ns</sup>	۸/۸۸**	-۲/۲۶ <sup>ns</sup>	-۰/۲۱ <sup>ns</sup>	-۰/۱۸ <sup>ns</sup>	-۱/۹۴ <sup>ns</sup>	۰/۴۹	۲/۶	474
-۰/۹۲ <sup>ns</sup>	۰/۳۸ <sup>ns</sup>	۲/۱۸ <sup>ns</sup>	-۱/۵۲ <sup>ns</sup>	-۳/۱۶ <sup>ns</sup>	۰/۰۸ <sup>ns</sup>	-۰/۹۶ <sup>ns</sup>	۱/۲۷	۱	۵/۶۴	452
۰/۰۱ <sup>ns</sup>	-۰/۷۹ <sup>ns</sup>	-۰/۰۳ <sup>ns</sup>	-۰/۳۵ <sup>ns</sup>	۰/۹۳ <sup>ns</sup>	-۰/۱۸ <sup>ns</sup>	۰/۶۵	۰/۸۵	۲/۸	-۰/۳۳	261
۰/۵۲ <sup>ns</sup>	۰/۰۳ <sup>ns</sup>	-۳/۳ <sup>ns</sup>	۰/۶۹ <sup>ns</sup>	۱/۶۴ <sup>ns</sup>	۰/۲	-۳/۵	-۲/۱۱	۳/۱۷	۰/۴۸	436-104
۱/۵۸**	-۰/۴۱ <sup>ns</sup>	-۱/۶۸ <sup>ns</sup>	-۲/۰۵ <sup>ns</sup>	۰/۹	۰/۷۶	-۰/۰۰۸	۱۰/۸۸	۲/۸۲	-۰/۷۱	SB-Firoz
-۰/۷۵ <sup>ns</sup>	۰/۳۱ <sup>ns</sup>	۱/۸۱ <sup>ns</sup>	-۱/۵۶	-۵/۰۳	-۰/۸۵	۱/۷۵	-۱/۲۱	۰/۷۴	-۰/۸۵	RR607
-۰/۹۲ <sup>ns</sup>	۱/۲۲ <sup>ns</sup>	-۱/۲	۰	-۱/۴	-۱/۳۱	۰/۲۵	-۰/۳۱	-۳/۹۵	۲/۹۵	436

MPH<sup>1</sup> (%) = درصد هتروزیس هنگامی که هیبریدها با میانگین والدین مقایسه می‌شوند: 100 (F1-MP)/MP = MPH(%), GCA<sup>1</sup> = قابلیت

ترکیب پذیری عمومی، \* و \*\* به ترتیب معنادار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد، ns = غیرمعنادار

جدول ۵. مقادیر ترکیب پذیری خصوصی (بالای قطر)، درصد هتروزیس نسبت به میانگین والدین (MPH<sup>1</sup>) (پایین قطر) و ترکیب پذیری عمومی در ژنوتیپ‌های والدینی و هیبریدهای F<sub>1</sub> آن‌ها برای صفت قطر ریشه در تجزیه دای آلل چغندر قند

GCA <sup>2</sup>	Testers									Entries
	۴۳۶	RR۶۰۷	SB-Firoz	۴۳۶-۱۰۴	۲۶۱	۴۵۲	۴۷۴	۷۱۷۳	۷۱۱۲-۳۶	
۰/۱۹ <sup>ns</sup>	۰/۰۲ <sup>ns</sup>	-۰/۳۸ <sup>ns</sup>	۰/۶۸ <sup>ns</sup>	-۰/۴۸ <sup>ns</sup>	۱/۵۹ <sup>**</sup>	۰/۲۴ <sup>ns</sup>	۰/۶۱ <sup>ns</sup>	-۰/۴۶ <sup>ns</sup>	-۰/۹۱ <sup>ns</sup>	7112-36
۰/۳۷۹ <sup>*</sup>	-۰/۲۸ <sup>ns</sup>	۰/۴۳ <sup>ns</sup>	۰/۸۷ <sup>ns</sup>	۰/۲۱ <sup>ns</sup>	۰/۹۶ <sup>ns</sup>	-۰/۵۵ <sup>ns</sup>	-۰/۸۸ <sup>ns</sup>	-۰/۱۴ <sup>ns</sup>	۰/۰۶ <sup>1</sup>	7173
-۰/۳۹۸ <sup>*</sup>	-۰/۲۸ <sup>ns</sup>	۰/۶۱ <sup>ns</sup>	-۰/۵ <sup>ns</sup>	۰/۴۴ <sup>ns</sup>	۰/۵۱ <sup>ns</sup>	۰/۰۳ <sup>ns</sup>	-۰/۲۷ <sup>ns</sup>	-۰/۶۷	۱/۲۱	474
-۰/۰۱۳ <sup>ns</sup>	۰/۸۴ <sup>ns</sup>	۰/۹۲ <sup>ns</sup>	-۰/۰۵ <sup>ns</sup>	۰/۱۱ <sup>ns</sup>	-۰/۲۲ <sup>ns</sup>	-۰/۶۷ <sup>ns</sup>	۰/۵۱	-۰/۱۴	۱/۰۴	452
-۰/۱۵۷ <sup>ns</sup>	-۰/۴ <sup>ns</sup>	-۰/۰۰۸ <sup>ns</sup>	-۰/۵۳ <sup>ns</sup>	-۰/۶۳ <sup>ns</sup>	-۰/۶۳ <sup>ns</sup>	۰/۴۳	۰/۹۷	۱/۳۵	۲/۳۶	261
۰/۲۳۸ <sup>ns</sup>	۱/۰۵ <sup>ns</sup>	-۰/۰۷ <sup>ns</sup>	۰/۵۸ <sup>ns</sup>	-۰/۶۱ <sup>ns</sup>	-۰/۰۱	۰/۷۶	۰/۸۹	۰/۵۹	۰/۲۷	436-104
-۰/۰۰۴ <sup>ns</sup>	-۰/۱۴ <sup>ns</sup>	-۰/۱۴ <sup>ns</sup>	-۰/۳۸ <sup>ns</sup>	۱/۰۸	-۰/۰۲	۰/۴۷	-۰/۱۷	۱/۱۳	۱/۳۳	SB-Firoz
-۰/۴۵۷ <sup>*</sup>	-۰/۰۸ <sup>ns</sup>	-۰/۶۳ <sup>ns</sup>	۰/۳۵	۰/۵۴	۰/۶۲	۱/۵۸	۱/۰۶	۰/۸۲	۰/۳۸	RR607
۰/۲۲۳ <sup>ns</sup>	-۰/۳۶ <sup>ns</sup>	۰/۴	۰/۲۲	۱/۵۴	۰/۰۹	۱/۳۶	۰/۰۳	-۰/۰۳	۰/۶۶	436

MPH<sup>1</sup> (%) = درصد هتروزیس هنگامی که هیبریدها با میانگین والدین مقایسه می‌شوند: MPH(%) = (F1-MP)/MP \* 100. GCA<sup>2</sup> = قابلیت ترکیب پذیری عمومی، \* و \*\* به ترتیب معنادار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد، ns = غیرمعنادار

جدول ۶. مقادیر ترکیب پذیری خصوصی (بالای قطر)، درصد هتروزیس نسبت به میانگین والدین (MPH<sup>1</sup>) (پایین قطر) و ترکیب پذیری عمومی در ژنوتیپ‌های والدینی و هیبریدهای F<sub>1</sub> آن‌ها برای صفت ارتفاع طوقه در تجزیه دای آلل چغندر قند

GCA <sup>2</sup>	Testers									Entries
	۴۳۶	RR۶۰۷	SB-Firoz	۴۳۶-۱۰۴	۲۶۱	۴۵۲	۴۷۴	۷۱۷۳	۷۱۱۲-۳۶	
-۰/۲۳ <sup>ns</sup>	۰/۰۶ <sup>ns</sup>	۰/۰۰۸ <sup>ns</sup>	-۰/۱۵ <sup>ns</sup>	-۰/۴ <sup>ns</sup>	۰/۱۸ <sup>ns</sup>	-۰/۰۸ <sup>ns</sup>	۱/۲ <sup>*</sup>	-۰/۲ <sup>ns</sup>	۰/۰۵ <sup>ns</sup>	7112-36
۰/۰۶ <sup>ns</sup>	۰/۱۷ <sup>ns</sup>	۰/۳۳ <sup>ns</sup>	۰/۷۹ <sup>ns</sup>	-۰/۱۸ <sup>ns</sup>	۱/۱۱ <sup>*</sup>	-۰/۶۳ <sup>ns</sup>	-۰/۶۳ <sup>ns</sup>	-۰/۳۷ <sup>ns</sup>	-۰/۰۴ <sup>1</sup>	7173
-۰/۳۱ <sup>ns</sup>	-۰/۷ <sup>ns</sup>	۰/۹۲ <sup>ns</sup>	۰/۱۳ <sup>ns</sup>	۰/۴۱ <sup>ns</sup>	-۰/۲۹ <sup>ns</sup>	-۰/۵۲ <sup>ns</sup>	-۰/۲۵ <sup>ns</sup>	-۰/۳۳	۱/۳	474
۰/۰۸ <sup>ns</sup>	۰/۶۶ <sup>ns</sup>	۰/۳۶ <sup>ns</sup>	۰/۱۹ <sup>ns</sup>	۰/۳۷ <sup>ns</sup>	۰/۱۵ <sup>ns</sup>	۰/۱ <sup>ns</sup>	-۰/۴۵	-۰/۵	-۰/۸۸	452
-۰/۱۷ <sup>ns</sup>	-۰/۸۹ <sup>ns</sup>	-۰/۲۷ <sup>ns</sup>	-۰/۲۳ <sup>ns</sup>	-۰/۳۵ <sup>ns</sup>	۰/۲۹ <sup>ns</sup>	-۰/۰۴	-۰/۳۱	۱/۱۵	۰/۰۵	261
۰/۱۴ <sup>ns</sup>	۰/۸۶ <sup>ns</sup>	۰/۱۷ <sup>ns</sup>	۰/۳۱ <sup>ns</sup>	-۰/۵۹ <sup>ns</sup>	-۰/۲	۰/۶۱	۰/۸۳	۰/۳	-۰/۱۳	436-104
-۰/۰۱ <sup>ns</sup>	۰/۴۶ <sup>ns</sup>	-۰/۰۰۸ <sup>ns</sup>	-۰/۷۴ <sup>ns</sup>	۰/۹۸	-۰/۰۱	۰/۵۱	۰/۶۲	۱/۳۵	۰/۱۹	SB-Firoz
۰/۳۹ <sup>*</sup>	۰/۳۹ <sup>ns</sup>	-۰/۹۶ <sup>ns</sup>	۰/۸۴	۰/۹۵	۰/۰۵	۰/۷۹	۱/۵۳	۱/۰۱	۰/۴۶	RR607
۰/۰۵ <sup>ns</sup>	-۰/۵۱ <sup>ns</sup>	۱/۱۳	۱/۰۹	۱/۴۲	-۰/۷۸	۰/۸۷	-۰/۳۱	۰/۶۲	۰/۲۹	436

MPH<sup>1</sup> (%) = درصد هتروزیس هنگامی که هیبریدها با میانگین والدین مقایسه می‌شوند: MPH(%) = (F1-MP)/MP \* 100. GCA<sup>2</sup> = قابلیت ترکیب پذیری عمومی، \* و \*\* به ترتیب معنادار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد، ns = غیرمعنادار



برخی پژوهشگران همبستگی مثبتی بین طول ریشه و عیار قند پیدا کردند و علت این امر را به بزرگ‌تر بودن سلول‌ها در حلقه‌های آوندی و در نتیجه تجمع بیشتر قند در ریشه‌های گرد نسبت دادند (۱۹)، اما همبستگی معناداری بین طول ریشه و عیار قند مشاهده نکردند (۴ و ۱۴). در مطالعه حاضر همبستگی بین طول ریشه و عیار قند غیر معنادار بود (جدول ۷). با توجه به فرمول‌های محاسبه عملکرد قند ( $SY = RY \times SC$ ) و عملکرد قابل استحصال ( $WSY = RY \times WSC$ ) که در این فرمول‌ها  $RY$  عملکرد ریشه،  $SC$  عیار قند و  $WSC$  قند قابل استحصال است و همچنین با توجه به همبستگی صفت طول ریشه با صفات عملکرد قند و عملکرد قابل استحصال به ترتیب در سطح احتمال یک و پنج درصد مثبت و معنادار بود می‌توان دریافت که صفت طول ریشه می‌تواند در افزایش عملکرد قند و عملکرد قابل استحصال مؤثر باشد (جدول ۷).

بنابراین، استفاده از ژنوتیپ RR607 موجب افزایش ارتفاع طوقه در تلاقی‌ها خواهد شد و ریشه‌هایی که طوقه بلندتر دارند برای گزینش مناسب نیستند زیرا، زیاد بودن ارتفاع طوقه موجب می‌شود که اولاً سرزنی ریشه‌ها موقع برداشت از سطح پایین‌تری انجام شود و بنابراین، مقدار بیشتری از قند ریشه بر اثر تنفس هدر می‌رود و ثانیاً مقداری از قند موجود در بافت طوقه وارد ملاس می‌شود که استخراج آن از نظر اقتصادی مقرون به صرفه نیست و جزء تلفات وارد می‌شود (۴). بنابراین، می‌توان گفت که در صورت استفاده از ژنوتیپ RR607 ناخالصی‌های ریشه افزایش و عیار قند در هیبریدهای حاصل کاهش می‌یابد. همچنین، ژنوتیپ RR607 ترکیب‌پذیری عمومی منفی را برای صفت قطر ریشه از خود نشان داد (جدول ۵). در نتیجه با توجه به نتایج این دو جدول می‌توان رابطه بین صفات مورفولوژیک ریشه را از طریق ترکیب‌پذیری ژنوتیپ‌ها پیدا کرد و والدین مناسب را برای افزایش عملکرد ریشه و عیار قند پیشنهاد کرد (۶).

جدول ۷. ضرایب همبستگی ساده بین صفات بررسی شده در ژنوتیپ‌های چغندر قند

صفات	عملکرد ریشه	عملکرد قند	عملکرد قابل استحصال	عیار قند	طول ریشه	قطر ریشه	ارتفاع طوقه
عملکرد ریشه	۱						
عملکرد قند	۰/۹۷۳**	۱					
عملکرد قابل استحصال	۰/۹۱۹**	۰/۹۷۹**	۱				
عیار قند	-۰/۰۹۵ <sup>ns</sup>	۰/۱۲۹ <sup>ns</sup>	۰/۲۶۴ <sup>ns</sup>	۱			
طول ریشه	۰/۳۵۸*	۰/۳۶۹**	۰/۳۵۷*	۰/۰۶۶ <sup>ns</sup>	۱		
قطر ریشه	۰/۴۴**	۰/۴۲۳**	۰/۳۴۴*	-۰/۰۳۹ <sup>ns</sup>	۰/۲۵۸ <sup>ns</sup>	۱	
ارتفاع طوقه	۰/۰۲۷ <sup>ns</sup>	۰/۰۴۸ <sup>ns</sup>	۰/۰۱۷ <sup>ns</sup>	۰/۱۵۹ <sup>ns</sup>	-۰/۱۱ <sup>ns</sup>	۰/۴۴۳**	۱

\* و \*\* به ترتیب معنادار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد، ns = غیر معنادار

ترکیب‌پذیری عمومی برای طول ریشه را دارند (شکل ۱). در نمودار بای‌پلات فاصله هر ژنوتیپ از محور آزمونگر متوسط، ترکیب‌پذیری خصوصی آن ژنوتیپ را تخمین می‌زند. این شاخص تمایل هر ژنوتیپ را به تولید هیبرید بهتر با ژنوتیپ‌های دیگر و اثرات غیرافزایشی ژن‌ها را نشان می‌دهد. بیشترین ترکیب‌پذیری خصوصی برای صفت طول ریشه مربوط به ژنوتیپ‌های 474 و SB-Firoz است که برای ژنوتیپ 474 مقدار SCA مثبت و برای ژنوتیپ SB-Firoz میزان آن منفی است (شکل ۱).

بیشترین و کمترین ترکیب‌پذیری عمومی برای صفت قطر ریشه به ترتیب مربوط به والد 7112-36 و والد 261 بود (شکل ۲). همچنین، برای صفت ارتفاع طوقه بیشترین ترکیب‌پذیری عمومی مربوط به والد RR607 و کمترین آن مربوط به والد 474 بود (شکل ۳). روش بای‌پلات برای صفات مورفولوژیک ریشه در چغندر قند تا کنون انجام نشده و گزارشی برای استفاده از GGE biplot برای صفت مذکور تا کنون منتشر نشده است. همان‌طور که ملاحظه می‌شود، نتایج حاصل از تجزیه بای‌پلات با نتایج حاصل از تجزیه تلاقی دای‌آلل به روش گریفینگ به خوبی تطابق دارد و روش بای‌پلات می‌تواند به منزله یک روش کارآمد برای نشان‌دادن نتایج داده‌های تلاقی دای‌آلل استفاده شود (۱۲).

در مطالعه دیگر، نیز همبستگی مثبت و معناداری بین طول ریشه و وزن ریشه (به ترتیب ۰/۴۲ و ۰/۳۳) مشاهده شد، اما همبستگی بین قطر ریشه و وزن ریشه قوی‌تر بود (به ترتیب ۰/۵۸ و ۰/۵۷) (۴ و ۱۴). با توجه به اینکه در چغندر قند ریشه‌هایی مناسب هستند که مخروطی باشند و طول آن‌ها از قسمت طوقه به سمت انتهای ریشه با شیب ملایمی جمع شود. بنابراین، طول ریشه فقط تا حدودی می‌تواند مفید باشد. این امر سبب می‌شود شکستگی ریشه نیز در زمان برداشت کاهش یابد. همچنین با توجه به همبستگی مثبت و معنادار قطر ریشه و عملکرد ریشه، عملکرد قند و عملکرد قند قابل استحصال که توسط سایر پژوهشگران نیز گزارش شده است می‌توان از لاین 7173 برای افزایش قطر ریشه در برنامه‌های تلاقی استفاده کرد (جدول ۷) (۴، ۶ و ۱۴).

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که برای صفت طول ریشه ۶۳ درصد کل تغییرات به وسیله دو مؤلفه اصلی اول (به ترتیب ۳۷ و ۲۶ درصد)، برای صفت قطر ریشه ۵۷ درصد کل تغییرات (مؤلفه اصلی اول ۳۸ و دوم ۱۹ درصد) و برای صفت ارتفاع طوقه ۵۶ درصد کل تغییرات (مؤلفه اصلی اول ۳۴ و دوم ۲۲ درصد) توسط دو مؤلفه اول توضیح داده شد (جدول ۸). والد SB-FIROZ بیشترین و والدهای 452 و 436 کمترین مقدار

جدول ۸. سهم نسبی، سهم جمعی و واریانس ریشه‌های مشخصه اول و دوم در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای صفات مورفولوژیک

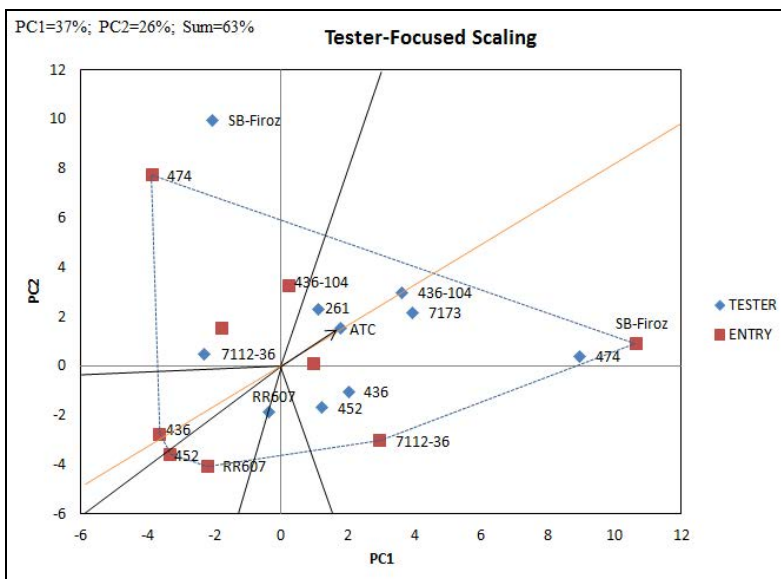
ریشه ژنوتیپ‌های حاصل از تلاقی دای‌آلل ۹×۹ در چغندر قند

صفت	ریشه مشخصه	واریانس ریشه مشخصه	سهم نسبی	سهم جمعی
طول ریشه	۱	۲۱/۳	۳۶/۹۶	۳۶/۹۶
	۲	۱۵/۰۲	۲۶/۰۷	۶۳/۰۳
قطر ریشه	۱	۱/۵۶	۳۷/۵۵	۳۷/۵۵
	۲	۰/۸	۱۹/۲۵	۵۶/۸
ارتفاع طوقه	۱	۱/۱۵	۳۴/۱۳	۳۴/۱۳
	۲	۰/۷۲	۲۱/۵۷	۵۵/۶۹

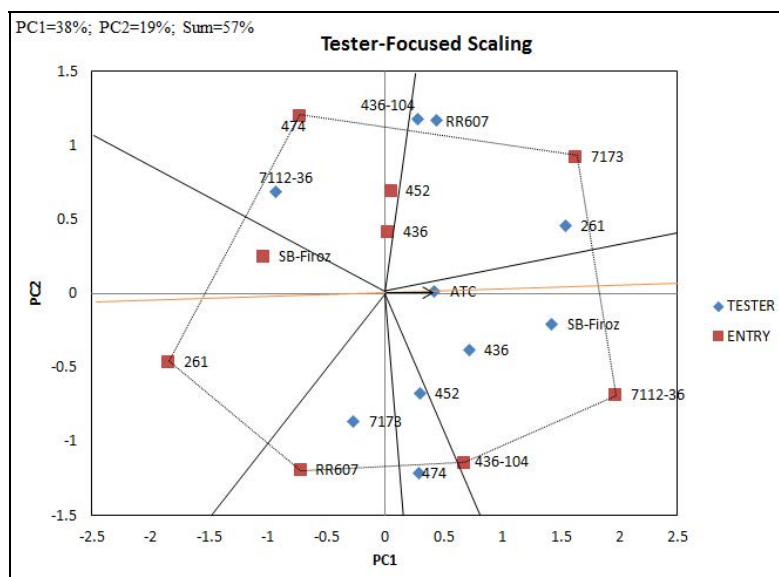
مطالعه ژنتیکی بعضی صفات مورفولوژیکی ریشه چغندرقد از طریق تجزیه دای آل و روش GGE - بای پلات

هرچند که تفاوت‌های ناچیز حاصل از این دو روش احتمالاً به دلیل سهم پایین دو مؤلفه اصلی اول و دوم در توضیح واریانس کل صفات مطالعه شده است (۳).

در حال، اگرچه اختلافاتی از نظر رتبه‌بندی GCA و SCA وجود دارد، بای پلات به صورت صحیح و دقیق ژنوتیپ‌های دارای بزرگ‌ترین و کوچک‌ترین اثر GCA و SCA را برای هر سه صفت مطالعه شده معرفی می‌کند.



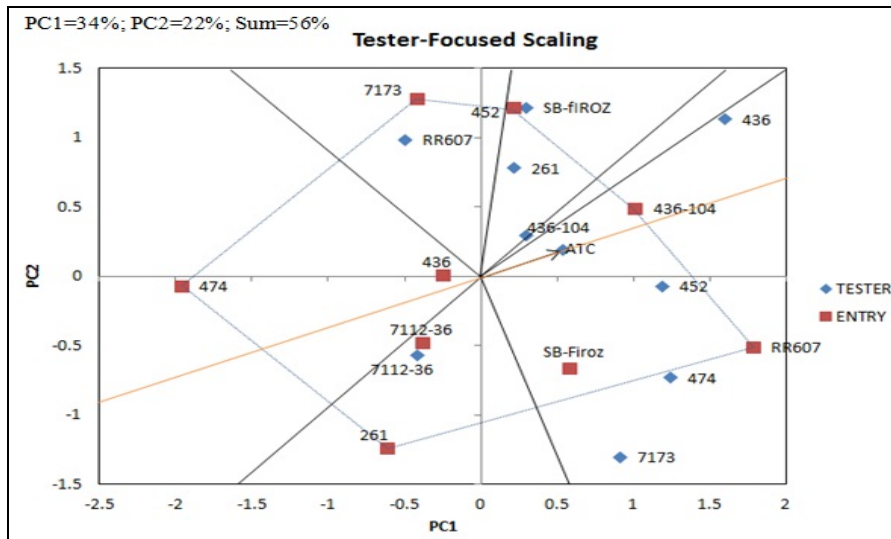
شکل ۱. نمودار دوبعدی میانگین دای آل داده‌های طول ریشه برای ۹ ژنوتیپ چغندرقد



شکل ۲. نمودار دوبعدی میانگین دای آل داده‌های قطر ریشه برای ۹ ژنوتیپ چغندرقد

به نژادی گیاهان زراعی و باغی

دوره ۱ ■ شماره ۲ ■ پاییز و زمستان ۱۳۹۲



شکل ۳. نمودار دوبعدی میانگین دای آلل داده‌های ارتفاع طوقه برای ۹ ژنوتیپ چغندر قند

### نتیجه‌گیری کلی

به‌طور کلی، از بین ژنوتیپ‌های مطالعه‌شده، ژنوتیپ‌های 436 و 452 اثر ترکیب‌پذیری عمومی کمتری در تلاقی با سایر ژنوتیپ‌ها برای صفت طول ریشه داشتند. قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی دورگ حاصل از تلاقی  $7173 \times 436$  برای صفت طول ریشه در سطح پنج درصد منفی و معنادار بود. ژنوتیپ 7173 ترکیب‌پذیری عمومی مثبت و معنادار برای صفات قطر ریشه داشت. بنابراین، می‌توان از این ژنوتیپ در برنامه‌های اصلاحی برای افزایش عملکرد ریشه، عملکرد قند و عملکرد قند قابل استحصال استفاده کرد. اما برای صفت ارتفاع طوقه، ژنوتیپ مناسبی که بتواند ترکیب‌پذیری عمومی معناداری برای کاهش این صفت داشته باشد مشاهده نشد. مدل GGE بای پلات مدل مناسبی برای تفسیر و نتیجه‌گیری تلاقی‌های دوطرفه است که امکان توجیه تصویری و نمایش آن را به خوبی فراهم می‌کند. به کمک این مدل امکان شناسایی بهترین تلاقی‌ها، بهترین والدین با قدرت ترکیب عمومی و خصوصی و ارزیابی قابلیت ترکیب عمومی والدین میسر شد.

### منابع

- امیری ر.، واحدی س.، مصباح م.، بی همتا م. ر. و یوسف‌آبادی و. ا (۱۳۸۸) بررسی اجزای واریانس ژنتیکی صفات زراعی در ژرم پلاسما چغندر قند تک‌جوانه. دانش کشاورزی. ۱۹(۱): ۷۷-۸۷.
- خدابنده ن (۱۳۶۸) زراعت گیاهان صنعتی. انتشارات مرکز نشر سپهر. چاپ دوم، ۵۰۴ ص.
- دهقانی ح.، ترابی م.، مقدم م. و فناده‌ها م. ر (۱۳۸۴) تجزیه بای پلات داده‌های تلاقی دی‌آلل تیپ آلودگی زنگ زرد گندم. نهال و بذر. ۲۱(۱): ۱۲۳-۱۳۸.
- رجبی ا.، مقدم م.، رحیم زاده خوبی ف.، مصباح م. و رنجی ز (۱۳۸۱) ارزیابی تنوع ژنتیکی صفات زراعی در توده‌های چغندر قند. علوم کشاورزی ایران. ۳۳(۳): ۵۵۳-۵۶۷.
- عالیشاه ع.، فهمیده ل. و نصراله نژاد س (۱۳۸۸) تحلیل ژنتیکی عملکرد و برخی از صفات هم‌پسته در ژنوتیپ‌های پنبه آپلند (*Gossypium hirsutum* L.). پژوهش‌های تولید گیاهی. ۱۶(۲): ۶۷-۸۵.

- sugarbeet (*Beta vulgaris* L.). Agricultural Science Digest. 5: 17-20.
15. Kapur R, Strivastava HM, Strivastava BL and Saxena VK (1978) Genetic diversity in sugar beet (*Beta vulgaris* L.). Genetics. 47: 79-83.
  16. Ogata N, Taguchi K and Tanaka M (2003) Half-diallel analysis for yield components and top traits in self-fertilized O-types of sugar beet. Abstracts presented at the 2003 Join Meeting of the ASSBT and IIRB. Hayatt Regency Riverwalk. San Antino, Texas USA.
  17. Shimamoto T (1972) Analysis of genetic variability in root shape in sugar beet. I. Variation of root shape among lines. Journal of the Faculty of Agriculture, Hokkaido University. 8(2):118-124.
  18. Shimamoto Y and Hosokawa S (1973) Analysis of genetic variability in root shape of sugar beet. III. A scale for root shape. 13<sup>th</sup> Research Meeting of Sugar beet Technological Cooperation. Japan. 175-178 pp.
  19. Tsialtas JT and Maslaris N (2010) Sugar beet root shape and its relation with yield and quality. Sugar Techechnology. 12(1): 47-52.
  20. Yan W and Hunt LA (2002) Biplot analysis of diallel data. Crop Science. 42: 21-30.
  21. Yan W and Kang MS (2003) GGEbiplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC Press. Boca Raton, FL. 605 p.
  6. واحدی س، مصباح م، امیری ر، بی همتا م. ر، یوسف آبادی و. ا. و دهقان شعار م (۱۳۸۵) مطالعه ارتباط صفات زراعی با ویژگی های مورفولوژیک و تعیین صفات مؤثر بر عملکرد ریشه و عیار قند در ژرم پلاس مینوژرم چغندر قند. چغندر قند. ۲۲(۲): ۱۹-۳۴.
  7. Baker RJ (1978) Issues in diallel analysis. Crop Science. 18: 533-536.
  8. Biancardi E, McGrath JM, Panella LW, Lewellen RT and Stevanato P (2010) Sugar Beet. In: Bradshaw JE (ed.) Root and Tuber Crops. Spinger. Pp: 173-219.
  9. Burrow MD and Coors JG (1994) Diallel: A microcomputer program for the simulation and analysis of diallel crosses. Agronomy. 86: 154-158.
  10. Cary NC (2004) SAS Institute. The SAS system for windows. Release 9.1. SAS Inst, 654 p.
  11. Cooke DA and Scott RK (1993) The sugar beet crop: science into practice. DA. Cooke and RK. Scott (Eds.). Chapman and Hall, London. Pp: xiv-xix.
  12. Darvishzadeh R, Bernousi I, Poormohammad-Kiani S, Deghamp-Guillaume G and Sarrafi A (2009) Use of GGEbiplot methodology and Griffing's diallel method for genetic analysis of partial resistance to phoma black stem disease in sunflower. Acta Agriculturae Scandinavica Section B-Soil and Plant Science. 1-6 pp.
  13. IBPGR CGN (1991) Descriptors for Beta. International Board for Plant Genetic Resources, Rome, 37 p.
  14. Kapur R, Strivastava HM, Strivastava BL and Saxena VK (1985) Character associations in