

بسمه تعالی



عنوان رساله:

پارامترهای ژنتیکی و تنوع صفات زراعی و کیفیت روغن دانه بزرک

اساتید راهنما:

دکتر آقافخر میرلوحی دکتر محمدرضا سبزهعلیان

اساتید داور:

دکتر احمد ارزانی
دکتر مهدی کدیور
دکتر محمد هادی پهلوانی

اساتید مشاور:

دکتر قدرت الله سعیدی
دکتر سید امیرحسین گلی
دکتر علی اکبر محمدی



✓ اهمیت گیاهان دانه روغنی

✓ میزان تولید روغن‌های گیاهی

✓ افزایش روز افزون تقاضا

✓ محدود بودن تعداد گونه‌های گیاهان روغنی موجود

✓ تمایل به استفاده از دیگر گونه‌های گیاهان روغنی



بزرک با نام علمی *Linum usitatissimum* L., $2n=2x=30$ یک گیاه دو منظوره که روغن و الیاف آن دارای اهمیت هستند ✓

روغن بزرک دارای مقادیر بسیار بالایی از اسید لینولنیک است ✓

طی سال های زیاد بیشترین کاربرد آن در صنایع مختلف بوده ✓

صنایع بافندگی، تولید چسب، رزین، کاغذ اسکناس و محصولات دارویی بهداشتی ✓

مقادیر بالای آنتی اکسیدان های روغن ✓

به طور متوسط دارای ۳۰ تا ۴۰ درصد روغن، ۱۶ تا ۳۲ درصد پروتئین و ۲۸ درصد فیبرهای رژیمی ✓



صنایع غذایی ✓

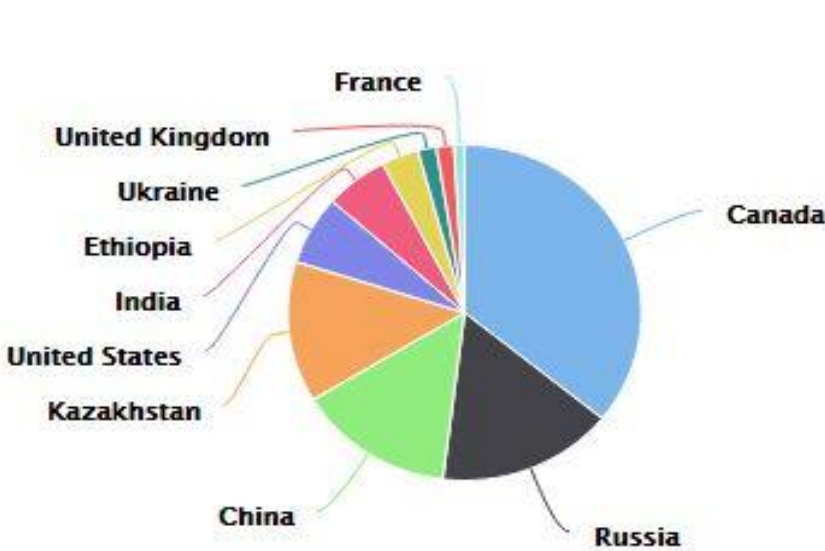
تغذیه دام و طیور ✓

اهمیت اصلاح بزرگ

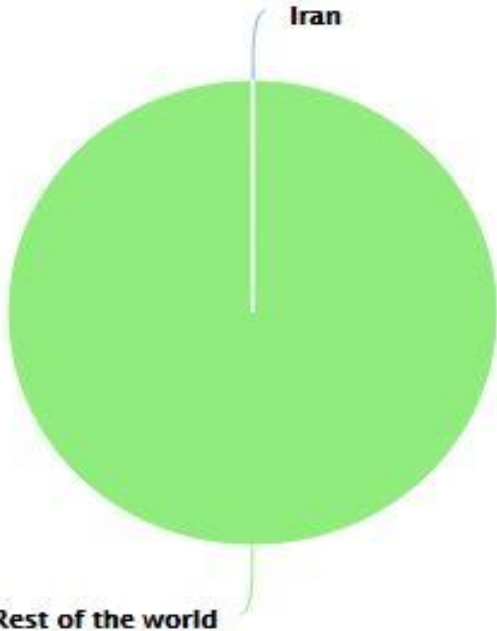
میانگین تولید جهانی در سال ۲۰۱۴ برابر با ۲/۶ میلیون تن

میانگین تولید جهانی در سال ۲۰۰۶ برابر با ۲/۷ میلیون تن

میانگین تولید ایران در سال ۲۰۱۴ برابر با ۸۵۰ تن



Source: FAOSTAT



Source: FAOSTAT

مهمترین اهداف اصلاحی بزرک

- ✓ اهداف مشترک میان عموم برنامه های اصلاحی شامل افزایش عملکرد دانه، زودرسی، بهبود کیفیت دانه و مقاومت به بیماری ها
- ✓ عدم افزایش متوسط عملکرد ۱/۲ تنی بزرک در ده سال گذشته که منجر به عدم توانایی رقابت این گیاه با دیگر گیاهان دانه روغنی شده است هرچند دارای ارزش اقتصادی بیشتری نسبت به اکثر آن ها می باشد
- ✓ عملکرد پیچیده ترین صفت زراعی است که با صفات دیگر نیز همبستگی نشان می دهد و همگی دارای وراثت کمی می باشند
- ✓ شناسایی و ایجاد تنوع جدید و پی بردن به اساس ژنتیکی صفات مرتبط با عملکرد دارای ارزش کاربردی برای بهنژادگران
- ✓ نگهداری نزدیک به ۴۸ هزار نمونه بزرک در بانک های ژنی جهان و ۱۰ هزار نمونه منحصر بفرد

گزینش بدون دورگ
گیری

معرفی
گیاهان

گزینش پس از
دورگ گیری

روش های اصلاحی
گیاهان خودگشن

شناسایی، مطالعه و
استفاده از تنوع
موجود

ایجاد، مطالعه و
استفاده از ترکیبات
ژنتیکی جدید و
تنوع حاصل از آن

ورکو و همکاران (۲۰۱۵) در مطالعه ۱۹۸ ژنوتیپ در اتیوپی برای صفات محتوای روغن، ترکیب اسیدهای چرب، عملکرد و برخی از اجزای عملکرد تنوع معنی داری مشاهده کردند

مطالعه یو و همکاران (۲۰۱۷) بر روی ۳۹۱ ژنوتیپ منتخب از مجموعه جهانی بزرگ در بانک ژن کانادا در ۸ محیط حاکی از وجود تنوع گسترده ای برای ۲۷ صفت زراعی و کیفیتی مورد مطالعه بود.

مطالعه محمدی و همکاران (۲۰۱۰) بر مبنای یک طرح دای آلل ۸×۸ در بزرگ حاکی از تاثیر مشترک عمل افزایشی و غیر افزایشی ژن ها در کنترل عملکرد و اجزای آن بود به طوری که برای اکثر صفات نقش عمل افزایشی بیشتر بود

نتایج یک طرح دای آلل یکطرفه و با ۸ والد نیز حاکی از معنی داری هر دو قابلیت ترکیب پذیری عمومی و خصوصی بود. همچنین در این تحقیق نقش عمل غیر افزایشی ژن ها را در بروز صفات فنولوژیک، عملکرد دانه و اجزای آن بیشتر از عمل افزایشی ژن ها برآورد شد (ماهتو و همکاران، ۲۰۱۹).

اهداف پژوهش

۱- بررسی تنوع ژنتیکی صفات آگرونومیک، کیفیت دانه و خواص شیمیایی روغن در بخشی از کلکسیون جهانی بزرگ در شرایط استان اصفهان.

۲- شناسایی ژنوتیپ یا ژنوتیپ های برتر از کلکسیون مذکور و معرفی آنها به عنوان لاین های امید بخش.

۳- تجزیه ژنتیکی صفات فنولوژیک، عملکرد دانه و اجزای آن و محتوای روغن دانه جهت برآورد قابلیت ترکیب پذیری عمومی و خصوصی و انتخاب بهترین ترکیب شونده های عمومی.

نوآوری طرح

کشور ایران از نظر تامین نیاز روغن تا حدود ۹۰ درصد وابسته به واردات بوده که هزینه های سنگینی را به کشور وارد می کند

اغلب واریته های بزرک مورد استفاده برای کشت و کار این گیاه در ایران از ژرم پلاس م بومی و اصلاح نشده با عملکرد پایین هستند

گزارشی مبنی بر مطالعه تنوع موجود در ژرم پلاس م جهانی بزرک در ایران و بخصوص شرایط اصفهان موجود نمی باشد

با توجه به این که پیش نیاز هر برنامه اصلاحی موفق وجود تنوع ژنتیکی کافی و آگاهی از نحوه توارث و عمل ژن های کنترل کننده صفات پراهمیت است، انتظار می رود این پژوهش بتواند قدمی موثر در جهت تحقق این مهم برداشته و همچنین از طریق شناسایی ژنوتیپ های جدید و ایجاد ترکیبات ژنتیکی جدید زمینه ساز مطالعات اصلاحی بعدی برای بزرک باشد

مطالعه اول: بررسی تنوع ژنتیکی و نحوه توزیع آن در کلکسیون انتخاب شده از مجموعه جهانی بزرگ در بانک ژن IPK آلمان از نظر برخی صفات مهم زراعی و کیفیت دانه

مطالعه دوم: بررسی تنوع ژنتیکی و نحوه توزیع آن در تعدادی از ژنوتیپ های کلکسیون منتخب بانک ژن IPK آلمان از نظر کیفیت روغن و شاخص های تغذیه ای آن

مطالعه سوم: تجزیه دای آلل و بررسی ترکیب پذیری والدین جهت یافتن برترین لاین ها

مطالعه اول: بررسی میزان و توزیع تنوع ژنتیکی کلکسیون مورد مطالعه در رابطه با صفات زراعی و کیفیت دانه

این تحقیق در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه صنعتی اصفهان واقع در ۴۰ کیلومتری جنوب غربی اصفهان در منطقه لورک نجف آباد طی دو سال متوالی انجام شد. عملیات آماده سازی بستر کاشت در اواخر بهمن برای هر دو سال صورت گرفت.



۱۰۷ ژنوتیپ که به صورت تصادفی و با هدف ایجاد یک توزیع جغرافیایی جهانی از بانک ژن IPK آلمان انتخاب شدند

۱۳ ژنوتیپ دیگر شامل ۸ توده بومی ایرانی، یک توده بومی هندی، سه لاین اصلاحی و یک رقم تجاری

مواد گیاهی



این آزمایش در قالب طرح بلوک های کامل تصادفی با دو تکرار انجام شد

آبیاری زمین از طریق سیستم آبیاری قطره ای انجام شد

اندازه گیری صفات بسته به نوع صفت در زمان پیش از برداشت و پس از برداشت انجام شد

بوجاری ژنوتیپ ها جهت اطمینان از عدم اختلاط فیزیکی به صورت دستی انجام شد

ارتفاع بوته (cm)

تعداد انشعاب فرعی در بوته

تعداد کپسول در بوته

قطر کپسول (mm)

تعداد دانه در کپسول

وزن هزار دانه (g)

عملکرد دانه در بوته (g/plant)

طول دانه (mm)

عرض دانه (mm)

محتوی روغن دانه (%)

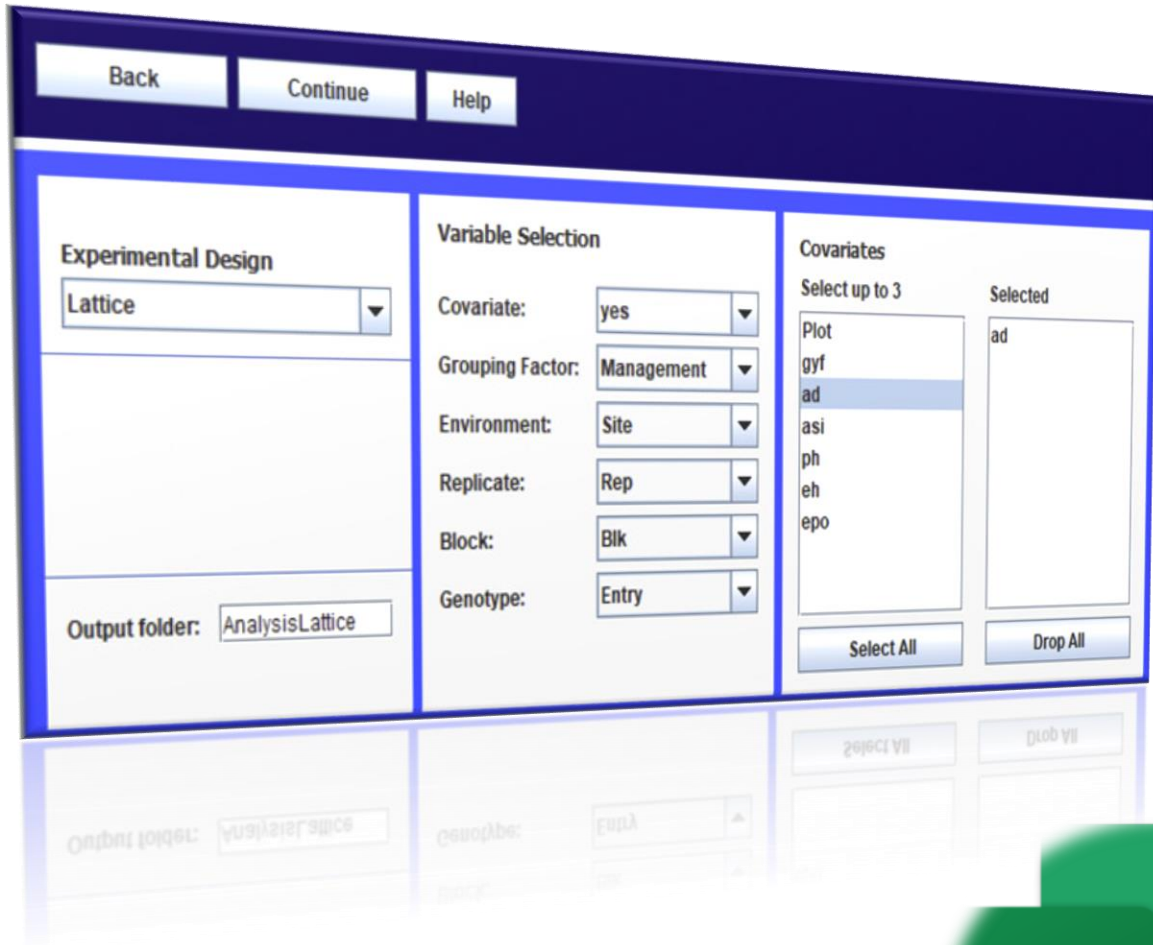
محتوای پروتئین کنجاله (%)

صفات
آگرونومیک

صفات کیفیت
دانه

صفات مورد مطالعه





تجزیه واریانس مرکب بر مبنای طرح پایه بلوک‌های کامل تصادفی برای صفات مورد مطالعه در ۱۲۰ ژنوتیپ بزرگ طی دو سال آزمایشی

میانگین مربعات صفات

ارتفاع بوته (cm)	تعداد انشعاب فرعی در بوته	تعداد کپسول در بوته	قطر کپسول (mm)	تعداد دانه در کپسول	وزن هزار دانه (g)	عملکرد دانه تک بوته (g/plant)	طول دانه (mm)	عرض دانه (mm)	محتوای روغن دانه (%)	محتوای پروتئین کنجاله (%)	منابع تغییرات	درجه آزادی
۷۸۰/۵۵ ^{ns}	۲۰۵/۵۳*	۳۵۱۴۴*	۰/۰۶ ^{ns}	۱/۸۳ ^{ns}	۶۵/۴۶*	۲۲/۱۲**	۰/۵۲ ^{ns}	۰/۵۰ ^{ns}	۲۹۰/۱۷ ^{ns}	۲۶۸/۰۱**	سال	۱
۱۷۸/۱۹	۲/۶۱	۸۰۶/۷۱	۲/۶۶	۱۷/۱۰	۲/۸۳	۰/۱۲	۰/۱۷	۰/۰۷	۲۳/۶۰	۹/۹۱	تکرار (سال)	۲
۳۴۹/۸۵**	۱/۵۱**	۲۳۲/۰۴*	۰/۳۲**	۱/۶۵**	۱/۴۹**	۰/۱۹**	۰/۳۴**	۰/۰۸**	۱۸/۶۸**	۲۱/۲۳**	ژنوتیپ	۱۱۹
۴۳/۱۷**	۰/۷۵**	۱۵۶/۶۲**	۰/۰۶ ^{ns}	۰/۴۰ ^{ns}	۰/۳۹**	۰/۱۰**	۰/۰۳**	۰/۰۰۶*	۷/۱۰**	۱۲/۱۶**	ژنوتیپ × سال	۱۱۹
۲۷/۰۴	۰/۳۴	۵۰/۹۰	۰/۰۵	۰/۴۲	۰/۱۶	۰/۰۲	۰/۰۲	۰/۰۰۵	۱/۸۸	۲/۵۰	باقیمانده	۲۳۸
۹/۹۸	۲۷/۹۳	۲۴/۷۸	۳/۵۱	۷/۶۸	۱۱/۰۲	۲۵/۸۱	۲/۹۷	۳/۲۶	۴/۵۷	۴/۱۳	ضریب تغییرات	

ns * و ** به ترتیب گویای عدم معنی داری، معنی داری در سطح ۵٪ و معنی داری در سطح ۱٪ آماری می‌باشند

محاسبه پارامترهای ژنتیکی

برای صفات آگرونومیک و کیفیت دانه میانگین ضریب تنوع فنوتیپی به ترتیب برابر با $0.17/2$ و $0.6/6$ بود

پنج صفت دارای ضریب تنوع فنوتیپی و ژنتیکی بالای 10%

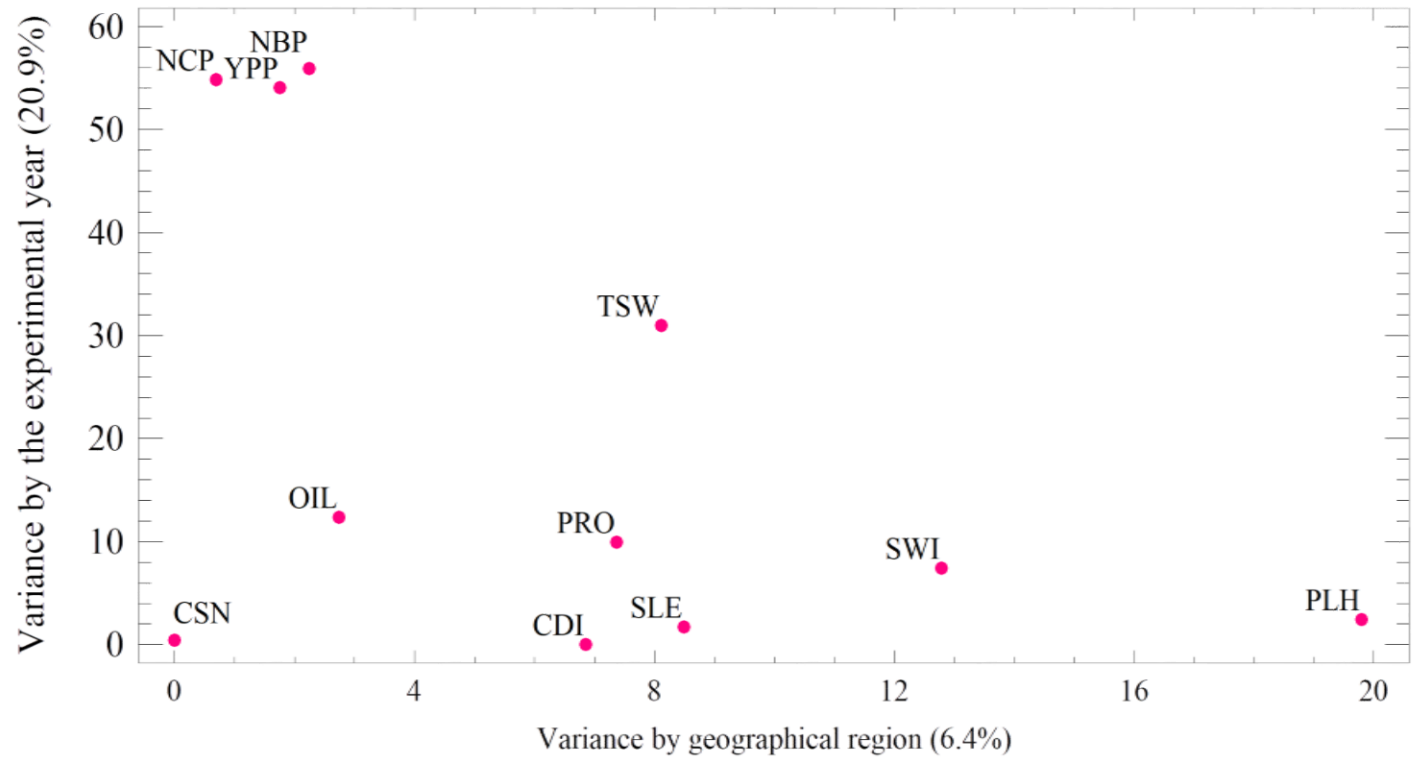
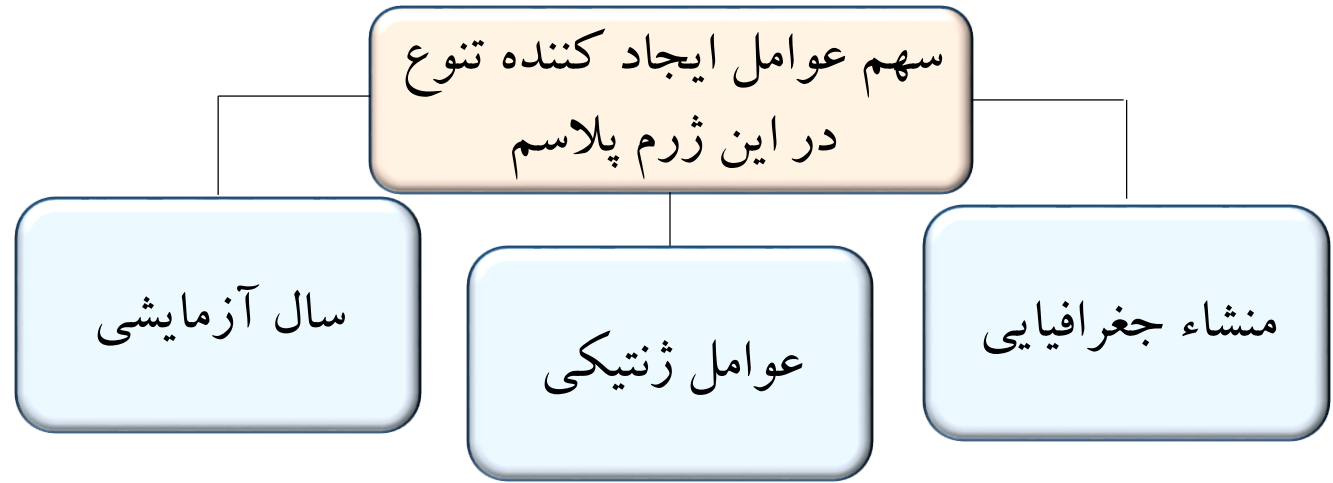
- ✓ عملکرد دانه تک بوته ($0.37/8$)
- ✓ تعداد انشعاب فرعی در بوته ($0.30/3$)
- ✓ تعداد کیسول در بوته (0.27)

پیشرفت ژنتیکی قابل انتظار (با فرض انتخاب 5% از افراد جمعیت) برای ۸ صفت بیشتر از 10 درصد برآورد شد

- ✓ عملکرد دانه تک بوته ($0.35/1$)
- ✓ ارتفاع بوته ($0.32/4$)
- ✓ تعداد انشعاب فرعی در بوته ($0.31/9$)
- ✓ وزن هزار دانه ($0.25/2$)

میانگین وراثت پذیری عمومی برای صفات آگرونومیک برابر با 0.7 برآورد شد و برای صفات کیفیت دانه حدود 0.52

- ✓ صفات مرتبط با اندازه دانه وراثت پذیری بسیار بالا
- ✓ دیگر اجزای عملکرد وراثت پذیری کم (0.3) تا متوسط (0.5)
- ✓ محتوی روغن دانه (0.62) و محتوی پروتئین کنجاله (0.43)



✓ اختلاف معنی دار ژنوتیپ ها برای تمام ۲۷ صفت مورد مطالعه

✓ میانگین ضریب تنوع فنوتیپی برای صفات آگرونومیک و کیفیت دانه به ترتیب برابر با ۱۹/۸ و ۱۰/۵ درصد

✓ پیشرفت ژنتیکی قابل انتظار محاسبه شده برای صفات عملکرد دانه (۲۳/۶٪)، تعداد دانه در کپسول (۱۴٪)، تعداد کپسول در مترمربع (۲۰٪)، تعداد انشعاب (۱۹/۶٪)، وزن هزار دانه (۲۵/۳٪)، ارتفاع بوته (۳۹٪)، محتوی روغن (۱۹٪) و محتوی پروتئین (۹/۲٪)

✓ وراثت پذیری عمومی برای صفات آگرونومیک کم و برای صفات کیفیت دانه بالا برآورد شد

✓ سهم منطقه جغرافیایی (۱۱٪)، مورفوتایپ (۲۲٪) و عوامل دیگر (۶۷٪) در توجیه کل تنوع

مطالعه تنوع ژنتیکی مرتبط با ۲۷ صفت بر روی ۳۹۱ ژنوتیپ منتخب از مجموعه جهانی بزرگ در بانک ژن کانادا (یو و همکاران، ۲۰۱۷)

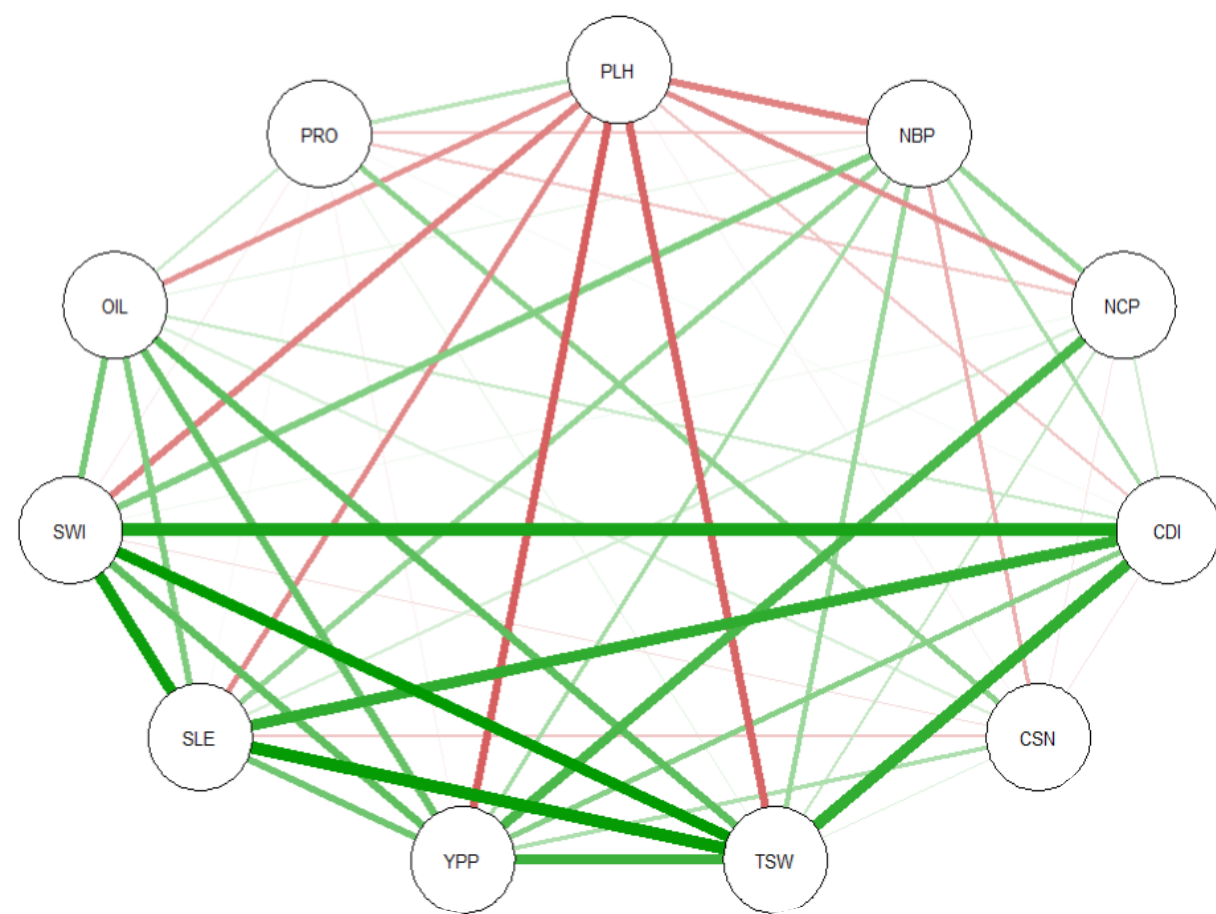
✓ اختلاف معنی دار ژنوتیپ ها برای تمام ۹ صفت مورفو-فنولوژیک ارزیابی شده

✓ میانگین ضریب تنوع فنوتیپی برای صفات مورد مطالعه برابر با ۱۰/۶۵ درصد

✓ پیشرفت ژنتیکی قابل انتظار برای صفات مورد مطالعه دامنه ای بین ۵/۸ تا ۲۵/۵ درصد داشت که به ترتیب متعلق به صفات روز تا رسیدگی و تعداد کپسول در بوته بود

مطالعه تنوع ژنتیکی، وراثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی قابل انتظار بر روی ۵۵ ژنوتیپ بزرگ (سامانتارا، ۲۰۲۰)

روابط میان صفات مورد مطالعه بر مبنای همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی



- ✓ برای تمام صفات علامت همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی یکسان و در بیشتر موارد مقدار عددی همبستگی ژنتیکی بزرگتر بود
- ✓ شبکه همبستگی های منفی میان ارتفاع بوته و اکثر صفات مورد مطالعه
- ✓ بالاترین همبستگی ژنتیکی با عملکرد دانه مربوط به وزن هزار دانه (۰/۶۹) و تعداد کپسول در بوته (۰/۶۴)
- ✓ تقسیم اجزای عملکرد به دو گروه تعیین کننده اندازه و تعداد دانه
- ✓ همبستگی ژنتیکی اندازه دانه با عملکرد دانه در بوته قوی تر از تعداد دانه بود
- ✓ همبستگی مثبت و معنی دار محتوی روغن با صفات مرتبط با اندازه دانه و استقلال آن از صفات مرتبط با تعداد دانه

مطالعه سوتوسرادا و همکاران (۲۰۱۴) بر روی ۳۹۰ ژنوتیپ بزرگ با توزیع جغرافیای جهانی یک همبستگی منفی بین ارتفاع بوته و عملکرد دانه و وزن هزار دانه و یک همبستگی مثبت بین این صفت و وزن هزار دانه، تعداد کپسول در مترمربع و تعداد دانه در کپسول نشان داد

نتیجه گیری کلی و پیشنهاد های مطالعه اول

در ژرم پلاسّم مورد مطالعه برای اکثر صفات تنوع قابل ملاحظه ای مشاهده شد که این تنوع به طور خاص برای صفات عملکرد دانه در بوته، ارتفاع بوته، تعداد کپسول در بوته، تعداد انشعاب فرعی در بوته و وزن هزار دانه بالا بود. همچنین بالاترین میزان پیشرفت ژنتیکی قابل انتظار نیز برای این صفات برآورد شد.

نتایج نشان داد نقش عوامل ژنتیکی نسبت به دو منبع تغییرات منشاء جغرافیایی و سال آزمایشی بسیار بیشتر بود.

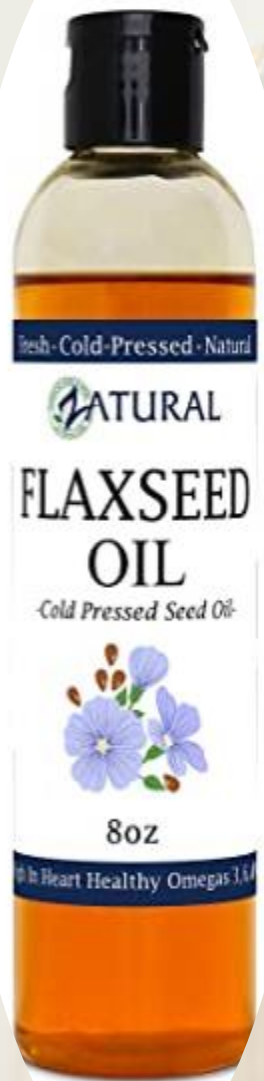
صفات مرتبط با تعداد دانه و اندازه دانه نسبت به یکدیگر مستقل بودند اما هر دو گروه با عملکرد دانه همبستگی بالایی نشان دادند. با این حال تنها صفات مرتبط با اندازه دانه بودند که با محتوی روغن دانه همبستگی نشان دادند. در نتیجه به نظر می رسد تاکید بر افزایش اندازه دانه در نهایت منجر به افزایش عملکرد اقتصادی این گیاه شود.

بر اساس نتایج این آزمایش دو گروه از ژنوتیپ ها شناسایی شدند که یکی از آن ها پتانسیل استفاده در برنامه های اصلاحی جهت تولید دانه و دیگری مناسب بکارگیری برای بهبود الیاف ساقه بود. علاوه بر این ۵ ژنوتیپ برتر نیز شناسایی شدند که پتانسیل بالایی جهت بهبود عملکرد دانه داشته و بهترین آن ها نیز یک ژنوتیپ هندی بود.

پیشنهاد می شود پنج ژنوتیپ برتر در چند محیط و چند سال جهت تایید پایداری آن ها مورد بررسی قرار بگیرند

با توجه به احتمال بالا برای عاری بودن جمعیت حاضر از ساختار جمعیتی بررسی های مولکولی جهت تایید این ادعا پیشنهاد و در صورت تایید، نقشه یابی ارتباطی برای شاخص های تغذیه ای بزرک با استفاده از این جمعیت توصیه می شود.

مطالعه دوم: بررسی میزان و توزیع تنوع ژنتیکی بخشی از کلکسیون مورد مطالعه از نظر کیفیت روغن و برخی شاخص های تغذیه ای آن



تعداد ۵۰ ژنوتیپ که به صورت تصادفی از میان کلکسیون مورد استفاده در مطالعه اول انتخاب شدند.

مواد گیاهی

مواد و روش ها



روش گلی و همکاران
(۲۰۱۳)، با استفاده از
دستگاه کروماتوگرافی
گازی

ترکیب
اسیدهای چرب

روش وانگ و همکاران
(۱۹۸۸)، با استفاده از
دستگاه اسپکتروفتومتر

محتوی کل
توکوفرول ها

روش کاپانسی و همکاران
(۲۰۰۰)، با استفاده از
دستگاه اسپکتروفتومتر

محتوی کل
فنول ها

صفات مورد مطالعه

صفات آگرونومیک

عملکرد دانه (t/ha)

وزن هزار دانه (g)

ارتفاع بوته (cm)

صفات کیفیت دانه

محتوی روغن دانه (%)

محتوی پروتئین کنجاله (%)

صفات کیفیت روغن

ترکیب اسیدهای چرب روغن (%)

عدد یدی

محتوای کل توکوفرول ها (mg/100g OE)

محتوای کل فنولیک (mg GAL/g OE)

شاخص های تغذیه ای

نسبت اسیدهای چرب غیر اشباع به اشباع

نسبت اسید لینولنیک به اسید لینولئیک

نسبت اسید اولئیک به اسیدهای چرب غیر اشباع



نتایج تجزیه واریانس

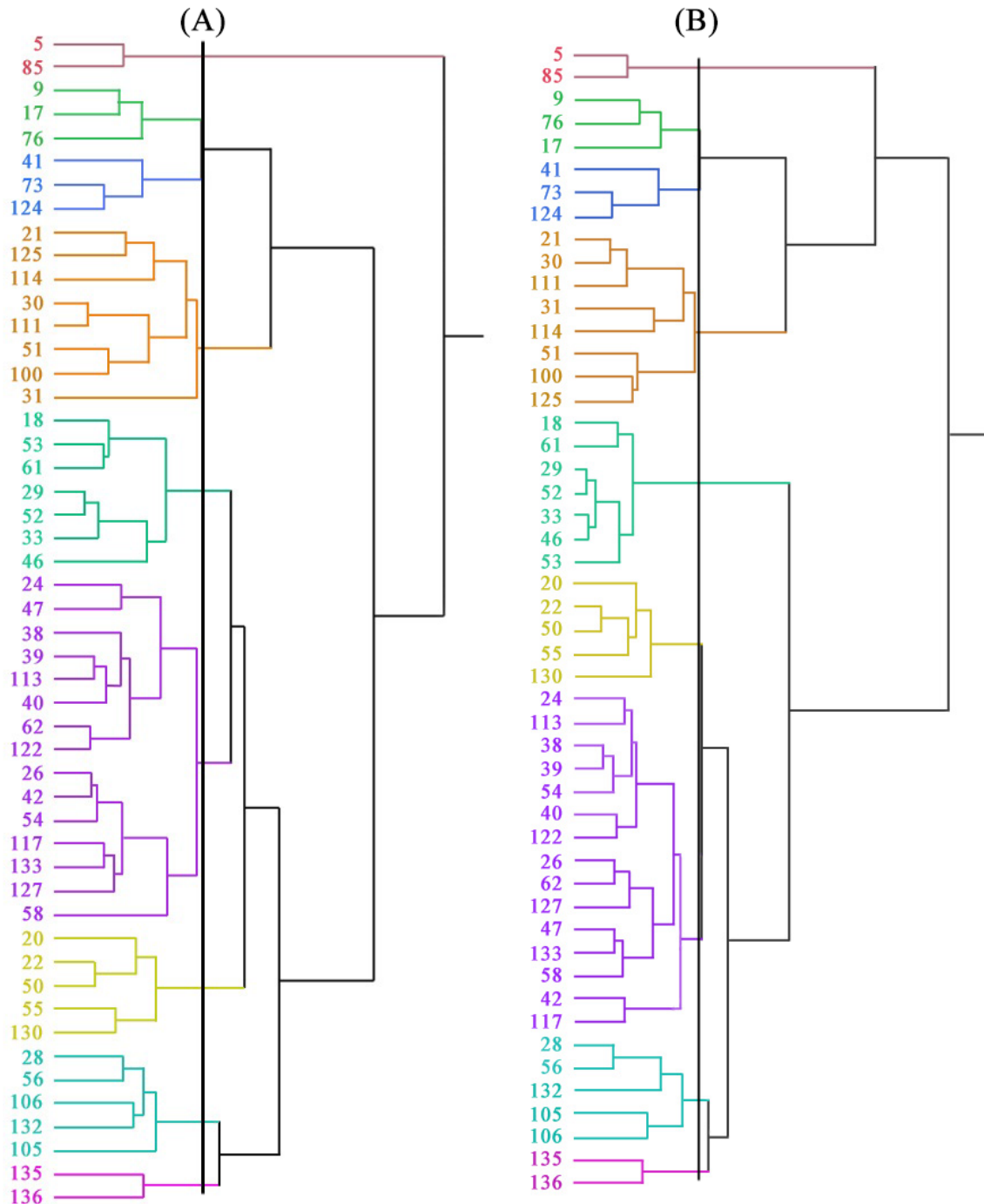
جدول تجزیه واریانس مرکب بر مبنای طرح پایه بلوک‌های کامل تصادفی برای صفات کمی و مشخصات کیفیتی روغن برای ۵۰ ژنوتیپ بزرگ ارزیابی شده طی دو سال

میانگین مربعات											
منابع تغییرات	درجه آزادی	وزن هزار دانه (g)	ارتفاع بوته (cm)	عملکرد دانه (T-ha ⁻¹)	محتوای روغن دانه	محتوای پروتئین کنجاله	اسید استتاریک	اسید پالمیتیک	اسید اولئیک	اسید لینولئیک	اسید لینولئیک
سال	۱	۳۱/۸۶**	۱۰۱۱/۶۰**	۰/۲۷**	۱۰۵/۸۳*	۸۴/۸۲**	۰/۳۱ ^{ns}	۲/۳۸ ^{ns}	۲۳۹/۳۴*	۶۶۷/۱۱**	۱۷۷۵/۳۰**
تکرار (سال)	۲	۰/۸۹	۲/۶۲	۰/۰۰۴	۱۰/۹۳	۲/۱۱	۰/۵۱	۰/۲۴	۱۶/۷۴	۱/۴	۶/۷۵
تیمار	۴۹	۱/۶۲**	۳۰۸/۷۱**	۰/۲۰**	۱۳/۴۲**	۱۶/۴۶*	۱/۵۶**	۴/۰۳**	۱۹/۳۷**	۳۴۹/۵۷**	۲۹۸/۴۱**
گروه‌های ژنتیکی	۸	۴/۳۸**	۱۱۳۷/۴۸**	۰/۷۳**	۴۹/۹۲**	۶۱/۸۱**	۷/۱۳**	۱۴/۷۴**	۵۱/۸۷**	۲۰۸۹/۰۳**	۱۷۳۹/۸۲**
ژنوتیپ (گروه ژنتیکی)	۴۱	۱/۰۸ ^{ns}	۱۴۶/۹۹**	۰/۱۰**	۶/۲۹ ^{ns}	۷/۶۱ ^{ns}	۰/۴۷ ^{ns}	۱/۹۴**	۱۳/۰۳ ^{ns}	۱۰/۱۷ ^{ns}	۱۷/۱۶ ^{ns}
سال × تیمار	۴۹	۰/۴۴**	۴۵/۰۷**	۰/۰۰۶*	۵/۴۸**	۹/۵۷**	۰/۱۶*	۰/۳۷**	۳/۷۷**	۳/۴۸**	۸/۱۱**
باقیمانده	۹۸	۰/۱۷	۲۳/۴۷	۰/۰۰۴	۱/۶۸	۲/۷۶	۰/۱۰	۰/۱۶	۱/۴	۰/۷۸	۳/۴۵

میانگین مربعات										
منابع تغییرات	درجه آزادی	کل محتوای توکوفرول	کل محتوای فنولیک	نسبت امگا ۳ به امگا ۶	نسبت اسیدهای چرب غیر اشباع به اسیدهای چرب اشباع	نسبت اسید اولئیک به اسیدهای چرب غیر اشباع	عدد یدی			
سال	۱	۱۹۹/۹۸*	۷۹/۸۴*	۵۴/۶۶**	۰/۱۸ ^{ns}	۰/۰۳*	۲۷۲۲/۹۲**			
تکرار (سال)	۲	۱۲/۸۵	۲۵/۴۷	۰/۰۸	۰/۵۴	۰/۰۰۲	۱۷/۸۰			
تیمار	۴۹	۴۴/۷۷**	۱۶/۰۵**	۲/۰۶**	۳/۰۸**	۰/۰۰۲**	۲۵۰/۶۰**			
گروه‌های ژنتیکی	۸	۹۳/۸۰*	۲۷/۲۷**	۹/۶۵**	۱۲/۴۴**	۰/۰۰۷**	۱۲۷۰/۶۳**			
ژنوتیپ (گروه ژنتیکی)	۴۱	۳۵/۲۱ ^{ns}	۴/۲۶ ^{ns}	۰/۵۹ ^{ns}	۱/۲۵**	۰/۰۰۱ ^{ns}	۵۱/۵۷ ^{ns}			
سال × تیمار	۴۹	۲۰/۶۷**	۱۱/۶۳**	۰/۲۱**	۰/۲۷**	۰/۰۰۰۵**	۲۰/۸۷**			
باقیمانده	۹۸	۹/۰۶	۵/۶۴	۰/۰۶	۰/۱۳	۰/۰۰۰۲	۹/۳۲			

^{ns} و ** به ترتیب گویای عدم معنی داری، معنی داری در سطح ۵٪ و معنی داری در سطح ۱٪ آماری می‌باشند.

میزان و نحوه توزیع تنوع بر اساس تجزیه واریانس و خوشه ای



✓ مشاهده تنوع گسترده برای اکثر صفات مورد مطالعه

✓ تنوع صفات آگرونومیک بیشتر از صفات کیفیتی

✓ حاصل خوشه بندی ژنوتیپ ها در دو سال آزمایشی شناسایی ۹ گروه ژنتیکی

✓ تایید گروه بندی حاصل از تجزیه خوشه ای به وسیله آزمون F کاذب

✓ نسبت تنوع بین به درون گروه های ژنتیکی بین ۱/۷ تا ۲۴ برابر

✓ برای اکثر صفات مورد مطالعه وراثت پذیری محاسبه شده بر مبنای گروه های ژنتیکی بزرگتر از مقادیر محاسبه شده برای این پارامتر بر مبنای ژنوتیپ ها بود

مقایسات میانگین گروه های ژنتیکی برای هر یک از صفات مورد مطالعه بر روی ۵۰ ژنوتیپ بزرگ طی دو سال

صفات	گروه ژنتیکی ۱	گروه ژنتیکی ۲	گروه ژنتیکی ۳	گروه ژنتیکی ۴	گروه ژنتیکی ۵	گروه ژنتیکی ۶	گروه ژنتیکی ۷	گروه ژنتیکی ۸	گروه ژنتیکی ۹
وزن هزار دانه (g)	۳/۵۸ ^{bcd}	۳/۱۹ ^d	۳/۴۴ ^{cd}	۳/۳۹ ^d	۴/۲۶ ^{ab}	۴/۱۳ ^{abc}	۳/۸۴ ^{bcd}	۴/۴۴ ^{ab}	۴/۸۳ ^a
ارتفاع بوته (cm)	۴۹/۷۳ ^{bc}	۵۶/۷۹ ^b	۶۷/۹۶ ^a	۵۳/۷۴ ^{bc}	۵۵/۷۳ ^b	۴۶/۹۷ ^c	۴۷/۸۰ ^c	۴۷/۵۱ ^c	۳۱/۰۵ ^d
عملکرد دانه (t-ha ⁻¹)	۰/۹۸ ^a	۰/۴۴ ^{bc}	۰/۳۰ ^{bc}	۰/۲۹ ^c	۰/۴۰ ^{bc}	۰/۴۷ ^b	۰/۳۲ ^{bc}	۰/۷۳ ^a	۰/۳۱ ^{bc}
محتوی روغن دانه (%)	۳۰/۶۶ ^{bc}	۳۲/۶۰ ^{ab}	۳۰/۷۱ ^{bc}	۲۸/۳۷ ^d	۳۱/۹۶ ^{ab}	۳۰/۲۲ ^c	۳۱/۶۳ ^{bc}	۳۲/۹۷ ^a	۳۲/۱۰ ^{abc}
محتوی پروتئین دانه (%)	۴۰/۹۰ ^a	۴۰/۴۰ ^a	۴۱/۴۲ ^a	۳۷/۵۸ ^{bc}	۳۹/۷ ^a	۳۹/۸۵ ^a	۳۹/۹۵ ^c	۴۰/۳۵ ^a	۳۹/۰۶ ^{ab}
اسید پالمیتیک (%)	۶/۵۲ ^{ab}	۵/۰۵ ^c	۵/۰۳ ^c	۶/۴۰ ^b	۶/۳۸ ^b	۶/۵۲ ^{ab}	۶/۷۷ ^a	۶/۸۱ ^a	۶/۷۷ ^a
اسید استئاریک (%)	۶/۱۷ ^{cd}	۴/۸۴ ^e	۷/۵۸ ^{ab}	۵/۵۷ ^{ed}	۶/۶۸ ^{bc}	۷/۷۷ ^a	۶/۴۲ ^c	۶/۲۸ ^c	۷/۴۹ ^{ab}
اسید اولئیک (%)	۲۱/۸۷ ^e	۲۵/۲۳ ^{bcd}	۲۴/۳۹ ^{cde}	۲۶/۶۲ ^{bc}	۲۶/۹۵ ^{ab}	۲۳/۷۳ ^{de}	۲۵/۳۴ ^{bcd}	۲۵/۴۳ ^{bcd}	۲۹/۵۸ ^a
اسید لینولئیک (%)	۶۲/۲۲ ^a	۱۷/۰۹ ^b	۱۵/۷۵ ^{bcd}	۱۶/۱۸ ^{bc}	۱۴/۱۲ ^d	۱۷/۴۴ ^b	۱۶/۸۴ ^b	۱۴/۸۲ ^{cd}	۱۳/۱۵ ^d
اسید لینولئیک (%)	۳/۲۰ ^d	۴۷/۷۸ ^a	۴۷/۲۳ ^{ab}	۴۵/۲۲ ^{abc}	۴۵/۸۵ ^{abc}	۴۴/۵۳ ^{bc}	۴۴/۶۵ ^{bc}	۴۶/۶۶ ^{ab}	۴۳/۰۰ ^c
محتوی کل توکوفرول ها (mg/۱۰۰g)	۲۶/۵۴ ^{ab}	۲۵/۶۶ ^{ab}	۲۵/۴۷ ^{ab}	۲۷/۴۵ ^a	۲۲/۱۵ ^b	۲۶/۱۷ ^{ab}	۲۳/۴۳ ^b	۲۲/۶۴ ^b	۲۱/۷ ^b
محتوی کل فنول ها (mg GAE g ⁻¹)	۹/۰۴ ^{abc}	۱۱/۰۷ ^a	۹/۳۳ ^{ab}	۱۱/۵۲ ^a	۶/۸۷ ^c	۱۰/۱۱ ^{ab}	۸/۷۹ ^{bc}	۹/۱۳ ^{ab}	۱۱/۷۵ ^a
امگا ۳ به امگا ۶	۰/۰۵ ^d	۲/۸۵ ^{bc}	۳/۰۳ ^{abc}	۲/۸۷ ^{bc}	۳/۳۳ ^a	۲/۶۱ ^c	۲/۷۹ ^c	۳/۳۰ ^{ab}	۳/۳۳ ^{ab}
اسیدهای چرب غیر اشباع به اشباع	۶/۸۸ ^{bcd}	۹/۱۷ ^a	۶/۹۲ ^{bc}	۷/۴۳ ^b	۶/۶۵ ^{cd}	۶/۰۳ ^d	۶/۶۱ ^{cd}	۶/۶۵ ^{cd}	۶/۰۱ ^d
اسید اولئیک به اسیدهای چرب غیر اشباع	۰/۲۵ ^e	۰/۲۸ ^{cde}	۰/۲۷ ^{cde}	۰/۳۰ ^{bc}	۰/۳۰ ^b	۰/۲۷ ^{de}	۰/۲۹ ^{bcd}	۰/۲۹ ^{bcd}	۰/۳۵ ^a
عدد پدی	۱۳۴/۹۶ ^d	۱۷۶/۲۹ ^a	۱۷۱/۸۲ ^{ab}	۱۶۹/۲۱ ^b	۱۶۷/۵۸ ^b	۱۶۷/۱۰ ^b	۱۶۷/۷۶ ^b	۱۶۹/۵۸ ^b	۱۶۰/۶۹ ^c

گروه های ژنتیکی

گروه اول دارای عملکرد دانه بالا و اسید لینولنیک زیر ۵ درصد

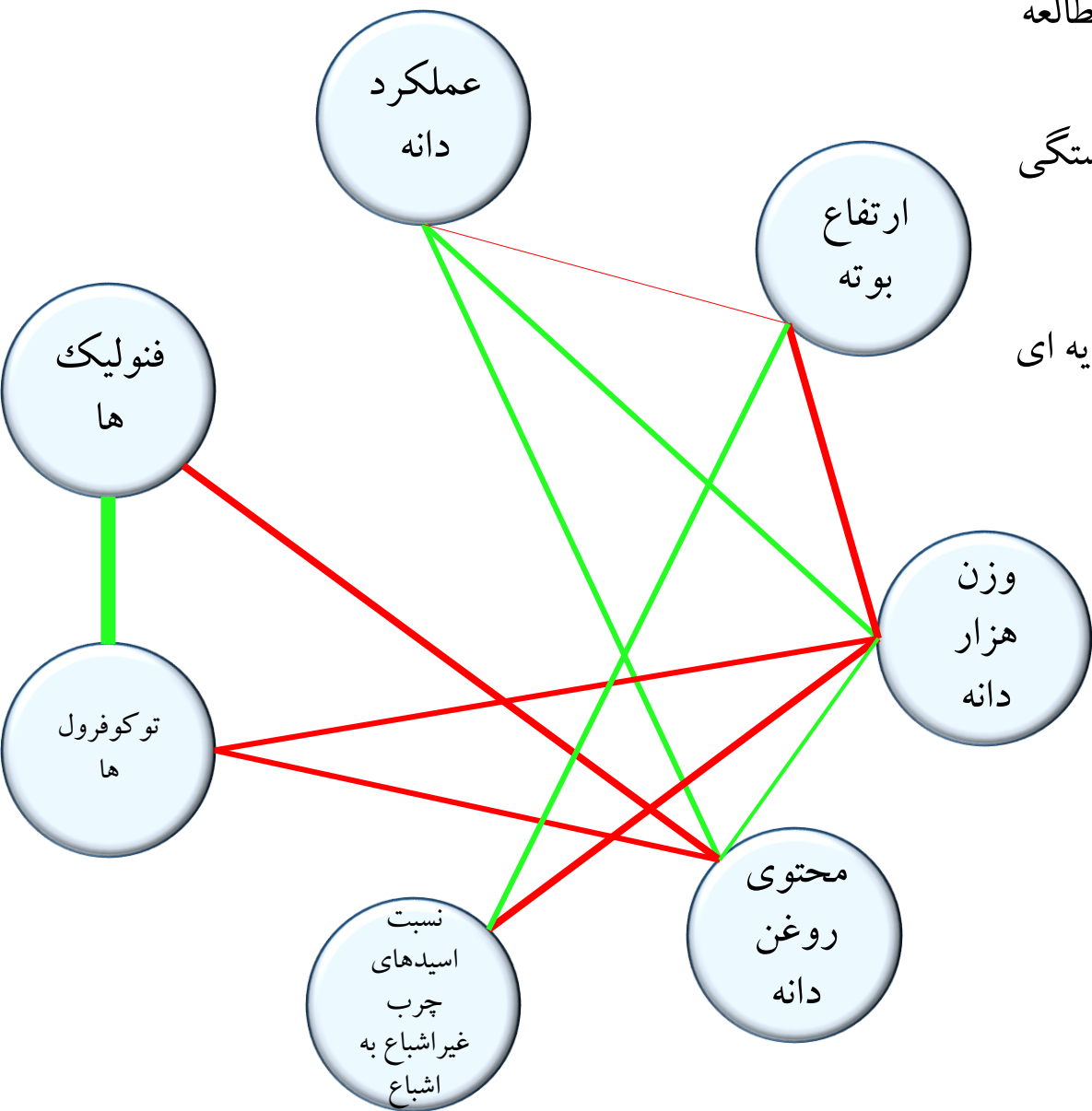
گروه هشتم با توجه به وزن هزار دانه و عملکرد دانه بالا به همراه شاخص های تغذیه ای مناسب و همچنین بالاترین میزان محتوی روغن دانه و پروتئین کنجاله به عنوان برترین گروه شناسایی شد

گروه های دو، سه، چهار و پنج عموماً دارای عملکرد پایین بودند اما بالاترین مقادیر ارتفاع بوته، آنتی اکسیدان های روغن و پروتئین کنجاله بودند. روغن این گروه ها شدیداً غیر اشباع بود

گروه نهم به همراه دو گروه پنجم و هشتم کاندیدای مناسبی جهت افزایش نسبت امگا ۳ به امگا ۶ بود هرچند دارای پایداری حرارتی و میزان آنتی اکسیدان بالاتری بود.

گروه های شش و هفت عموماً مقادیر حد واسطی از صفات را دارا بودند و نیازمند مطالعات تکمیلی جهت شناسایی ارزش واقعی آن ها

مطالعه انجام شده بر روی ۳۹۱ ژنوتیپ منتخب از مجموعه جهانی بزرگ در بانک ژن کانادا نیز این مواد ژنتیکی را به دو گروه الیافی و روغنی تفکیک کرد. در همین رابطه ژنوتیپ های روغنی خود به هشت گروه تقسیم شدند که هر کدام ویژگی های کمی و کیفی منحصر بفردی داشتند (یو و همکاران، ۲۰۱۷)



✓ نزدیکی مقادیر همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی برای بسیاری از جفت صفات مورد مطالعه

✓ همبستگی مثبت میان صفات عملکرد دانه، وزن هزار دانه و محتوی روغن و همبستگی های منفی این صفات با برخی شاخص های تغذیه ای روغن

✓ در نظر داشتن یک سطح توافقی از انتخاب میان صفات کمی و شاخص های تغذیه ای

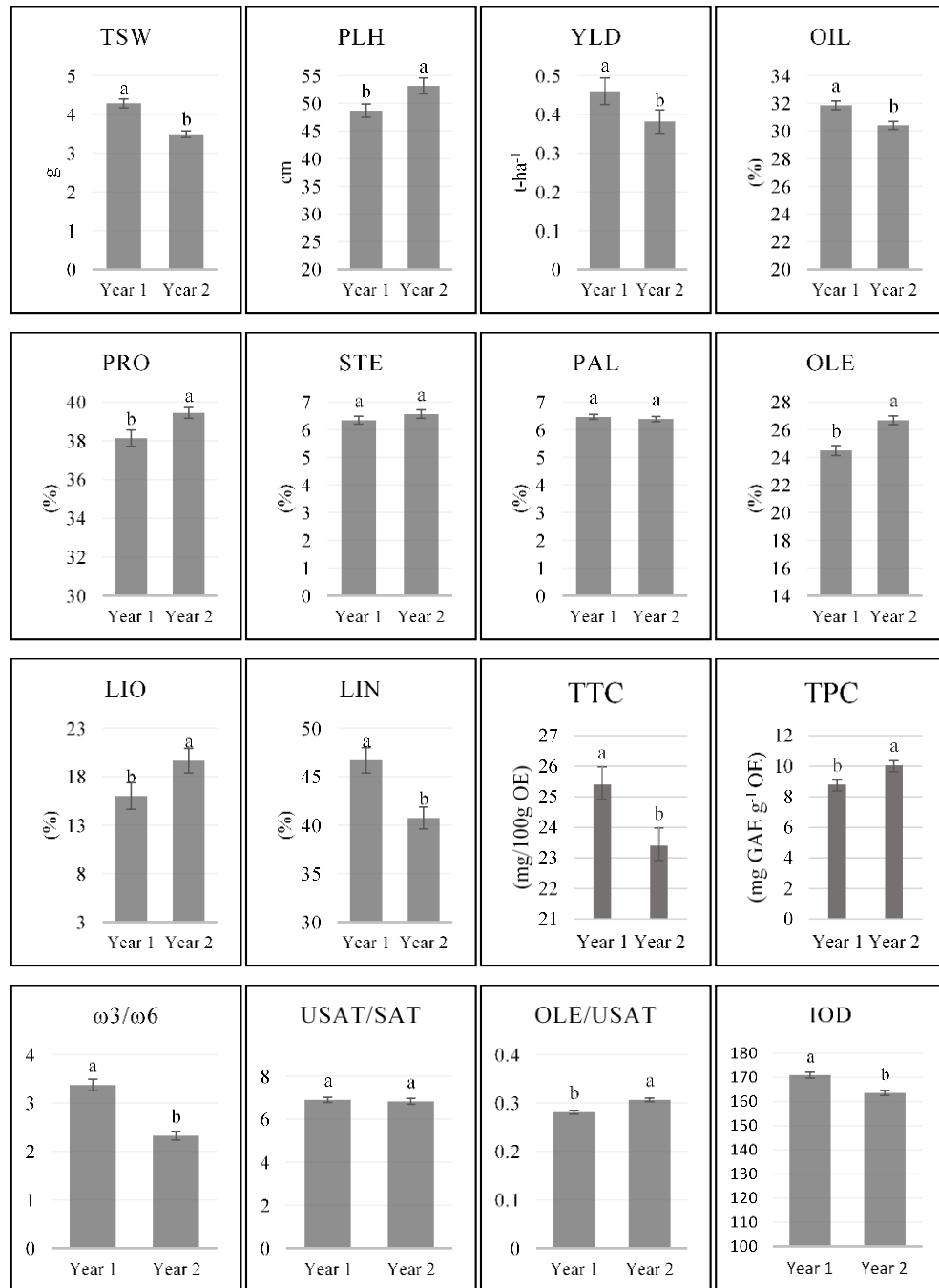
✓ مشاهده همبستگی ژنتیکی قوی بین دو آنتی اکسیدان

✓ مشاهده همبستگی مثبت میان محتوی پروتئین کنجاله و اسید لینولنیک

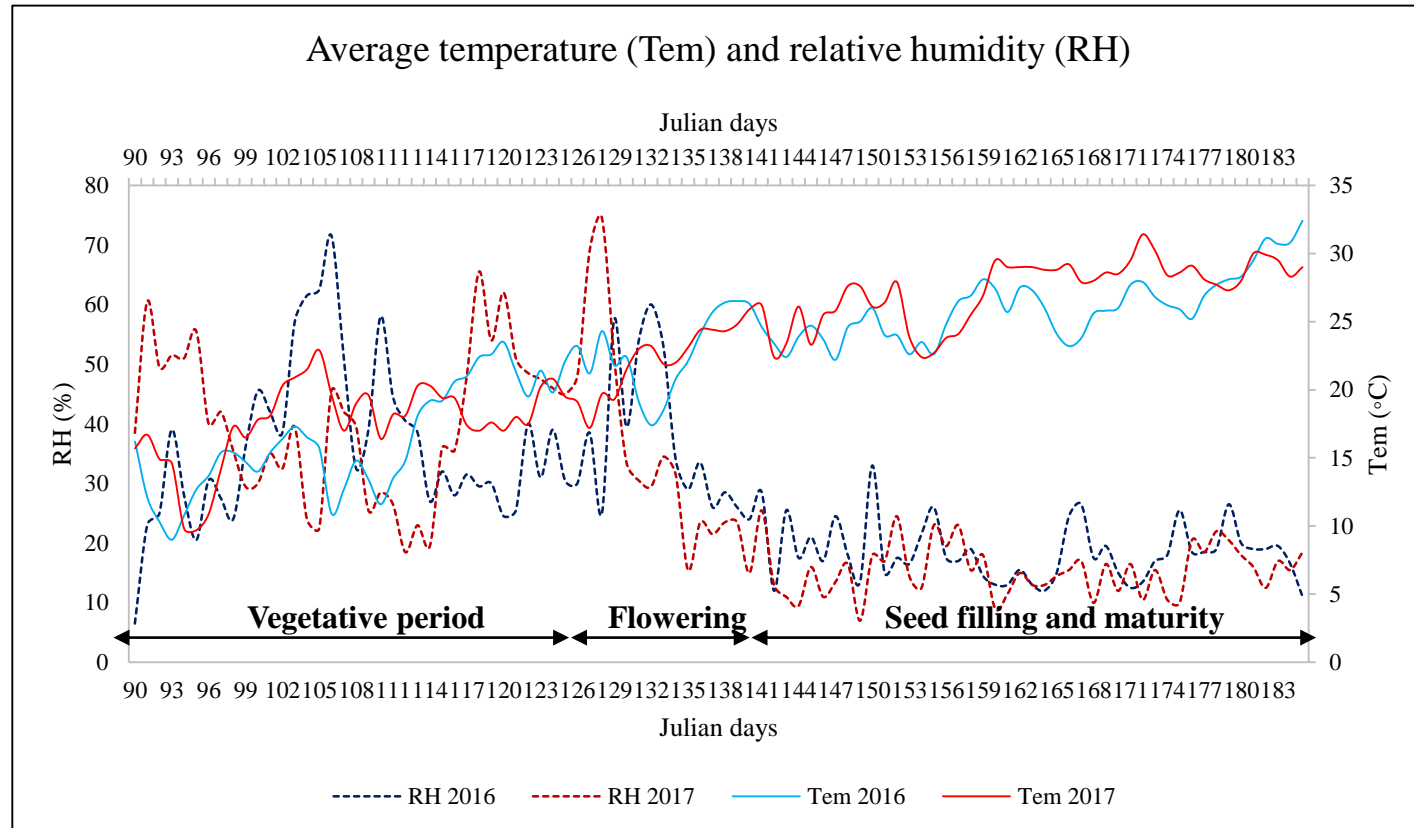
مطالعه شاو و همکاران (۲۰۱۵) بر روی ۷۹ ژنوتیپ سویا نیز همبستگی منفی میان وزن هزار دانه و گاما توکوفرول نشان داد (کأور و همکاران، ۲۰۱۷)

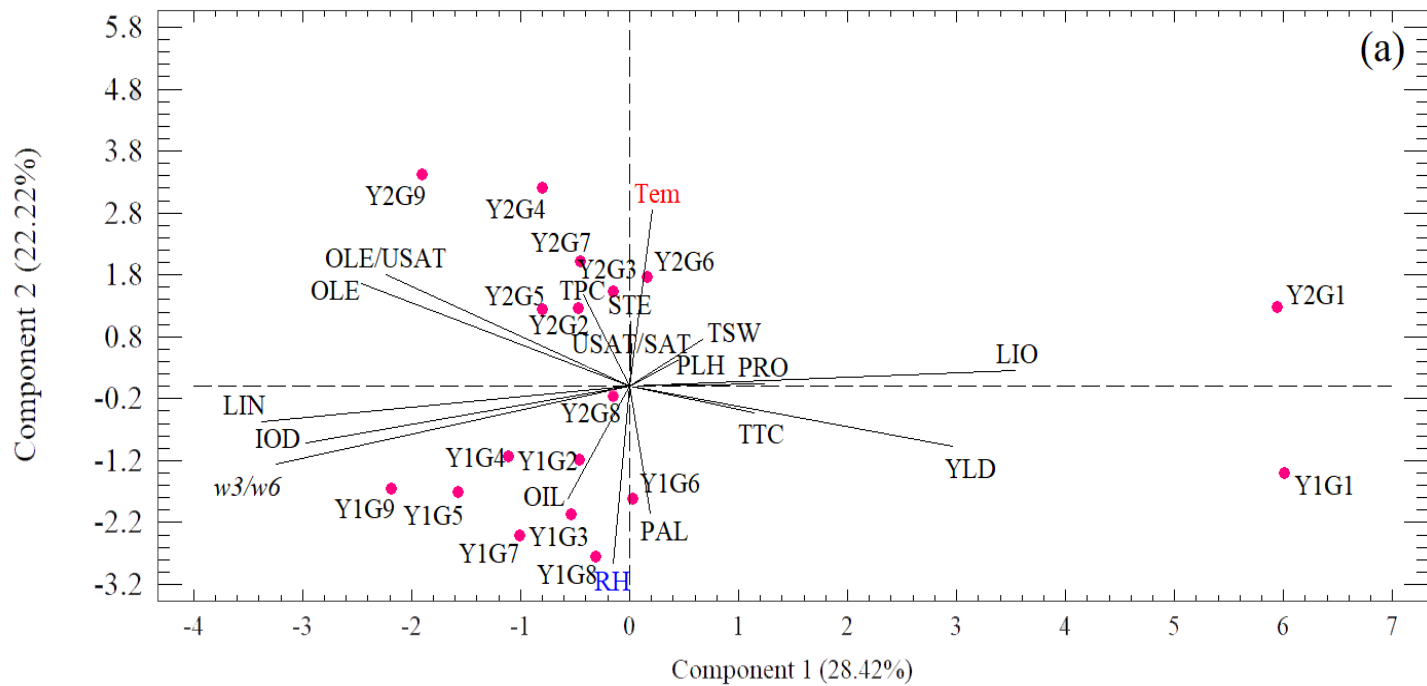
مطالعه بر روی ۱۷ ژنوتیپ سویا نیز همبستگی منفی میان محتوی روغن دانه و توکوفرول ها نشان داد (کأور و همکاران، ۲۰۱۷)

تأثير سال آزمایشی و علل احتمالی تاثیر گذار بر صفات



Average temperature (Tem) and relative humidity (RH)

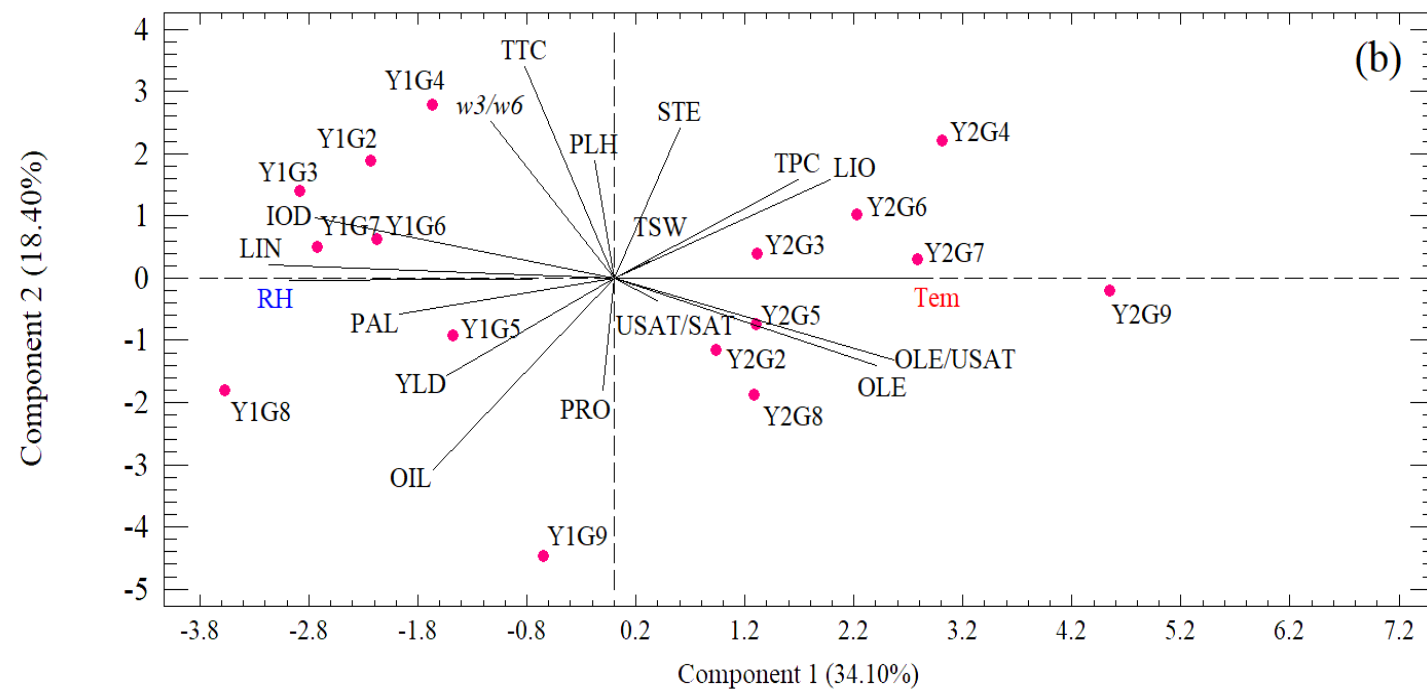




تاثیر سال آزمایشی و علل احتمالی تاثیر گذار بر صفات

✓ تفکیک دو سال آزمایشی به طور کامل بر مبنای دما و رطوبت نسبی

✓ مهمترین صفات همبسته با بردارهای دما و رطوبت نسبی در سال اول و دوم



مطالعه ۹ ساله بر روی گیاه بزرک در رابطه با اثر دما و بارش حاکی از کاهش عملکرد دانه و محتوی روغن دانه در دماهای بالاتر بود (آناستیزی و همکاران، ۲۰۱۶)

دماهای بالاتر منجر به کاهش میزان اسیدهای چرب غیراشباع چندگانه نسبت به اسیدهای چرب غیر اشباع تکین و اسیدهای چرب اشباع می شود (منارد و همکاران، ۲۰۱۷)

نتیجه گیری کلی و پیشنهاد ها مطالعه دوم

در ژرم پلاسما مورد مطالعه برای اکثر صفات تنوع قابل ملاحظه ای مشاهده شد و نتایج مربوط به گروه بندی ژنوتیپ ها نشان داد که میزان تنوع بین به درون این گروه های ژنتیکی بسیار بیشتر بود. هر کدام از ۹ گروه بدست آمده خصوصیات منحصر بفردی داشتند که می توانند در برنامه های اصلاحی با اهداف مختلف مورد استفاده قرار گیرند.

نتایج همبستگی بیانگر تعدادی از همبستگی های منفی میان صفات آگرونومیک و کیفیت دانه با برخی از شاخص های تغذیه ای و عدم مشاهده همبستگی مثبت قابل توجهی بین این صفات بود که بیانگر نیاز به یک سطح توافقی از انتخاب میان این دو گروه از صفات در برنامه های اصلاحی بزرگ با اهداف عمومی می باشد.

نتایج نشان داد که صفات مورد مطالعه از سال کاشت تاثیر پذیرفتند. با توجه به شرایط این مطالعه و بررسی عوامل اقلیمی مختلف استنباط شد که این امکان وجود دارد که دو فاکتور اقلیمی دماهای بالاتر و رطوبت نسبی پایین تر در سال دوم منجر به ایجاد نوعی تنش حرارتی شده و احتمالا عامل این تغییرات بوده باشد. با این حال از میان گروه های ژنتیکی شناسایی شده گروه ژنتیکی هشتم هم از نظر صفات مختلف سرآمد بود و هم به نسبت دیگر گروه ها واکنش کمتری به سال کاشت نشان داد.

بررسی ژنوتیپ های گروه هشتم که گروه ژنتیکی برتر بود در چند سال و مکان جهت تایید پایداری آن ها پیشنهاد می شود

مطالعه ژرم پلاسما حاضر تحت شرایط تنش حرارتی و در مراحل مختلف رشدی و بخصوص در رابطه با شاخص های تغذیه ای پیشنهاد می شود.

بررسی امکان کاشت پاییزه این گیاه در شرایط استان اصفهان به عنوان یک منطقه خشک و نیمه خشک و یافتن بهترین تاریخ کاشت پیشنهاد می شود.

مطالعه سوم: تجزیه دای آلل و بررسی ترکیب پذیری والدین جهت یافتن برترین لاین ها



1-Indian

5-FRA771

2-LTU1474

6-USA1580

3-KO37

7-SP1066

4-FRA806

8-Golden

والدین تلاقی

✓ والدین (خودگشنی)

✓ نتاج تلاقی های مستقیم F1

✓ نتاج تلاقی های متقابل F1

دای آئل کامل

✓ روش اول گریفینگ

✓ مدل ثابت

روش تجزیه و
تحلیل

مواد و روش ها

- تعداد روز تا سبز شدن
- تعداد روز تا گلدهی
- تعداد روز تا رسیدگی
- ارتفاع بوته (cm)
- تعداد انشعاب فرعی در بوته
- تعداد کپسول در بوته
- تعداد دانه در کپسول
- وزن هزار دانه (g)
- عملکرد دانه تک بوته (g/plant)
- محتوی روغن دانه (%)

صفات فنولوژیک

صفات زراعی و کیفیت دانه

صفات مورد مطالعه

- ✓ قابلیت ترکیب پذیری عمومی (GCA)
- ✓ قابلیت ترکیب پذیری خصوصی (SCA)
- ✓ نسبت ژنتیکی
- ✓ وراثت پذیری های عمومی و خصوصی
- ✓ هتروزیس

مهمترین پارامترهای محاسبه شده

نتایج تجزیه واریانس و تجزیه ژنتیکی صفات مورد مطالعه

تجزیه واریانس ترکیب پذیری‌ها، اجزای واریانس آن‌ها، نسبت ژنتیکی و مقدار وراثت پذیری صفات در ۶۴ ژنوتیپ بزرگ شامل ۸ والد و ۵۶ هیبرید حاصل از تلاقی

منابع تغییرات	درجه آزادی	روز تا سبز شدن	روز تا گلدهی	روز تا رسیدگی	ارتفاع بوته (cm)	تعداد انشعاب فرعی در بوته	تعداد کپسول در بوته	تعداد دانه در	وزن هزار دانه (g)	عملکرد دانه تک بوته (g/plant)	محتوای روغن دانه (%)
تکرار	۱	۲۲/۴۴**	۲۲۳/۱۳**	۲۲۸/۹۸**	۱۹۰/۶۱**	۲۵/۸۳**	۱۰۹/۵۲**	۶/۰۳**	۰/۰۷ ^{ns}	۰/۰۰۱ ^{ns}	۸۷/۱**
ژنوتیپ	۶۳	۱/۴۹**	۹۶/۲۹**	۱۲۷/۶۸**	۱۵۰/۱۳**	۳/۲۶**	۱۲۵/۰۱**	۰/۹۰**	۱/۰۶**	۰/۳۱**	۱۷/۸۲**
GCA	۷	۶/۹۲**	۶۸۶/۶۹**	۹۱۸/۴۷**	۱۱۸۳/۹۳**	۲۵/۰۳**	۳۳۲/۳۱**	۲/۷۳**	۷/۲۸**	۱/۸۳**	۱۱۰/۸۹**
	۲۸	۰/۸۶*	۳۵/۲۶**	۳۶/۸۸**	۲۲/۳۰**	۰/۷۶ ^{ns}	۱۰۴/۰۶**	۰/۸۸**	۰/۳۵**	۰/۱۴**	۹/۲۴**
	۲۸	۰/۷۸*	۹/۷۳**	۲۰/۷۹**	۱۹/۵۱**	۰/۳۴ ^{ns}	۹۴/۱۳**	۰/۴۷**	۰/۲۲**	۰/۰۹**	۳/۱۳**
خطا	۶۳	۰/۰۸	۰/۴۲	۰/۵۲	۰/۵۱	۰/۱۱	۱/۰۸	۰/۰۷	۰/۰۳	۰/۰۱	۰/۰۷
CV%		۳/۱۹	۱/۱۷	۰/۷۹	۱/۶	۶/۲۲	۲/۵۸	۳/۲۳	۳/۶۰	۷/۱۸	۰/۸۴
σ_g^2		۰/۱۹±۰/۱۱	۲۰/۳۷±۱۱/۴۷	۲۷/۵۷±۱۵/۳۴	۳۶/۳۱±۱۹/۷۷	۰/۷۶±۰/۴۱	۷/۱۹±۵/۶۱	۰/۰۶±۰/۰۴	۰/۲۲±۰/۱۲	۰/۰۵±۰/۰۳	۳/۱۹±۱/۸۵
σ_s^2		۰/۲۲±۰/۰۶	۹/۷۸±۲/۶۴	۱۰/۲۰±۲/۷۶	۶/۱۱±۱/۶۷	۰/۱۸±۰/۰۵	۲۸/۹۱±۷/۸	۰/۲۳±۰/۰۶	۰/۰۹±۰/۰۳	۰/۰۴±۰/۰۱	۲/۵۷±۰/۷
σ_r^2		۰/۱۷±۰/۰۵	۲/۳۲±۰/۶۵	۵/۰۷±۱/۳۹	۴/۷۵±۱/۳۰	۰/۰۶±۰/۰۲	۲۳/۲۶±۶/۲۹	۰/۱۰±۰/۰۳	۰/۰۵±۰/۰۱	۰/۰۲±۰/۰	۰/۷۶±۰/۷۱
$2\sigma_g^2 / (2\sigma_g^2 + \sigma_s^2)$		۰/۶۴	۰/۸۰	۰/۸۴	۰/۹۲	۰/۸۹	۰/۳۲	۰/۳۳	۰/۸۲	۰/۷۳	۰/۷۵
H_b^2		۰/۹۳	۰/۹۹	۰/۹۸	۰/۹۷	۰/۹۶	۰/۷۸	۰/۷۱	۰/۹۱	۰/۹۶	۰/۸۹
H_n^2		۰/۵۹	۰/۸۰	۰/۸۳	۰/۹۱	۰/۸۶	۰/۳۲	۰/۳۱	۰/۸۰	۰/۷۰	۰/۷۱

ns, * و ** به ترتیب گویای با عدم معنی داری آماری، معنی داری در سطح ۵٪ و معنی داری در سطح ۱٪

بر اساس نتایج حاصل به غیر از صفت تعداد انشعاب فرعی در بوته، هر دو عمل افزایشی و غیر افزایشی ژن ها در نمود تمام صفات مورد مطالعه نقش داشتند

همچنین مشخص شد که به جز دو صفت تعداد دانه در کپسول و تعداد کپسول در بوته برای بقیه صفات مورد مطالعه عمل افزایشی ژن ها نقش موثرتری نسبت به عمل غیر افزایشی ژن ها داشت

وجود اثرات مادری و یا اثر متقابل ژن های هسته ای و سیتوپلاسمی برای صفات مورد مطالعه

نحوه کنترل ژنتیکی
صفات در تلاقی
های حاضر و در
شرایط این مطالعه

مطالعات متعددی بر مبنای طرح دای آلل تاثیر هر دو عمل افزایشی و غیر افزایشی ژن ها بر کنترل این صفات در بزرگ را گزارش کرده اند هر چند به جز دو صفت تعداد کپسول در بوته و تعداد دانه در کپسول که تمام مطالعات موجود در رابطه با نقش بیشتر عمل غیر افزایشی ژن ها اتفاق نظر داشتند، برای بقیه صفات در رابطه با سهم هر یک از این دو عمل ژنی در این مطالعات اختلاف نظر وجود داشته است. (پاتیل و چاپدی، ۱۹۸۱)، (فاستر و همکاران، ۱۹۹۸)، (سود و همکاران، ۲۰۰۷)، (سینگ و همکاران، ۲۰۰۹)، (محمدی و همکاران، ۲۰۱۰)، (الکادی و ابوکید، ۲۰۱۰)، (عبدالمنعم، ۲۰۱۴)، (ماهتو و همکاران، ۲۰۱۹)

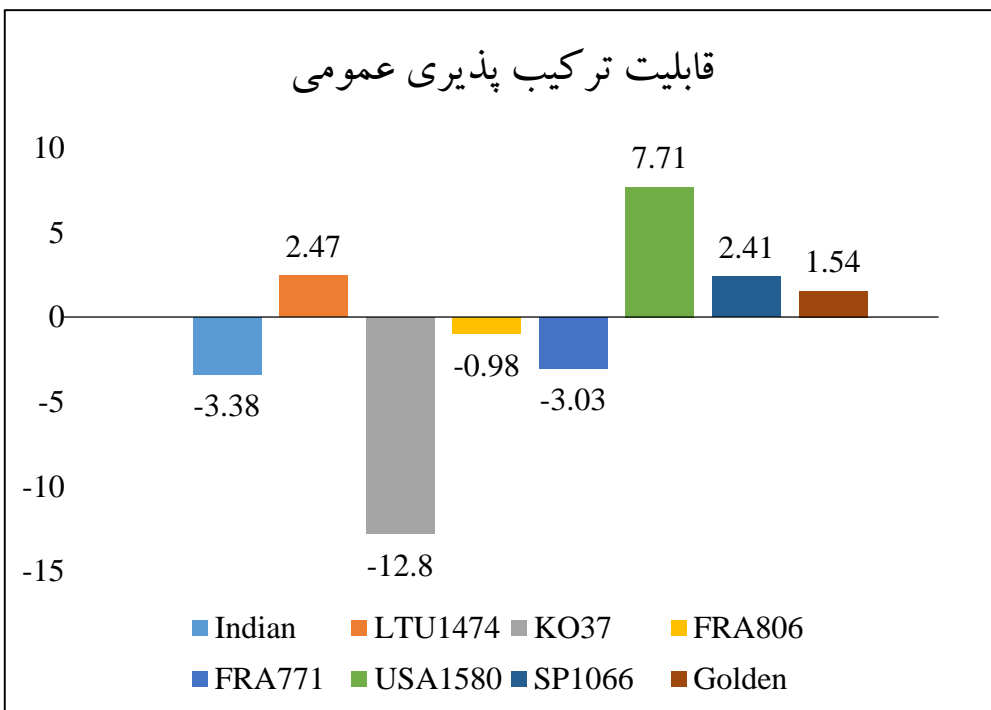
مقادیر ترکیب‌پذیری عمومی برای صفات اندازه‌گیری شده در لاین‌های والدی بزرگ

والدین	روز تا سبز شدن	روز تا رسیدگی	ارتفاع بوته (cm)	تعداد انشعاب فرعی در بوته	تعداد کپسول در بوته	تعداد دانه در کپسول	وزن هزار دانه (g)	عملکرد دانه تک بوته (g/plant)	محتوای روغن دانه (%)
Indian	-0.10 ^{ns}	0.79*	-3.38**	0.74**	3.5**	0.34**	0.84**	0.44**	3.69**
LTU1474	0.64**	0.48 ^{ns}	2.47**	-0.39**	-1.08**	-0.15*	-0.21**	-0.12**	-0.62**
Ko37	-0.48**	-7.94**	-4.26**	0.01 ^{ns}	-4.25**	0.25**	0.56**	0.08**	1.1**
FRA806	-0.33**	-5.75**	-2.89**	-0.98**	-1.42**	0.22**	-0.40**	-0.14**	0.44**
FRA771	0.36**	2.25**	3.08**	-3.03**	-0.06 ^{ns}	0.16*	-0.44**	-0.12**	-2.62**
USA1580	-0.18 ^{ns}	4.42**	6.9**	7.71**	2.91**	-0.2**	0.06 ^{ns}	0.12**	-0.75**
SP1066	0.60**	0.42 ^{ns}	-6.89**	2.41**	-3.71**	-0.52**	-0.41**	-0.36**	-1.21**
Golden	-0.49**	5.33**	7.93**	1.54**	4.11**	-0.11 ^{ns}	0.02 ^{ns}	0.11**	0.02 ^{ns}

ns، * و ** به ترتیب گویای با عدم معنی‌داری آماری، معنی‌داری در سطح 5٪ و معنی‌داری در سطح 1٪

ارتفاع بوته (cm)

قابلیت ترکیب پذیری عمومی



✓ بیشترین مقدار هتروزیس (%) بر مبنای میانگین والدین برابر با ۷/۱۱ بود

✓ بیشترین مقدار هتروزیس (%) بر مبنای والد برتر برابر با ۱۷/۴۶ بود

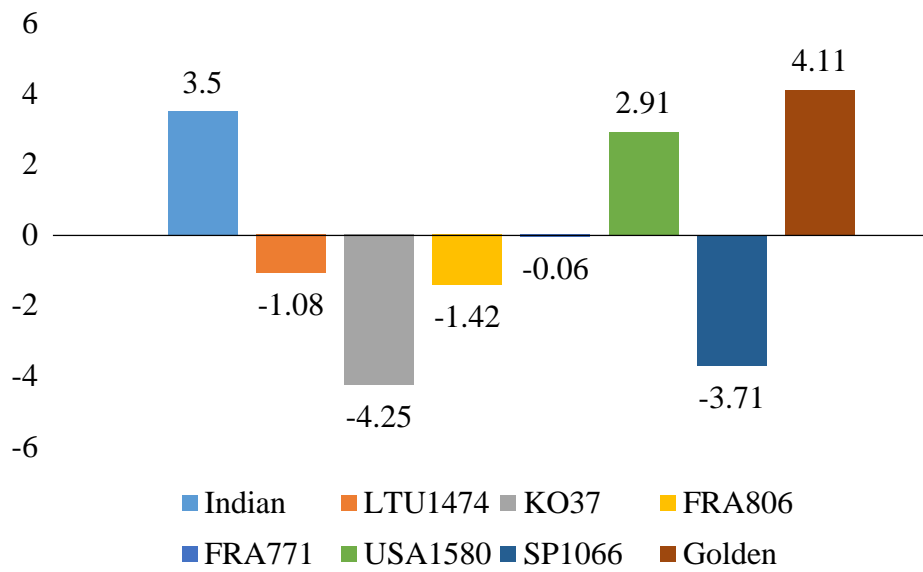
✓ بیشترین مقدار ترکیب پذیری خصوصی منفی مربوط به تلاقی KO37×Golden

✓ بیشترین مقدار ترکیب پذیری خصوصی مثبت مربوط به تلاقی USA1580×Golden

✓ نتایج مطالعات متعددی بر روی بزرگ با استفاده از طرح دای آلل نتایج حاضر را تایید نموده اند. (فاستر و همکاران، ۱۹۹۸)، (سود و همکاران، ۲۰۰۷)، (الکادی و ابوکید، ۲۰۱۰)، (عبدالمنعم، ۲۰۱۴)

تعداد کپسول در بوته

قابلیت ترکیب پذیری عمومی



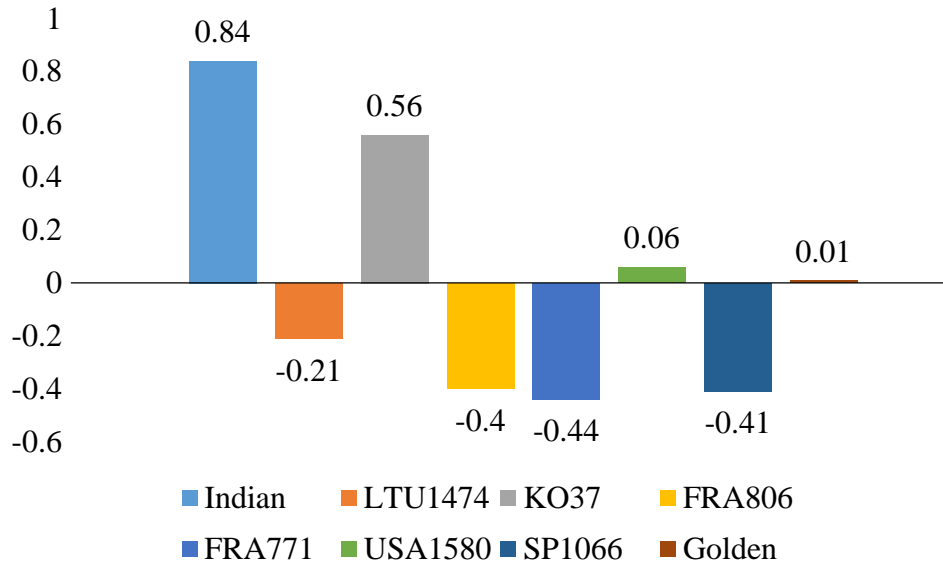
✓ مقادیر محاسبه شده برای هتروزیس (%) بر مبنای میانگین والدین و بر مبنای والد برتر برای این صفت بسیار بیشتر از دیگر صفات مورد مطالعه بود به طوری که شش هیبرید مقادیری بالاتر از ۵۰ درصد هتروزیس و هتروبلتیوزیس نشان دادند.

✓ بیشترین مقدار ترکیب پذیری خصوصی مربوط به تلاقی Indian×FRA771

✓ نتایج مطالعات متعددی بر روی بزرک با استفاده از طرح دای آلل نتایج حاضر را تایید نموده اند. (پاتیل و چاودی، ۱۹۸۱)، (فاستر و همکاران، ۱۹۹۸)، (سود و همکاران، ۲۰۰۷)، (سینگ و همکاران، ۲۰۰۹)، (محمدی و همکاران، ۲۰۱۰)، (الکادی و ابوکید، ۲۰۱۰)، (عبدالمنعم، ۲۰۱۴) و ماهتو و همکاران (۲۰۱۹)

وزن هزار دانه (g)

قابلیت ترکیب پذیری عمومی



✓ بیشترین مقدار هتروزیس (%) بر مبنای میانگین والدین برابر با ۲۱/۶۸ بود و مربوط به تلاقی Indian×LTU1474

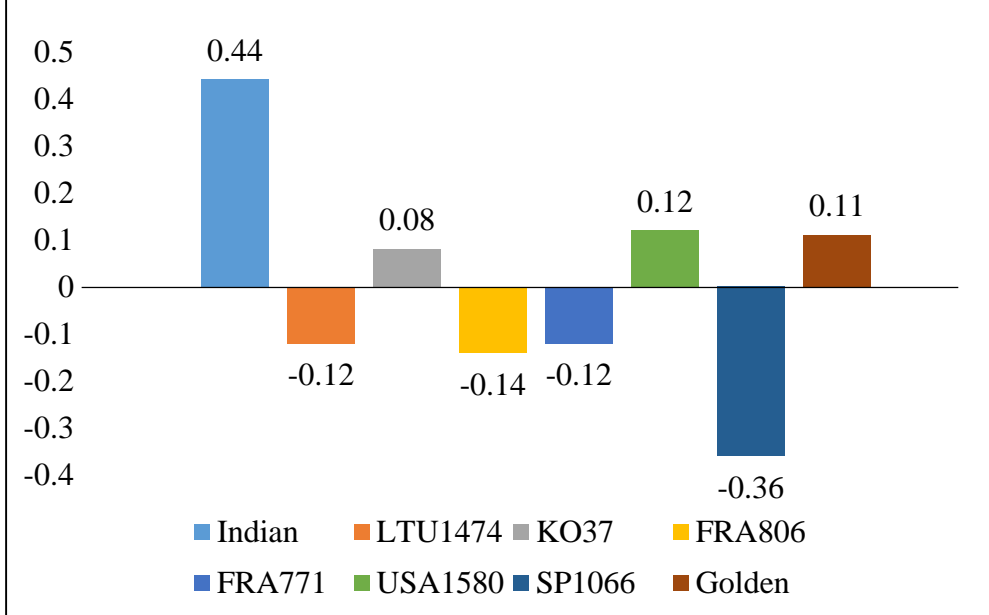
✓ بیشترین مقدار ترکیب پذیری خصوصی مربوط به تلاقی Indian×Golden

✓ نتایج برخی مطالعات بر روی بزرک با استفاده از طرح دای آلل بر خلاف نتایج حاضر را بوده و نقش عمل غیر افزایشی ژن ها را بیشتر برآورد کردند. (عبدالمنعم، ۲۰۱۴) و ماهتو و همکاران (۲۰۱۹)

✓ نتایج برخی مطالعات بر روی بزرک با استفاده از طرح دای آلل نتایج حاضر را تایید نموده اند. (سینگ و همکاران، ۲۰۰۹) (محمدی و همکاران، ۲۰۱۰)، (الکادی و ابوکید، ۲۰۱۰)

عملکرد دانه در بوته (g/plant)

قابلیت ترکیب پذیری عمومی



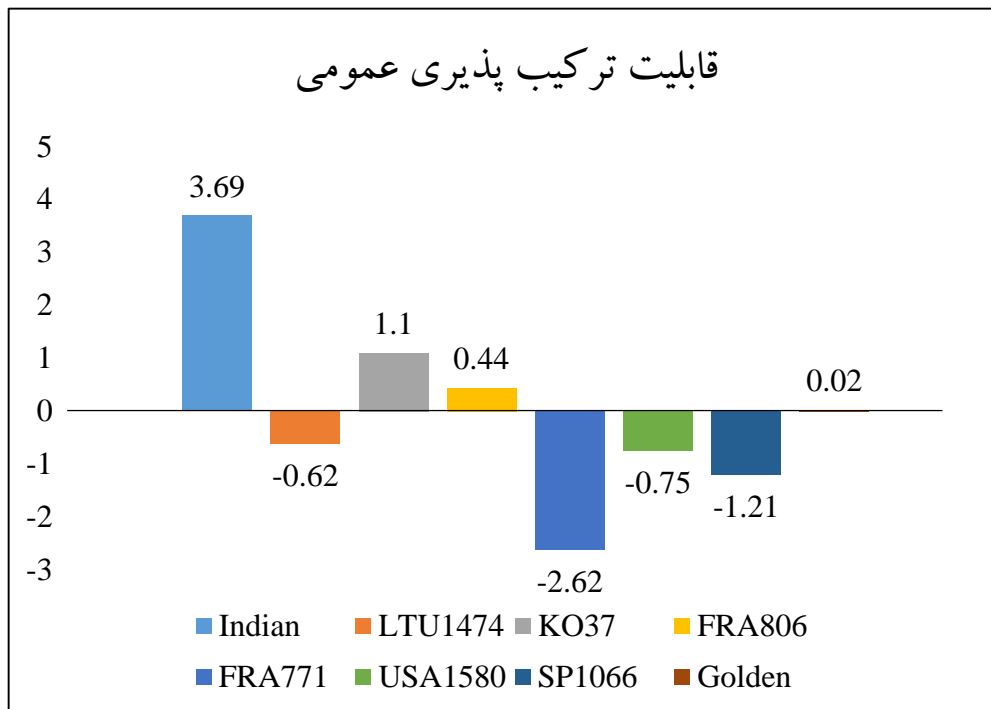
✓ بیشترین مقدار هتروزیس (%) بر مبنای میانگین والدین و بر مبنای والد برتر برای دو گروه از تلاقی ها مشاهده شد. گروه اول تلاقی بین ژنوتیپ های Indian و KO37 با ژنوتیپ های کم عملکرد. و گروه دوم تلاقی های بین ژنوتیپ های با عملکرد متوسط.

✓ بیشترین مقدار ترکیب پذیری خصوصی نیز مربوط به تلاقی های میان والدین با عملکرد بالا و عملکرد متوسط یا تلاقی های میان والدین با عملکرد متوسط بود که بیشترین آن هم متعلق به سه تلاقی Indian×Golden، KO37×Golden و USA1580×Golden

✓ نتایج برخی مطالعات بر روی بزرک با استفاده از طرح دای آلل نتایج حاضر را تایید نموده اند. (کرت و ایوانز، ۱۹۹۸)، (محمدی و همکاران، ۲۰۱۰)، (الکادی و ابوکید، ۲۰۱۰)

✓ نتایج برخی مطالعات بر روی بزرک با استفاده از طرح دای آلل بر خلاف نتایج حاضر بوده و نقش عمل غیر افزایشی ژن ها را بیشتر برآورد کردند. (بهاتریا و همکاران، ۲۰۰۶)، (عبدالمنعم، ۲۰۱۴)، (ماهتو و همکاران، ۲۰۱۹)

قابلیت ترکیب پذیری عمومی



✓ بیشترین مقدار هتروزیس (%) بر مبنای میانگین والدین برابر با ۱۵/۴۸ بود و مربوط به تلاقی Indian×Golden

✓ بیشترین مقدار ترکیب پذیری خصوصی مربوط به تلاقی Indian×Golden

✓ نتایج مطالعه محمدی و همکاران (۲۰۱۰) با استفاده از یک تلاقی دای آلل با هشت والد نیز نتایج حاصل را تایید و نقش عمل افزایشی ژن ها را بیشتر برآورد کرد.

✓ نتایج مطالعه نحوه کنترل ژنتیکی محتوی روغن در کلزا نیز نقش بیشتر عمل افزایشی ژن ها در کنترل این صفت را تایید نمود (دلورمه و همکاران، ۲۰۰۶).

نتیجه گیری کلی مطالعه سوم

برای تمام صفات مورد مطالعه به جز تعداد انشعاب فرعی در بوته ترکیب پذیری عمومی و ترکیب پذیری خصوصی معنی دار بودند که بیانگر تاثیر هر دو عمل افزایشی و غیر افزایشی ژن ها در کنترل صفات مورد مطالعه می باشد

با این حال برای هشت صفت از ده صفت مورد مطالعه مقدار نسبت ژنتیکی بیشتر از ۰/۵ برآورد شد که بیانگر نقش بیشتر عمل افزایشی ژن ها در نمود این صفات می باشد.

هیچکدام از والدین تلاقی ها از نظر تمام صفات بهترین ترکیب شونده عمومی نبودند اما والد Indian برای صفات مهم تعداد دانه در کیسول، وزن هزار دانه، عملکرد دانه در بوته و محتوی روغن دانه بیشترین مقدار ترکیب پذیری عمومی را داشت و برای دیگر اجزای عملکرد هم در رتبه دوم و سوم قرار گرفت. بر همین اساس و همچنین با توجه به نتایج مطالعه اول این ژنوتیپ می تواند به عنوان یک ترکیب شونده عمومی بسیار خوب در مطالعات اصلاحی مورد استفاده قرار گیرد.

پیشنهاد

با در نظر گرفتن قابلیت های ذکر شده برای والد Indian و با توجه به اینکه برای سه صفت وزن هزار دانه، عملکرد دانه در بوته و محتوی روغن بیشترین مقدار ترکیب پذیری خصوصی مربوط به دورگ Indian×Golden بود، ایجاد جمعیت در حال تفرق از این هیبرید جهت ایجاد نسل های اصلاحی پیشرفته و انتخاب لاین های برتر توصیه می شود.

با تشکر از توجه
شما



مطالعه اول: بررسی میزان و توزیع تنوع ژنتیکی کلکسیون مورد مطالعه در رابطه با صفات زراعی و کیفیت دانه

جدول ۱-۳- تجزیه واریانس مرکب بر مبنای طرح پایه بلوک‌های کامل تصادفی برای صفات مورد مطالعه در ۱۲۰ ژنوتیپ بزرگ طی دو سال آزمایشی

میانگین مربعات صفات											
ارتفاع بوته (cm)	تعداد انشعاب فرعی در بوته	تعداد کپسول در بوته	قطر کپسول (mm)	تعداد دانه در کپسول	وزن هزار دانه (g)	عملکرد دانه تک بوته (g/plant)	طول دانه (mm)	عرض دانه (mm)	محتوای روغن دانه (%)	محتوای پروتئین کنجاله (%)	منابع تغییرات
۷۸۰/۵۵ ^{ns}	۲۰۵/۵۳*	۳۵۱۴۴*	۰/۰۶ ^{ns}	۱/۸۳ ^{ns}	۶۵/۴۶*	۲۲/۱۲**	۰/۵۲ ^{ns}	۰/۵۰ ^{ns}	۲۹۰/۱۷ ^{ns}	۲۶۸/۰۱**	۱ سال
۱۷۸/۱۹	۲/۶۱	۸۰۶/۷۱	۲/۶۶	۱۷/۱۰	۲/۸۳	۰/۱۲	۰/۱۷	۰/۰۷	۲۳/۶۰	۹/۹۱	۲ تکرار (سال)
۳۴۹/۸۵**	۱/۵۱**	۲۳۲/۰۴*	۰/۳۲**	۱/۶۵**	۱/۴۹**	۰/۱۹**	۰/۳۴**	۰/۰۸**	۱۸/۶۸**	۲۱/۲۳**	۱۱۹ ژنوتیپ
۴۳/۱۷**	۰/۷۵**	۱۵۶/۶۲**	۰/۰۶ ^{ns}	۰/۴۰ ^{ns}	۰/۳۹**	۰/۱۰**	۰/۰۳**	۰/۰۰۶*	۷/۱۰**	۱۲/۱۶**	۱۱۹ ژنوتیپ × سال
۲۷/۰۴	۰/۳۴	۵۰/۹۰	۰/۰۵	۰/۴۲	۰/۱۶	۰/۰۲	۰/۰۲	۰/۰۰۵	۱/۸۸	۲/۵۰	۲۳۸ باقیمانده
۹/۹۸	۲۷/۹۳	۲۴/۷۸	۳/۵۱	۷/۶۸	۱۱/۰۲	۲۵/۸۱	۲/۹۷	۳/۲۶	۴/۵۷	۴/۱۳	ضریب تغییرات

ns, * و ** به ترتیب گویای عدم معنی داری، معنی داری در سطح ۵٪ و معنی داری در سطح ۱٪ آماری می‌باشند

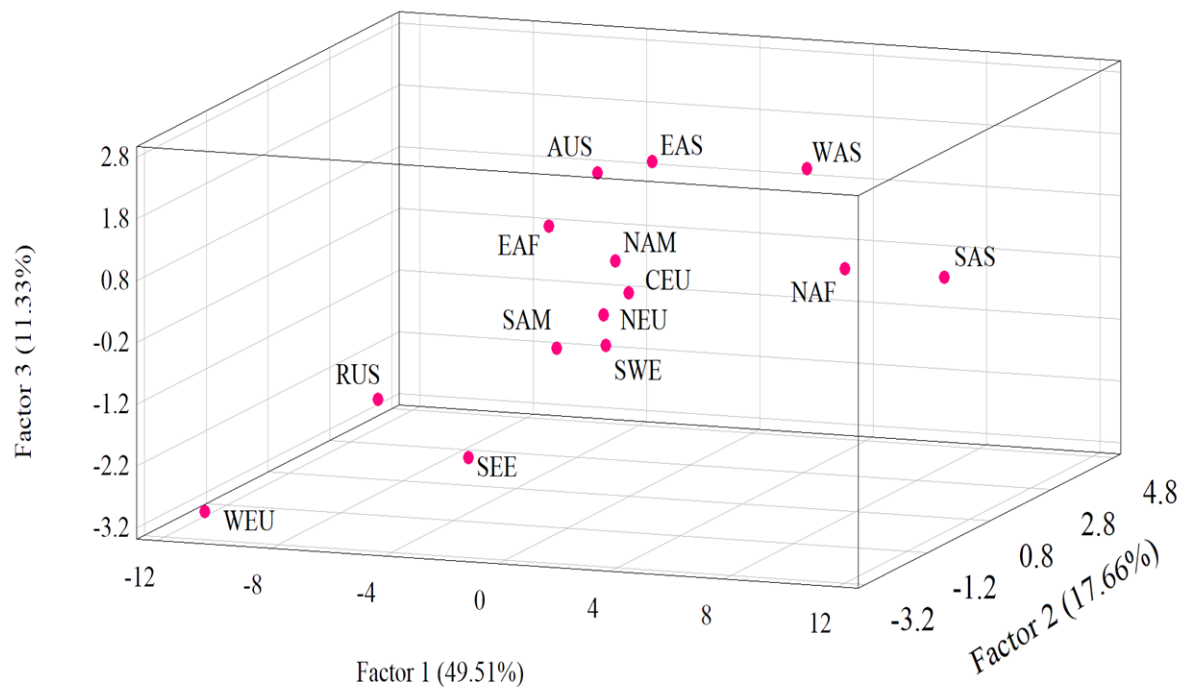
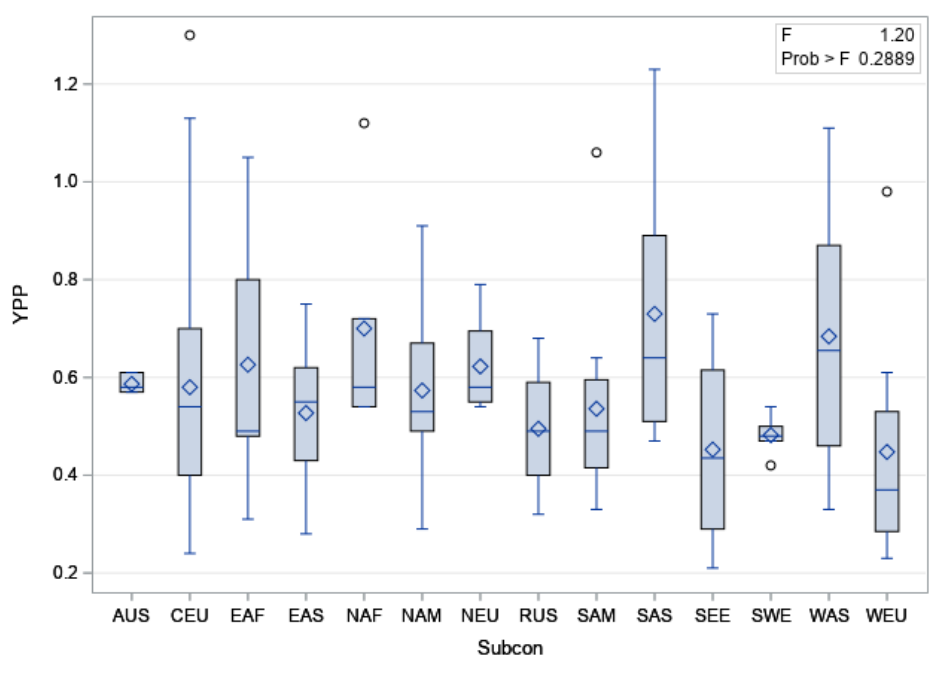
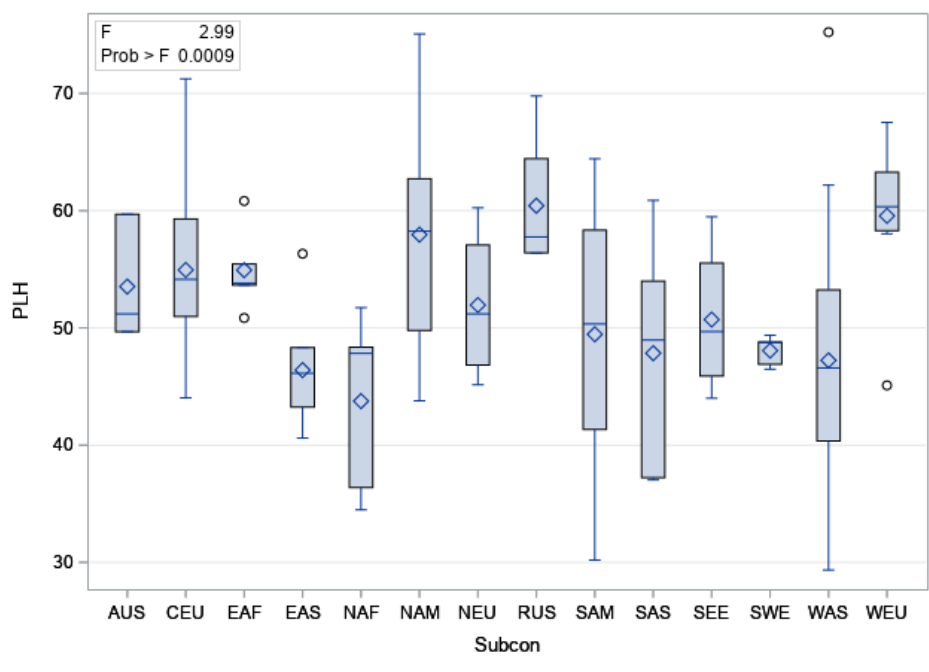
Estimates of genetic parameters and phenotypic performance of 11 studied traits in the diversity panel of linseed evaluated over two years.

Trait	Mean±std [†]	Range	\widehat{PCV} (%)	\widehat{GCV} (%)	\widehat{H}^2	ΔG (%)
PLH (cm)	52.1±8.2	40.21	17.95	16.81	0.88	32.48
NBP	2.1±0.3	1.90	30.34	21.68	0.51	31.89
NCP	28.7±2.6	13.07	27.00	15.54	0.33	18.39
CDI (mm)	6.4±0.2	1.37	4.44	4.00	0.81	7.42
CSN	8.4±0.5	2.36	7.71	6.69	0.75	11.94
TSW (g)	3.7±0.5	3.19	16.59	14.26	0.74	25.27
YPP (g)	0.6±0.1	0.47	37.81	25.42	0.45	35.13
SLE (mm)	4.1±0.3	1.44	7.12	6.83	0.92	13.50
SWI (mm)	2.2±0.1	0.61	6.41	6.11	0.91	12.01
OIL (%)	30.0±1.3	6.96	7.22	5.69	0.62	9.23
PRO (%)	38.3±1.0	4.89	6.02	3.93	0.43	5.31

Phenotypic (upper diagonal) and genetic (lower diagonal) correlation coefficients among agronomic and seed quality traits on 120 genotypes of linseed over 2 years

Traits	PLH	NBP	NCP	CDI	CSN	TSW	YPP	SLE	SWI	OIL	PRO
PLH		-0.26**	-0.15 ^{ns}	-0.17 ^{ns}	-0.04 ^{ns}	-0.44**	-0.31**	-0.39**	-0.40**	-0.29**	0.14 ^{ns}
NBP	-0.44**		0.45**	0.17 ^{ns}	-0.17 ^{ns}	0.17 ^{ns}	0.28**	0.25*	0.32**	0.04 ^{ns}	-0.15 ^{ns}
NCP	-0.40**	0.37**		0.10 ^{ns}	-0.10 ^{ns}	0.14 ^{ns}	0.65**	0.11 ^{ns}	0.06 ^{ns}	0.03 ^{ns}	-0.16 ^{ns}
CDI	-0.20*	0.31**	0.16 ^{ns}		-0.04 ^{ns}	0.63**	0.27**	0.68**	0.74**	0.15 ^{ns}	0.00 ^{ns}
CSN	-0.05 ^{ns}	-0.28**	-0.08 ^{ns}	-0.10 ^{ns}		0.06 ^{ns}	0.14 ^{ns}	-0.17 ^{ns}	-0.11 ^{ns}	0.04 ^{ns}	0.17 ^{ns}
TSW	-0.54**	0.35**	0.21*	0.73**	0.11 ^{ns}		0.58**	0.78**	0.77**	0.48**	0.14 ^{ns}
YPP	-0.57**	0.32**	0.64**	0.42**	0.29**	0.69**		0.36**	0.34**	0.35**	0.04 ^{ns}
SLE	-0.42**	0.38**	0.15 ^{ns}	0.73**	-0.20*	0.88**	0.50**		0.84**	0.36**	0.03 ^{ns}
SWI	-0.44**	0.44**	0.05 ^{ns}	0.82**	-0.12 ^{ns}	0.90**	0.56**	0.85**		0.36**	-0.05 ^{ns}
OIL	-0.38**	0.10 ^{ns}	0.00 ^{ns}	0.19*	0.13 ^{ns}	0.57**	0.53**	0.45**	0.48**		0.27**
PRO	0.25*	-0.21*	-0.20*	0.04 ^{ns}	0.40**	0.10 ^{ns}	-0.05 ^{ns}	0.03 ^{ns}	-0.08 ^{ns}	0.19*	

الگوی تنوع درون و میان ۱۴ منطقه جغرافیای که
ژنوتیپ های مورد مطالعه از آن ها انتخاب شدند



مطالعه الگو جغرافیایی مرتبط با هسته مرکزی مجموعه جهانی بزرگ
کانادا حاکی از وجود برخی روابط ساختاری بود (یو و همکاران، ۲۰۱۷)

همبستگی های فنوتیپی و ژنتیکی

ضرایب همبستگی فنوتیپی (بالای قطر) و ژنتیکی (پایین قطر) میان ۱۱ صفت مورد مطالعه بر روی ۱۲۰ ژنوتیپ بزرگ طی دو سال

صفات	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱
۱- ارتفاع بوته (cm)		-.۰۲۶**	-.۰۱۵ ^{ns}	-.۰۱۷ ^{ns}	-.۰۰۴ ^{ns}	-.۰۴۴**	-.۰۳۱**	-.۰۳۹**	-.۰۴۰**	-.۰۲۹**	-.۰۱۴ ^{ns}
۲- تعداد انشعاب فرعی در بوته	-.۰۴۴**		۰/۴۵**	۰/۱۷ ^{ns}	-.۰۱۷ ^{ns}	۰/۱۷ ^{ns}	۰/۲۸**	۰/۲۵*	۰/۳۲**	۰/۰۴ ^{ns}	-.۰۱۵ ^{ns}
۳- تعداد کپسول در بوته	-.۰۴۰**	۰/۳۷**		۰/۱۰ ^{ns}	-.۰۱۰ ^{ns}	۰/۱۴ ^{ns}	۰/۶۵**	۰/۱۱ ^{ns}	۰/۰۶ ^{ns}	۰/۰۳ ^{ns}	-.۰۱۶ ^{ns}
۴- قطر کپسول (mm)	-.۰۲۰*	۰/۳۱**	۰/۱۶ ^{ns}		-.۰۰۴ ^{ns}	۰/۶۳**	۰/۲۷**	۰/۶۸**	۰/۷۴**	۰/۱۵ ^{ns}	۰/۰۰ ^{ns}
۵- تعداد دانه در کپسول	-.۰۰۵ ^{ns}	-.۰۲۸**	-.۰۰۸ ^{ns}	-.۰۱۰ ^{ns}		۰/۰۶ ^{ns}	۰/۱۴ ^{ns}	-.۰۱۷ ^{ns}	-.۰۱۱ ^{ns}	۰/۰۴ ^{ns}	۰/۱۷ ^{ns}
۶- وزن هزار دانه (g)	-.۰۵۴**	۰/۳۵**	۰/۲۱*	۰/۷۳**	۰/۱۱ ^{ns}		۰/۵۸**	۰/۷۸**	۰/۷۷**	۰/۴۸**	۰/۱۴ ^{ns}
۷- عملکرد دانه در بوته (g/plant)	-.۰۵۷**	۰/۳۲**	۰/۶۴**	۰/۴۲**	۰/۲۹**	۰/۶۹**		۰/۳۶**	۰/۳۴**	۰/۳۵**	۰/۰۴ ^{ns}
۸- طول دانه (mm)	-.۰۴۲**	۰/۳۸**	۰/۱۵ ^{ns}	۰/۷۳**	-.۰۲۰*	۰/۸۸**	۰/۵۰**		۰/۸۴**	۰/۳۶**	۰/۰۳ ^{ns}
۹- عرض دانه (mm)	-.۰۴۴**	۰/۴۴**	۰/۰۵ ^{ns}	۰/۸۲**	-.۰۱۲ ^{ns}	۰/۹۰**	۰/۵۶**	۰/۸۵**		۰/۳۶**	-.۰۰۵ ^{ns}
۱۰- محتوی روغن دانه (%)	-.۰۳۸**	۰/۱۰ ^{ns}	۰/۰۰ ^{ns}	۰/۱۹*	۰/۱۳ ^{ns}	۰/۵۷**	۰/۵۳**	۰/۴۵**	۰/۴۸**		۰/۲۷**
۱۱- محتوی پروتئین کنجاله (%)	۰/۲۵*	-.۰/۲۱*	-.۰/۲۰*	۰/۰۴ ^{ns}	۰/۴۰**	۰/۱۰ ^{ns}	-.۰/۰۵ ^{ns}	۰/۰۳ ^{ns}	-.۰/۰۸ ^{ns}	۰/۱۹*	

The Euclidean distance among 14 geographical origin of the linseed diversity panel.

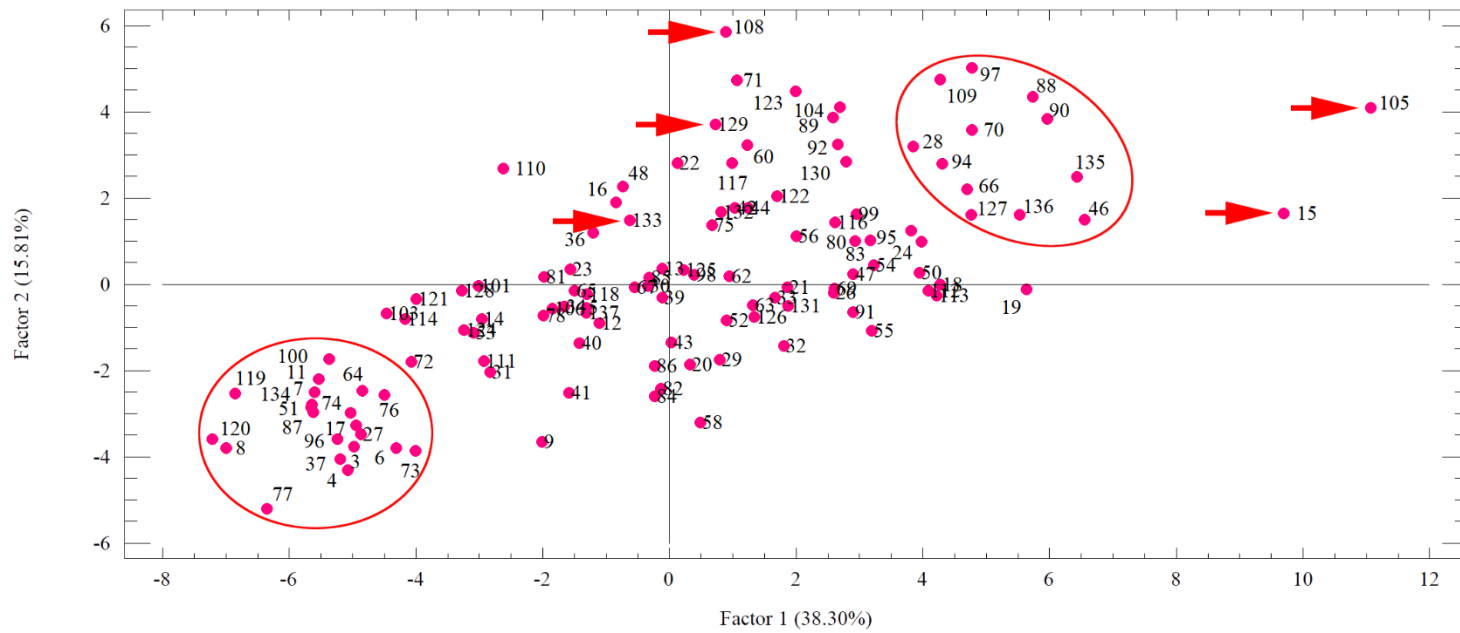
NAC		AUS	CEU	EAF	EAS	NAF	NAM	NEU	RUS	SAM	SAS	SEE	SWE	WAS	WEU	Mean
3	AUS	4.68														4.10
22	CEU	3.38	4.50													3.75
5	EAF	2.53	2.73	4.51												3.79
7	EAS	2.45	3.17	3.05	4.56											4.00
5	NAF	4.92	3.73	4.60	4.36	4.59										4.97
15	NAM	4.86	3.94	3.51	4.40	5.75	4.45									4.58
4	NEU	3.52	3.36	3.08	3.78	5.01	3.41	4.63								3.96
4	RUS	5.37	4.87	4.30	5.33	7.41	3.27	4.26	4.56							5.11
12	SAM	2.80	2.61	2.52	3.05	3.91	4.41	2.74	4.62	4.52						3.53
6	SAS	5.54	4.89	5.92	5.17	3.99	5.49	4.69	7.30	5.19	4.56					5.55
4	SEE	4.05	3.79	3.91	4.24	5.34	4.81	3.67	3.91	2.24	5.87	4.64				4.24
5	SWE	3.68	3.43	4.63	3.45	4.66	6.14	4.41	5.98	2.97	5.22	3.59	4.63			4.59
20	WAS	3.49	2.98	3.51	2.54	2.78	4.00	3.86	6.00	3.61	3.46	4.92	4.32	4.55		4.09
8	WEU	6.73	5.87	5.04	7.02	8.25	5.62	5.72	3.89	5.25	9.42	4.83	7.26	7.79	4.40	6.36

Factor loadings after Varimax rotation for 11 studied traits in the combination of two years on 14 geographical origin.

Trait	Factor 1	Factor 2	Factor 3
PLH (cm)	-0.85	0.07	-0.06
NBP	0.14	-0.06	0.90
NCP	0.04	0.74	0.55
CDI (mm)	0.88	0.25	0.03
CSN	-0.08	0.85	-0.35
TSW (g)	0.95	0.23	0.07
YPP (g)	0.55	0.75	0.15
SLE (mm)	0.93	0.05	0.12
SWI (mm)	0.95	-0.04	0.16
OIL (%)	0.73	-0.04	0.13
PRO (%)	-0.21	0.07	0.14
Variance proportion	49.52	17.66	11.33
Cumulative (%)	49.52	67.18	78.51

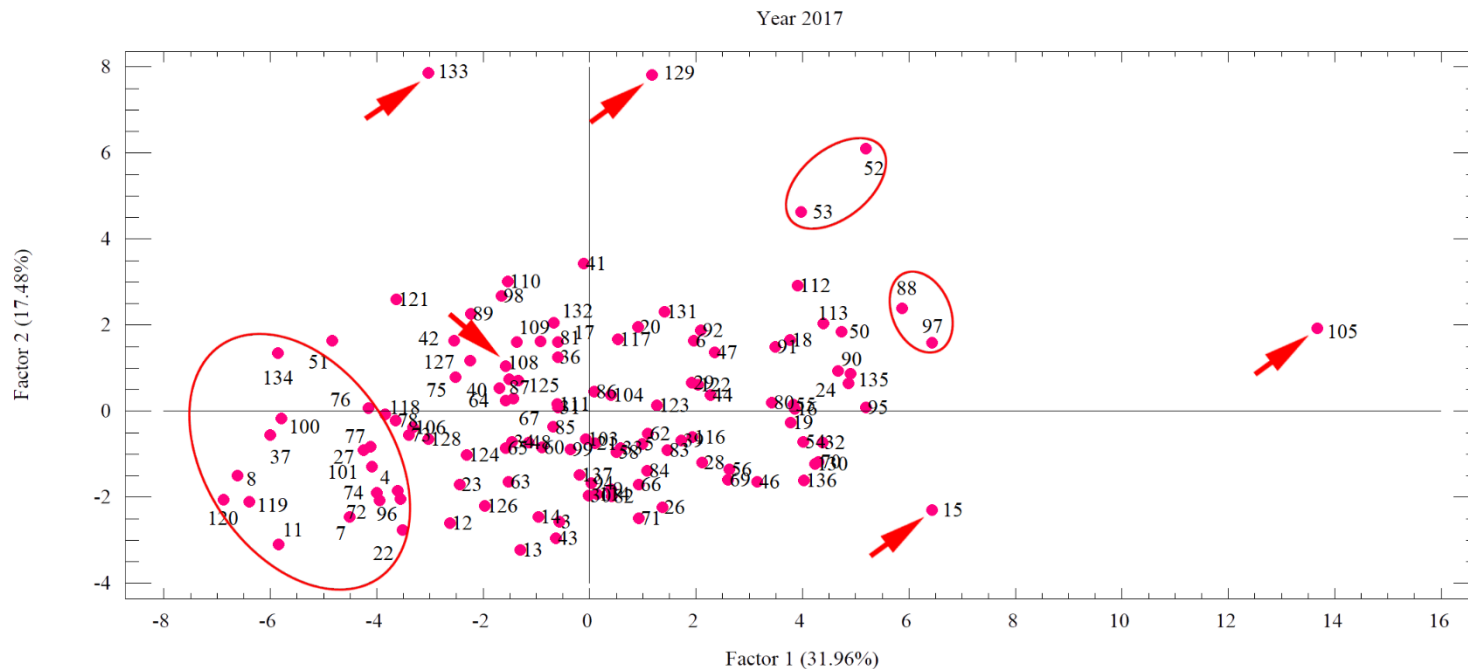
Factor loadings after Varimax rotation for 11 studied traits in 2016, 2017 and combination of two years on 120 linseed genotypes

Trait	2016		2017		Combined	
	Factor 1	Factor 2	Factor 1	Factor 2	Factor 1	Factor 2
PLH (cm)	-0.493	-0.201	-0.344	-0.012	-0.451	-0.349
NBP	0.273	0.717	0.041	0.416	0.199	0.596
NCP	0.011	0.932	-0.097	0.927	-0.040	0.899
CDI (mm)	0.795	0.064	0.852	0.023	0.801	0.018
CSN	-0.247	-0.166	0.119	0.064	-0.144	0.049
TSW (g)	0.783	0.187	0.848	0.218	0.865	0.231
YPP (g)	0.286	0.729	0.178	0.904	0.318	0.792
SLE (mm)	0.886	0.199	0.896	-0.021	0.918	0.093
SWI (mm)	0.915	0.162	0.904	-0.054	0.934	0.093
OIL (%)	0.398	0.065	0.297	0.240	0.472	0.153
PRO (%)	-0.103	-0.126	-0.001	-0.075	0.042	-0.196
Variance proportion	38.30	15.82	31.96	17.49	37.52	15.40
Cumulative (%)	38.30	54.12	31.96	49.45	37.52	52.93



بررسی اهمیت تعداد و اندازه دانه
نسبت به یکدیگر و شناسایی
ژنوتیپ های برتر

✓ عامل اول اندازه دانه و عامل دوم تعداد
دانه نامگذاری شدند



✓ مشهود بودن الگوی

Seed size/number trade-off

✓ دو گروه از ژنوتیپ ها تا حدودی از بقیه
جدا شدند

Geographical origin and summary of quantitative and qualitative characteristics of nine genetic groups derived from cluster analysis using 50 genotypes of linseed

Group	No. of accessions	Geographical origin ^A	Qualitative characteristics ^A		Major quantitative characteristics
			Seed colour	Flower colour	
1	2	North America (Canada) (2)	All Yellow	All blue	High YLD, very high LIO; very low LIN; very low ω_3/ω_6 ratio; low OLE/USAT ratio and very low IOD
2	3	North America (1), Europe (2)	Brown (2), Yellow (1)	Blue (2), White (1)	Low TSW and high PLH, moderate YLD, high OIL and PRO, high LIN and low PAL and STE, very high USAT/SAT ratio and high IOD
3	3	Asia (2), Europe (1)	All brown	Blue (1), White (2)	Very high PLH; low YLD, high PRO, low PAL; high STE, LIN and IOD
4	8	Asia (2), Europe (4) and North America (2)	Brown (6), Yellow (2)	Blue (6), White (2)	Very low YLD, and low OIL and PRO, low STE; relatively high OLE, high TTC and high TPC, high USAT/SAT content
5	7	Europe (6), Africa (1)	Brown(6), Yellow(1)	Blue (6), White (1)	High OLE and low LIN, low TTC and very low TPC, very high ω_3/ω_6 ratio, high OLE/USAT ratio
6	5	Asia (2), Europe (1), North America (1) and south America (1)	All brown	All blue	Low PLH, high STE and low OLE, low USAT/SAT content and low OLE/USAT content
7	15	Asia (7), Europe (3), North America (2), South America (2) and Oceania (1)	Brown(13), Yellow(2)	Blue (12), White (3)	Low PRO, low TPC, mostly moderate trait performance.
8	5	Asia (5)	All brown	Blue (3), White (2)	High TSW, high YLD, very high ω_3/ω_6 ratio, high OIL
9	2	Asia (1), South America (1)	All brown	All blue	High TSW, very low PLH, low YLD, high PAL, high OLE, low LIO and LIN, low TTC, high TPC, very high ω_3/ω_6 ratio, low USAT/SAT ratio, high OLE/USAT ratio

Estimates of genetic parameters and phenotypic performance of 16 studied traits in the linseed world collection

Trait	Abbreviation	$\bar{x} \pm se^\dagger$	Range	\overline{CV}	Genotype		Genetic group	
					\overline{GCV}	$\overline{H^2}$	\overline{GCV}	$\overline{H^2}$
Thousand seed weight (g)	TSW	3.88 ± 0.06	2.42–7.26	22.52	13.97	0.52	9.91	0.66
Plant height (cm)	PLH	50.91 ± 0.72	22.40–84.80	20.01	15.95	0.70	13.11	0.82
Seed yield (T ha ⁻¹)	YLD	0.42 ± 0.02	0.1–1.36	55.84	52.34	0.92	40.01	0.85
Oil content (%)	OIL	31.13 ± 0.17	24.60–37.20	7.95	4.53	0.38	4.50	0.76
Protein content (%)	PRO	38.78 ± 0.20	29.16–48.13	7.39	3.38	0.24	4.03	0.73
Palmitic (%)	PAL	6.45 ± 0.07	3.76–9.44	16.81	9.21	0.80	8.52	0.84
Stearic (%)	STE	6.42 ± 0.04	4.45–7.71	10.79	14.82	0.77	11.76	0.90
Oleic (%)	OLE	25.58 ± 0.19	20.41–35.55	10.89	7.72	0.63	5.17	0.68
Linoleic (%)	LIO	17.89 ± 0.67	10.22–63.72	53.41	52.16	0.98	54.24	0.99
Linolenic (%)	LIN	43.71 ± 0.65	2.67–53.93	21.23	19.49	0.94	20.14	0.98
Total tocopherol content (mg/100 g OE)	TTC	24.40 ± 0.32	12.56–45.88	19.07	10.06	0.32	6.65	0.47
Total phenolic content (mg GAE g ⁻¹ OE)	TPC	9.42 ± 0.22	3.82–27.76	33.97	11.15	0.13	10.79	0.51
Linolenic to linoleic ratio	$\omega 3/\omega 6$	2.85 ± 0.06	0.04–4.88	32.64	23.89	0.79	22.43	0.91
Unsaturated to saturated ratio	USAT/SAT	6.86 ± 0.06	5.11–10.14	13.78	12.22	0.81	10.35	0.87
Oleic to unsaturated ratio	OLE/USAT	0.29 ± 0.002	0.24–0.42	11.00	6.60	0.56	5.60	0.78
Iodine value	IOD	167.24 ± 0.65	133.15 - 184.04	5.52	4.53	0.82	4.43	0.94

Phenotypic (upper diagonal) and genetic (lower diagonal) correlation coefficients among quantitative traits and seed oil quality indices on 50 genotypes of linseed over two years.

Traits	TSW	YLD	PLH	OIL	PRO	STE	PAL	OLE	LIO	LIN	$\omega 3/\omega 6$	USAT/ SAT	OLE/ USAT	IOD	TTC	TPC
TSW		0.38**	-0.43**	0.25 ^{ns}	0.02 ^{ns}	0.33*	0.40**	0.11 ^{ns}	-0.44**	0.01 ^{ns}	0.41**	-0.47**	0.21 ^{ns}	-0.29*	-0.42**	-0.25 ^{ns}
YLD	0.36*		-0.15 ^{ns}	0.35*	0.26 ^{ns}	0.02 ^{ns}	0.15 ^{ns}	-0.19 ^{ns}	-0.17 ^{ns}	0.25 ^{ns}	0.21 ^{ns}	-0.11 ^{ns}	-0.17 ^{ns}	0.13 ^{ns}	-0.14 ^{ns}	-0.14 ^{ns}
PH	-0.56**	-0.19 ^{ns}		-0.06 ^{ns}	0.20 ^{ns}	-0.54**	-0.12 ^{ns}	-0.16 ^{ns}	0.10 ^{ns}	0.26 ^{ns}	-0.04 ^{ns}	0.33*	-0.22 ^{ns}	0.37*	0.20 ^{ns}	-0.12 ^{ns}
OIL	0.22 ^{ns}	0.42**	-0.12 ^{ns}		0.18 ^{ns}	-0.03 ^{ns}	-0.05 ^{ns}	-0.02 ^{ns}	-0.20 ^{ns}	0.22 ^{ns}	0.26 ^{ns}	0.05 ^{ns}	-0.02 ^{ns}	0.13 ^{ns}	-0.44**	-0.33*
PRO	-0.21 ^{ns}	0.40**	0.41**	-0.09 ^{ns}		-0.44**	0.06 ^{ns}	-0.01 ^{ns}	-0.25 ^{ns}	0.33*	0.28 ^{ns}	0.19 ^{ns}	-0.04 ^{ns}	0.24 ^{ns}	-0.02 ^{ns}	-0.05 ^{ns}
STE	0.44**	0.02 ^{ns}	-0.63**	0.02 ^{ns}	-0.70**		0.15 ^{ns}	0.12 ^{ns}	-0.04 ^{ns}	-0.43**	-0.03 ^{ns}	-0.63**	0.24 ^{ns}	-0.56**	0.01 ^{ns}	0.02 ^{ns}
PAL	0.52**	0.17 ^{ns}	-0.14 ^{ns}	0.05 ^{ns}	0.09 ^{ns}	0.15 ^{ns}		-0.19 ^{ns}	-0.03 ^{ns}	-0.29 ^{ns}	-0.06 ^{ns}	-0.84**	-0.02 ^{ns}	-0.49**	0.14 ^{ns}	-0.09 ^{ns}
OLE	0.11 ^{ns}	-0.21 ^{ns}	-0.11 ^{ns}	-0.01 ^{ns}	0.04 ^{ns}	0.14 ^{ns}	-0.24 ^{ns}		-0.51**	-0.45**	0.26 ^{ns}	0.09 ^{ns}	0.98**	-0.59**	0.02 ^{ns}	0.03 ^{ns}
LIO	-0.47 ^{ns}	-0.18 ^{ns}	0.10 ^{ns}	-0.15 ^{ns}	-0.42**	-0.03 ^{ns}	0.00 ^{ns}	-0.63**		-0.36 ^{ns}	-0.94**	0.05 ^{ns}	-0.53**	0.08 ^{ns}	0.31*	0.18 ^{ns}
LIN	-0.06 ^{ns}	0.29*	0.29*	0.13 ^{ns}	0.54**	-0.53**	-0.34*	-0.33*	-0.31*		0.61**	0.43**	-0.53**	0.88**	-0.36*	-0.16 ^{ns}
$\omega 3/\omega 6$	0.44**	0.23 ^{ns}	-0.08 ^{ns}	0.20 ^{ns}	0.35*	-0.03 ^{ns}	-0.06 ^{ns}	0.41**	-0.98**	0.57**		0.05 ^{ns}	0.26 ^{ns}	0.20 ^{ns}	-0.40**	-0.21 ^{ns}
USAT/SAT	-0.61**	-0.12 ^{ns}	0.39**	-0.04 ^{ns}	0.30*	-0.63**	-0.85**	0.11	0.02 ^{ns}	0.52**	0.05 ^{ns}		-0.11 ^{ns}	0.66**	-0.09 ^{ns}	0.10 ^{ns}
OLE/USAT	0.25 ^{ns}	-0.18 ^{ns}	-0.19 ^{ns}	0.01 ^{ns}	0.00 ^{ns}	0.28 ^{ns}	-0.04 ^{ns}	0.98**	-0.65**	-0.44**	0.42**	-0.11 ^{ns}		-0.72**	0.04 ^{ns}	0.02 ^{ns}
IOD	-0.41**	0.13 ^{ns}	0.40**	0.04 ^{ns}	0.36*	-0.63**	-0.53**	-0.50**	0.14 ^{ns}	0.87**	0.11 ^{ns}	0.73**	-0.67**		-0.24 ^{ns}	-0.06 ^{ns}
TTC	-0.50**	-0.16 ^{ns}	0.32*	-0.59**	0.10 ^{ns}	-0.11 ^{ns}	0.12 ^{ns}	-0.07	0.43**	-0.38**	-0.53**	0.00 ^{ns}	-0.03 ^{ns}	-0.16 ^{ns}		0.58**
TPC	-0.31*	-0.21 ^{ns}	-0.19 ^{ns}	-0.42**	-0.12 ^{ns}	-0.11 ^{ns}	-0.25 ^{ns}	-0.07	0.26	-0.02 ^{ns}	-0.22 ^{ns}	0.31*	-0.10 ^{ns}	0.16 ^{ns}	0.95**	

Increased growing temperature reduces content of polyunsaturated fatty acids in four oilseed crops



L.R. Schulte^a, T. Ballard^{b,1}, T. Samarakoon^{c,2}, L. Yao^c, P. Vadlani^d,
S. Staggenborg^{e,3}, M. Rezac^{f,*}

^a IGERT in Biorefining, Department of Chemical Engineering, Kansas State University, Manhattan, KS 66506, USA

^b IGERT in Biorefining, Department of Agronomy, Kansas State University, Manhattan, KS 66506, USA

^c Kansas Lipidomics Research Center, Kansas State University, Manhattan, KS 66506, USA

^d Department of Grain Science and Industry, Kansas State University, Manhattan, KS 66506, USA

^e Department of Agronomy, Kansas State University, Manhattan, KS 66506, USA

^f Department of Chemical Engineering, Kansas State University, Manhattan, KS 66506, USA

ARTICLE INFO

Article history:

Received 1 May 2013

Received in revised form 27 August 2013

Accepted 28 August 2013

Keywords:

Fatty acid profile

Unsaturated oils

Glycine max

Brassica napus

Camelina sativa

Helianthus annuus

ABSTRACT

Environmental temperature directly influences the lipid profile produced by oilseeds. If growing temperatures increase, as is predicted by current models, the precise profile of lipids produced are likely to change. This paper develops models to predict lipid profiles as a function of growing temperature. Data relating to lipid profiles of soybean (*Glycine max*), spring canola (*Brassica napus*), spring camelina (*Camelina sativa*), and sunflower (*Helianthus annuus*) were gathered from the literature and evaluated to examine the influence of temperature on relative production of oleic, linoleic, and linolenic acid. For each crop, a set of linear regressions was used to correlate temperature during the grain fill, defined as 30 days before harvest, with the molar percentages of oleic, linoleic, and linolenic acid present. An increase in temperature from 10 to 40°C resulted in an increase in the production of oleic acid and a decrease in the production of linoleic and linolenic acid in soybeans, canola, and sunflowers. Over the range of data available, the lipid profile of camelina was temperature insensitive. To test the validity of the correlations, the four crops were grown in a field study in Manhattan, Kansas simultaneously, in the same environment, in 2011. The correlations accurately predicted the field data for soybean, canola, and camelina but not for sunflower. The correlation for sunflower under-predicted the molar amount of oleic acid and over-predicted the molar amount of linoleic acid. This study indicates increasing growing temperatures from 10 to 40°C will result in more monounsaturated oils and less polyunsaturated oils in soybean, canola, and sunflower.