

## Comparison of Genetic Diversity of Iranian And Foreign Safflower Genotypes Using Multivariate Statistical Methods

Hamid jabbari<sup>1\*</sup>, Hamid Reza Fanaei<sup>2</sup>, Farnaz Shariati<sup>1</sup>, Hamid Sadeghi Garmarodi<sup>1</sup>,  
Mohamad Abasali<sup>1</sup>, Amir Hasan Omid<sup>1</sup>

Received: 26 January 2022 Accepted: 26 January 2023

1- Assist. Prof., of Seed and Plant Improvement Institute (SPII), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.

2- Assoc. Prof., of Seed and Plant Improvement Institute (SPII), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.

\*Corresponding Author Email: h.jabbari@areeo.ac.ir

### Abstract

**Background and Objective:** The present study was conducted to compare the genetic diversity of 158 foreign and Iranian safflower genotypes with six Iranian safflower cultivars.

**Materials and Methods:** The experiment was carried out in the Augment design with three replications during the 2017-17 at Zahak Agricultural and Natural Resources Research Station in Zabol county. In this study, 158 safflower genotypes from the institute of plant genetics and crop plant research (IPK) and International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT) along with six Iranian safflower cultivars (Sofeh, Goldasht, Golmehr, Padideh, Faraman and Golmehrs) were evaluated as controls.

**Results:** The results showed high genetic diversity in the germplasm. Among the phenologic traits, the highest range was observed in the number of days to bolls formation. For the days to the beginning of flowering and growth period duration, range was less. In principal components analysis (PCA), the first component was named grain yield and dry matter and the second component was named phenology. Based on the results of biplot, genotypes were classified into four groups. The first group includes late matutity and tall genotypes, the second group includes genotypes with high grain yield and harvest index (HI), the third group includes late matutity genotypes with low grain yield and the fourth group includes early matutity genotypes with lowest grain yield and HI. Genotype No. 100 with unknown origin ( $6044 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ) had the highest grain yield and genotypes No. 153 (Mexico), 169 (Mexico), 134 (North Korea), 122 (Poland), 124 (unknown), 130 (unknown) and 131 (North Korea) had high grain yield. The orthogonal comparison of 20 Iranian genotypes versus 138 foreign genotypes showed that no difference was observed for plant height, but in terms of grain yield, biomass and harvest index, foreign genotypes were significantly higher than Iranian genotypes.

**Conclusion:** Genetic diversity by different statistical analyzes was well able to differentiate safflower genotypes and can be used from grouping obtained from statistical methods for select appropriate parents genotypes in safflower breeding programs.

**Keywords:** Biplot Analysis, Cluster Analysis, Grain Yield, Grouping, Late Mature

## مقایسه تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های ایرانی و خارجی گلرنگ با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره

حمید جباری<sup>۱\*</sup>، حمیدرضا فنایی<sup>۲</sup>، فرناز شریعتی<sup>۱</sup>، حمید صادقی گرمارودی<sup>۱</sup>، محمد عباسعلی<sup>۱</sup>، امیرحسین امید<sup>۱</sup>

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۱۱/۹ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۱/۶

۱- استادیار مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

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

\* مسئول مکاتبه: Email: h.jabbari@areeo.ac.ir

### چکیده

اهداف: پژوهش حاضر به منظور مقایسه تنوع ژنتیکی ۱۵۸ ژنوتیپ خارجی و ایرانی گلرنگ با شش رقم زراعی گلرنگ ایرانی انجام شد.

مواد و روش‌ها: آزمایش در قالب طرح آگمنت در سه تکرار طی سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶ در ایستگاه تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی زهک شهرستان زابل انجام شد. در این بررسی، ۱۵۸ ژنوتیپ گلرنگ موجود در مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی و گیاهان زراعی (IPK) و مرکز بین‌المللی اصلاح گندم و ذرت (CIMMYT) به همراه شش رقم زراعی گلرنگ کشور (صفا، گلدشت، گل مهر، پدیده، فرامان و پرنیان) به عنوان شاهد مورد ارزیابی قرار گرفتند.

یافته‌ها: نتایج بیانگر وجود تنوع ژنتیکی بالا در ژرم پلاسما مورد مطالعه بود. در بین صفات نمودی بیشترین دامنه تغییرات در تعداد روز تا غوزه‌دهی مشاهده شد و برای صفات تعداد روز تا آغاز گل‌دهی و طول دوره رشد تنوع کمتری وجود داشت. در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، مؤلفه اول عملکرد دانه و ماده خشک و مؤلفه دوم فنولوژی نام گرفت. براساس نتایج حاصله از ترسیم نمودار بای پلات ژنوتیپ‌های آزمایشی به چهار گروه طبقه‌بندی شدند. گروه اول شامل ژنوتیپ‌های دیررس و پابلند، گروه دوم شامل ژنوتیپ‌هایی با عملکرد دانه و شاخص برداشت زیاد، گروه سوم شامل ژنوتیپ‌های دیررس با عملکرد دانه کم و گروه چهارم شامل ژنوتیپ‌های زودرس با عملکرد دانه و شاخص برداشت کم بودند. بیشترین عملکرد دانه را ژنوتیپ شماره ۱۰۰ با مبدأ نامشخص دارا بود (۶۰۴۴ کیلوگرم در هکتار) و ژنوتیپ‌های شماره ۱۵۳ (مکزیک)، ۱۶۹ (مکزیک)، ۱۳۴ (کره شمالی)، ۱۲۲ (لهستان)، ۱۲۴ (نامشخص)، ۱۳۰ (نامشخص) و ۱۳۱ (کره شمالی) عملکرد دانه زیادی داشتند. مقایسه اورتوگونال ۲۰ ژنوتیپ ایرانی در برابر ۱۳۸ ژنوتیپ خارجی گلرنگ نشان داد که با وجود عدم اختلاف معنی‌دار از نظر ارتفاع بوته، میانگین عملکرد دانه، بیوماس و شاخص برداشت در ژنوتیپ‌های خارجی به‌طور معنی‌داری بیشتر از ژنوتیپ‌های ایرانی بود.

نتیجه‌گیری: نتایج بررسی تنوع ژنتیکی به وسیله تجزیه‌های آماری مختلف به خوبی قادر به تفکیک ژنوتیپ‌های گلرنگ بود و می‌توان از گروه‌بندی حاصل از روش‌های آماری بکار برده شده در این تحقیق در انتخاب ژنوتیپ‌های والدی مناسب جهت پیشرفت برنامه‌های به نژادی گلرنگ استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی: تجزیه بای‌پلات، تجزیه خوشه‌ای، دیررس، عملکرد دانه، گروه بندی

## مقدمه

گلرنگ (*Carthamus tinctorius L.*) یکی از دانه‌های روغنی مهم ایران بوده که توانایی بسیار زیادی برای رشد در شرایط مختلف دارد، ولی سطح کشت آن در مناطق مختلف دنیا به دلیل نبود اطلاعات در زمینه مدیریت محصول و در دسترس نبودن ارقام مناسب و پرروغن، محدود شده است. روغن دانه گلرنگ به علت کیفیت خوب و دارا بودن حدود ۹۰ درصد اسیدهای چرب غیر اشباع (دو اسید چرب لینولئیک و اولئیک) به خوبی شناخته شده است (لیو و همکاران ۲۰۱۶؛ اوشا کیران و همکاران ۲۰۱۷). وجود تنوع ژنتیکی بالا در ژرم پلاسما گلرنگ، پتانسیل زیادی را در راستای برنامه‌های اصلاح گلرنگ ایجاد می‌کند (موسوی اجاق و همکاران ۲۰۲۰) و بررسی ژنوتیپ‌های جدید و ایجاد جمعیت متنوع از نظر تاریخ رسیدگی، عملکرد دانه، روغن و علوفه یکی از ملزومات پیشرفت در اصلاح گلرنگ است (شینواری و همکاران ۲۰۱۴). از این رو، مطالعه تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف اطلاعات ارزشمندی در مورد استفاده از ژرم پلاسما به منظور بهبود برنامه‌های اصلاحی فراهم می‌کند (غلامی و همکاران، ۲۰۱۸) و اطلاعات حاصل از بررسی تنوع و فواصل ژنتیکی ژرم پلاسماهای بین‌المللی برای مدیریت و بهره‌وری ذخایر توارثی برای به‌نژادگران ضروری است (جهانی و همکاران ۲۰۱۶).

مطالعات تنوع ژنتیکی فرآیندی است که تفاوت یا شباهت گونه‌ها، جمعیت‌ها و یا افراد را با استفاده از روش‌ها یا مدل‌های آماری خاصی بیان می‌کند (جهانی و همکاران ۲۰۱۶). بررسی تنوع ژنتیکی ۱۲۷ ژنوتیپ گلرنگ در شرایط نیمه خشک با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی به چهار خوشه اصلی تفکیک شدند (موسوی اجاق و همکاران ۲۰۲۰). خوشه اول شامل ژنوتیپ‌های زودگل و خاردار، خوشه دوم شامل ژنوتیپ‌هایی با پتانسیل عملکرد و ارتفاع بوته زیاد، خوشه سوم شامل ژنوتیپ‌های پاکوتاه و خاردار و خوشه چهارم شامل ژنوتیپ‌های نیمه پاکوتاه، خاردار و نسبتاً زودگل با عملکرد دانه نسبتاً کم بودند. براساس ترسیم نمودار بای پلات، ژنوتیپ‌ها در ۴ گروه طبقه بندی شدند که ژنوتیپ‌های موجود در گروه‌های اول و دوم از نظر عملکرد دانه برتر بودند. همچنین

ژنوتیپ‌های پابلند از عملکرد دانه بیشتری در مقایسه با ژنوتیپ‌های پا کوتاه برخوردار بودند و اکثر ژنوتیپ‌های خاردار زودگل‌تر از ژنوتیپ‌های بدون خار بودند (موسوی اجاق و همکاران ۲۰۲۰).

نتایج آزمایش عباسعلی و همکاران (۲۰۰۶) نشان داد که در بین ۸۱ ژنوتیپ گلرنگ تنوع مطلوبی وجود داشت به طوری که می‌توان از این تنوع برای اهداف مختلف اصلاحی استفاده کرد. همچنین همبستگی تعداد غوزه در بوته با عملکرد دانه مثبت و با شاخص برداشت منفی بود و بین درصد روغن با تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی همبستگی مثبت دیده شد (عباسعلی و همکاران ۲۰۰۶).

گلکاری (۲۰۱۱) در آزمایشی روی ۸۹ ژنوتیپ گلرنگ دریافت که بر اساس تجزیه به عامل‌ها صفات عملکرد بیولوژیک، عملکرد روغن، درصد سبز شدن و شاخص برداشت در عامل اصلی قرار گرفتند و عامل به‌ورزی نام‌گذاری شد. خوشه‌بندی بندی برای کلیه صفات مورد ارزیابی، ژنوتیپ‌ها را در ۵ خوشه گروه‌بندی کرد که لاین‌های موجود در خوشه اول و سوم از نظر صفات عملکرد دانه از ارزش بالاتری نسبت به میانگین کلیه ژنوتیپ‌ها برخوردار بودند.

در بررسی تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در ۲۵ لاین و ژنوتیپ گلرنگ دو مؤلفه اول و دوم مجموعاً ۷۹ درصد تغییرات را توجیه کردند و صفات مورفولوژیک و فنولوژیک مثل ارتفاع بوته، تعداد غوزه در بوته، وزن هزار دانه و تعداد دانه در غوزه دارای مقادیر بالای بردارهای ویژه بودند (عبدی‌پور و همکاران ۲۰۱۹).

توسعه منابع ژرم پلاسما از طریق واردات ژنوتیپ‌های جدید و مقایسه ژنوتیپ‌های خارجی با ارقام داخلی (به عنوان شاهد) از نظر صفات مطلوب زراعی می‌تواند کارایی برنامه‌های اصلاحی گلرنگ را بهبود بخشد (میرآبادی و همکاران ۲۰۱۸). همچنین در صورت شناسایی ارقام گلرنگ خارجی زودرس، بدون خار، پریپتانسیل و در عین حال سازگار با شرایط آب و هوایی مناطق گرم و خشک کشور امکان توصیه کشت آن وجود خواهد داشت. از این رو هدف از مطالعه حاضر، مقایسه تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های ایرانی و خارجی گلرنگ از نظر

برخی صفات زراعی و مورفولوژیک با استفاده از روش-های آماری چند متغیره نظیر تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی می‌باشد.

### مواد و روش‌ها

در این پژوهش ۱۱۸ ژنوتیپ گلرنگ موجود در مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی و گیاهان زراعی<sup>۱</sup>، ۳۴ ژنوتیپ موجود در مرکز بین‌المللی اصلاح گندم و ذرت<sup>۲</sup> و شش رقم زراعی گلرنگ کشور ایران (جدول ۱) در قالب طرح آگمنت طی سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶ در ایستگاه تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی زهک شهرستان زابل مورد ارزیابی قرار گرفتند. عرض

جغرافیایی محل انجام آزمایش، ۳۱ درجه و ۵۴ دقیقه شمالی و طول جغرافیایی آن ۶۱ درجه و ۴۱ دقیقه شرقی بوده و ارتفاع آن از سطح دریا ۴۸۳ متر است. شهرستان زابل از نظر سیستم طبقه‌بندی کوپن دارای اقلیم بیابانی گرم و خشک<sup>۳</sup> است. میانگین بارش سالانه در این شهرستان ۵۹ میلی‌متر و دمای آن در سال از ۹/۵- تا ۴۹ درجه سانتی‌گراد متغیر است. متوسط درجه حرارت منطقه در یک دوره ۳۰ ساله برابر ۲۲ درجه سانتی‌گراد است. خاک محل آزمایش دارای بافت لومی شنی بود و نتایج حاصل از تجزیه فیزیکی و شیمیایی خاک محل آزمایش در جدول ۱ ارائه شده است.

جدول ۱- خصوصیات فیزیکوشیمیایی خاک مزرعه

عمق خاک	بافت خاک	اسیدیته خاک	کربن آلی (%)	هدایت الکتریکی (dS.m <sup>-1</sup> )	فسفر قابل جذب (mg.kg <sup>-1</sup> )	پتاسیم قابل جذب (mg.kg <sup>-1</sup> )	نقطه پژمردگی (%)	ظرفیت زراعی (%)
۰-۳۰	لومی شنی	۸/۲	۰/۳۳	۴/۲	۸	۱۳۴	۶/۳	۱۳/۱

رطوبت خاک به طور مرتب و روزانه در عمق توسعه ریشه (عمق ۶۰ سانتی‌متری) به وسیله دستگاه T.D.R اندازه‌گیری شد و زمانی که تخلیه رطوبت قابل استفاده خاک به میزان ۴۵ درصد کاهش یافت آبیاری انجام شد. تعداد دفعات آبیاری ۶ مرتبه و میزان آب مصرفی با استفاده از کنتور حجمی برابر با ۴۱۰۴ متر مکعب در هکتار محاسبه شد.

در طی دوره رشد برخی از صفات فنولوژی و مورفولوژی مانند تعداد روز تا غوزه‌دهی، آغاز گل‌دهی، ۵۰ درصد گل‌دهی، پایان گل‌دهی، طول دوره گل‌دهی و طول دوره رشد مورد ارزیابی قرار گرفت (امونگور ۲۰۱۰). در پایان فصل رشد با قهوه‌ای شدن براکته‌های اطراف غوزه، تعداد ۱۰ بوته از دو ردیف کاشت به‌طور تصادفی انتخاب و ارتفاع بوته و تعداد غوزه در بوته تعیین و با انتخاب ۲۰ غوزه تصادفی از هر کرت نیز تعداد دانه در غوزه محاسبه گردید (فنایی و همکاران ۲۰۱۵). وزن هزار دانه با ترازوی حساس ۰/۰۱ گرم مشخص

کشت در ۱۵ آبان ماه بصورت هیرم‌کاری و با نیروی کارگری صورت گرفت. بذر هر ژنوتیپ در دو خط کاشت به طول ۲ متر و با فاصله ردیف ۴۰ سانتی‌متر و فاصله بین بوته ۵-۷ سانتی‌متر کاشته شد. عملیات زراعی شامل: شخم، دیسک، تسطیح و پیاده نمودن نقشه کاشت بود. قبل از دیسک زدن، کودهای مورد توصیه بر مبنای آزمون خاک شامل ۱۰۰ کیلوگرم فسفر در هکتار از منبع سوپرفسفات تریپل و پتاس از منبع سولفات پتاسیم به مقدار ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار هم‌زمان با آماده‌سازی زمین به خاک افزوده شد. یک‌سوم از کود اوره بر مبنای ۲۰۰ کیلوگرم در هکتار قبل از کاشت و بقیه در مرحله شروع ساقه رفتن و تکمه‌دهی استفاده شد. کلیه عملیات مربوط به داشت به صورت یکسان انجام شد.

آبیاری براساس ۴۵ درصد تخلیه مجاز رطوبتی و در مراحل مختلف رشد شامل (روزت، ساقه‌دهی، تکمه‌دهی، آغاز گل‌دهی، گل‌دهی کامل و پر شدن دانه) انجام شد. برای تعیین زمان آبیاری، سه روز بعد از هر آبیاری

<sup>2</sup> International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT)

<sup>3</sup> Hot deserts climate (BWh)

<sup>1</sup> Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK)

افزار SAS نسخه ۹/۱ محاسبه شد. همچنین برای تشخیص میزان تمایز بین ژنوتیپ‌ها و گروه بندی آن‌ها، پس از استاندارد کردن داده‌ها، تجزیه خوشه‌ای به روش وارد<sup>۱</sup> و براساس فاصله اقلیدسی، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و ترسیم نمودار بای پلات با استفاده از نرم افزار آماری XLSTAT انجام شد. تعداد خوشه‌ها در تجزیه خوشه‌ای بر اساس تجزیه تابع تشخیص با نرم افزار SAS نسخه ۹/۱ تعیین شد.

گردید. جهت تعیین عملکرد دانه و بیوماس با رعایت اثر حاشیه‌ای، بوته‌های موجود در کل هر کرت آزمایشی به طور جداگانه کفبر شد و با ترازوی دقیق توزین و عملکرد دانه و بیوماس محاسبه شد. شاخص برداشت از تقسیم عملکرد دانه بر بیوماس ضربدر ۱۰۰ حاصل شد. در پایان ضریب همبستگی ساده بین صفات مورد مطالعه و مقایسه متعامد (اورتوگونال) ژنوتیپ‌های ایرانی در برابر ژنوتیپ‌های خارجی گلرنگ با استفاده از نرم

جدول ۲- نام، مبدأ و برخی از ویژگی‌های ریخت شناسی ۱۵۸ ژنوتیپ گلرنگ مورد مطالعه

شماره ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	مبدأ	رنگ گل	خاردار بودن
۱	بی‌نام	نامشخص	زرد	خاردار
۲	بی‌نام	ایتالیا	زرد مایل به نارنجی	خاردار
۳	Saffire	کانادا	زرد	خاردار
۴	AC Stirling	کانادا	زرد	خاردار
۵	AC Sunset	کانادا	زرد	بی خار
۶	بی‌نام	اسپانیا	زرد	خاردار
۷	N006	نامشخص	زرد	بی خار
۸	LEED	نامشخص	زرد	خاردار
۹	N852	نامشخص	زرد	خاردار
۱۰	N942	نامشخص	زرد	خاردار
۱۱	NSZK "A"	نامشخص	زرد	خاردار
۱۲	KUSUM	هند	زرد	خاردار
۱۳	V.GARHIA-PUSA	هند	نارنجی	بی خار
۱۴	TOZI SPINY	سودان	زرد	خاردار
۱۵	JAWARGI-3	هند	زرد	بی خار
۱۶	TAGHALA GOLU	ایران	زرد	بی خار
۱۷	ROMAN "A"	نامشخص	نارنجی	بی خار
۱۸	KOUSHEH	ایران	نارنجی	بی خار
۱۹	TAGHALA GOLU	ایران	قرمز	بی خار
۲۰	KUSAMBA	پاکستان	نارنجی	خاردار
۲۱	Färberdistel, Saflor	اتحاد جماهیر	زرد	خاردار
۲۲	Färberdistel, Saflor	بلژیک	زرد	خاردار
۲۳	Färberdistel, Saflor	آلمان	زرد	خاردار
۲۴	Färberdistel, Saflor	نامشخص	زرد	خاردار
۲۵	Färberdistel, Saflor	آلمان	نارنجی	خاردار
۲۶	Färberdistel, Saflor	مراکش	زرد	خاردار
۲۷	Färberdistel, Saflor	پاراگوئه	نارنجی	خاردار
۲۸	Färberdistel, Saflor	آلمان	زرد	خاردار
۲۹	1005	نامشخص	زرد	خاردار
۳۰	RIO SECO	پرتغال	زرد	خاردار
۳۱	FALGUNI	پاکستان	زرد	خاردار
۳۲	BOROWSKI	لهستان	قرمز	بی خار
۳۳	Frio	آمریکا	زرد	خاردار
۳۴	N009	نامشخص	زرد	خاردار
۳۵	Färberdistel, Saflor	نامشخص	نارنجی	بی خار
۳۶	Färberdistel, Saflor	ایران	نارنجی	بی خار
۳۷	Färberdistel, Saflor	ایران	نارنجی	بی خار
۳۸	URTUM	مصر	زرد	خاردار
۳۹	KUSAMBA	پاکستان	زرد	بی خار
۴۰	KUSAMBA	پاکستان	زرد مایل به نارنجی	خاردار

بی خار	قرمز	ایران	TAGHALA GOLU	۴۱
بی خار	قرمز	ایران	TAGHALA GOLU	۴۲
بی خار	زرد مایل به نارنجی	هند	KUSUM	۴۳
خاردار	زرد	عراق	QURTUM	۴۴
خاردار	زرد	نامشخص	بی نام	۴۵
خاردار	زرد	نامشخص	بی نام	۴۶
خاردار	زرد	اتحاد جماهیر	Färberdistel, Saflor	۴۷
خاردار	زرد	پاکستان	KUSAMBA	۴۸
خاردار	نارنجی	مراکش	Färberdistel, Saflor	۴۹
خاردار	زرد	پاراگوئه	Färberdistel, Saflor	۵۰
خاردار	زرد	آلمان	Färberdistel, Saflor	۵۱
خاردار	زرد	نامشخص	بی نام	۵۲
خاردار	قرمز	اتحاد جماهیر	TASKENTSKIJ 51	۵۳
خاردار	قرمز	اتحاد جماهیر	MALIUTINSKIJ	۵۴
خاردار	نارنجی	نامشخص	N001	۵۵
خاردار	زرد	نامشخص	DART	۵۶
خاردار	زرد	نامشخص	Färberdistel, Saflor	۵۷
خاردار	قرمز	نامشخص	Färberdistel, Saflor	۵۸
بی خار	زرد	نامشخص	Färberdistel, Saflor	۵۹
خاردار	زرد	نامشخص	Färberdistel, Saflor	۶۰
بی خار	قرمز	مجارستان	CEGLEDI A	۶۱
بی خار	قرمز	ایران	Färberdistel, Saflor	۶۲
بی خار	زرد	ایران	Färberdistel, Saflor	۶۳
بی خار	نارنجی	ایران	Färberdistel, Saflor	۶۴
بی خار	نارنجی	هند	KUSUM	۶۵
بی خار	نارنجی	هند	KUSUM	۶۶
خاردار	زرد مایل به نارنجی	نامشخص	CEGLEDI "A"	۶۷
خاردار	زرد	هند	V.MAHMUDPUR-	۶۸
بی خار	قرمز	لهستان	MLOCHOWSKI	۶۹
خاردار	قرمز	لهستان	Gladki Borowski	۷۰
خاردار	نارنجی	ایران	Färberdistel, Saflor	۷۱
خاردار	زرد	ایران	Färberdistel, Saflor	۷۲
خاردار	زرد	ایران	Färberdistel, Saflor	۷۳
خاردار	زرد	نامشخص	ANGOL "A"	۷۴
خاردار	زرد	ایران	Färberdistel, Saflor	۷۵
بی خار	زرد	نامشخص	JAPAN "A"	۷۶
بی خار	زرد	آذربایجان	Färberdistel, Saflor	۷۷
بی خار	زرد	کره شمالی	Färberdistel, Saflor	۷۸
خاردار	زرد	نامشخص	MOSOMJ A	۷۹
خاردار	زرد	سودان	Färberdistel, Saflor	۸۰
خاردار	زرد	نامشخص	Färberdistel, Saflor	۸۱
خاردار	زرد مایل به نارنجی	نامشخص	55-633	۸۲
خاردار	زرد	نامشخص	55-624	۸۳
خاردار	زرد	نامشخص	Färberdistel, Saflor	۸۴
خاردار	زرد	اسپانیا	Färberdistel, Saflor	۸۵
خاردار	زرد مایل به نارنجی	آلمان	Färberdistel, Saflor	۸۶
خاردار	زرد	نامشخص	Färberdistel, Saflor	۸۷
خاردار	زرد	لهستان	Färberdistel, Saflor	۸۸
خاردار	زرد	آلمان	Färberdistel, Saflor	۸۹
خاردار	نارنجی	آلمان	Färberdistel, Saflor	۹۰
خاردار	زرد مایل به نارنجی	آلمان	Färberdistel, Saflor	۹۱
خاردار	زرد	آلمان	Färberdistel, Saflor	۹۲
خاردار	زرد	آلمان	Färberdistel, Saflor	۹۳
بی خار	نارنجی	نامشخص	Draa Basse Tige	۹۴
خاردار	زرد	نامشخص	54-336	۹۵
خاردار	زرد	آلمان	Färberdistel, Saflor	۹۶
خاردار	زرد	آمریکا	U.C.I.	۹۷
خاردار	زرد	نامشخص	Färberdistel, Saflor	۹۸
خاردار	زرد مایل به نارنجی	آلمان	Färberdistel, Saflor	۹۹
خاردار	زرد	نامشخص	Färberdistel, Saflor	۱۰۰

بی خار	قرمز	لهستان	Mlochowski	۱۲۲
خاردار	زرد	آمریکا	Nebraska 8	۱۲۳
خاردار	زرد	نامشخص	Mogami Beni	۱۲۴
خاردار	زرد	نامشخص	Zailai Beni	۱۲۶
خاردار	زرد	اسلوواکی	بی نام	۱۲۷
خاردار	زرد	آلمان	بی نام	۱۲۸
خاردار	زرد	آلمان	بی نام	۱۲۹
خاردار	زرد	نامشخص	بی نام	۱۳۰
خاردار	نارنجی	کره شمالی	بی نام	۱۳۱
خاردار	نارنجی	کره شمالی	بی نام	۱۳۲
خاردار	زرد	کره شمالی	بی نام	۱۳۳
خاردار	زرد	کره شمالی	بی نام	۱۳۴
خاردار	زرد	کره شمالی	بی نام	۱۳۵
خاردار	زرد	مجارستان	Nagykálloi-A	۱۳۶
خاردار	زرد	ژاپن	Japan-A	۱۳۷
خاردار	زرد	کره شمالی	بی نام	۱۳۸
بی خار	زرد	تاجیکستان	safran (tadz.)	۱۳۹
خاردار	زرد	تونس	j'afran	۱۴۰
بی خار	نارنجی	مکزیک	بی نام	۱۴۲
بی خار	نارنجی	مکزیک	بی نام	۱۴۳
بی خار	قرمز	مکزیک	بی نام	۱۴۴
خاردار	قرمز	مکزیک	بی نام	۱۴۵
خاردار	نارنجی	مکزیک	بی نام	۱۴۶
خاردار	قرمز	مکزیک	بی نام	۱۴۷
خاردار	قرمز	مکزیک	بی نام	۱۴۸
خاردار	نارنجی	مکزیک	بی نام	۱۵۰
خاردار	نارنجی	مکزیک	بی نام	۱۵۱
خاردار	نارنجی	مکزیک	بی نام	۱۵۲
خاردار	نارنجی	مکزیک	بی نام	۱۵۳
خاردار	نارنجی	مکزیک	بی نام	۱۵۴
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۵۵
خادار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۵۶
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۵۷
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۵۸
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۵۹
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۶۰
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۶۲
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۶۳
بی خار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۶۴
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۶۵
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۶۶
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۶۷
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۶۸
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۶۹
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۷۰
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۷۱
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۷۲
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۷۳
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۷۴
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۷۵
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۷۶
خاردار	زرد	مکزیک	بی نام	۱۷۷
بی خار	قرمز	ایران	فرامان	فرامان
بی خار	قرمز	ایران	گلدشت	گلدشت
بی خار	قرمز	ایران	گل مهر	گل مهر
خاردار	زرد مایل به نارنجی	ایران	پدیده	پدیده
بی خار	سفید	ایران	پرنیان	پرنیان
بی خار	قرمز	ایران	صفه	صفه

## نتایج و بحث

نتایج ضرایب همبستگی بین صفات مورد مطالعه نشان داد که همبستگی منفی و معنی‌دار بین روز تا آغاز گل‌دهی و طول دوره گل‌دهی و همبستگی مثبت و معنی‌دار بین روز تا پایان گل‌دهی با طول دوره گل‌دهی و طول دوره رشد وجود داشت (جدول ۳). بین طول دوره رشد و ارتفاع بوته نیز همبستگی مثبت و معنی‌دار مشاهده شد (جدول ۳). همچنین ارتفاع بوته با صفات تعداد غوزه در بوته، عملکرد دانه و بیوماس نیز همبستگی مثبت و معنی‌دار داشت (جدول ۳). تعداد دانه در غوزه و تعداد غوزه در بوته و وزن هزار دانه نیز همبستگی مثبت و معنی‌دار با عملکرد دانه و شاخص برداشت داشتند (جدول ۳). همبستگی مثبت بین عملکرد دانه (۰/۷۷) با تعداد دانه در کل بوته (۰/۸۳) و با تعداد غوزه در بوته (۰/۸۹) در گزارش سایر پژوهشگران نیز وجود دارد که با نتایج تحقیق حاضر همخوانی دارد (مظفری و اسدی ۲۰۰۶).

در این آزمایش همبستگی مثبت و معنی‌داری بین عملکرد دانه با بیوماس و شاخص برداشت مشاهده شد (جدول ۳). شاخص برداشت با هر دو صفت بیوماس و عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت اما ضریب همبستگی شاخص برداشت با عملکرد دانه بسیار قوی‌تر از ضریب همبستگی شاخص برداشت با بیوماس بود که نشان دهنده تأثیرپذیری بیشتر شاخص برداشت از عملکرد دانه می‌باشد. تجزیه همبستگی تکنیکی است که برای اندازه‌گیری ارتباط بین دو متغیر کاربرد دارد و تجزیه همبستگی به منظور ارزیابی ارتباط بین صفات مهم گلرنگ استفاده شده است (پاویتهرا و همکاران ۲۰۱۶).

در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه ۲۸ ژنوتیپ بدون خار و ۱۲۰ ژنوتیپ خاردار بودند. رنگ گلچه‌ها در ۱۰۱ ژنوتیپ زرد، ۹ ژنوتیپ زرد مایل به نارنجی، ۲۷ ژنوتیپ نارنجی، ۲۰ ژنوتیپ قرمز و یک ژنوتیپ سفید بود (جدول ۲).

جدول ۳- ضرایب همبستگی موجود بین ۱۳ صفت مورد مطالعه در ۱۵۸ ژنوتیپ گلرنگ

صفات	روز تا غوزه‌دهی	روز تا آغاز گل‌دهی	روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی	روز تا پایان گل‌دهی	طول دوره گل‌دهی	طول دوره رشد	ارتفاع بوته	تعداد غوزه	تعداد دانه در غوزه	وزن هزار دانه	عملکرد دانه	بیوماس	شاخص برداشت
روز تا غوزه‌دهی	۱												
روز تا آغاز گل‌دهی	۰/۰۴۹	۱											
روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی	۰/۰۲۹	۰/۲۶۴	۱										
روز تا پایان گل‌دهی	۰/۰۴۸	۰/۲۸۲	۰/۴۵۲	۱									
طول دوره گل‌دهی	۰/۰۱۰	-	۰/۱۳۳	۰/۵۵۵	۱								
طول دوره رشد	۰/۰۲۸	۰/۰۵۱	۰/۲۱۹	۰/۴۹۰	۰/۳۰۷	۱							
ارتفاع بوته	۰/۰۱۳	۰/۰۵۲	۰/۲۱۵	۰/۲۴۵	۰/۱۵۱	۰/۵۱۸	۱						
تعداد غوزه	۰/۰۲۲	۰/۰۶۷	۰/۱۶۷	۰/۰۷۳	۰/۰۰۱	۰/۱۹۷	۰/۴۰۹	۱					
تعداد دانه در غوزه	-	۰/۰۲۲	۰/۲۲۶	۰/۱۴۱	۰/۰۸۵	-	-	-	۱				
وزن هزار دانه	۰/۰۱۱	-	۰/۰۶۶	-	۰/۰۵۷	۰/۰۴۶	۰/۰۷۶	۰/۱۳۷	۰/۰۵۲	۱			
عملکرد دانه	-	۰/۰۳۷	۰/۲۴۲	۰/۱۵۶	۰/۰۹۲	۰/۱۰۲	۰/۴۷۷	۰/۶۲۵	۰/۵۳۰	۰/۶۳۴	۱		
بیوماس	-	۰/۱۴۸	۰/۱۹۴	۰/۱۴۲	-	۰/۰۹۴	۰/۴۶۲	۰/۵۷۱	۰/۱۴۹	۰/۵۹۳	۰/۸۲۶	۱	
شاخص برداشت	-	-	۰/۱۸۱	۰/۰۹۲	۰/۱۶۱	۰/۰۸۷	۰/۱۱۸	۰/۶۰۹	۰/۶۳۸	۰/۵۶۰	۰/۷۸۹	۰/۵۳۶	۱

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

طول دوره رشد تنوع کمتر و دامنه محدودتری وجود داشت. در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، ژنوتیپ شماره ۶۷ با طول دوره رشد ۱۸۷ روز دیررس‌ترین و ژنوتیپ شماره ۲۴ با طول دوره رشد ۱۵۸ روز زودرس‌ترین

وضعیت میانگین و دامنه صفات تحت بررسی در ژنوتیپ‌های گلرنگ نشان داد که در بین صفات نمودی بیشترین دامنه تغییرات در تعداد روز تا غوزه‌دهی مشاهده شد و برای صفات تعداد روز تا آغاز گل‌دهی و



هکتار بود (جدول ۴). بیشترین عملکرد دانه در هکتار در ژنوتیپ شماره ۱۰۰ و به میزان ۶۰۴۴ کیلوگرم در هکتار ثبت شد در حالی که رقم گل‌مهر کمترین عملکرد دانه را به میزان ۶۰۳ کیلوگرم در هکتار تولید کرد (جدول ۴). میزان تنوع در بین ژنوتیپ‌های گلرنگ از نظر بیوماس نیز بسیار زیاد بود، دامنه تغییرات برای این صفت ۱۵۰۰۰ کیلوگرم در هکتار بود. در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، ژنوتیپ شماره ۱۴۶ بیشترین عملکرد بیوماس (۲۰۰۰۰ کیلوگرم در هکتار) و ژنوتیپ شماره ۱۸ کمترین عملکرد بیوماس (۵۰۰۰ کیلوگرم در هکتار) را داشتند. با توجه به تأثیرپذیری شاخص برداشت از عملکرد دانه و بیوماس، دامنه تغییرات شاخص برداشت در بین ژنوتیپ‌های گلرنگ بزرگ بود و از ۷ تا ۴۵ درصد متغیر بود هر چند در این آزمایش همبستگی شاخص برداشت با عملکرد دانه بسیار بیشتر از بیوماس بود (جدول ۳ و ۴). در بین ارقام ایرانی نیز رقم صفا با عملکرد دانه ۳۴۹۶ کیلوگرم در هکتار برتر از سایر ارقام ایرانی بود و پس از آن ارقام پرنیان و گلدشت قرار داشتند (جدول ۴). نکته قابل توجه، پایین بودن عملکرد دانه در ارقام پاییزه (پدیده و گل‌مهر) در مقایسه با ارقام بهاره (صفا، گلدشت و پرنیان) در منطقه زابل بود که می‌تواند به دلیل بیشتر بودن تعداد روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی در دو رقم پاییزه و همزمانی دوره تلقیح با گرمای زیاد منطقه زابل و کاهش تعداد دانه در غوزه باشد (جدول ۴).

بودند (جدول ۴). نتایج محققین دیگر نیز بر وجود اختلاف چشمگیر بین ژنوتیپ‌های گلرنگ از نظر زمان وقوع مراحل نمو اشاره کرده‌اند (موسوی اجاق و همکاران ۲۰۱۹).

ژنوتیپ شماره ۷۸ با ۱۹۴ سانتی‌متر و ژنوتیپ شماره ۷ با ۷۲ سانتی‌متر به ترتیب بیشترین و کمترین ارتفاع بوته را داشتند و برای صفت ارتفاع بوته دامنه تغییرات ۱۲۲ سانتی‌متر بود که تنوع خوبی محسوب می‌شود. از نظر اجزای عملکرد تنوع قابل ملاحظه‌ای وجود داشت به طوری که بیشترین و کمترین تعداد غوزه در بوته به ترتیب ۶۶ و ۱۲ و تعداد دانه در غوزه به ترتیب ۶۳ و ۲۲ بود (جدول ۴). در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، بیشترین و کمترین وزن هزار دانه به ترتیب در ژنوتیپ‌های شماره ۴۵ (۴۹ گرم) و ۱۵۹ (۳ گرم) مشاهده شد (جدول ۴). در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، ژنوتیپ‌های شماره ۱۹ و ۶۹ به همراه رقم صفا از بیشترین تعداد غوزه در بوته (۶۶ غوزه در بوته) و ژنوتیپ‌های شماره ۷، ۱۱، ۴۵، ۵۱، ۵۳ و ۱۳۴ با ۱۲ غوزه در بوته کمترین مقدار عددی این صفت را داشتند. ژنوتیپ شماره ۱۳ و ژنوتیپ‌های شماره ۵۳، ۱۶۸ و رقم گل‌مهر به ترتیب بیشترین و کمترین مقادیر تعداد دانه در غوزه را داشتند (جدول ۴).

دامنه تغییرات عملکرد دانه در بین ژنوتیپ‌های گلرنگ مورد مطالعه بسیار زیاد و به میزان ۵۴۰۹ کیلوگرم در

جدول ۴- میانگین خصوصیات نمو و زراعی در ژنوتیپ‌های گلرنگ مورد بررسی

شماره ژنوتیپ	تعداد روز تا غوزه‌دهی	تعداد روز تا آغاز گل‌دهی	تعداد روز تا پایان گل‌دهی	طول دوره گل‌دهی (day)	طول دوره رشد (day)	ارتفاع ساقه (cm)	تعداد غوزه در بوته	تعداد دانه در غوزه	وزن هزار دانه (g)	عملکرد دانه (kg/ha <sup>1</sup> )	بیوماس (kg/ha <sup>1</sup> )	شاخص برداشت (%)
۱	۱۲۷	۱۴۵	۱۵۲	۱۶۶	۲۱	۹۲	۱۴	۲۴	۲۵	۱۱۸۴	۹۱۶۷	۱۲/۹
۲	۱۲۷	۱۴۷	۱۵۷	۱۶۴	۱۷	۸۹	۱۸	۲۷	۴۰	۲۲۵۲	۱۱۲۵۰	۲۰/۰
۳	۱۲۵	۱۴۵	۱۵۴	۱۶۴	۱۹	۸۸	۲۲	۳۰	۲۳	۹۴۰	۱۱۲۵۰	۸/۴
۴	۱۲۷	۱۴۵	۱۵۲	۱۶۶	۲۱	۹۸	۲۹	۴۲	۲۲	۱۵۵۹	۵۸۳۳	۲۶/۷
۵	۱۲۸	۱۴۵	۱۵۱	۱۵۹	۱۴	۸۵	۱۶	۲۸	۲۸	۱۰۸۵	۵۸۳۳	۱۸/۶
۶	۱۳۷	۱۴۳	۱۴۹	۱۵۹	۱۶	۸۰	۱۸	۴۸	۴۴	۱۳۷۵	۵۶۲۵	۲۴/۴
۷	۱۳۳	۱۴۳	۱۴۹	۱۶۶	۲۳	۷۲	۱۲	۳۴	۲۵	۱۰۸۵	۷۵۰۰	۱۴/۵
۸	۱۳۵	۱۴۳	۱۵۱	۱۶۲	۱۹	۷۸	۱۴	۵۲	۳۲	۱۲۰۱	۵۶۲۵	۲۱/۴
۹	۱۲۶	۱۴۱	۱۴۸	۱۶۶	۲۵	۸۳	۱۸	۴۷	۳۵	۲۲۸۳	۱۰۰۰۰	۲۲/۸
۱۰	۱۳۵	۱۴۱	۱۴۴	۱۵۹	۱۸	۱۰۹	۱۶	۳۷	۲۴	۸۸۹	۶۲۵۰	۱۴/۲
۱۱	۱۳۲	۱۴۱	۱۴۷	۱۶۵	۲۴	۷۷	۱۲	۴۲	۴۰	۱۰۳۹	۷۵۰۰	۱۳/۹
۱۲	۱۲۴	۱۴۴	۱۴۹	۱۶۷	۲۳	۷۸	۲۷	۲۷	۳۲	۱۸۱۱	۱۰۰۰۰	۱۸/۱
۱۳	۱۲۲	۱۴۲	۱۴۹	۱۵۹	۱۷	۸۹	۲۲	۶۳	۳۷	۲۲۹۰	۱۰۰۰۰	۲۲/۹
۱۴	۱۳۴	۱۴۹	۱۶۰	۱۶۴	۱۵	۹۳	۲۷	۴۲	۳۳	۲۱۰۴	۸۷۵۰	۲۴/۰





۱۶/۹	۱۱۲۵۰	۱۹۰۱	۳۵	۳۴	۴۵	۱۰۸	۱۷۵	۱۷	۱۶۵	۱۵۶	۱۴۸	۱۳۲	۱۷۷
۲۵/۳	۹۹۳۱	۲۵۱۲	۳۴	۳۹	۲۹	۱۱۲	۱۷۶	۱۹	۱۶۶	۱۵۹	۱۴۷	۱۳۳	فرمان
۲۷/۴	۹۹۳۱	۲۷۲۶	۳۷	۴۴	۳۹	۹۱	۱۷۶	۲۶	۱۶۲	۱۵۲	۱۳۷	۱۲۷	گلدشت
۲۲/۸	۱۰۲۰۸	۲۳۲۵	۳۵	۳۰	۳۸	۱۱۴	۱۷۷	۲۰	۱۶۷	۱۵۷	۱۴۸	۱۲۸	گل مهر
۱۶/۸	۱۵۲۰۸	۲۵۴۸	۳۵	۳۰	۴۳	۱۰۳	۱۷۴	۲۰	۱۶۰	۱۵۸	۱۴۱	۱۳۷	پدیده
۲۴/۳	۱۱۲۸۹	۲۷۷۲	۳۲	۴۲	۴۹	۱۰۹	۱۷۶	۱۸	۱۶۴	۱۵۵	۱۴۶	۱۳۴	پرنیان
۲۷/۶	۱۲۶۵۶	۳۴۹۶	۳۴	۳۵	۴۵	۱۱۶	۱۷۷	۱۹	۱۶۷	۱۵۰	۱۴۸	۱۴۰	صفه
۴۵/۲	۲۰۰۰۰	۶۰۴۴	۴۹	۶۳	۶۶	۱۹۴	۱۸۷	۴۱	۱۷۹	۱۶۹	۱۵۶	۱۴۷	بیشینه
۷/۰	۵۰۰۰	۶۳۵	۳	۲۲	۱۲	۷۲	۱۵۸	۸	۱۵۸	۱۲۹	۱۲۸	۷۹	کمیته
۲۸/۲	۱۵۰۰۰	۵۴۰۹	۴۶	۴۱	۵۴	۱۲۲	۲۹	۳۳	۲۱	۴۰	۲۸	۶۸	دامنه

تغییرات

نیز ۲۴ ژنوتیپ داشت و در این گروه ژنوتیپ‌های پابلند، دیررس با تعداد دانه در غوزه زیاد قرار گرفتند که از نظر عملکرد دانه برتر از خوشه اول بودند ولی میانگین عملکرد دانه کمتری از خوشه دوم داشتند (جدول ۵). روش‌های آماری چند متغیره نقش مهمی در بررسی تنوع ژنتیکی بر عهده دارند. یکی از این روش‌های آماری تجزیه خوشه‌ای است که افراد را بر اساس فواصل در یک تصویر گرافیکی (دندروگرام) از هم جدا و گروه‌بندی می‌کند. در این روش ابتدا فاصله دو به دو تمامی افراد توسط یک سری الگوریتم‌ها مشخص می‌شود و سپس با الگوریتم‌های تجزیه خوشه‌ای دندروگرام رسم می‌شود (جهانی و همکاران ۲۰۱۶).

بر اساس نتایج حاصله از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های آزمایشی در سه خوشه گروه‌بندی شدند (شکل ۱ و جدول ۵). بیشتر ژنوتیپ‌های مورد بررسی (۱۱۰ ژنوتیپ) در خوشه اول قرار گرفتند که پاکوتاه، زودگل و زودرس بودند و پتانسیل عملکرد دانه کمی داشتند. همچنین ژنوتیپ‌های خوشه اول از نظر اجزای عملکرد مثل تعداد غوزه، تعداد دانه در غوزه و وزن هزار دانه پایین‌تر از ژنوتیپ‌های خوشه‌های دیگر بودند (جدول ۵). خوشه دوم شامل ۲۴ ژنوتیپ میان‌رس با ارتفاع بوته متوسط، تعداد غوزه و وزن هزار دانه زیاد و بیشترین میانگین عملکرد دانه و شاخص برداشت بودند که نشان‌دهنده کارایی بالاتر انتقال مواد فتوسنتزی به دانه در ژنوتیپ‌های این خوشه می‌باشد (جدول ۵). خوشه سوم

جدول ۵- نتایج تجزیه خوشه‌ای و میانگین هر گروه برای صفات مورد مطالعه

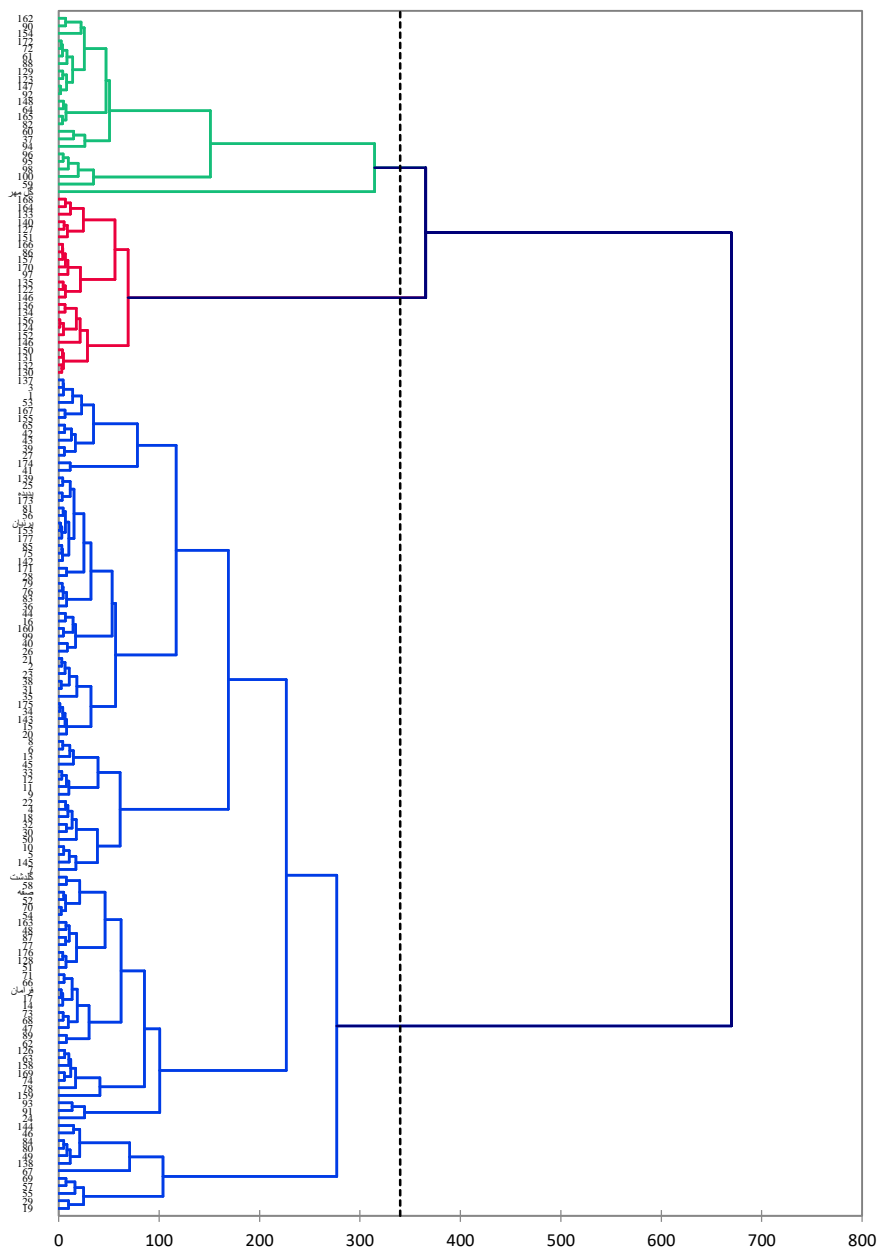
شاخص برداشت (%)	عملکرد دانه (kg.ha <sup>-1</sup> ) <sup>۱</sup>	وزن هزار دانه (g)	تعداد دانه در غوزه	تعداد غوزه	طول دوره رشد (day)	تعداد روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی (day)	تعداد روز تا آغاز گل‌دهی (day)	ارتفاع بوته (cm)	خوشه‌ها (گروه‌ها)
۱۸/۵	۲۴۰۰	۳۳/۳	۳۷/۷	۳۳	۱۷۴	۱۵۳	۱۴۴	۱۰۶	گروه اول، آبی رنگ (۱۱۰ ژنوتیپ)
۲۴/۵	۵۱۷۳	۳۸/۰	۳۸/۸	۳۸	۱۷۶	۱۵۷	۱۴۷	۱۱۸	گروه دوم، قرمز رنگ (۲۴ ژنوتیپ)
۱۸/۴	۲۸۸۴	۳۳/۴	۴۴/۱	۳۶	۱۸۰	۱۶۰	۱۴۷	۱۲۴	گروه سوم، سبز رنگ (۲۴ ژنوتیپ)

تغییرات داده‌ها را توجیه کردند (جدول ۶). همچنین نتایج نشان داد که صفات عملکرد دانه و بیوماس بیشترین همبستگی را با مؤلفه اول و صفات طول دوره گل‌دهی، تعداد روز تا پایان گل‌دهی و طول دوره رشد بیشترین همبستگی را با مؤلفه دوم داشتند، در مقابل صفت تعداد

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که سه مؤلفه اول، دوم و سوم به ترتیب ۲۶/۶، ۱۳/۷ و ۱۱/۴ درصد از کل تغییرات داده‌ها را توجیه کردند (جدول ۶). براین اساس، مجموع دو مؤلفه اول و دوم ۴۰/۳ درصد و مجموع سه مؤلفه اول، دوم و سوم ۵۱/۷ درصد از کل

واریانس موجود در داده‌ها توسط سه مولفه تبیین شد که سهم مولفه‌های اول، دوم و سوم به ترتیب ۳۲، ۳۴ و ۱۴ درصد بود. مولفه اول، مولفه عملکرد و اجزای عملکرد (صفات قطر غوزه، عملکرد تک بوته، وزن هزار دانه، تعداد دانه در طبق) و مولفه دوم مولفه صفات فنولوژیک (صفات تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی، تعداد روز تا آغاز گلدهی و تعداد روز تا رسیدگی) نام‌گذاری شد.

روز تا آغاز گل‌دهی از بالاترین همبستگی با مؤلفه سوم برخوردار بود (جدول ۶). از این رو مؤلفه اول عملکرد دانه و ماده خشک نام‌گذاری شد در حالی که به دلیل همبستگی مثبت و بالای برخی از صفات نموی با مؤلفه دوم، این مؤلفه فنولوژیک نام‌گرفت (جدول ۶). در تحقیق بهمن‌کار و همکاران (۲۰۱۷)، بر اساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در بیست رقم گلرنگ، حدود ۸۰ درصد از کل



شکل ۱- تجزیه خوشه‌ای ۱۵۸ ژنوتیپ گلرنگ براساس هفت صفت مورد بررسی (نقطه برش براساس تجزیه تابع تشخیص انجام شد)

جدول ۶- بردارهای ویژه برای ۱۴ صفت ارزیابی شده در ژنوتیپ‌های گلرنگ با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

صفت	مؤلفه اول	مؤلفه دوم	مؤلفه سوم
روز تا غوزه‌دهی	۰/۰	۰/۰۰۸	۰/۰۱۵
روز تا آغاز گل‌دهی	۰/۰۱۸	۰/۰۷۴	۰/۷۷۶
روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی	۰/۱۹۳	۰/۱۱۵	۰/۱۶۵
روز تا پایان گل‌دهی	۰/۱۴۹	۰/۴۶۳	۰/۱۳۴
طول دوره گل‌دهی	۰/۰۳۷	۰/۶۰۹	۰/۲۲۱
طول دوره رشد	۰/۱۰۲	۰/۳۳۸	۰/۰۴۷
ارتفاع بوته	۰/۱۲۰	۰/۱۲۱	۰/۰۳۸
تعداد غوزه	۰/۱۳۵	۰/۰۰۳	۰/۰۰۸
تعداد دانه در غوزه	۰/۰۶۱	۰/۰۰۳	۰/۰۰۲
وزن هزار دانه	۰/۰۷۰	۰/۰۰۳	۰/۰۵۳
عملکرد دانه	۰/۸۴۹	۰/۰۵۰	۰/۰۴۴
بیوماس	۰/۷۰۲	۰/۱۲۵	۰/۰۰۲
شاخص برداشت	۰/۴۳۴	۰/۰	۰/۱۶۰
درصد تغییرات توجیه شده توسط	۲۶/۶	۱۳/۷	۱۱/۴
درصد تغییرات جمعی توجیه شده	۲۶/۶	۴۰/۳	۵۱/۷

بود (شکل ۲). خصوصیات نموی و زراعی ژنوتیپ‌های گروه B تا حدود زیادی با خوشه شماره ۲ (قرمز رنگ) حاصل از تجزیه خوشه‌ای مشابهت داشت (جدول ۵ و شکل ۲).

ژنوتیپ‌های طبقه بندی شده در گروه C با وجود برخورداری از بیشترین مقادیر مؤلفه دوم از کمترین مقادیر مؤلفه اول برخوردار بودند (شکل ۲). در این گروه تعداد نسبتاً زیادی از ژنوتیپ‌های گلرنگ قرار گرفتند و براساس نزدیک بودن ژنوتیپ‌های این گروه به بردار زمان غوزه‌دهی از خصوصیات بارز اکثر ژنوتیپ‌های این گروه تعداد روز تا غوزه‌دهی زیادتر مثل ژنوتیپ شماره ۱۷ بود (شکل ۲). همچنین اکثر رقم‌های زراعی گلرنگ مانند گلدشت، گل‌مهر و فرامان در این گروه قرار گرفتند (شکل ۲).

براساس نتایج ارائه شده در نمودار بای پلات (شکل ۲)، تعداد زیادی از ژنوتیپ‌ها در گروه D قرار گرفتند. با توجه به مقادیر منفی مؤلفه‌های اول و دوم در گروه چهارم، ژنوتیپ‌های این گروه در مقایسه با کلیه ژنوتیپ‌های مورد بررسی، تعداد روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی، تعداد روز تا پایان گل‌دهی و طول دوره گل‌دهی کمتر و طول دوره رشد کوتاه‌تری داشتند. اکثر ژنوتیپ‌های گروه D پاکوتاه بودند و میانگین تعداد غوزه، عملکرد دانه و شاخص برداشت در ژنوتیپ‌های گروه D کمتر از سایر ژنوتیپ‌ها بود (شکل ۲). در تحقیق دیگری ۲۰ ژنوتیپ (شش ژنوتیپ ایرانی و ۱۴ ژنوتیپ خارجی) گلرنگ با

در این آزمایش، براساس دو مؤلفه اول و دوم، ژنوتیپ‌های آزمایشی به چهار گروه طبقه‌بندی شدند (شکل ۲). ژنوتیپ‌های طبقه بندی شده در گروه A با دارا بودن بیشترین مقادیر مؤلفه‌های اول و دوم از طول دوره گل‌دهی و طول دوره رشد طولانی برخوردار بودند (شکل ۲). دیررس‌ترین ژنوتیپ‌های آزمایشی مثل ژنوتیپ‌های شماره ۶۷، ۵۹، ۹۴ و ۱۰۰ در گروه A قرار داشتند و میانگین طول دوره گل‌دهی در ژنوتیپ‌های شماره ۵۹، ۶۷، ۱۰۰ و ۸۴ بیشتر از میانگین دوره گل‌دهی در سایر گروه‌ها بود (شکل ۲ و جدول ۴). همچنین بیشترین مقادیر تعداد روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی در برخی از ژنوتیپ‌های این گروه مثل ژنوتیپ‌های شماره ۹۸ و ۹۵ مشاهده شد (شکل ۲ و جدول ۴). ارتفاع بوته در برخی از ژنوتیپ‌های این گروه نیز مثل ژنوتیپ‌های شماره ۶۷، ۸۲ و ۶۴ بلندتر از سایر گروه‌ها بود (شکل ۲ و جدول ۴).

ژنوتیپ‌های موجود در گروه B از بیشترین میزان مؤلفه اول و کمترین میزان مؤلفه دوم برخوردار بودند، از این رو از نظر عملکرد دانه و تولید بیوماس (ماده خشک) برتر بودند. طول دوره گل‌دهی در ژنوتیپ‌های این گروه کمتر ولی شاخص برداشت در این گروه اکثراً بیشتر از سایر ژنوتیپ‌ها بود (شکل ۲). در گروه B میانگین عملکرد دانه در بسیاری از ژنوتیپ‌ها مثل شماره ۸۶، ۹۱، ۹۷، ۱۳۰، ۱۳۱، ۱۳۳، ۱۵۰، ۱۵۲، ۱۶۴، ۱۶۶، ۱۶۸ و ۱۷۰ بیشتر از ۴۰۰۰ کیلوگرم در هکتار بود و میانگین وزن هزار دانه نیز در برخی ژنوتیپ‌های این گروه زیاد

نتیجه یک مطالعه بیانگر وجود تنوع معنی‌دار بین ۱۲۲ ژنوتیپ گلرنگ بود و مهم‌ترین صفاتی که سبب تنوع در ژرم پلاسما گلرنگ شدند به ترتیب اندازه غوزه، تعداد غوزه در بوته، تعداد دانه در طبق، طول دوره رشد، ارتفاع بوته و تعداد روز تا گل‌دهی ذکر شدند (اوشا کیران و همکاران ۲۰۱۷). گروه‌بندی به دست آمده بر اساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی مبتنی بر دو مؤلفه اول است که دارای بالاترین مقادیر ویژه<sup>۵</sup> هستند و در این حالت نقش سایر مؤلفه‌ها در گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها نادیده گرفته می‌شود. پس در این گروه‌بندی از تمام تنوع ژنتیکی موجود بین ژنوتیپ‌ها استفاده نشده است.

مقایسات متعامد (اورتوگونال) ۲۰ ژنوتیپ ایرانی در برابر ۱۳۸ ژنوتیپ خارجی گلرنگ نشان داد که با وجود عدم اختلاف معنی‌دار از نظر ارتفاع بوته، ژنوتیپ‌های خارجی نسبت به ژنوتیپ‌های ایرانی از نظر عملکرد دانه، بیوماس و شاخص برداشت برتری معنی‌داری دارند (جدول ۷). به‌عنوان مثال، میانگین عملکرد دانه، بیوماس و شاخص برداشت در ژنوتیپ‌های ایرانی به ترتیب ۲۳۱۷ و ۹۹۴۵ کیلوگرم در هکتار و ۲۳/۷ درصد بود در حالی که میانگین مقادیر صفات ذکر شده در ژنوتیپ‌های خارجی به ترتیب ۲۹۷۴ و ۱۱۸۰۹ کیلوگرم در هکتار و ۲۴/۹ درصد بود (جدول ۴).

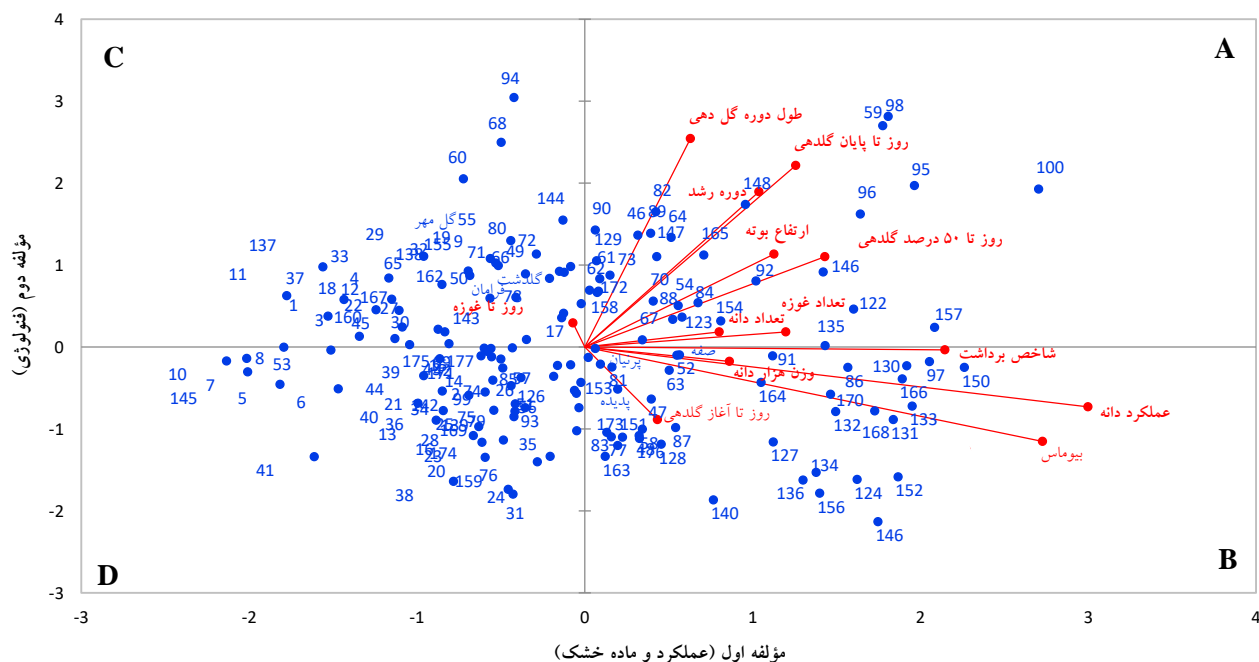
استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای به چهار گروه طبقه‌بندی شدند و مبدأ ژنوتیپ‌ها دلیل اصلی این نوع طبقه‌بندی بیان شد (بهمن کار و همکاران ۲۰۱۷). تجزیه به مؤلفه‌های اصلی یک روش آماری چند متغیره است که به‌طور گسترده‌ای در برنامه‌های اصلاحی به منظور شناساندن تنوع میان واحدهای آزمایشی به کار می‌رود و عموماً برای طبقه‌بندی ژنوتیپ‌ها استفاده می‌شود (اسدی و همکاران ۲۰۱۸).

مقایسه نتایج تجزیه خوشه‌ای با نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان می‌دهد که اشتراکات زیادی بین نتایج حاصله وجود دارد (جدول ۵ و شکل‌های ۱ و ۲). به‌عنوان مثال، ژنوتیپ‌های موجود در گروه دوم در تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی عملکرد دانه و شاخص برداشت بیشتری داشتند. ژنوتیپ‌های موجود در گروه سوم در تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی دیررس بودند و عملکرد دانه کمی داشتند. همچنین ژنوتیپ‌های خوشه اول در تجزیه‌ای خوشه‌ای و ژنوتیپ‌های گروه چهارم در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی زودرس بودند و پتانسیل عملکرد دانه کمی داشتند (جدول ۵ و شکل ۲). منصور و همکاران (۲۰۱۸) نیز بر همپوشانی زیاد نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای در چهار رقم گلرنگ تأکید داشتند.

جدول ۷- مقایسه متعامد (اورتوگونال) برای دو گروه ژنوتیپ‌های ایرانی و خارجی گلرنگ

میانگین مربعات						
مقایسه	تعداد روز تا غوزه-دهی	تعداد روز تا آغاز گل‌دهی	تعداد روز تا پایان گل‌دهی	تعداد روز تا گل‌دهی	طول دوره رشد (روز)	ارتفاع ساقه (سانتی متر)
۲۰ ژنوتیپ ایرانی در برابر ۱۳۸ ژنوتیپ	۴۲/۱**	۶۴/۶**	۱۴۷۹/۸**	۱۱۳۶/۷**	۶۵۹/۱**	۱/۲ns
میانگین مربعات						
مقایسه	تعداد غوزه در بوته	تعداد دانه در غوزه	وزن هزار دانه (g)	عملکرد دانه (Kg.ha <sup>-1</sup> )	بیوماس (Kg.ha <sup>-1</sup> )	شاخص برداشت (%)
۲۰ ژنوتیپ ایرانی در برابر ۱۳۸ ژنوتیپ	۴۰۶/۶**	۱۰۷۲/۳**	۱۸۹/۶**	۸۲۹۳۷۳۷**	۷۸۸۸۸۴**	۴۱۲/۴**

ns، \* و \*\*: به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد



شکل ۲-بای پلات ترسیمی براساس مؤلفه‌های اصلی اول و دوم. اعداد داخل شکل، شماره ژنوتیپ‌های گلرنگ می‌باشند.

### نتیجه‌گیری کلی

استفاده از منابع ژنتیکی در دانه‌های روغنی همواره به عنوان بخش اصولی و پایه برنامه‌های اصلاحی موفق در دراز مدت بوده است. ضرورت نیاز به پژوهش و بررسی منابع ژنتیکی با تأکید بر جمع آوری، نگهداری و حفظ ژرم پلاسما دانه‌های روغنی نظیر گلرنگ نظر به تغییر جهانی منابع ژنتیک گیاهی در کشور بیش از پیش احساس می‌گردد. براساس نتایج به دست آمده از این مطالعه استفاده مؤثر از ژرم پلاسما خارجی گلرنگ در برنامه‌های اصلاحی می‌تواند به شناسایی و معرفی ارقام برتر از نظر صفات مهم زراعی کمک کند زیرا تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای در بین ژنوتیپ‌های خارجی گلرنگ مشاهده شد. نتایج بررسی تنوع ژنتیکی به وسیله تجزیه-های آماری مختلف به خوبی قادر به تفکیک ژنوتیپ‌های گلرنگ بود و می‌توان از گروه‌بندی حاصل از روش‌های آماری بکار برده شده در این تحقیق در انتخاب ژنوتیپ-های والدی مناسب جهت پیشبرد برنامه‌های به نژادی گلرنگ استفاده نمود. بیشترین عملکرد دانه را ژنوتیپ شماره ۱۰۰ با مبدأ نامشخص دارا بود (۶۰۴۴ کیلوگرم در هکتار) و ژنوتیپ‌های شماره ۱۵۳ (مکزیک)، ۱۶۹

(مکزیک)، ۱۳۴ (کره شمالی)، ۱۲۲ (لهستان)، ۱۲۴ (نامشخص)، ۱۳۰ (نامشخص) و ۱۳۱ (کره شمالی) نیز با دارا بودن عملکرد دانه بالا می‌توانند در برنامه‌های به نژادی گلرنگ مورد استفاده قرار بگیرند. همچنین، براساس دو مؤلفه اصلی اول و دوم در تجزیه به مؤلفه-های اصلی، ژنوتیپ‌های آزمایشی به چهار گروه طبقه-بندی شدند که گروه اول شامل ژنوتیپ‌های دیررس و پابلند، گروه دوم شامل ژنوتیپ‌هایی با عملکرد دانه و شاخص برداشت زیاد، گروه سوم شامل ژنوتیپ‌های دیررس با عملکرد دانه کم و گروه چهارم شامل ژنوتیپ-های زودرس با عملکرد دانه و شاخص برداشت کم بودند.

### سپاسگزاری

بدین وسیله از ریاست محترم بخش تحقیقات دانه‌های روغنی مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج و ریاست محترم مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی و گیاهان زراعی آلمان به خاطر در اختیار قرار دادن



امکانات مزرعه‌ای و بذور ژنوتیپ، کمال سپاسگزاری به  
عمل می‌آید.

#### منابع مورد استفاده

- Abbasali M, Jafaraghaie M and Vaezie S. 2006. Evaluation of statistical parameters, correlations between characters and assessment of genetic diversity of safflower germplasm of National Plant Gene Bank of Iran. Proceedings of The 9<sup>th</sup> Iranian Crop Sciences Congress. Aboureyhan Campus of University of Tehran, Pakdasht, Iran. (In Persian).
- Abdipour M, Younessi-Hmazekhanlub M, Ramazani SHR and Omidi AH. 2019. Artificial neural networks and multiple linear regression as potential methods for modeling seed yield of safflower (*Carthamus tinctorius* L.). Industrial Crops and Products, 127: 185–194.
- Asadi A, Askary Kelestani A, Mirfakhraii R, Abasi A and Khodadadi M. 2018. Genetic variation of bread wheat genotypes for some important physiological traits under chilling stress. Environmental Stresses in Crop Sciences, 11(1): 171-183.
- Bahmankar M, Ahmadi Nabati D and Dehdari A. 2013. Study of yield and yield components in safflower using principal component analysis. Proceedings of National conference on passive defense in agriculture. Qeshm Island, Iran. (In Persian).
- Emongor V. 2010. Safflower (*Carthamus tinctorius* L.) the underutilized and neglected crop a review. Asian Journal of Plant Science, 9: 299-306.
- Fanaei H, Keikha H, and Piri I. 2015. Effect of seed priming on grain and oil yield of safflower under irrigation deficit conditions. Iranian Journal of Seed Science and Research, 2(2): 49-59.
- Gholami M, Sabaghnia N, Nouraein M, Shekari F and Janmohammadi M. 2018. Cluster analysis of some safflower genotypes using a number of agronomic characteristics. Journal of Crop Breeding, 10: 159-166. (In Persian)
- Golkari S. 2011. Evaluation of safflower germplasm in terms of yield traits in grain yield in dryland conditions. MSc. Thesis University of Tabriz. (In Persian)
- Jahani M, Nematzadeh GhA and Mohammadi-Nejad Gh. 2016. Genetic diversity analysis in a global panel of rice genotypes by microsatellites. Journal of Agricultural Biotechnology, 8 (1): 19-32.
- Liu L, Guan LL and Wang L. 2016. A review of fatty acids and genetic characterization of Safflower (*Carthamus tinctorius* L.) seed oil. Organic Chemistry Current Research, 5(1): 160-174.
- Mansouri F, Ben Moumen A, Belhaj K, Richard G, Fauconnier ML, Sindic M, Elamrani A and Serghini Caid H. 2018. Proximate composition, amino acid profile, carbohydrate and mineral content of seed meals from four safflower (*Carthamus tinctorius* L.) varieties grown in north-eastern Morocco. Oilseeds and fats Crops and Lipids (OCL), 25 (2): 1-9.
- Mirabadi A, Hagh Panah M, Forozan K and Talaee S. 2018. Evaluating multivariate analysis some of quantitative traits in imported safflower (*Carthamus tinctorius* L.) genotypes in Sari location. Journal of Crop Breeding, 10 (28): 162-170 (In Persian).
- Mosavi Ojagh SM, Mozafari H, Jabbari H, and Sani B. 2019. Study of genetic variation in safflower germplasm for early maturity and grain yield using multivariate statistical methods. Journal of Crop Breeding, 11 (30): 47-57. (In Persian)
- Mosavi Ojagh SM, Mozafari H, Jabbari H, and Sani B. 2020. Evaluation of yield of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) genotypes under semi-arid conditions. Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization, 18(4): 270-277.

- Mozaffari K, and Asadi AA. 2006. Relationships among traits using correlation, principal components and path analysis in safflower mutants sown in irrigated and drought stress Condition. *Asian Journal of Plant Sciences*, 5: 977-983.
- Pavithra KP, Rajesh S, Patil Harijan Y and Nishanth GK. 2016. Correlation and path analysis studies in Safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm. *Research Journal of Agricultural Sciences*, 7(2): 428-432.
- Shinwari Z, Rehman H and Rabbani M. 2014. Morphological traits based genetic diversity in Safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *Pakistan Journal of Botany*, 46: 1389-1395.
- Usha Kiran B, Mukta N, Kadirvel P, Aivelu K, Senthilvel S. Kishore P and Varaprasad K. 2017. Genetic diversity of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm as revealed by SSR markers. *Plant Genetic Resources*, 15(1): 1-11.