

ارزیابی همبستگی ژنتیکی و وراثت‌پذیری برخی از صفات در ژنوتیپ‌های باقلا با استفاده از برآوردگر حداکثر درست‌نمایی محدودشده (REML)

حسین آسترکی^۱، پیمان شریفی^{۲*} و فاطمه شیخ^۳

۱- کارشناسی ارشد، بخش حبوبات، ایستگاه تحقیقات کشاورزی بروجرد، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی لرستان،

سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، بروجرد

۲- دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد رشت، دانشگاه آزاد اسلامی، رشت

۳- استادیار، بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان، سازمان

تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۰۷/۲۶ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۱۱/۲۵)

چکیده

به منظور برآورد همبستگی ژنوتیپی و وراثت‌پذیری برخی از صفات، ۲۶ ژنوتیپ باقلا در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در دو سال زراعی ۹۵-۱۳۹۳، در ایستگاه تحقیقات کشاورزی بروجرد واقع در استان لرستان ارزیابی شدند. از برآوردگر حداکثر درست‌نمایی محدودشده (Restricted Maximum Likelihood, REML) برای برآورد همبستگی‌های ژنوتیپی و فنوتیپی، وراثت‌پذیری عمومی و پیشرفت ژنتیکی استفاده شد. نتایج تجزیه واریانس به دو روش کمترین مربعات و REML گویای اثر معنی‌دار ژنوتیپ بر تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، وزن صد دانه، طول غلاف و عملکرد دانه خشک بود. برهمکنش ژنوتیپ در سال نیز برای همه صفات به جز صفت طول غلاف معنی‌دار بود. نتایج مقایسه میانگین‌ها نشان داد که رقم بروجرد (ژنوتیپ ۲۶) و ژنوتیپ ۲۰ بیشترین عملکرد دانه را در هر دو سال آزمایش داشتند. برآوردگر REML نشان داد که عملکرد دانه خشک با ارتفاع بوته و عملکرد بیولوژیک همبستگی ژنتیکی مثبت و معنی‌دار داشت. هم‌چنین عملکرد دانه خشک با تعداد روز تا گلدهی دارای همبستگی فنوتیپی منفی و معنی‌دار و با صفات ارتفاع بوته، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت دارای همبستگی فنوتیپی مثبت و معنی‌دار بود. از این رو، امکان‌پذیر است ژنوتیپ‌های زودرس و پرمحصول وجود دارد و می‌توان گزینش برای بهبود عملکرد بیشتر را انجام داد. تجزیه خوشه‌ای تنوع بین ژنوتیپ‌ها را نشان داد. هم‌چنین با توجه به مقادیر وراثت‌پذیری عمومی و پیشرفت ژنتیکی برای ارتفاع بوته و همبستگی ژنوتیپی بالای این صفت با عملکرد دانه خشک، می‌توان از صفت ارتفاع بوته به عنوان صفت مطلوب برای بهبود عملکرد دانه خشک از طریق گزینش استفاده نمود.

واژگان کلیدی: باقلا، تجزیه خوشه‌ای، حداکثر درست‌نمایی محدودشده، مدل مختلط، وراثت‌پذیری

* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: sharifi@iaurasht.ac.ir

مقدمه

باقلا (*Vicia faba* L.) یکی از قدیمی‌ترین بقولات اهلی شده در جهان است که سطح زیر کشت آن در ایران حدود ۳۶۰۰۰ هکتار و دارای متوسط عملکرد حدود ۲۰۰۰-۴۰۰۰ کیلوگرم بذر خشک در هکتار می‌باشد (FAO, 2015). در بیشتر برنامه‌های به‌نژادی، تنوع ژنتیکی رکن اساسی و شرط اصلی گزینش است؛ بنابراین آگاهی از تنوع ژنتیکی بخش مهمی از پروژه‌های به‌نژادی است. به بیانی دیگر، اطلاع از میزان تغییرپذیری ژنتیکی صفات و همچنین روابط بین آن‌ها، اصلاح گیاهان زراعی را آسان‌تر می‌کند. معمولاً گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب با توجه به عملکرد آن‌ها صورت می‌گیرد ولی با توجه به اینکه عملکرد دانه، صفت کمی پیچیده‌ای است که تعداد زیادی ژن در کنترل آن نقش دارند، شدیداً تحت تأثیر محیط قرار دارد و تعداد زیادی از صفات به‌تنهایی یا با هم بر آن اثر می‌گذارند. لذا گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب بر اساس عملکرد نمی‌تواند مفید باشد و چنانچه گزینش بر مبنای صفاتی باشد که به‌طور مستقیم یا غیرمستقیم در عملکرد سهم داشته باشند، بسیار سودمندتر می‌باشد (Sharifi, 2014). برای اندازه‌گیری و تعیین میزان ارتباط بین تغییرات دو متغیر، شاخص همبستگی به‌کار گرفته می‌شود که شدت یا ضعف و جهت تبعیت تغییرات دو متغیر را نسبت به یکدیگر مشخص می‌کند. اهمیت دیگر ضرایب همبستگی در اصلاح‌نباتات این است که اگر در یک گیاه، صفتی دارای وراثت‌پذیری پایینی باشد، می‌توان از صفات با وراثت‌پذیری بالاتر و همبسته با آن صفت هدف، به‌عنوان معیاری غیرمستقیم در گزینش جهت بهبود صفت اصلی بهره گرفت (Chaieb et al., 2011).

برای برآورد مؤلفه‌های واریانس و کوواریانس که از آن‌ها برای محاسبه ضرایب همبستگی و سایر پارامترها استفاده می‌شود، برآوردگرهای زیادی به‌کار گرفته شده‌اند که تجزیه واریانس به روش ANOVA یکی از مهم‌ترین آن‌ها است. علاوه بر این روش، برآوردگرهای حداکثر

درست‌نمایی^۱ (ML) و حداکثر درست‌نمایی محدودشده^۲ (REML) نیز استفاده می‌شوند (Akbarpour, 2017). روش REML، یکی از روش‌های مهمی است که برای تجزیه داده‌های چندمحیطی معرفی شده است و در آن محدودیت‌های تجزیه واریانس برای داده‌های نامتعادل و نامتجانس برطرف شده است (Holland, 2006). از دیگر کاربردهای این روش نسبت به روش‌های معمول برای برآورد مؤلفه‌های واریانس، می‌توان به ارائه مستقیم همبستگی‌های ژنوتیپی و خطای استاندارد آن‌ها با دقت بیشتر اشاره کرد (Holland, 2006). با وجود تخمین درست و دقیق‌تر پارامترهای ژنتیکی با این برآوردگرها، در تعداد محدودی از پژوهش‌های داخلی، این روش برای برآورد وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی استفاده شده است (Akbarpour et al., 2015a,b; Ismaili et al., 2016).

از روش تجزیه همبستگی، جهت بررسی روابط صفات توسط تعدادی از محققین در باقلا به‌کار گرفته شده است و همبستگی مثبت و معنی‌دار عملکرد دانه با عملکرد ماده خشک، تعداد غلاف سبز، تعداد غلاف در بوته، ارتفاع بوته و تعداد شاخه در بوته باقلا گزارش شده است (Kiyankbakt et al., 2014). همچنین افزایش عملکرد دانه خشک و سبز باقلا تحت تأثیر تعداد دانه در غلاف، تعداد غلاف در بوته و وزن دانه گزارش شده است (Ahmed et al., 2010). در تحقیقی دیگر نشان داده شد که ارتفاع بوته، تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف و تعداد روز تا گلدهی، می‌توانند باعث افزایش عملکرد دانه خشک ژنوتیپ‌های باقلا شوند (Jafarnodeh et al., 2017). در تحقیق دیگری، همبستگی مثبت عملکرد دانه با طول و عرض دانه، طول غلاف، وزن صد دانه و تعداد غلاف در بوته گزارش شد (Sharifi, 2014). هاشمی و محمدی (Hashemi and Mohammady, 2016) نشان دادند که بین عملکرد دانه و صفات وزن خشک اندام هوایی و شاخص برداشت همبستگی مثبت و معنی‌داری

1- Maximum likelihood

2- Restricted Maximum Likelihood

دقیقه شمالی، ارتفاع از سطح دریا ۱۶۲۹ متر و اقلیم نیمه‌خشک مدیترانه‌ای) واقع در استان لرستان به صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار انجام شد. نتایج آزمایش خاک محل انجام آزمایش در جدول ۱ نشان داده شده است. مواد گیاهی به کار برده شده در این آزمایش، ۱۳ ژنوتیپ دانه‌درشت و ۱۳ ژنوتیپ دانه‌ریز باقلا بودند (جدول ۲).

پس از انجام مراحل آماده‌سازی زمین شامل شخم، دیسک و صاف کردن، کودپاشی به صورت دستی (شامل کود سوپر فسفات آمونیوم به میزان ۵۰ کیلوگرم در هکتار و کود اوره به میزان ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار) انجام گرفت. هر کرت شامل هشت ردیف با درازا و پهنای چهار متر و مساحت $16 \times 4 = 64$ مترمربع، فاصله ردیف‌ها ۵۰ سانتی‌متر و فاصله بوته‌ها روی ردیف ۲۰ سانتی‌متر بود. عملیات آبیاری در چهار نوبت انجام شد. با علف‌های هرز سه مرتبه و به‌طور دستی مبارزه شد. در طول دوران رشد و نمو علاوه بر مراقبت‌های زراعی معمول (مانند آبیاری، کنترل علف‌های هرز، کنترل آفات و بیماری‌ها) از صفات تعداد روز تا جوانه‌زنی، تعداد روز تا گلدهی و تعداد روز تا رسیدگی دانه یادداشت‌برداری شد. ارتفاع بوته و طول غلاف برحسب سانتی‌متر و وزن صد دانه برحسب گرم بر روی ده بوته و عملکرد بیولوژیک برحسب گرم در مترمربع بر روی یک مترمربع از سطح کرت اندازه‌گیری شدند. عملکرد دانه پس از حذف اثرات حاشیه‌ای، بر روی باقیمانده هر کرت، اندازه‌گیری شد و شاخص برداشت با تقسیم عملکرد دانه بر عملکرد بیولوژیک محاسبه شد.

تجزیه و تحلیل آماری: آزمون نرمال بودن داده‌ها به روش شاپیرو و ویلک (Shapiro and Wilk, 1965) با نرم‌افزار SAS v9.2 (SAS Institute, 2010) انجام شد. در شرایط بودن دو محیط، آزمون F برای همگنی واریانس بسنده می‌کند (Sharifi, 2013) و از این‌رو آزمون F برای بررسی یکنواختی واریانس‌های خطاهای آزمایشی در دو سال بکار برده شد (Akbarpour et al., 2016).

وجود داشت. همبستگی مثبت و معنی‌دار بین عملکرد دانه و صفات تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی، طول غلاف و وزن صد دانه نیز گزارش شده است (Kumar et al., 2017). در تحقیقی همبستگی مثبت و معنی‌دار بین عملکرد دانه و صفات تعداد دانه در غلاف، تعداد غلاف در بوته، ارتفاع بوته و وزن کاه نشان داده شده است (Azarpour et al., 2012). در تحقیقی دیگر همبستگی مثبت بین عملکرد دانه و تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف، ارتفاع بوته، وزن صد دانه گزارش شده است (Tadesse et al., 2011).

وراثت‌پذیری کم برای عملکرد دانه، بسیاری از محققین را بر آن داشته است که صفات تأثیرگذار بر عملکرد دانه را که وراثت‌پذیری آن‌ها نیز بالا باشد، به‌عنوان شاخص‌هایی برای گزینش غیرمستقیم بکار ببرند. در این راستا توکر (Toker, 2004) وراثت‌پذیری عملکرد دانه را $0/62$ برآورد کرد. هم‌چنین ابراهیم (Ibrahim, 2010) وراثت‌پذیری بالا برای وزن صد دانه و پایین را برای عملکرد دانه گزارش کردند، درحالی‌که کالیا و سود (Kalia and Sood, 2004) وراثت‌پذیری بالایی ($0/97$) را برای عملکرد غلاف گزارش نمودند. هم‌چنین بورا و همکاران (Bora et al., 1998) وراثت‌پذیری و سود ژنتیکی بالایی را برای تعداد ساقه‌های بارور در بوته، تعداد غلاف در بوته و عملکرد دانه در بوته گزارش نمودند و به نقش این صفات در اصلاح باقلا از طریق گزینش اشاره کردند.

هدف از اجرای تحقیق حاضر، مقایسه تعدادی از ژنوتیپ‌های باقلا طی دو سال آزمایش، بررسی تنوع آن‌ها با مقایسه میانگین‌های صفات و تجزیه خوشه‌ای و هم‌چنین برآورد همبستگی‌های ژنوتیپی و فنوتیپی، وراثت‌پذیری، پیشرفت ژنتیکی و پیشرفت ژنتیکی بر میانگین با استفاده از روش REML بود.

مواد و روش‌ها

این آزمایش در دو سال زراعی ۹۵-۱۳۹۳، در ایستگاه تحقیقات کشاورزی بروجرد (طول جغرافیایی: 48° درجه و 45° دقیقه شرقی، عرض جغرافیایی: 33° درجه و 55° دقیقه شرقی، ارتفاع از سطح دریا ۱۶۲۹ متر و اقلیم نیمه‌خشک مدیترانه‌ای) واقع در استان لرستان به صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار انجام شد. نتایج آزمایش خاک محل انجام آزمایش در جدول ۱ نشان داده شده است. مواد گیاهی به کار برده شده در این آزمایش، ۱۳ ژنوتیپ دانه‌درشت و ۱۳ ژنوتیپ دانه‌ریز باقلا بودند (جدول ۲).

جدول ۱- تجزیه فیزیکی و شیمیایی خاک مزرعه آزمایشی

Table 1. Physical and chemical characteristics of the experimental soil

ویژگی های فیزیکی					
Physical properties					
رس	سیلت	شن ریز	بافت خاک		
Clay (%)	Silt (%)	Fine sand (%)	Soil texture		
12	18.5	69.5	لومی شنی		
Sandy loam					
ویژگی های شیمیایی					
Chemical properties					
اسیدیته	هدایت الکتریکی	ماده عالی	نیتروژن	فسفر قابل جذب	پتاسیم قابل جذب
خاک	(دسی زیمنس بر متر)	(درصد)	(درصد)	(میلی گرم بر کیلوگرم)	(میلی گرم بر کیلوگرم)
pH	ECe (ds m ⁻¹)	Organic matter (%)	N (%)	Available P (ppm)	Available K (ppm)
7.4	2.23	0.48	0.48	7.5	2.1

جدول ۲- ویژگی های ژنوتیپ های باقلا

Table 2. Characteristics of faba bean genotypes

شماره ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	اندازه دانه
Genotype code	Genotype name	Seed size
1	G-faba-1	بزرگ (Large)
2	G-faba-95	بزرگ (Large)
3	G-faba-98	بزرگ (Large)
4	G-faba-62	بزرگ (Large)
5	G-faba-67	بزرگ (Large)
6	G-faba-13	بزرگ (Large)
7	G-faba-16	بزرگ (Large)
8	G-faba-159	بزرگ (Large)
9	G-faba-133	بزرگ (Large)
10	G-faba-146	بزرگ (Large)
11	Balogi	بزرگ (Large)
12	Saraziri	بزرگ (Large)
13	Barekat	بزرگ (Large)
14	G-faba-29	ریز (Small)
15	G-faba-31	ریز (Small)
16	G-faba-35	ریز (Small)
17	G-faba-51	ریز (Small)
18	G-faba54	ریز (Small)
19	G-faba-63	ریز (Small)
20	G-faba-64	ریز (Small)
21	G-faba66	ریز (Small)
22	G-faba-69	ریز (Small)
23	G-faba-79	ریز (Small)
24	G-faba-94	ریز (Small)
25	G-faba-161	ریز (Small)
26	Broujerd	ریز (Small)

تجزیه واریانس با مدل بالا و مقایسه میانگین به روش حداقل اختلاف معنی‌دار^۱ (LSD) در سطح احتمال ۵ درصد و با نرم‌افزار SAS v9.2 انجام گرفت (SAS Institute, 2010). برای برآورد همبستگی ژنوتیپی بین صفات از واریانس-کوواریانس محاسبه شده به روش حداکثر درست‌نمایی محدودشده با رابطه زیر استفاده شد (Holland, 2006):

$$\hat{r}_{gmn} = \frac{\hat{\sigma}_{amn}}{\hat{\sigma}_{am} \hat{\sigma}_{an}}$$

که در آن، $\hat{\sigma}_{amn}$ ، کوواریانس محاسبه شده بین صفات m و n، $\hat{\sigma}_{am}$ و $\hat{\sigma}_{an}$ به ترتیب انحراف استاندارد صفات m و n است. خطای استاندارد تقریبی برای همبستگی‌های ژنوتیپی و فنوتیپی با استفاده از رابطه ماتریسی زیر و با روش ارائه شده توسط هولاند و همکاران (Holland et al., 2003) محاسبه شد.

$$\hat{V}(\hat{r}_e) = \begin{bmatrix} \frac{\partial \hat{r}_e}{\partial \hat{\sigma}_a^2} \\ \frac{\partial \hat{r}_e}{\partial \hat{\sigma}_b^2} \\ \frac{\partial \hat{r}_e}{\partial \hat{\sigma}_c^2} \end{bmatrix}^T \begin{bmatrix} V(\hat{\sigma}_a^2) & C(\hat{\sigma}_a^2, \hat{\sigma}_b^2) & C(\hat{\sigma}_a^2, \hat{\sigma}_c^2) \\ C(\hat{\sigma}_b^2, \hat{\sigma}_a^2) & V(\hat{\sigma}_b^2) & C(\hat{\sigma}_b^2, \hat{\sigma}_c^2) \\ C(\hat{\sigma}_c^2, \hat{\sigma}_a^2) & C(\hat{\sigma}_c^2, \hat{\sigma}_b^2) & V(\hat{\sigma}_c^2) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{\partial \hat{r}_e}{\partial \hat{\sigma}_a^2} \\ \frac{\partial \hat{r}_e}{\partial \hat{\sigma}_b^2} \\ \frac{\partial \hat{r}_e}{\partial \hat{\sigma}_c^2} \end{bmatrix}$$

$$= (\hat{r}_e)^T \begin{bmatrix} \frac{-1}{2\hat{\sigma}_a} \\ \frac{-1}{2\hat{\sigma}_b} \\ \frac{-1}{2\hat{\sigma}_c} \end{bmatrix}^T \begin{bmatrix} V(\hat{\sigma}_a^2) & C(\hat{\sigma}_a^2, \hat{\sigma}_b^2) & C(\hat{\sigma}_a^2, \hat{\sigma}_c^2) \\ C(\hat{\sigma}_b^2, \hat{\sigma}_a^2) & V(\hat{\sigma}_b^2) & C(\hat{\sigma}_b^2, \hat{\sigma}_c^2) \\ C(\hat{\sigma}_c^2, \hat{\sigma}_a^2) & C(\hat{\sigma}_c^2, \hat{\sigma}_b^2) & V(\hat{\sigma}_c^2) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{-1}{2\hat{\sigma}_a} \\ \frac{-1}{2\hat{\sigma}_b} \\ \frac{-1}{2\hat{\sigma}_c} \end{bmatrix}$$

این رابطه در برنامه هولاند (Holland, 2006) به نشانی اینترنتی <http://www4.ncsu.edu/~jholland> گنجانده شده است و نرم‌افزار SAS با اجرای آن، میزان خطای استاندارد تقریبی برای ارزیابی ضرایب همبستگی را برآورد می‌کند. با استفاده از رابطه شماره ۲ و برنامه هولاند (Holland, 2006)، همبستگی‌های فنوتیپی صفات نیز محاسبه شدند. این برنامه برای محاسبه همبستگی‌های ژنوتیپی و فنوتیپی در آزمایش مرکب محیط‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی قابل استفاده است.

وراثت‌پذیری عمومی (H_b^2) برای تمام صفات از رابطه زیر و بر اساس کرت‌ها^۲ و برنامه ارائه شده توسط هولاند و همکاران (Holland et al., 2003) محاسبه شد:

$$H^2 = \frac{\hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}_G^2 + \hat{\sigma}_{GY}^2 + \hat{\sigma}_E^2}$$

سپس تجزیه واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدودشده (REML) و روش کمترین مربعات انجام گرفت و بین نتایج آن نیز مقایسه صورت گرفت که هم‌خوانی کامل با یکدیگر داشتند. مدل خطی ارائه شده در رابطه زیر برای انجام تجزیه واریانس مرکب داده‌ها به‌روش کمترین مربعات به‌کار برده شد (Holland, 2006):

$Y_{klmi} = \mu_i + E_{ki} + R(E)_{kli} + G_{mi} + GE_{kmi} + \varepsilon_{klmi}$
 که اجزای این مدل عبارت بودند از: Y_{klmi} ، داده مربوط به صفت i ام در ژنوتیپ m ام، تکرار l ام در سال k ام؛ μ_i ، میانگین صفت i ام؛ E_{ki} ، اثر سال k بر صفت i ام؛ $R(E)_{kli}$ ، اثر تکرار l درون محیط k بر صفت i ام؛ G_{mi} ، اثر ژنوتیپ m بر صفت i ام؛ GE_{kmi} ، برهمکنش بین ژنوتیپ m و سال k بر صفت i ام و ε_{klmi} ، اثر اشتباه آزمایشی بر صفت i ام در ژنوتیپ m ام، تکرار l ام در سال k ام. از آنجاکه برای آزمایش ژنوتیپ‌ها بر اساس اطلاعات پیشین، نه به‌طور تصادفی و بدون هیچ اطلاعاتی درباره آن‌ها، برگزیده شدند، پس نمی‌توان آن‌ها را تصادفی انگاشت و از این‌روی در مدل به‌صورت ثابت بشمار آورده شده‌اند. از طرفی، با توجه به اینکه آزمایش در دو سال انجام شده است، هیچ دلیلی برای همسان دانستن سال‌ها نیست؛ بنابراین از آنجاکه همه فاکتورها به‌جز فاکتور ثابت ژنوتیپ، بازتابی از تغییرات تصادفی هستند که تغییرات خاک، مکان‌های آزمایش و الگوهای آب و هوایی بین سال‌ها را در بر می‌گیرند، برنامه شماره ۱ برای تجزیه واریانس به‌روش کمترین مربعات به شرح زیر به‌کار گرفته شد:

```
proc glm;
class Y G R;
model NDG NDF NDM PH HSW PL DGY BY HI = Y
R(Y) G Y*G;
random Y Y*G R(Y)/test;
run;
Quit;
```

که در آن، آزمون F، بر اساس امید ریاضی میانگین مربعات فاکتورها و برهمکنش‌های آن‌ها انجام شده است.

1- Least significant differences
 2- Plot-basis

در این رابطه، $\hat{\sigma}_G^2$ ، واریانس ژنوتیپی؛ $\hat{\sigma}_P^2$ ، واریانس فنوتیپی؛ $\hat{\sigma}_{GY}^2$ ، واریانس برهمکنش ژنوتیپ در محیط و $\hat{\sigma}_E^2$ ، واریانس باقیمانده است. واریانس‌ها با رویه REML برآورد شدند.

پیشرفت ژنتیکی^۱ (GA) و پیشرفت ژنتیکی بر میانگین^۲ (GMA) طبق روابط زیر محاسبه شدند (Roy, 2000):

$$GA = ih^2 \sigma_p$$

$$GMA = \frac{GA}{\bar{X}} * 100$$

که در آن، i شدت گزینش است که برای گزینش ۵ درصد ۲/۰۶ می‌باشد؛ هم‌چنین h^2 ، وراثت‌پذیری عمومی؛ σ_p ، خطای استاندارد فنوتیپی و \bar{X} ، میانگین مربوط به هر صفت هستند. از آنجاکه بالا بودن شدت گزینش به معنی اثر شدیدتر گزینش بر کاهش واریانس ژنتیکی است و میزان اریبی برآورد پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار ناشی از نادیده گرفتن اثر گزینش در شدت گزینش شدید، بیشتر از شدت گزینش ضعیف است و هم‌چنین با شدت گزینش کم، می‌توان با نادیده گرفتن اثر گزینش، برنامه بهبود ژنتیکی را بهینه‌سازی کرد (Mueller and James, 1983)، در اینجا شدت گزینش کم برای برآورد پیشرفت ژنتیکی بکار برده شد.

تجزیه خوشه‌ای با نرم‌افزار Systat (Systat, 2014) با روش حداقل واریانس وارد و فاصله مربع اقلیدسی انجام گرفت. این نرم‌افزار علاوه بر کشیدن دندروگرام تجزیه خوشه‌ای، با شاخص‌های ریشه انحراف استاندارد میانگین مربعات^۳ (RMSSTD)، T^2 کاذب و F کاذب، بهترین تعداد خوشه را نیز مشخص می‌کند. وجود پیک در آماره F کاذب، جهش ناگهانی در مقدار T^2 کاذب و شیب تند از تعداد خوشه زیاد به کم یا شکستگی در شاخص RMSSTD، نشان‌دهنده تعداد مناسب خوشه است (Sharifi, 2020).

نتایج و بحث

با توجه به نرمال بودن داده‌ها و هم‌چنین همگنی واریانس خطاهای آزمایشی در دو سال اجرای آزمایش، تجزیه

واریانس مرکب داده‌ها انجام شد. نتایج تجزیه واریانس مرکب داده‌های به‌دست آمده از آزمایش در دو سال گویای معنی‌دار بودن اثر سال برای صفات تعداد روز تا جوانه‌زنی، تعداد روز تا گلدهی و تعداد روز تا گلدهی بود (جدول ۳). اثر معنی‌دار سال برای این صفات، بیانگر تأثیر عوامل جوی (میزان بارندگی، طول روز، حداقل و حداکثر دمای هوا و خاک) بر آن‌ها است. نتایج هم‌چنین نشان داد که اثر ژنوتیپ برای صفات تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، وزن صد دانه، طول غلاف و عملکرد دانه خشک معنی‌دار بود (جدول ۲) که نشانگر اختلاف بین ژنوتیپ‌ها از نظر این صفات و در نتیجه تنوع بین ژنوتیپ‌ها است. چنین تنوعی، این ژنوتیپ‌ها را برای بررسی روابط ژنتیکی بین صفات و پیشرفت ژنتیکی مناسب می‌کند. با توجه به یکسان بودن شرایط محیطی و زراعی برای همه ژنوتیپ‌ها، تفاوت در صفات اندازه‌گیری شده، بیانگر تنوع ژنتیکی در ژنوتیپ‌ها بود. برهمکنش ژنوتیپ در سال نیز برای همه صفات به‌جز طول غلاف معنی‌دار بود (جدول ۳) که نشانگر واکنش‌های متفاوت ژنوتیپ‌ها به دو سال انجام آزمایش است و از این‌رو، مقایسه میانگین‌های صفات در هر کدام از سال‌ها جداگانه انجام گرفت (جدول‌های ۴ و ۵). در تطابق با این نتیجه، پژوهشگران دیگری نیز برهمکنش‌های معنی‌دار ژنوتیپ در محیط را برای عملکرد و اجزای آن در باقلا گزارش نمودند (Alghamdi, 2007; Karadavut et al., 2010; Sarparast et al., 2011; Chaubey et al., 2012). نتایج تجزیه واریانس با رویه MIXED و روش حداکثر درست‌نمایی محدودشده از نظر معنی‌داری فاکتورها و برهمکنش‌های بین آن‌ها در همخوانی کامل با نتایج تجزیه واریانس به روش کمترین مربعات بود و از این‌رو، نتایج این جدول ارائه نشده است. در این راستا گزارش شده است که اگر آزمایش‌ها فاقد داده گم‌شده باشند و طرح متعادل باشد، نتایج تجزیه واریانس دو برآوردگر REML و ANOVA همانند می‌باشند و برای داده‌های گم شده، برآوردگرهای REML و ML نسبت به روش ANOVA برتری دارند (Akbarpour, 2017).

1- Genetic advance
2- Genetic advance over mean
3- Root mean square standard deviation (RMSSTD) index

جدول ۳- تجزیه واریانس مرکب صفات مورد مطالعه ژنوتیپ‌های باقلا

Table 3. Combined analysis of variance on studied traits for faba bean genotypes

منابع تغییرات S.O.V	درجه آزادی D.F.	تعداد روز تا جوانه‌زنی Days to germination	تعداد روز تا گلدهی Days to flowering	تعداد روز تا رسیدگی Days to maturity	ارتفاع بوته Plant height	وزن صد دانه Hundred seed weight	طول غلاف Pod length	عملکرد دانه خشک Dry seed yield	عملکرد بیولوژیک Biological yield	شاخص برداشت Harvest index
سال Year	1	81.85**	7161.8**	180.9**	236.3 ^{ns}	926.1 ^{ns}	0.05 ^{ns}	50303.8 ^{ns}	218183.4 ^{ns}	0.05 ^{ns}
خطای سال Error (Year)	4	1.21	0.56	2.08	122.57	353.88	24.55	6996.82	68311.90	0.10
ژنوتیپ Genotype	25	2.15 ^{ns}	47.60 ^{ns}	52.45**	634.2**	3679.6**	65.18**	37062.31*	68311.9 ^{ns}	0.22 ^{ns}
ژنوتیپ × سال Genotype × Year	25	2.14**	34.43**	19.42**	55.98*	629.3**	0.06 ^{ns}	17852.35**	59268.4**	0.16**
خطا Error	100	0.64	1.11	2.16	35.10	130.74	2.98	7077.80	17243.2	0.04
ضریب تغییرات CV (%)	-	3.36	0.81	0.65	8.81	10.38	20.52	28.04	26.71	30.17

^{ns}, * و ** به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد

^{ns}, * and ** Non-significant and significant at the 5% and 1% probability levels, respectively

جدول ۴- مقایسه میانگین صفات باقلا در سال ۱۳۹۴

Table 4. Mean comparison of faba bean traits at 2015

ژنوتیپ Genotype	تعداد روز تا جوانه‌زنی Days to germination	تعداد روز تا گلدهی Days to flowering	تعداد روز تا رسیدگی Days to maturity	ارتفاع بوته Plant height	وزن صد دانه Hundred seed weight	طول غلاف Pod length	عملکرد دانه خشک Dry seed yield	عملکرد بیولوژیک Biological yield	شاخص برداشت Harvest index
1	23.00	141.33	231.00	62.53	140.00	5.98	158.23	521.98	0.30
2	22.33	143.33	232.33	55.87	122.67	7.44	222.00	634.33	0.35
3	23.67	144.33	229.33	61.50	115.67	9.37	302.71	746.83	0.41
4	23.00	133.00	230.33	64.93	114.33	8.55	336.44	884.94	0.38
5	23.67	133.33	226.00	58.07	97.67	10.07	285.90	746.66	0.38
6	23.00	134.00	228.67	64.07	119.00	7.32	277.62	729.39	0.38
7	23.00	133.33	225.67	61.17	136.33	6.30	226.26	755.31	0.30
8	23.00	142.00	224.00	59.93	101.33	8.55	286.13	798.52	0.36
9	23.33	144.00	224.33	62.40	105.33	10.93	342.13	954.07	0.36
10	23.00	143.33	230.00	59.47	159.67	9.50	153.13	504.69	0.30
11	24.33	143.00	223.67	71.37	97.67	22.45	291.10	668.89	0.44
12	24.00	143.67	228.67	62.33	136.33	5.87	98.31	426.92	0.23
13	23.67	143.00	229.33	61.70	148.67	3.07	184.02	776.99	0.24
14	23.00	130.67	223.00	56.00	69.28	7.30	123.67	356.05	0.35
15	23.00	135.00	222.33	50.47	70.95	7.15	153.36	387.16	0.40
16	23.00	134.00	224.33	60.73	82.80	7.47	318.26	684.45	0.46
17	23.00	135.00	228.33	61.40	91.39	8.03	344.28	798.53	0.43
18	23.67	132.00	229.00	68.00	105.92	7.82	411.77	832.40	0.49
19	23.00	133.33	224.00	66.80	96.89	8.43	298.51	660.24	0.45
20	23.00	132.00	224.00	74.07	102.13	8.70	382.05	763.08	0.50
21	23.00	134.00	228.00	74.27	94.14	10.37	335.59	691.36	0.49
22	23.00	135.00	229.00	69.73	103.45	7.17	232.87	508.14	0.46
23	23.00	132.00	229.67	65.00	119.18	8.20	409.54	788.14	0.52
24	23.00	131.00	230.00	74.13	105.32	8.93	263.74	598.02	0.44
25	23.00	132.00	224.00	90.07	108.36	8.00	219.79	477.04	0.46
26	23.00	130.67	226.67	98.60	53.69	6.37	584.95	1279.01	0.46
LSD (5%)	1.04	1.45	1.90	9.83	17.99	3.73	179.75	289.51	0.29

LSD (5%): حداقل اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد

LSD (5%): Least significant differences in 5% probability level

جدول ۵- مقایسه میانگین صفات باقلا در سال ۱۳۹۵

Table 5. Mean comparison of faba bean traits at 2016

ژنوتیپ Genotype	تعداد روز تا جوانه زنی Days to germination	تعداد روز تا گلدهی Days to flowering	تعداد روز تا رسیدگی Days to maturity	ارتفاع بوته Plant height	وزن صد دانه Hundred seed weight	طول غلاف Pod length	عملکرد دانه خشک Dry seed yield	عملکرد بیولوژیک Biological yield	شاخص برداشت Harvest index
1	25.00	122.00	237.67	64.93	170.95	6.03	183.33	480.66	0.38
2	26.33	123.00	228.00	59.47	116.64	7.32	378.96	966.00	0.39
3	27.67	122.67	228.00	55.80	116.35	9.35	282.08	583.34	0.48
4	24.00	123.00	227.67	52.33	125.11	8.54	228.13	644.00	0.35
5	25.00	122.33	226.33	55.67	165.98	10.07	355.63	648.66	0.55
6	25.67	123.00	221.33	69.13	161.50	7.32	320.42	700.00	0.46
7	25.67	121.00	222.00	65.73	141.39	6.30	245.00	508.66	0.48
8	24.67	124.00	224.00	72.47	132.16	8.55	334.58	756.00	0.44
9	27.33	124.00	224.00	71.80	100.95	10.93	445.21	998.66	0.45
10	25.00	122.00	224.33	69.80	111.27	9.50	221.46	513.34	0.43
11	24.00	125.00	219.00	83.73	105.60	22.45	386.04	1003.34	0.38
12	25.00	126.67	229.67	78.07	125.21	5.87	311.67	1003.34	0.31
13	25.67	122.33	226.67	70.40	148.26	3.07	367.92	840.00	0.44
14	24.00	124.67	224.33	56.00	69.28	7.30	266.46	473.66	0.56
15	24.00	122.67	224.33	50.47	70.95	7.15	151.67	499.34	0.30
16	24.00	123.33	226.67	60.73	82.80	7.47	197.92	728.00	0.27
17	23.00	122.67	224.67	61.40	91.39	8.03	358.13	889.00	0.40
18	24.00	123.00	226.00	68.00	105.92	7.82	353.33	1092.00	0.32
19	24.33	121.33	219.33	66.80	96.89	8.43	292.92	807.34	0.36
20	24.00	123.00	221.00	74.07	102.13	8.70	448.13	886.66	0.51
21	24.00	123.00	220.00	74.27	94.14	10.37	336.46	1010.34	0.33
22	24.00	122.33	222.00	69.73	103.45	7.17	366.04	980.00	0.37
23	23.67	122.33	224.33	65.00	119.18	8.20	296.67	574.00	0.52
24	23.33	122.67	228.67	74.13	105.32	8.93	427.08	830.66	0.51
25	24.00	122.67	227.67	90.07	108.36	8.00	391.83	784.00	0.50
26	23.00	121.33	222.00	98.60	53.69	6.37	380.00	793.34	0.48
LSD (5%)	1.54	1.97	2.83	9.59	19.47	1.43	75.89	94.52	0.16

LSD (5%): حداقل اختلاف معنی دار در سطح احتمال ۵ درصد

LSD (5%): Least significant differences in 5% probability level

البته در آزمایش حاضر با توجه به متعادل بودن آزمایش، چنین مشکلی وجود نداشت و نتایج مشابه هم بودند. نتایج مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها در سال اول و دوم به ترتیب در جدول‌های ۴ و ۵ نشان داده شده است. در سال اول، بیشترین تعداد روز تا جوانه زنی (۲۴/۳۳) مربوط به ژنوتیپ ۱۱ و کمترین میزان آن مربوط به ژنوتیپ ۲ (۲۲/۳۳) بود. در سال دوم، کمترین (۲۱۹) و بیشترین (۲۳۷/۶۷) تعداد روز تا رسیدگی، به ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های ۱۱ و ۱ بود. با وجود تنوع ژنوتیپ‌ها از نظر ارتفاع بوته در هر دو سال، کمترین ارتفاع بوته مربوط به ژنوتیپ ۱۵ و بیشترین میزان از آن ژنوتیپ ۲۶ بود. تفاوت بین ژنوتیپ‌ها از نظر ارتفاع بوته می‌تواند به تفاوت دوره رشد رویشی آن‌ها و هم‌چنین تولید شاخه‌های فرعی در گیاه نسبت داده شود (Metwally et

۲۶) تا ۲۷/۶۷ (ژنوتیپ ۳) روز بودند. در سال اول، کمترین تعداد روز تا گلدهی (۱۳۰/۶۷)، مربوط به ژنوتیپ‌های ۱۴ و ۲۶ و بیشترین میزان آن مربوط به ژنوتیپ ۳ (۱۴۴/۳۳) بود. در سال دوم، کمترین تعداد روز

را محدود می‌کند (Acikgoz *et al.*, 2009) و نیاز به تجزیه پایداری عملکرد دانه را نشان می‌دهد. در سال اول، شاخص برداشت دارای دامنه‌ای از ۰/۲۳ (ژنوتیپ ۱۲) تا ۰/۵۲ (ژنوتیپ ۲۳) متغیر بود. در سال دوم، بیشترین (۰/۵۶) و کمترین (۰/۲۷) میزان شاخص برداشت، به ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های ۱۶ و ۱۴ بود (جدول ۵). پژوهشگران دیگری هم به مقایسه ژنوتیپ‌های باقلا از نظر عملکرد دانه و اجزای آن در باقلا پرداخته‌اند و نتایج ژنتیکی بالایی را بین ژنوتیپ‌ها گزارش کردند (Chaieb *et al.*, 2011; Al Barri, 2012; Hashemi and Mohammady, 2016).

همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی به روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده بر روی میانگین داده‌های دو سال، در جدول ۶ نشان داده شده است. این نتایج بیانگر آن است که تعداد روز تا جوانه‌زنی دارای همبستگی ژنوتیپی و فنوتیپی مثبت و غیرمعنی‌دار با تعداد روز تا گلدهی و تعداد روز تا رسیدگی بود. تعداد روز تا گلدهی دارای همبستگی ژنوتیپی مثبت و غیرمعنی‌دار با تعداد روز تا رسیدگی، وزن صد دانه، طول غلاف و عملکرد بیولوژیک بود. همبستگی فنوتیپی تعداد روز تا گلدهی با وزن صد دانه مثبت و معنی‌دار و با تعداد روز تا رسیدگی دانه مثبت و غیرمعنی‌دار بود، در حالی‌که با ارتفاع بوته، عملکرد دانه و شاخص برداشت منفی و معنی‌دار بود (جدول ۶). همبستگی منفی تعداد روز تا گلدهی با عملکرد دانه با یافته جعفرنوده و همکاران (Jafarnodeh *et al.*, 2017) همخوانی دارد. این همبستگی نشان می‌دهد ژنوتیپ‌هایی که دیرتر وارد مرحله گلدهی می‌شوند، عملکرد دانه کمتری داشتند. در ژنوتیپ‌هایی که گل‌دهی آن‌ها دیرتر آغاز می‌شود، هم‌زمان شدن بخشی از دوره پرشدن دانه با گرما می‌تواند به کاهش عملکرد دانه منجر شود.

از سوی دیگر، ژنوتیپ‌هایی که زودتر به مرحله زایشی وارد می‌شوند، به دلیل تکمیل سریع‌تر دوره رشدشان، احتمال رویارویی کمتری با تنش گرما و خشکی انتهای فصل دارند.

(al., 2013). پژوهشگران دیگری نیز تنوع ارتفاع بوته در ژنوتیپ‌های باقلا را گزارش کرده‌اند (Al Barri and Shtaya, 2013). با توجه به آنکه ۱۳ ژنوتیپ اول، دانه‌درشت و ۱۳ ژنوتیپ بعدی، دانه‌ریز بودند، در سال اول، بیشترین وزن صد دانه (۱۵۹/۶۷ گرم) مربوط به ژنوتیپ ۱۰ و کمترین میزان آن (۶۹/۲۸ گرم) مربوط به ژنوتیپ ۱۴ بود. در سال دوم، بیشترین میزان وزن صد دانه (۱۷۰/۹۵ گرم) مربوط به ژنوتیپ ۱ و کمترین میزان آن (۵۳/۶۹ گرم) مربوط به ژنوتیپ ۲۶ بود. در بین هر کدام از دو دسته ژنوتیپ‌ها، تنوع چشمگیری برای وزن صد دانه دیده شد که می‌تواند به متفاوت بودن ژنوتیپ‌ها از نظر زود یا دیر گل دادن، داشتن زمان لازم برای پر شدن دانه‌ها و کارایی متفاوت در تخصیص مواد فتوسنتزی به دانه نسبت داده شود. پژوهشگران دیگری نیز تنوع در وزن صد دانه باقلا را گزارش کردند (Fanaei *et al.*, 2011; Sarparast *et al.*, 2019; al., 2019). در سال اول، بیشترین میزان عملکرد دانه (۵۸۴/۹۵ گرم در مترمربع) و عملکرد بیولوژیک (۱۲۷۹/۹۵ گرم در مترمربع) مربوط به ژنوتیپ ۲۶ بود. کمترین میزان عملکرد دانه (۹۸/۳۱ گرم در مترمربع) و عملکرد بیولوژیک (۳۵۶/۰۵ گرم در مترمربع)، به ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های ۱۲ و ۱۴ بود. در سال دوم، عملکرد دانه، دارای دامنه‌ای از ۸۱/۶۷ گرم در مترمربع (ژنوتیپ ۱۵) تا ۴۴۸/۱۳ گرم در مترمربع (ژنوتیپ ۲۰) بود. کمترین میزان عملکرد بیولوژیک (۴۷۳/۶۶ گرم در مترمربع)، مربوط به ژنوتیپ ۱۴ و بیشترین میزان آن (۱۰۹۲/۰۰ گرم در مترمربع)، مربوط به ژنوتیپ ۱۸ بود. تنوع ژنوتیپ‌ها در عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک می‌تواند برآمده از تفاوت ژنوتیپ‌ها از نظر اجزای عملکرد باشد. چنین تنوعی به وسیله پژوهشگران دیگر نیز گزارش شده است (Alghamdi, 2007; Bakheit and Metwali, 2011; Kalia and Sood, 2004). معنی‌دار شدن برهمکنش ژنوتیپ × سال، بیانگر واکنش متفاوت ژنوتیپ‌ها به تغییرات محیطی در دو سال انجام آزمایش بود و نشانگر یکسان نبودن عملکرد یک ژنوتیپ در هر دو سال است که گزینش ژنوتیپ‌های برتر

جدول ۶- تجزیه همبستگی ژنوتیپی (بالای قطر) و فنوتیپی (پایین قطر) صفات مورد مطالعه در باقلا

Table 6. Genotypic (above diagonal) and phenotypic (below diagonal) correlation analysis of studied traits in faba bean

صفات Traits	تعداد روز تا جوانه زنی Days to germination	تعداد روز تا گلدهی Days to flowering	تعداد روز تا رسیدگی Days to maturity	ارتفاع بوته Plant height	وزن صد دانه Hundred seed weight	طول غلاف Pod length	عملکرد دانه خشک Dry seed yield	عملکرد بیولوژیک Biological yield	شاخص برداشت Harvest index
تعداد روز تا جوانه زنی Days to germination	1	1.00 ^{ns} (1.05)	0.44 ^{ns} (0.76)	-0.80 ^{ns} (0.89)	1.00 ^{ns} (1.02)	0.00 ^{ns} (0.00)	-1.00 ^{ns} (1.12)	1.00 ^{ns} (1.07)	-1.00 ^{ns} (1.25)
تعداد روز تا گلدهی Days to flowering	0.13 ^{ns} (0.13)	1	0.69 ^{ns} (0.61)	-0.12 ^{ns} (0.40)	0.68 ^{ns} (0.45)	0.50 ^{ns} (1.00)	-0.28 ^{ns} (0.56)	0.79 ^{ns} (0.90)	-1.00 ^{ns} (0.83)
تعداد روز تا رسیدگی Days to maturity	0.10 ^{ns} (0.11)	0.15 ^{ns} (0.13)	1	-0.26 ^{ns} (0.26)	0.67 ^{**} (0.19)	0.00 ^{ns} (0.00)	-0.60 ^{ns} (0.37)	-0.37 ^{ns} (0.49)	-0.51 ^{ns} (0.58)
ارتفاع بوته Plant height	-0.17 ^{ns} (0.11)	-0.23 [*] (0.13)	-0.14 ^{ns} (0.14)	1	-0.25 ^{ns} (0.22)	0.20 ^{ns} (0.23)	0.69 ^{**} (0.19)	0.43 ^{ns} (0.35)	0.24 ^{ns} (0.40)
وزن صد دانه Hundred seed weight	0.26 ^{**} (0.10)	0.31 ^{**} (0.12)	0.43 ^{**} (0.11)	-0.17 ^{ns} (0.15)	1	-0.15 ^{ns} (0.24)	-0.49 ^{ns} (0.28)	-0.05 ^{ns} (0.39)	-0.87 ^{ns} (0.59)
طول غلاف Pod length	0.00 ^{ns} (0.00)	0.20 ^{ns} (0.15)	0.00 ^{ns} (0.00)	0.13 ^{ns} (0.17)	-0.11 ^{ns} (0.18)	1	0.01 ^{ns} (0.001)	0.01 ^{ns} (1.00)	0.00 ^{ns} (0.00)
عملکرد دانه خشک Dry seed yield	-0.03 ^{ns} (0.10)	-0.26 ^{**} (0.11)	-0.09 ^{ns} (0.12)	0.47 ^{**} (0.09)	-0.21 ^{ns} (0.12)	0.00 ^{ns} (0.00)	1	0.90 ^{**} (0.36)	0.09 ^{ns} (0.62)
عملکرد بیولوژیک Biological yield	-0.014 ^{ns} (0.10)	0.08 ^{ns} (0.12)	-0.03 ^{ns} (0.12)	0.28 ^{**} (0.11)	-0.14 ^{ns} (0.12)	0.19 ^{ns} (0.12)	0.57 ^{**} (0.07)	1	-0.49 ^{ns} (0.61)
شاخص برداشت Harvest index	-0.06 ^{ns} (0.11)	-0.41 ^{**} (0.09)	-0.08 ^{ns} (0.11)	0.14 ^{ns} (0.13)	-0.14 ^{ns} (0.12)	0.00 ^{ns} (0.00)	0.40 ^{**} (0.09)	-0.43 ^{**} (0.08)	1

ns، * و ** به ترتیب غیرمعنی دار و معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد

ns, * and ** Non-significant and significant at the 5% and 1% probability levels, respectively

اعداد داخل پرانتز اشتباه استاندارد همبستگی های ژنوتیپی و فنوتیپی هستند.

Numbers within parentheses are the standard error of genetic and phenotypic correlations.

ژنتیکی منفی و غیرمعنی دار بود. این نتیجه با یافته های Kubure *et al.*, (2016; Fanaei *et al.*, 2019) همبستگی ژنوتیپی و فنوتیپی مثبت و معنی دار با عملکرد دانه خشک، اما منفی و غیرمعنی دار با وزن صد دانه داشت. این یافته در تطابق با نتایج پژوهشگران دیگری است که نشان دادند در گیاه باقلا، ارتفاع بوته با تولید گل و عملکرد رابطه مستقیم دارد (Hassan, 1994; Tadesse *et al.*, 2011; Jafarnodeh *et al.*, 2017; Kiyanbakht *et al.*, 2014). آنجا که در گیاه باقلا گلدهی به صورت غیرانتهایی است و در سرتاسر طول بوته گل هایی پدید می آیند که به دانه

از طرفی، ژنوتیپ هایی که زودتر وارد مرحله زایشی می شوند، دوره گلدهی خود را تا انتهای فصل رشد حفظ کرده و به همین دلیل عملکرد دانه بالاتری خواهند داشت (Jafarnodeh *et al.*, 2017). تعداد روز تا رسیدگی، دارای همبستگی ژنوتیپی مثبت و معنی دار با وزن صد دانه بود که نشان می دهد ژنوتیپ هایی با دوره رسیدگی طولانی تر، فرصت کافی برای پر شدن تک تک دانه ها دارند و در نتیجه دانه های آن ها پرتو و سنگین تر می شوند؛ اما همبستگی ژنوتیپی آن با دیگر صفات (به جز طول غلاف) از جمله ارتفاع بوته و عملکرد دانه منفی و غیرمعنی دار بود. این صفت، با عملکرد دانه دارای همبستگی فنوتیپی و

تعداد روز تا جوانه‌زنی، تعداد روز تا گلدهی و تعداد روز تا رسیدگی و هم‌چنین همبستگی فنوتیپی منفی و معنی‌دار آن با تعداد روز تا گلدهی و منفی و غیرمعنی‌دار آن با تعداد روز تا جوانه‌زنی و تعداد روز تا رسیدگی، گزینش ژنوتیپ‌های زودرس روش مناسبی برای گزینش و بهبود ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا خواهد بود که این نتایج با نتایج مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها مطابقت داشت (جدول ۴ و ۵). شاخص برداشت دارای همبستگی فنوتیپی مثبت و معنی‌دار با عملکرد دانه خشک بود، حال آنکه همبستگی ژنوتیپی آن با عملکرد دانه مثبت، اما غیرمعنی‌دار بود. این نتیجه با یافته هاشمی و محمدی (Hashemi and Mohammady, 2016) همخوانی دارد. عملکرد بیولوژیک با طول غلاف و عملکرد دانه خشک دارای همبستگی ژنوتیپی مثبت و معنی‌دار بود. هم‌چنین همبستگی فنوتیپی عملکرد بیولوژیک با ارتفاع بوته و عملکرد دانه مثبت و معنی‌دار و با صفت شاخص برداشت منفی و معنی‌دار بود (جدول ۶). دلیل همبستگی مثبت عملکرد بیولوژیک با ارتفاع بوته و عملکرد دانه ناشی از آن است که با افزایش ارتفاع بوته بر حجم اندام‌های هوایی گیاه افزوده شده و در پی آن عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک به‌طور هم‌زمان افزایش می‌یابند. در تطابق با نتیجه این پژوهش، همبستگی مثبت و معنی‌دار عملکرد دانه با عملکرد ماده خشک، ارتفاع بوته و شاخص برداشت به‌وسیله پژوهشگران دیگری نیز گزارش شده است (Kiyabakht et al., 2014; Hashemi and Mohammady, 2016; Jafarodeh et al., 2017). همبستگی ژنتیکی بین صفات، بیشتر ناشی از چندشکلی و یا پیوستگی ژن‌ها است. همبستگی ژنتیکی بیانگر میزان کواریانس دو ژن مشابه یا به‌شدت پیوسته در دو صفت متفاوت است و همبستگی محیطی از این حقیقت بر می‌آید که یک محیط می‌تواند باعث واریانس‌های هم‌زمان متفاوت در هر دو صفت شود (Singh, 1990). همان‌گونه که دیده شد، علامت ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی در همه جفت صفات با یکدیگر یکسان بودند، نشانه‌های متفاوت ضرایب همبستگی را می‌توان به اثر محیط نسبت داد که

تبدیل می‌شوند، با کاهش ارتفاع بوته، کاهش تعداد گل و در پی آن کاهش تعداد دانه رخ می‌دهد که به کاهش عملکرد دانه می‌انجامد. از طرف دیگر، وزن صد دانه در این گیاهان افزایش یافته است که ناشی از تولید تعداد کمتر دانه به‌دلیل گل‌دهی کمتر گیاهان پاکوتاه است. افزایش ارتفاع بوته نشانگر رشد رویشی مناسب گیاه و استفاده بهتر آن از شرایط محیطی است و به‌همین دلیل می‌تواند بر عملکرد دانه اثر مثبت داشته باشد. تفاوت ارتفاع بوته بین ژنوتیپ‌های باقلا در اثر تفاوت ژنتیکی آن‌ها در استفاده از منابع از قبیل عناصر غذایی و رطوبت و تابش خورشیدی است (Jafarodeh et al., 2017). وزن صد دانه، دارای همبستگی فنوتیپی مثبت و معنی‌دار با تعداد روز تا جوانه‌زنی، تعداد روز تا گل‌دهی و تعداد روز تا رسیدگی دانه بود. همبستگی ژنوتیپی این صفت با تعداد روز تا رسیدگی دانه مثبت و معنی‌دار و با دو صفت فنولوژیک دیگر مثبت و غیرمعنی‌دار بود. به‌نظر می‌رسد که گیاه با داشتن زمان کافی برای پرشدن دانه، بهتر بتواند از منابع بهره‌بردار که به افزایش وزن صد دانه در آن می‌انجامد. همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی این صفت با دیگر صفات، منفی و غیرمعنی‌دار بود. عملکرد دانه خشک، دارای همبستگی فنوتیپی مثبت و معنی‌دار با ارتفاع بوته، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت بود، در حالی که همبستگی فنوتیپی آن با تعداد روز تا گلدهی منفی و معنی‌دار بود. هم‌چنین عملکرد دانه خشک با صفات ارتفاع بوته و عملکرد بیولوژیک دارای همبستگی ژنوتیپی مثبت و معنی‌دار و با شاخص برداشت، همبستگی مثبت اما غیرمعنی‌دار بود. این نتیجه بیان‌کننده آن است که با افزایش شاخص برداشت و وزن خشک اندام هوایی، عملکرد دانه افزایش می‌یابد و یکی از راه‌های افزایش عملکرد دانه برای مواد آزمایشی بررسی شده در این پژوهش، افزایش عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت به‌طور هم‌زمان است. همان‌گونه که بالا گفته شد، افزایش ارتفاع بوته، افزایش گلدهی و تعداد دانه‌ها و در نتیجه بهبود عملکرد دانه را در پی دارد. با توجه به همبستگی ژنوتیپی منفی (اما غیرمعنی‌دار) عملکرد دانه خشک با

چنین موردی در این داده‌ها یافت نشد. همچنین در بیشتر موارد، ضرایب همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی از نظر مقدار نزدیک به هم بودند که نشان‌دهنده کاهش واریانس و کوواریانس محیطی تا یک سطح قابل چشم‌پوشی است، در مواردی که فاصله این ضرایب زیاد بود، نقش اثر محیطی می‌تواند برجسته شود.

در برنامه ارائه شده به‌وسیله هولاند (Holland, 2006) برای برآورد همبستگی ژنوتیپی، همه عوامل جز عرض از مبدأ، تصادفی به‌شمار آورده شده‌اند (Akbarpour *et al.*, 2015b) و در نتیجه این ضرایب توانایی گسترش یافتن (تعمیم) به سال‌ها و مکان‌های دیگر را دارند و تصادفی انگاشتن اثرهای محیط، ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط، تأثیر ناچیزی به‌ویژه در صورت متعادل بودن داده‌ها بر میزان برآوردها دارد و انتظار می‌رود که چنین پنداشتی، اختلاف زیادی با برآورد به‌صورت ثابت نداشته باشد (Piepho and Mohring, 2005). از دیگر دلایل برای تصادفی انگاشتن عوامل برآورد کننده ضریب همبستگی ژنوتیپی این است که ماتریس مجانب برای مؤلفه‌های واریانس که به‌صورت تصادفی برآورد می‌شوند، مستقیم با رویه REML و به روش دلتا محاسبه می‌شود (Holland *et al.*, 2003; Mode and Robinson 1959; Akbarpour *et al.*, 2015b).

در چندین مورد از جدول تجزیه همبستگی، به‌ویژه مواردی که یکی از صفات تعداد روز تا جوانه‌زنی یا طول غلاف بود، مقدار برآورد همبستگی فنوتیپی برابر با صفر و همبستگی ژنوتیپی بیشتر از یک (خارج از حدود پارامتر) بود. با اندازه نمونه‌های کوچک‌تر، حتی با داده‌های متعادل، شانس به‌دست آوردن مقادیر صفر یا منفی برای اجزای واریانس افزایش می‌یابد که منجر به تخمین صفر و یا خارج از محدوده برای همبستگی ژنوتیپی می‌شود. این امر می‌تواند ناشی از اندازه‌گیری‌های اشتباه صفت و یا نرمال نبودن داده‌ها باشد. با این وجود، روش REML توان بهتری برای ارزیابی ضرایب همبستگی و معنی‌داری آن‌ها در چنین شرایطی را دارد (Holland, 2006). برای داده‌های با چنین مشکلی در تحقیق حاضر، همبستگی‌های

فنوتیپی با روش کمترین مربعات برآورد شدند و مقدار ضرایب همبستگی فنوتیپی آن‌ها بیشتر از صفر بود، هرچند هیچ‌کدام معنی‌دار نبودند (نتایج ارائه نشده‌اند)؛ بنابراین برآورد REML می‌تواند از اعتبار بیشتری برای برآورد ضرایب همبستگی ژنتیکی و خطای معیار برای سنجیدن آن برخوردار باشد. از آنجاکه در چنین مواردی مقدار همبستگی خارج از محدوده را برابر با ۱ فرض می‌کنند (Holland, 2006)، در جدول ۶ و به‌ویژه برای دو صفت تعداد روز تا جوانه‌زنی و طول غلاف، تعدادی از ضرایب همبستگی ژنوتیپی برابر با یک گزارش شده است. راه دیگر، البته حذف چنین صفاتی از تجزیه‌ها است. چنین مواردی در پژوهش‌های دیگران نیز یافت شده است که در این راستا، سیاه‌پوش و همکاران (Siahpoosh *et al.*, 2003) اظهار داشته‌اند که همبستگی ژنوتیپی برخی صفات به‌دلیل پاره‌ای از اشتباهات غیرقابل تشخیص بزرگ‌تر از یک برآورد شده است که قابل چشم‌پوشی است.

نتایج برآورد پارامترهای ژنتیکی نشان داد که میزان وراثت‌پذیری عمومی دارای دامنه‌ای از 0.06^{ns} (تعداد روز تا جوانه‌زنی) تا 0.82^{**} (طول غلاف) بود (جدول ۷). داب‌هالکار (Dabholkar, 1992) وراثت‌پذیری ۵ تا ۱۰ درصد را کم، ۱۰ تا ۳۰ درصد را متوسط و بالاتر از ۳۰ درصد را بالا گزارش کرده است. وراثت‌پذیری عمومی صفات تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، وزن صد دانه، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت به‌ترتیب برابر با 0.15^{ns} ، 0.41^{**} ، 0.69^{**} ، 0.63^{**} ، 0.23^{**} ، 0.14^{ns} و 0.12^{ns} بود (جدول ۷). وراثت‌پذیری عمومی بالا برای صفات طول غلاف، ارتفاع بوته و وزن صد دانه نشان داد که گزینش برای این صفات می‌تواند مفید باشد.

بالا بودن وراثت‌پذیری عمومی درباره طول غلاف، ارتفاع بوته و وزن صد دانه بیانگر تأثیر بیشتر واریانس ژنتیکی در مقایسه با واریانس محیطی در توارث این صفات است و گزینش در نسل‌های اولیه اصلاحی می‌تواند برای این صفات موفقیت‌آمیز باشد.

جدول ۷- برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات اندازه‌گیری شده در باقلا بر اساس حداکثر درست‌نمایی محدودشده

Table 7. Estimation of genetic parameters of faba bean studied traits, using restricted maximum likelihood

صفات	وراثت‌پذیری عمومی	سود ژنتیکی	سود ژنتیکی بر میانگین
Traits	H ² (plot basis)	GA	GAM
تعداد روز تا جوانه‌زنی	0.06 (0.13) ^{ns}	0.07	0.31
Days to germination			
تعداد روز تا گلدهی	0.15 (0.19) ^{ns}	0.87	0.67
Days to flowering			
تعداد روز تا رسیدگی	0.41 (0.15)**	2.50	1.10
Days to maturity			
ارتفاع بوته	0.69 (0.08)**	4.71	7.02
Plant height			
وزن صد دانه	0.63 (0.10)**	13.29	12.08
Hundred seed weight			
طول غلاف	0.82 (0.05)**	5.57	66.16
Pod length			
عملکرد دانه خشک	0.23 (0.05)**	37.24	12.41
Dry seed yield			
عملکرد بیولوژیک	0.14 (0.13) ^{ns}	25.51	5.19
Biological yield			
شاخص برداشت	0.12 (0.14) ^{ns}	0.03	4.80
Harvest index			

H²: Broad-sense heritability; GA: Genetic Advance; GAM: Genetic Advance over Mean

^{ns}, * و ** به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد

^{ns}, * and ** Non-significant and significant at the 5% and 1% probability levels, respectively

اعداد داخل پرانتز اشتباه استاندارد همبستگی‌های ژنوتیپی و فنوتیپی هستند.

Numbers within parentheses are the standard error of genetic and phenotypic correlations.

ژنتیکی و پیشرفت ژنتیکی بر میانگین که در گزینش روش‌های به‌نژادی مفید است، می‌تواند در گزینش ژنوتیپ‌ها مؤثرتر باشد. بنابراین، برآوردهای وراثت‌پذیری با استفاده از سود ژنتیکی معتبرتر است (Mulualet *et al.*, 2013). بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی مربوط به عملکرد دانه (۳۷/۲۴) بود، درحالی‌که میزان پیشرفت ژنتیکی بر میانگین برای آن حدود ۱۲/۴۱ برآورد شد (جدول ۷). بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی بر میانگین، مربوط به طول غلاف (۶۶/۱۶) و کمترین میزان آن مربوط به تعداد روز تا جوانه‌زنی بود (جدول ۷). مقادیر بالای وراثت‌پذیری عمومی و پیشرفت ژنتیکی بر میانگین برای طول غلاف نشان می‌دهد که این صفت توسط اثرات ژنتیکی افزایشی کنترل می‌شود. مقدار بالای وراثت‌پذیری عمومی و سود ژنتیکی به‌همراه همبستگی ژنوتیپی و فنوتیپی معنی‌دار ارتفاع بوته با عملکرد دانه نشان می‌دهد

وزن صد دانه از ثبات بالایی برخوردار است و اندازه مخزن و قدرت مخزن بر روی آن تأثیر می‌گذارند، اما ژنوتیپ و شرایط آب و هوایی طی دوره رشد و نمو گیاه نیز بر آن مؤثر هستند. برای سایر صفات که میزان وراثت‌پذیری متوسط تا پایین بود، گزینش با توجه به تأثیرات محیطی بر روی آن‌ها موفقیت‌آمیز نیست و نقش واریانس محیطی بیشتر بوده و در نتیجه بایستی گزینش تا نسل‌های پیشرفته اصلاحی به تأخیر افتد. با توجه به اینکه وراثت‌پذیری عمومی اطلاعاتی از اندازه و بزرگی یک صفت ارائه می‌کند، وجود وراثت‌پذیری بالا فقط نشان‌دهنده مؤثر بودن گزینش بر اساس کارایی فنوتیپی است و اطلاعات به‌دست آمده از وراثت‌پذیری به‌تنهایی به بهبود صفات از طریق گزینش کمک چندانی نمی‌کند و هیچ‌گونه معیاری از مقدار پیشرفت ژنتیکی را نشان نمی‌دهد (Johnson *et al.*, 1955)؛ لذا معیار پیشرفت

که این صفت می‌تواند به‌عنوان صفت مطلوب برای بهبود عملکرد دانه خشک از طریق گزینش بکار گرفته شود و سبب بهبود ژنتیکی عملکرد دانه خشک گردد. در تطابق با نتیجه تحقیق حاضر، مبنی بر وراثت‌پذیری عمومی بالا برای ارتفاع بوته، طول غلاف و وزن صد دانه، توکر (Toker, 2004) وراثت‌پذیری عمومی بالایی را برای ارتفاع بوته و وزن صد دانه برآورد نمود. هم‌چنین ابراهیم (Ibrahim, 2010) وراثت‌پذیری را برای صفات وزن صد دانه و عملکرد دانه در بوته باقلا به‌ترتیب کم و زیاد گزارش نمودند. هم‌چنین در تطابق با نتیجه تحقیق حاضر، شریفی و همکاران (Sharifi et al., 2015) وراثت‌پذیری عمومی بالایی را برای ارتفاع بوته، طول غلاف و وزن صد دانه گزارش کردند.

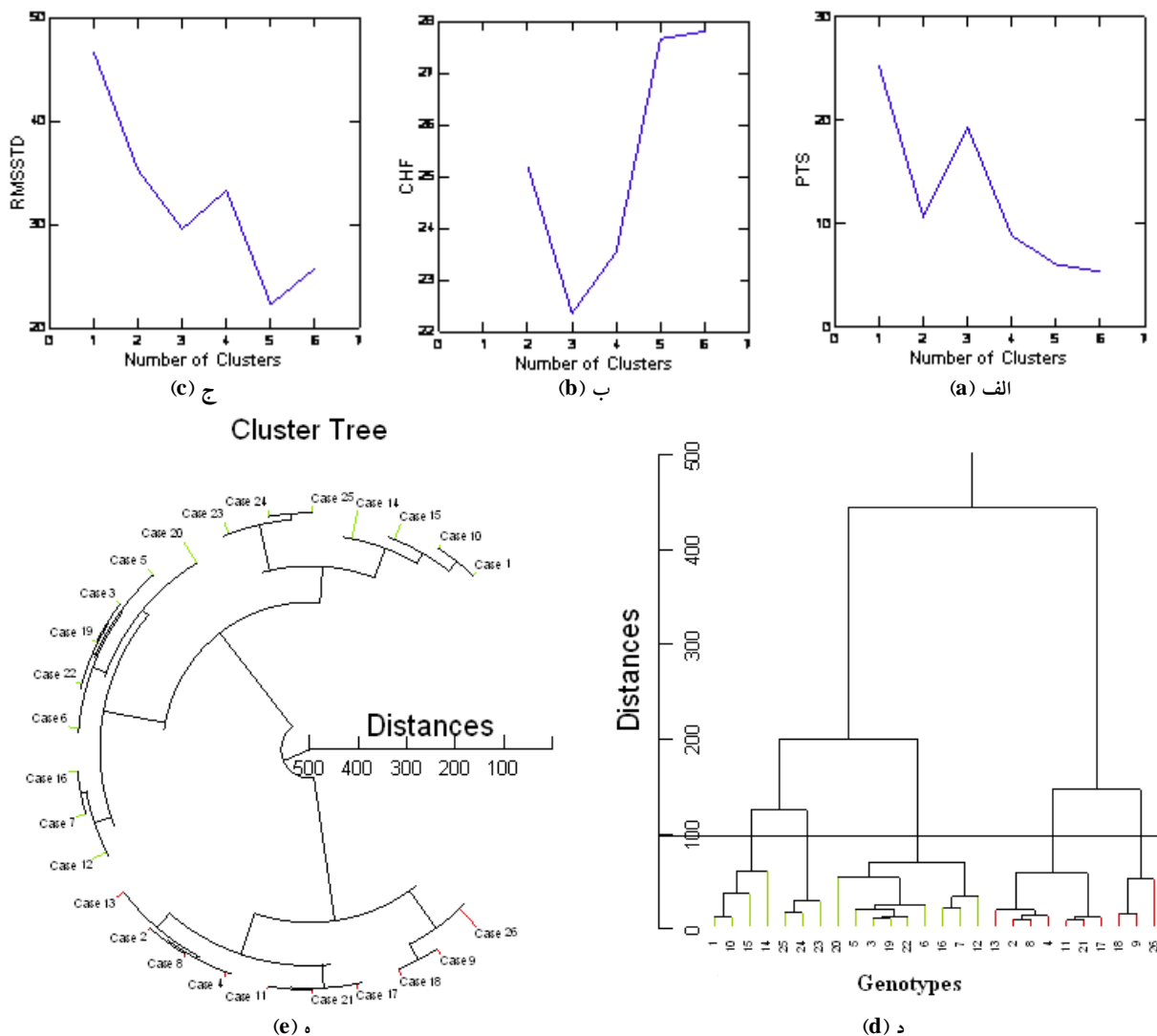
بر اساس نمودارهای RMSSTD، یک شکستگی یا زانو در محل کلاستر پنجم؛ T^2 کاذب، یک جهش مشخص در محل کلاستر چهارم و F کاذب، یک پیک دیده شد (شکل ۱-الف، ب، ج). بنابراین، با توجه به اینکه یک جهش مشخص در آماره T^2 کاذب در مرحله k از خوشه‌بندی، بیانگر خوشه مناسب در مرحله k+1 است و وجود زانو و پیک در کلاستر پنجم (Sharifi, 2020)، تعداد مناسب خوشه‌ها پنج عدد برآورد گردید. نتایج تجزیه خوشه‌ای در شکل ۱-د نشان داد که ۲۶ ژنوتیپ باقلا در پنج گروه جای گرفتند. به‌طوری‌که گروه اول، ژنوتیپ‌های ۱، ۱۰، ۱۵ و ۱۴؛ گروه دوم، ژنوتیپ‌های دانه‌ریز ۲۵، ۲۴ و ۲۳؛ گروه سوم، ژنوتیپ‌های ۲۰، ۵، ۲۳، ۱۹، ۲۲، ۱۶، ۶، ۷ و ۱۲؛ گروه چهارم، ژنوتیپ‌های ۱۳، ۲، ۸، ۱، ۱۱، ۲۱، ۱۷؛ و گروه پنجم، ژنوتیپ‌های ۱۸، ۹ و ۲۶ را در برداشتند. در گروه اول، ژنوتیپ‌های ۱ و ۱۰، بیشترین وزن صد دانه را در دو سال انجام آزمایش داشتند. در گروه پنجم ژنوتیپ ۲۶ از نظر صفاتی هم‌چون ارتفاع بوته و عملکرد دانه سرآمد بود. علاوه‌بر نمودار درختی مرسوم، یک نمودار تجزیه خوشه‌ای قطبی نیز ارائه شده است که نتایج آن همانند تجزیه خوشه‌ای درختی است (شکل ۱-ه). شریفی و امین‌پناه (Sharifi and Aminpanah, 2014) هم در پژوهشی، ۱۰ ژنوتیپ باقلا را با تجزیه خوشه‌ای

گروه‌بندی کردند و ژنوتیپ‌هایی با اندازه دانه متفاوت را در یک گروه مشاهده کردند. این روش به‌وسیله پژوهشگران دیگری هم برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌های باقلا استفاده شده است (Fanaei et al., 2019; Sarparast et al., 2018).

دندروگرام تجزیه خوشه‌ای نشان داد که خوشه‌بندی ۲۶ ژنوتیپ باقلا وابسته به منشأ و اندازه آن‌ها نیست. بنابراین، در این مواد آزمایشی بررسی شده، منشأ ژنوتیپ‌ها عامل تعیین‌کننده‌ای برای اجزای عملکرد دانه و دیگر صفات اندازه‌گیری شده نبود. علت احتمالی گروه‌بندی ژنوتیپ‌های با منشأ متفاوت در یک خوشه می‌تواند ناشی از تبادل آزاد ژرم‌پلاسم در میان اصلاح‌کنندگان از مناطق مختلف یا انتخاب یک‌جهت توسط اصلاح‌گر برای مناسب کردن ارقام امیدبخش در مناطق مختلف باشد (Verma and Mehta, 1976). این نشان می‌دهد که در مراکز مختلف منشأ، انتخاب در جهت هدف مشابه بین ژنوتیپ‌ها بوده است. هم‌چنین خوشه‌بندی متفاوت ژنوتیپ‌ها از مبدأ یکسان ممکن است به دلیل سازگاری افتراقی بر اساس اکوسیستم‌های مختلف کشاورزی باشد (Senapati and Sarkar, 2005).

به‌طور کلی با استفاده از برآوردهای مختلف به روش حداکثر درست‌نمایی و تجزیه واریانس و هم‌چنین تجزیه خوشه‌ای ملاحظه شد که تنوع ژنتیکی قابل‌ملاحظه‌ای بین ژنوتیپ‌های مختلف از نظر عملکرد دانه خشک و دیگر صفات وجود داشت. هم‌چنین برآورد همبستگی‌های ژنوتیپی و فنوتیپی با روش REML نشان از همبستگی ژنوتیپی مثبت و معنی‌دار عملکرد دانه با ارتفاع بوته و عملکرد بیولوژیک داشت.

عملکرد دانه با صفت تعداد روز تا گلدهی دارای همبستگی فنوتیپی منفی و معنی‌دار و با صفات ارتفاع بوته، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت دارای همبستگی فنوتیپی مثبت و معنی‌دار بودند. بنابراین گزینش ژنوتیپ‌های زودرس، روش مناسبی برای گزینش و بهبود ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا در باقلا خواهد بود.



شکل ۱- الف، ب، ج: نمودارهای تعیین‌کننده تعداد مناسب خوشه؛ د: نمودار درختی (دندروگرام)؛ ه: نمودار قطبی.
 Figure 1. a, b, c: Deterministic graphs for sufficient cluster; d: Tree diagram (dendrogram); e: Polar diagram

خشک باقلا از طریق گزینش، بهره گرفت. هم‌چنین نتایج مقایسه میانگین نشان داد که رقم بروجرد (ژنوتیپ ۲۶) و ژنوتیپ ۲۰ با عملکرد بالا در هر دو سال می‌توانند به‌عنوان ژنوتیپ‌های مطلوب بکار گرفته شوند.

از طرفی با توجه به مقادیر بالای وراثت‌پذیری عمومی و پیشرفت ژنتیکی برای ارتفاع بوته و همبستگی ژنوتیپی بالای این صفت با عملکرد دانه خشک، می‌توان از ارتفاع بوته به‌عنوان صفت مطلوب برای بهبود عملکرد دانه

References

- Acikgoz, E., Ustun, A., Gul, I., Anlarsal, E., Tekeli, A.S., Nizam, I., Avcıoglu, R., Geren, H., Cakmakci, S., Aydinoglu, B., Yucel, C., Acar, M., Ayan, I., Uzum, A., Bilgili, U., Sincik, M. and Yavuz, M. (2009). Genotype × environment interaction and stability analysis for dry matter and seed yield in field pea (*Pisum sativum* L.). *Spanish Journal of Agricultural Research*, **7**: 96-106.
- Ahmed, A.M.O., Yagoub, S.O. and Olway, A. (2010). Seed yielding of faba bean (*Vicia faba* L) cultivars grown in southern Sudan environment (*Malakal* locality). *Journal of Boiological Sciences*, **6**(6): 1042-1046.
- Akbarpour, O. (2017). Application of variance components estimators in plant breeding (Review Article). *Plant Genetic Researches*, **4**(1): 1-24 (In Persian).
- Akbarpour, O., Dehghani, H. and Roustafar, M.J. (2015a). Evaluation of salt stress of Iranian wheat germplasm under field conditions. *Crop and Pasture Science*, **66**: 770-781.

- Akbarpour, O., Dehghani, H., Rousta, M.J., and Amini, A.** (2015b). Evaluation of some properties of Iranian wheat genotypes in normal and salt-stressed conditions using restricted maximum likelihood (REML). *Iranian Journal of Field Crop Science*, **46**: 57-69 (In Persian).
- Al Barri, T. and Shtaya, J.Y.** (2013). Phenotypic characterization of faba bean (*Vicia faba* L.) landraces grown in Palestine. *Journal of Agricultural Science*, **5**: 110-117.
- Al Barri, T.H.M.** (2012). Phenotypic characterization of faba bean (*Vicia faba* L.) landraces grown in Palestine. M.Sc. Thesis, An-Najah National University, Nablus, PS.
- Alghamdi, S.S.** (2007). Genetic behavior of some selected faba bean genotypes. *African Crop Science Conference Proceedings*, **8**: 709-714.
- Azarpour, E., Bidarigh, S., Moraditochae, M., Khosravi Danesh, R., Bozorgi, H.R. and Bakian, M.** (2012). Path coefficient analysis of seed yield and its components in faba bean (*Vicia faba* L.) under nitrogen and zinc Fertilizer management. *International Journal of Agriculture and Crop Sciences*, **4(21)**: 1559-1561.
- Bakheit, M.A. and Metwali, E.M.** (2011). Pedigree selection for seed yield and number of pods per main stem in two segregation populations of Faba bean (*Vicia faba* L.). *World Applied Sciences Journal*, **15**: 1246-1252.
- Bora, G.C., Gupta, S.N., Tomer, Y.S. and Singh, S.** (1998). Genetic variability, correlation and path analysis in faba bean (*Vicia faba*). *Indian Journal of Agricultural Sciences*, **68(4)**: 212-214.
- Boshagh, B., Astraki, H. and Pezashkipour, P.** (2018). Evaluation of faba bean genotypes using drought tolerance indices and multivariate statistical Methods. *Journal of Crop Breeding*, **10(27)**: 1-9 (In Persian).
- Chaieb, N., Gonzalez, J.L., Mesas, M.L., Bouslama, M. and Valiente, M.** (2011). Polyphenols content and antioxidant capacity of thirteen faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes cultivated in Tunisia. *Food Research International*, **44**: 970-977.
- Chaubey, B.K., Yadav, C.B., Mishra, V.K. and Kumar, K.** (2012). Genetic divergence analysis in faba bean (*Vicia faba* L.). *Trend Biosciences*, **5(1)**: 64-67.
- Dabholkar, A.R.** (1992). *Elements of Biometrical Genetics*. Concept Publishing Company, New Delhi, IN.
- Fanaei, H.M., Akbari Mghadam, A., Raofi, A. and Khajeh Dad Keshtehgar, M.** (2019). Evaluation of agronomic characteristics, seed yield and yield components of faba bean (*Vicia faba* L.) varieties in sisthan region in Iran. *Seed and Plant Improvement Journal*, **34(4)**: 423-446 (In Persian).
- FAO.** (2015). Food and Agriculture Organization, Annual Statistics Reports. <http://faostat.fao.org/567>.
- Hashemi, M. and Mohammady, S.** (2016). Evaluation of grain yield and yield components in some imported faba bean genotypes (*Vicia faba* L.). *Journal of Crop Breeding*, **8(18)**: 97-103 (In Persian).
- Hassan, M.S.** (1984). Introduction of broad beans (*Vicia faba* L.) into the central clay plains of the Sudan. *Acta Horticulture*, **19**: 199-207.
- Holland, J.B.** (2006). Estimating genotypic correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc MIXED. *Crop Science*, **46**: 642-654.
- Holland, J.B., Nyquist, W.E. and Cervantes-Martínez, C.T.** (2003). Estimating and interpreting heritability for plant breeding: an update. *Plant Breeding Reviews*, **22**: 9-112.
- Ibrahim, H.M.** (2010). Heterosis, combining ability and components of genetic variance in faba bean (*Vicia faba* L.). *Meteorology, Environment and Arid Land Agriculture Sciences*, **21(1)**: 35-50.
- Ismaili, A., Karami, F., Akbarpour, O. and Rezaei Nejad, A.** (2016). Estimation of genotypic correlation and heritability of apricot traits, using restricted maximum likelihood in repeated measures data. *Canadian Journal of Plant Science*, **96**: 439-447.
- Jafarnodeh, S., Sheikh, F. and Soltani, A.** (2017). Identification of plant characteristics related to seed yield of faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes using regression models. *Iranian Journal of Crop Sciences*, **19(3)**: 208-219 (In Persian).
- Johnson, H.W., Robinson, H.F. and Comstock, R.E.** (1955). Estimates of genetic and environmental variability in soybean. *Agronomy Journal*, **47**: 314-318.
- Kalia, P. and Sood, S.H.** (2004). Genetic variation and association analysis for pod yield and other agronomic and quality characters in an Indian Himalayan collection of broad bean (*Vicia faba* L.). *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, **36(2)**: 55-61.
- Karadavut, U., Palta, C., Kavurmaci, Z. and Bölek, Y.** (2010). Some grain yield parameters of multi-environmental trials in faba bean (*Vicia faba*) genotypes. *International Journal of Agriculture and Biology*, **12**: 217-220.
- Kiyanbakht, M., Zeinali, E., Siahmarguee, A., Sheikh, F. and Pouri, G.M.** (2014). Effect of sowing date on grain yield and yield components and green pod yield of three faba bean cultivars in Gorgan climatic conditions. *Electronic Journal of Crop Production*, **8(1)**: 99-119 (In Persian).

- Kubure, T.E., Raghavaiah, C.V. and Hamza, I.** (2016). Production potential of faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes in relation to plant densities and phosphorus nutrition on vertisols of central highlands of west showa zone, Ethiopia, East Africa. *Advances Crop Science and Technology*, **4**: 1-9.
- Kumar, P., Das, R.R., Bishnoi, S.K. and Sharma, V.** (2017). Inter-correlation and path analysis in faba bean (*Vicia faba* L.). *Electronic Journal of Plant Breeding*, **8(1)**: 395-397.
- Metwally, I.M., Shahawy, T.A. and Ahmed, M.A.** (2013). Effect of sowing dates and some broomrape control treatments on faba bean growth and yield. *Journal of Applied Sciences Research*, **9(1)**: 197-204.
- Mode, C.J. and Robinson, H.F.** (1959). Pleiotropism and the genetic variance and covariance. *Biometrics*, **15**: 518-537.
- Mueller, J.P. and James, J.W.** (1983). Effects of reduced variance due to selection in open nucleus breeding system. *Agricultural Research*, **34**: 53-62.
- Mulualem, T., Dessalegn, T. and Dessalegn, Y.** (2013). Genetic variability, heritability and correlation in some faba bean genotypes (*Vicia faba* L.) grown in Northwestern Ethiopia. *International Journal of Gene and Molecular Biology*, **5(1)**: 8-12.
- Piepho, H.P. and Mohring, J.** (2005). Best linear unbiased prediction of cultivar effects for subdivided target regions. *Crop Science*, **45**: 1151-1159.
- Roy, D.** (2000). *Plant Breeding Analysis and Exploitation of Variation*. Alpha Science International Ltd, Oxford, UK.
- Sarparast, R., Sheikh, F. and Sowghi, H.A.** (2011). Investigation of genotype and environment interaction and cluster analysis for seed yield in different lines of faba bean (*Vicia faba* L.). *Iranian Journal of Pulses Research*, **2(1)**: 99-106 (In Persian).
- SAS Institute.** (2010). *Base SAS 9.2 Procedures Guide: Statistical Procedures, 3 Edition*. SAS Institute, Cary, North Carolina, USA.
- Selvaraj, C.I., Nagarajan, P., Thiyagarajan, K., Bharathi, M. and Rabindran, R.** (2011). Genetic parameters of variability, correlation and path coefficient studies for grain yield and other yield attributes among rice blast disease resistant genotypes of rice (*Oryza Sativa* L.). *African Journal of Biotechnology*, **10(17)**: 3322-3334.
- Senapati, B.K. and Sarkar, G.** (2005). Genetic divergence in tall indica rice (*Oryza sativa* L.) under rainfed saline soil of Sundarban. *Oryza*, **42(1)**: 70-72.
- Shapiro, S.S., and Wilk, M.B.** (1965). An analysis of variance test for normality (complete samples). *Biometry*, **52**: 591-611.
- Sharifi, P.** (2013). *Statistical Design in Agricultural Research: Principles, Procedures and Analysis by SAS, SPSS and Minitab*. Rasht Branch, Islamic Azad University Press, Rasht, IR (In Persian).
- Sharifi, P.** (2014). Correlation and path coefficient analysis of yield and yield component in some of broad bean (*Vicia faba* L.) genotypes. *Genetika*, **46(3)**: 905-914.
- Sharifi, P.** (2020). *Application of Multivariate Analysis Methods in Agricultural Sciences*. Rasht Branch, Islamic Azad University Press, Rasht, IR (In Persian).
- Sharifi, P. and Aminpanah, H.** (2014). A study on the genetic variation in some of faba bean genotypes using multivariate statistical techniques. *Tropical Agriculture*, **91(2)**: 87-97.
- Sharifi, P., Astereki, H. and Safari Motlagh, M.R.** (2014). Evaluation of genotype, environment and genotype × environment interaction effects on some of important quantitative traits of faba bean (*Vicia faba* L.). *Journal of Crop Breeding*, **6(13)**: 73-88 (In Persian).
- Siahpoosh, M.S., Emam, Y. and Saidi, A.** (2003). Genotypic variation, heritability, genotypic and phenotypic correlation coefficients of grain yield, its components and some morpho-physiological characters in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Iranian Journal of Crop Sciences*, **5(2)**: 86-102 (In Persian).
- Singh, M.** (1990). *Standard Errors of the Estimates of Genotypic and Phenotypic Correlation*. Biometrics Report 1/90, Computer Service, ICARDA, Aleppo, SY.
- Systat.** (2014). *Systat 13 Statistical Software*. University of Illinois Press, Chicago, USA.
- Tadesse, T., Fikere, M., Legesse, T. and Parven, A.** (2011). Correlation and path coefficient analysis of yield and its component in faba bean (*Vicia faba* L.) germplasm. *International Journal of Biodiversity and Conservation*, **3(8)**: 376-382.
- Toker, C.** (2004). Estimates of broad-sense heritability for seed yield and yield criteria in faba bean (*Vicia faba* L.). *Hereditas*, **140**: 222-225.
- Verma, V.S. and Mehta, R.K.** (1976). Genetic divergence in Lucerne. *Journal of Maharashtra Agricultural University*, **1**: 23-28.

Estimation of Genotypic Correlation and Heritability of some of Traits in Faba Bean Genotypes Using Restricted Maximum Likelihood (REML)

Hossein Astaraki¹, Peyman Sharifi^{2,*} and Fatemeh Sheikh³

- 1- M.Sc., Department of Pulses, Borujerd Agricultural Research Station, Lorestan Agriculture and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO) Borujerd, Iran.
- 2- Associate Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Rasht Branch, Islamic Azad University, Rasht, Iran
- 3- Assistant Professor, Department of Agronomy and Horticulture, Agriculture and Natural Resources Research and Education Center of Golestan, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran

(Received: October 18, 2019 – Accepted: February 14, 2020)

Abstract

In order to estimation genotypic correlation and heritability of some faba bean traits, 26 faba bean genotypes were evaluated in a randomized complete block design with three replications during 2014-16 growing seasons in Agricultural Research Sation of Borujerd located in Lorestan province, Iran. The restricted maximum likelihood (REML) was used to estimate the genotypic and phenotypic correlations, broad sence heritability and genetic gain. Analysis of variance based on least squares and REML indicated significant effect of genotype on days to maturity, plant height, hundred seed weight, pod length and dry seed yield. Genotype×year interactions were significant on all of the traits except of pod length. Borujerd cultivar (G26) and G20 had the highest dry seed yield in both of years. REML results indicated a significant positive genetic correlation between dry seed yield and biological yield and plant height. Also, there were a significant negative phenotypic correlation between dry seed yield and days to maturity, and significant positive phenotypic correlation between dry seed yield and plant height, biological yield and harvest index. So, the selection of early maturing genotypes with a higher yield is achievable and selection can be done to improve the performance of dry seed yield. Cluster analysis indicated variability among genotypes. According to values of broad sence heritability and genetic gain for plant height and high genetic correlation of this trait and dry seed yield; plant height can be used as a suitable trait for improving dry seed yield by selection.

Keywords: Faba bean, Cluster analysis, Restricted Maximum Likelihood, Mixed model, Heritability

* Corresponding Author, E-mail: sharifi@iaurasht.ac.ir