

Evaluation of yield and genetic variation of Non-Spiny safflower genotypes (*Carthamus tinctorius* L.) using multivariate analysis

Mitra Jabari^{1*}, Khaled Salimi^{2*}, Fatemeh Ebrahimi³, Ghasem Mohammadi-Nejad⁴

¹ Corresponding Author, Assistant Professor, Department of plant production and genetic engineering, Faculty of Agriculture, University of Saravan. Saravan, Sistan and Baluchestan, Iran, Email: m.jabari@saravan.ac.ir

² Corresponding Author, Assistant Professor, Department of plant production and genetic engineering, Faculty of Agriculture, University of Saravan. Saravan, Sistan and Baluchestan, Iran, Email: k.salimi@saravan.ac.ir

³ Assistant Professor of Genetics and Plant Breeding, Research and Technology Institute of Plant Production, Afzalipour Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran, Email: fa.ebrahimi@uk.ac.ir

⁴ Professor of Genetics and Plant Breeding, Research and Technology Institute of Plant Production, Afzalipour Research Institute and Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran, Email: Mohammadinejad@uk.ac.ir

Article Info

Article type:
Research Full Paper

Article history:

Received: 2025-01-11
Accepted: 2025-04-12

Keywords:

Biplot
Cluster Analysis
Germplasm
Multivariate Analysis
Safflower

ABSTRACT

Background and objectives: Iran is considered one of the primary centers of origin for safflower and is among the richest regions globally regarding its genetic diversity. Enhancing grain yield is a crucial factor in the development of safflower cultivation. Given the proliferation of multiple non-spiny safflower genotypes and the importance of this trait in advancing safflower cultivation, the use of non-spiny genotypes can be an effective step toward implementing breeding programs. The most important step in this direction is utilizing the diversity in both native and non-native germplasm. The objective of this research was to investigate the genetic diversity of native and non-native non-spiny safflower genotypes to identify superior genotypes for grain production and to determine the effective relationships among traits.

Materials and Methods: In this study, 36 non-spiny safflower genotypes were evaluated in a 4×9 alpha-lattice design during the 2023-2024 growing season at the research farm of the University of Saravan. During the growth period, the following traits were assessed: days to seedling, days to 5% flowering, days to physiological maturity, plant height, number of branches, number of fertile pods per plant, number of grains per pod, 100-grains weight, Pods weight per plant, individual plant yield, grain weight per pod, total grain yield, biological yield, and harvest index.

Results: The results indicated a high level of genetic diversity among the studied genotypes. A highly significant positive correlation was observed between total grain yield and grain weight per pod (0.79), individual plant yield (0.99), and number of grains per pod (0.73). Cluster analysis using the minimum variance method (wards method) grouped the studied genotypes into six main clusters. Based on the comparison of cluster means, the genotypes in the first and second clusters had low means for most of the studied traits. Genotypes clustered in group three exhibited significantly higher yield (8809.9 kg/ha) compared to the other clusters. These genotypes exhibited

higher values for days to physiological maturity (183.9), individual plant yield (22.65 g) and grain weight per pod (2.18) compared to other clusters. The fourth cluster had an average performance for all the studied traits. Genotypes in the fifth and sixth clusters showed significant differences from other clusters in terms of traits related to grain yield. Using principal component analysis, the studied traits were reduced to four components with a cumulative variance of 99.77%. Accordingly, the first component was named “yield,” the second “yield components,” the third “plant architecture,” and the fourth “phenology.” Based on the results of the biplot, the genotypes were classified into four groups. Genotypes in the first group had a high average total grain yield. Genotypes in the second group, with distribution around the vectors of plant height, number of branches, number of fertile pods, biological yield, pods weight per plant, and 100-grain weight, had high grain yield potential. Genotypes in the third group were identified as late-maturing. The fourth group included genotypes that were considered intermediate to low for the studied traits.

Conclusion: Based on the results of the present study, it is possible to utilize crosses between genotypes in the third, fifth, and sixth clusters, which have the highest means for grain yield and yield-related components, with genotypes in the fourth cluster, using the biplot and based on the distance between clusters, to develop non-spiny safflower genotypes with high grain yield potential.

Cite this article: Jabari, M., Salimi, Kh., Ebrahimi, F., Mohammadi-Nejad, Gh. 2025. Evaluation of yield and genetic variation of Non-Spiny safflower genotypes (*Carthamus tinctorius* L.) using multivariate analysis. *Crop Production Journal*, 18 (1), 67-90.



© The Author(s).

DOI: [10.22069/ejcp.2025.23183.2657](https://doi.org/10.22069/ejcp.2025.23183.2657)

Publisher: Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources



تولید گیاهان زراعی

شاپا چاپی: ۲۰۰۸-۷۳۹۸
شاپا الکترونیکی: ۲۰۰۸-۷۴۰۳



بررسی عملکرد و تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گلرنگ بدون خار (*Carthamus tinctorius* L.) با استفاده از تحلیل‌های چند متغیره

میترا جباری^{۱*}، خالد سلیمی^{۲*}، فاطمه ابراهیمی^۳، قاسم محمدی‌نژاد^۴

^۱ نویسنده مسئول، استادیار گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه سراوان، سراوان، سیستان و بلوچستان، ایران،

رایانامه: m.jabari@saravan.ac.ir

^۲ نویسنده مسئول، استادیار گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه سراوان، سراوان، سیستان و بلوچستان، ایران،

رایانامه: k.salimi@saravan.ac.ir

^۳ استادیار ژنتیک و اصلاح نباتات پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی، پژوهشگاه افصلی پور، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران،

رایانامه: fa.ebrahimi@uk.ac.ir

^۴ استاد ژنتیک و اصلاح نباتات پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی، پژوهشگاه افصلی پور و دانشکده کشاورزی دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران،

رایانامه: Mohammadinejad@uk.ac.ir

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله:	سابقه و هدف: ایران یکی از خاستگاه‌های اولیه گلرنگ و از نظر تنوع ژنتیکی این گیاه، یکی از غنی‌ترین مناطق جهان محسوب می‌شود. با توجه به توسعه ژنوتیپ‌های متعدد گلرنگ بدون خار و اهمیت عملکرد دانه در توسعه کشت این گیاه، استفاده از ژنوتیپ‌های بدون خار می‌تواند گامی مؤثر در جهت اجرای برنامه‌های به‌نژادی باشد. مهم‌ترین گام در این مسیر، استفاده از تنوع موجود در ژرم‌پلاسماهای بومی و غیربومی است. هدف از اجرای این پژوهش بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های بومی و غیربومی گلرنگ بدون خار، در راستای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در زمینه تولید دانه و شناسایی ارتباط مؤثر بین صفات بود.
تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۱۰/۲۲	
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۱/۲۴	
واژه‌های کلیدی:	مواد و روش‌ها: در این مطالعه تعداد ۳۶ ژنوتیپ گلرنگ بدون خار در قالب طرح آلفا لاتیس (مستطیل ۹×۴) طی سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه سراوان مورد ارزیابی قرار گرفت. در طی دوره رشد صفات تعداد روز تا جوانه‌زنی، تعداد روز تا ۵ درصد گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، ارتفاع بوته، تعداد شاخه فرعی، تعداد غوزه بارور، تعداد بذر در غوزه، وزن صد دانه، وزن غوزه در بوته، عملکرد تک بوته، وزن دانه در غوزه، عملکرد کل دانه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت مورد ارزیابی قرار گرفت.
بای‌پلات	
تجزیه خوشه‌ای	یافته‌ها: نتایج بیانگر وجود تنوع ژنتیکی بالا در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود. همبستگی بسیار معنی‌داری بین عملکرد کل دانه با وزن دانه در غوزه (۰/۷۹)، عملکرد تک بوته (۰/۹۹) و تعداد بذر در غوزه (۰/۷۳) وجود داشت. تجزیه خوشه‌ای به روش حداقل واریانس وارد ژنوتیپ‌های مورد بررسی را به شش خوشه اصلی تفکیک نمود. بر اساس مقایسه میانگین خوشه‌ها، ژنوتیپ‌های موجود در خوشه‌های اول و دوم میانگین پایینی برای اکثر صفات مورد مطالعه
تجزیه‌های چند متغیره	
ژرم‌پلاسما	
گلرنگ	

داشتند. ژنوتیپ‌های قرار گرفته در خوشه سوم با اختلاف معنی‌دار عملکرد بهتری (۸۸۰۹/۹ کیلوگرم در هکتار) را نسبت به خوشه‌های دیگر نشان دادند. ژنوتیپ‌های این خوشه از نظر صفات تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک (۱۸۳/۹)، عملکرد تک بوته (۲۲/۶۵ گرم) و وزن دانه در غوزه (۲/۱۸ گرم) ارزش بالاتری نسبت به خوشه‌های دیگر داشتند. خوشه چهارم عملکرد متوسطی برای تمامی صفات مورد مطالعه داشت. ژنوتیپ‌های موجود در خوشه پنجم و ششم اختلاف معنی‌داری با خوشه‌های دیگر از نظر صفات مرتبط با عملکرد دانه نشان دادند. با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی صفات مورد مطالعه به چهار مؤلفه با واریانس تجمعی ۷۷/۹۹ درصد کاهش یافتند. بر این اساس مؤلفه اول عملکرد، مؤلفه دوم اجزای عملکرد، مؤلفه سوم معماری گیاه و مؤلفه چهارم فنولوژی نام گرفت. بر اساس نتایج حاصل از ترسیم نمودار بای‌پلات ژنوتیپ‌ها در چهار گروه طبقه‌بندی شدند. ژنوتیپ‌های موجود در گروه اول دارای متوسط عملکرد کل دانه بالایی بودند. ژنوتیپ‌های موجود در گروه دوم با پراکنش حول بردارهای ارتفاع بوته، تعداد شاخه فرعی، تعداد غوزه بارور، عملکرد بیولوژیک، وزن غوزه در بوته و وزن صد دانه دارای پتانسیل عملکرد دانه بالایی بودند. ژنوتیپ‌های موجود در گروه سوم به عنوان ژنوتیپ‌های دیررس شناسایی شدند. گروه چهارم شامل ژنوتیپ‌هایی بود که از لحاظ صفات مورد مطالعه حد واسط رو به پایین در نظر گرفته شدند.

نتیجه‌گیری: بر اساس نتایج حاصل از پژوهش حاضر می‌توان از تلاقی ژنوتیپ‌های موجود در خوشه سوم، پنجم و ششم با دارا بودن بیشترین میانگین برای عملکرد دانه و اجزای مرتبط با عملکرد با ژنوتیپ‌های خوشه چهارم به کمک نمودار بای‌پلات و بر اساس فاصله بین خوشه‌ها به منظور توسعه ژنوتیپ‌های گلرنگ بدون خار با پتانسیل عملکرد دانه بالا بهره برد.

استناد: جباری، میترا؛ سلیمی، خالد؛ ابراهیمی، فاطمه؛ محمدی‌نژاد، قاسم. (۱۴۰۴). بررسی عملکرد و تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گلرنگ بدون خار (*Carthamus tinctorius* L.) با استفاده از تحلیل‌های چند متغیره. *مجله تولید گیاهان زراعی*، ۱۸ (۱)، ۹۰-۶۷.



© نویسندگان.

DOI: [10.22069/ejcp.2025.23183.2657](https://doi.org/10.22069/ejcp.2025.23183.2657)

ناشر: دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

مقدمه

گلرنگ با نام علمی *Carthamus tinctorius* L. گیاهی یک‌ساله از خانواده Asteraceae با $2n=24$ کروموزوم (۱)، عمدتاً به منظور تولید روغن‌های خوراکی به‌طور گسترده در مناطق خشک و نیمه‌خشک جهان کشت می‌شود (۲). این گیاه عمدتاً خودگشن است، ولی میزان دگرگشتی متفاوتی در ژنوتیپ‌های مختلف گلرنگ گزارش شده است (۳ و ۴). نفوذ ریشه مستقیم گلرنگ تا عمق یک و نیم متری در خاک به تحمل تنش خشکی کمک می‌نماید (۵). مصرف عمده گیاه گلرنگ در استخراج روغن دانه و تولید غذای طیور است (۶). ایران از لحاظ ذخایر ژنتیکی گلرنگ جزو مناطق غنی جهان بوده و با توجه به ویژگی‌های زراعی گلرنگ می‌تواند به عنوان یک گیاه مطلوب در مناطق خشک کشت شود (۷). اگرچه نقشه‌برداری ژنتیکی و شناسایی جایگاه‌های ژنی کنترل‌کننده صفات کمی (QTL)، فرآیند به‌نژادی را در بسیاری از گیاهان زراعی تسهیل کرده است، با وجود این، اصلاح کلاسیک همچنان سنگ بنای به‌نژادی گیاهان زراعی محسوب می‌شود، به ویژه برای گیاهانی که هنوز تحت تجزیه و تحلیل مولکولی پیشرفته مانند توالی‌یابی ژنی قرار نگرفته‌اند (۸). بنابراین، کشت تجاری موفقیت‌آمیز گلرنگ به برنامه‌های اصلاحی مؤثری متکی است که بتواند عملکرد دانه را به‌طور قابل توجهی افزایش دهد. با این حال، دستیابی به این هدف به دلیل کنترل ژنتیکی پیچیده صفات مرتبط با عملکرد، چالش برانگیز است (۸ و ۹).

عامل اصلی تکامل گونه‌های گیاهی تنوع ژنتیکی می‌باشد. برای استفاده مفید از منابع ژنتیکی در یک برنامه اصلاحی، اطلاع و درک تنوع و شباهت ژنتیکی در یک برنامه اصلاحی ضروری می‌باشد (۱۰ و ۱۱). تنوع ژنتیکی پایه و اساس گزینش فنوتیپی، ژنوتیپی و اصلاح کمی و کیفی گونه‌های گیاهی است (۱۲). از

جمله کارهای که برای شناسایی ظرفیت ژنتیکی صفات مرتبط با اهداف اصلاحی و حفاظت از منابع ژنتیکی، توسط به‌نژادگران گیاهی انجام می‌گیرد، می‌توان به بررسی تنوع ژنتیکی در گونه‌های زراعی و وحشی اشاره کرد (۱۳). اطلاع از تنوع ژنتیکی و مدیریت منابع ژنتیکی ضمن حفظ ذخایر ژنتیکی، امکان استفاده از آنها را در برنامه‌های اصلاحی به منظور معرفی لاین‌های جدید را ممکن می‌سازد (۱۳)، ارزیابی تنوع ژرم‌پلاسماهای مختلف به عنوان مواد اولیه، مسیر انتقال انواع ژن‌های مطلوب به رقم‌های تجاری را برای به‌نژادگران هموار می‌سازد (۱۴ و ۱۵). ارزیابی تنوع ژرم‌پلاسماهای مختلف به رقم‌های تجاری را برای به‌نژادگران هموار می‌سازد (۱۶). بررسی تنوع ژنتیکی در ژرم‌پلاسما به واسطه تکنیک‌های مختلفی انجام می‌شود با وجود این، ارزیابی با استفاده از شکل، اندازه و تنوع خصوصیات مورفولوژیک از قبیل برگ‌ها، ساقه‌ها، شاخه‌ها، گل‌ها و غیره بسیار متداول است (۱۷).

شینواری و همکاران (۲۰۱۴) در مطالعه‌ای بر روی ۱۲۲ ژنوتیپ گلرنگ از مناطق اکولوژیکی-جغرافیایی مختلف جهان، با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تنوع قابل توجهی را در بین ژرم‌پلاسما مورد بررسی گزارش کردند. آن‌ها صفاتی مانند اندازه غوزه، تعداد غوزه در هر بوته، تعداد دانه در هر غوزه، طول دوره رشد، ارتفاع گیاه و تعداد روز تا گلدهی را به عنوان مهم‌ترین عوامل مؤثر در این تنوع شناسایی کردند (۱۷). نظری و همکاران (۲۰۲۲) در مطالعه ۲۷۳ ژنوتیپ متنوع گلرنگ جمع‌آوری شده از مناطق مختلف دنیا، وجود تنوع بالا از نظر همه صفات مورد ارزیابی را گزارش کردند. در این مطالعه نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد ۳ مؤلفه اول توانستند بیش از ۵۰ درصد از تغییرات کل را توجیه کنند. مؤلفه اول ۲۱ درصد، مؤلفه دوم ۱۸ درصد و مؤلفه سوم ۱۲ درصد از تغییرات را توجیه کردند (۴). یزدی صمدی و همکاران (۱۹۷۸) در بررسی تنوع ژنتیکی ۱۸۵۸

کمک می‌کند. بر این اساس در این تحقیق ظرفیت تولید و تنوع ژنتیکی ۳۶ ژنوتیپ گلرنگ بدون خار با استفاده از صفات اگرومورفولوژی و با هدف گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و شناسایی بهترین منابع ژرم‌پلاسما جهت استفاده در برنامه‌های به‌نژادی مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش ۳۶ ژنوتیپ گلرنگ بدون خار (جدول تکمیلی ۱) در قالب طرح آلفا لاتیس (مستطیل ۹×۴) طی سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ در مزرعه تحقیقاتی مجتمع آموزش عالی سراوان در دو تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند. عرض جغرافیایی محل انجام آزمایش ۲۷ درجه و ۳۹ دقیقه شمالی و طول جغرافیایی آن ۶۲ درجه و ۳۱ درجه شرقی بوده و ارتفاع آن از سطح دریا ۱۱۸۲ متر است. نتایج حاصل از تجزیه فیزیکی و شیمیایی خاک محل آزمایش در جدول ۱ ارائه شده است.

بدور هر ژنوتیپ در دو ردیف (به دلیل محدودیت تعداد بذرها) به صورت جوی و پشته و به طول یک و نیم متر کاشته شد. فاصله بین ردیف‌های کاشت ۵۰ سانتی‌متر و فاصله بوته‌ها روی ردیف کاشت ۵ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. پس از آماده‌سازی زمین شخم رایج با گاواهن برگردان‌دار، دوبار دیسک عمود برهم و فارو ۵۰ سانتی‌متر اجرا شد. برای کنترل علف‌های هرز از علف‌کش گلایفوزیت به صورت پیش‌کاشت به میزان دو لیتر در هکتار استفاده شد. قبل از زدن دیسک، کودهای مورد توصیه بر مبنای آزمون خاک (۱۰۰ کیلوگرم در هکتار اوره، ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار سوپرفسفات تریپل و ۵۰ کیلوگرم در هکتار سولفات پتاسیم) به مزرعه اضافه شد. نیمی از کود اوره در مرحله شاخه‌دهی به صورت سرک استفاده شد. ریزمغذی (Macromix gold) حاوی عناصر

لاین گلرنگ ایرانی و خارجی، میزان تغییرات زیادی را در ارتفاع گیاه مشاهده کردند، به طوری که لاین‌های ایرانی کوتاه‌ترین نمونه‌ها بودند. در مقابل، لاین‌های ایرانی بیشترین تعداد غوزه در هر بوته و دانه در هر غوزه را نشان دادند (۱۸). تجزیه کلاستر بر روی ۱۰ ژنوتیپ گلرنگ نشان داد که تفاوت‌های اساسی در تعداد روز تا سبز شدن، ساقه‌دهی، شاخه‌دهی و رسیدگی فیزیولوژیک بین ارقام خاردار و بدون خار وجود دارد، به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های بدون خار مراحل نمو خود را دیرتر از ژنوتیپ‌های خاردار سپری می‌کنند (۱۹). نیکپور و همکاران (۲۰۲۳) در بررسی تنوع ژنتیکی ۱۶۰ ژنوتیپ گلرنگ داخلی و خارجی، وجود دامنه ۲۳ روزه در تاریخ گلدهی و دامنه ۹۵ سانتی‌متری در ارتفاع بوته را گزارش نمودند که نشان دهنده تنوع بالای ژنوتیپ‌های مورد بررسی بود (۲).

مطالعات متعددی نیز همبستگی‌های معنادار فنوتیپی و ژنتیکی بین صفات مختلف گلرنگ را با تمرکز بر ویژگی‌های اگرومورفولوژیکی و فنولوژیکی گزارش کرده‌اند و صفات مناسب برای استفاده در برنامه‌های اصلاح نژاد را معرفی کرده‌اند (۹، ۲۰ و ۲۱). ورود ژنوتیپ‌های جدید در راستای توسعه منابع ژرم‌پلاسما می‌تواند بهره‌وری برنامه‌های به‌نژادی گلرنگ را بهبود بخشد. تنوع ژنتیکی قابل توجهی در گلرنگ در تحقیقات متعددی از سال‌های گذشته تاکنون گزارش شده است. با این حال، بیشتر این تحقیقات بر صفات ظاهری و فنولوژی متمرکز بوده‌اند و گزارش‌های محدودی در زمینه ارزیابی تنوع ژنتیکی گلرنگ بر اساس ویژگی‌های زراعی و مورفولوژیک ارائه شده است. اولین گام در اصلاح گلرنگ داشتن جمعیتی با تنوع بالا است. انتخاب ارقام مطلوب و تعیین روابط بین صفات و میزان وراثت‌پذیری صفات از جمله مواردی هستند که در انتخاب مناسب‌ترین و منطقی‌ترین صفات مرتبط با عملکرد بیشتر به به‌نژادگر

بررسی عملکرد و تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گلرنگ... / میترا جباری و همکاران

ریزمغذی کلات شده با EDTA (جدول ۲)، در دو محلول‌پاشی (دو لیتر در هکتار) استفاده شد. مرحله (ساقه‌دهی و ظهور غوزه) به صورت

جدول ۱- برخی ویژگی‌های فیزیکوشیمیایی خاک محل اجرای آزمایش

Table 1. Soil physicochemical properties at the experimental location

Soil texture	Potassium	Phosphorous	Manganese	Zinc	Organic matter	Nitrogen	Ec	pH
بافت خاک	پتاسیم قابل جذب	فسفر قابل جذب	منگنز	روی	ماده آلی	نیتروژن کل	هدایت الکتریکی	اسیدیته
		mg kg ⁻¹			%		ds m ⁻¹	
Loamy silt	92	13	0.961	0.348	0.2	0.02	2.9	8.6

جدول ۲- نوع و مقادیر عناصر موجود در کود مایع ماکرومیکس گلد

Table 2. Types and amounts of elements in MacromixGold liquid fertilizer

ترکیبات	نیتروژن کل (N)	فسفر قابل استفاده (P ₂ O ₅)	پتاسیم محلول در آب (K ₂ O)	بر محلول (B)	آهن کلاته با EDTA	روی کلاته با EDTA	منگنز کلاته با EDTA	مس کلاته با EDTA	منیزیم محلول Mg
درصد وزنی W/W	9	6	8	0.1	0.5	0.5	0.2	0.1	0.2
درصد حجمی W/V	11	7.5	10	0.12	0.6	0.6	0.25	0.12	0.25

ترکیبات سازنده: اوره، تتراپتاسیم پیرو فسفات TKPP، اسید بوریک، آهن EDTA، روی EDTA، مس EDTA، منگنز EDTA، اکسید منیزیم

فرعی (NB: Number of Branches)، تعداد غوزه بارور (NFP: Number of fertile pods per plant)، تعداد بذر در غوزه (NGP: Number of grain per pod)، وزن صد دانه (HGW: 100 grains weight)، وزن غوزه در بوته (PWP: Pods weight per plant)، عملکرد تک بوته (GWP: Grain weight per plant)، وزن دانه در غوزه (GPP: Grain weight per pod)، عملکرد کل دانه (GY: grain yield)، عملکرد بیولوژیک (BY: Biologycal yield) و شاخص برداشت (رابطه ۱) (HI: Harvest index) (۲۲) مورد ارزیابی قرار گرفت. صفات فنولوژیک بر اساس رسیدن ۵۰ درصد کرت به مرحله فنولوژی مورد نظر و صفات مورفولوژیک و عملکرد بر اساس میانگین ۵ بوته در هر پلات برآورد گردید.

$$HI = \left(\frac{GY}{BY} \right) \times 100 \quad \text{رابطه (۱)}$$

کشت در ۲۵ آبان ماه انجام شد و با توجه به شرایط آب و هوایی منطقه (جدول ۳) بلافاصله بعد از کاشت، آبیاری صورت گرفت. پس از کاشت به منظور جوانه‌زنی و استقرار گیاهچه دو مرتبه آبیاری به فاصله یک هفته صورت گرفت. آبیاری‌های بعدی با در نظر گرفتن درجه حرارت هوا (بر اساس ۶۰ میلی‌متر تبخیر از تشتک تبخیر کلاس A) در دوره‌های ۷ تا ۱۵ روزه انجام شد.

در طی دوره رشد برخی از صفات فنولوژیک، مورفولوژیک و مرتبط با عملکرد از قبیل تعداد روز تا جوانه‌زنی (DTS: Days to seedling)، تعداد روز تا ۵ درصد گلدهی (DFF: Day to five percent)، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک (flowering)، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک (DPM: Days to physiological maturity)، ارتفاع بوته (PH: Plant height) به سانتی‌متر، تعداد شاخه

جدول ۳- اطلاعات ماهانه هواشناسی محل اجرای آزمایش در طی فصل رشد ۱۴۰۳-۱۴۰۲ (ایستگاه سینوپتیک سراوان)
Table 2. Monthly meteorological information of the experimental site during the growing season 2023-2024 (Saravan Synoptic Station)

ماه Month	میانگین سرعت باد (m/s) Mean Wind Speed (m/s)	مجموع بارش (mm) Total Precipitation (mm)	میانگین رطوبت نسبی (%) Mean Relative Humidity (%)	میانگین دما (C°) Mean Temperature (C°)
آبان November	3.14747	0	30.4753	14.3677
آذر December	3.08602	2	35.5115	14.2871
دی January	2.94581	127.1	41.3498	14.4241
بهمن February	3.41313	35	41.2258	17.7871
اسفند March	3.01751	143.4	38.5187	22.0567
فروردین April	3.42243	0	21.0727	29.3871

بسیار معنی داری را در سطح احتمال یک درصد را نشان داد، که وجود تنوع بسیار بالا بین ژنوتیپ‌ها و امکان انتخاب ژنوتیپ مناسب را تأیید می‌نماید. اثر معنی دار بلوک برای دو صفت روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و وزن دانه در غوزه نشان‌دهنده تغییرات محیطی-مکانی در محیط آزمایشی است که به طور طبیعی در آزمایش‌های مزرعه‌ای رخ می‌دهد. این موضوع به دلیل تفاوت‌های جزئی در شرایط محیطی (مانند خاک، رطوبت، یا نور) بین بلوک‌ها است، و نشان می‌دهد اجرای آزمایش در قالب طرح آلفا لاتیس به درستی این تغییرات را کنترل کرده است زیرا اثر بلوک برای اکثر صفات غیرمعنی دار بوده است. بنابراین، نتایج آزمایش از دقت و اعتبار کافی برخوردار بوده و می‌توان از آن‌ها برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر استفاده کرد.

ضرایب تنوع (CV) محاسبه شده بین ۰/۹۴ الی ۲۳/۵۶ درصد متغیر بوده و گویای آن می‌باشد که صفات مورد مطالعه از تنوع بالایی برخوردار می‌باشند. بالاترین ضرایب تنوع مربوط به صفات شاخص برداشت (۲۳/۵۶ درصد)، عملکرد بیولوژیک (۲۱/۵۷)

تجزیه واریانس با استفاده از نرم افزار SAS نسخه ۹/۴ انجام شد (۲۳). به منظور تعیین رابطه بین صفات مورد بررسی، ضریب همبستگی پیرسون با استفاده از بسته «psych» برآورد شد. خوشه‌بندی سلسله‌مراتبی به روش حداقل واریانس وارد (Ward's method) بر روی داده‌های استاندارد شده با استفاده از بسته‌های «cluster, ggplot2» به همراه بسته‌های زیرمجموعه «dendextend, circize» انجام شد. سپس با استفاده از بسته «factoextra» به همراه بسته‌های زیرمجموعه «ade4, magrittr» تجزیه به مؤلفه‌های اصلی انجام و نمودار بای‌پلات پراکنش ژنوتیپ‌ها بر اساس دو مؤلفه اول رسم گردید. تمامی محاسبات در نرم‌افزار R 4.3.2 و در محیط RStudio انجام شد (۲۴، ۲۵ و ۲۶). مقایسه میانگین بین خوشه‌ها با استفاده از آزمون دانکن در نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۴ انجام شد.

نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس بر اساس طرح آلفا لاتیس (جدول ۴)، بر اساس صفات مورد بررسی در ۳۶ ژنوتیپ گلرنگ بدون خار مورد مطالعه تفاوت

بررسی عملکرد و تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گلرنگ... / میترا جباری و همکاران

درصد) و تعداد شاخه فرعی (۱۶/۳۷ درصد) بود. (۱/۷۶ درصد) و وزن صد دانه (۷/۴۸ درصد) برآورد کمترین ضریب تنوع در صفات روز تا رسیدگی شد. عملکرد کل دانه نیز از تنوع مناسبی برخوردار بود فیزیولوژیک (۰/۹۴ درصد)، روز تا پنج درصد گل‌دهی (جدول ۴).

جدول ۴- تجزیه واریانس صفات مرتبط با ظرفیت تولید بر مبنای میانگین مربعات (MS) در ۳۶ ژنوتیپ گلرنگ.

Table 4. Anova analysis of yield potential traits based on mean square (MS) in 36 safflower genotypes

منابع تغییرات S.O.V	درجه آزادی df	روز تا جوانه زنی DTS	روز تا ۵ درصد گلدهی DFF	روز تا رسیدگی فیزیولوژیک DPM	ارتفاع بوته PH	تعداد شاخه فرعی NB	تعداد غوزه بارور NFP	تعداد بذر در غوزه NGP
تکرار Rep	1	13.347**	2.347	10.888	267.382	33.999	1.452	94.256*
بلوک (تکرار) Blc (Rep)	6	0.347	15.643	17.814**	121.476	46.273	0.575	31.133
ژنوتیپ Genotype	35	2.423**	18.725**	17.166**	447.843**	171.203**	8.791**	265.961**
خطا Error	29	1.034	6.225	2.958	129.23	17.334	1.916	19.65
ضریب تغییرات CV%		11.64	1.76	0.94	8.15	16.37	12.50	10.30

* and **, significant at 5% and 1% probability level

* و **, معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد

جدول ۴- ادامه

Table 4. Continue

منابع تغییرات S.O.V	درجه آزادی df	وزن صد دانه HGW	وزن غوزه در بوته PWP	عملکرد تک بوته GWP	وزن دانه در غوزه GPP	کل دانه GY	عملکرد بیولوژیک BY	شاخص برداشت HI
تکرار Rep	1	0.004	693.284*	35.263*	0.155*	6491921.5*	3853561	12.793
بلوک (تکرار) Blc (Rep)	6	0.117	22.116	14.444	0.109*	1768048.0	162168566	3.585
ژنوتیپ Genotype	35	0.128	2483.447**	36.160**	0.298**	5194779.8**	457411738**	36.485**
خطا Error	29	0.073	53.436	6.660	0.026	947887.7	106784108	12.892
ضریب تغییرات CV%		7.48	11.07	15.11	10.40	14.37	21.57	23.56

* and **, significant at 5% and 1% probability level

* و **, معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد

شاخص‌های برآورد تنوع در جمعیت‌ها است و با توجه به اینکه این معیار تحت تأثیر واحد اندازه‌گیری صفت و یا دامنه تغییرات آن قرار نمی‌گیرد، می‌تواند به عنوان معیاری در گزینش اولیه صفات مطلوب در برنامه‌های به‌نژادی در نظر گرفته شود. وجود دامنه تغییرات وسیع برای بیشتر صفات مورد مطالعه نشان می‌دهد که گزینش برای اهداف مختلف در این توده از ژنوتیپ‌ها می‌تواند سودمند باشد (۱۱).

در بررسی ژنوتیپ‌های گلرنگ تحت تنش خشکی تنوع بالایی در میان ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از لحاظ صفات تعداد روز تا ساقه‌دهی، غوزه‌دهی، گل‌دهی، رسیدگی، رنگ گل، تعداد شاخه اصلی، تعداد غوزه در بوته، تعداد دانه در غوزه، وزن هزار دانه، عملکرد دانه و درصد روغن دانه گزارش شده است (۲۷). وجود ضریب تنوع بالا نشان دهنده بستر مناسب برای برنامه‌های به‌نژادی است. ضریب تنوع یکی از

نتایج حاصل از مقایسه میانگین نشان داد از لحاظ صفات فنولوژیک دیرترین جوانه‌زنی مربوط به ژنوتیپ PI393988 بود. ژنوتیپ CART67 طولانی‌ترین مدت زمان رسیدن تا ۵ درصد گلدهی را داشت و از لحاظ رسیدگی فیزیولوژیک، ژنوتیپ CART42 طولانی‌ترین زمان تا رسیدگی فیزیولوژیک را به خود اختصاص داد (جدول تکمیلی ۲). این نتایج نشان دهنده برتری ژنوتیپ TN79563 از لحاظ ارتفاع بوته (۱۷۰/۱) و ژنوتیپ PI198843 از لحاظ تعداد شاخه فرعی (۴۳/۰) بود. یکی از صفات مهم که همواره گزارشات ضد و نقیضی از نقش آن در عملکرد دانه وجود دارد، ارتفاع بوته است. در این صفت نیز همانند سایر صفات ارزیابی شده، اختلاف زیادی بین ژنوتیپ‌ها مشاهده شد که با نتایج سایر محققان مطابقت دارد (۲). بر اساس نتایج مقایسه میانگین تعداد غوزه بارور از ۱۷/۰۴ در ژنوتیپ PI198843 تا ۸/۱ در ژنوتیپ Sahebe-dorosht متغیر بود. این صفت معیار مناسبی جهت وجود تنوع ژنتیکی و گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب گلرنگ از لحاظ ظرفیت تولید به‌شمار می‌رود. بیشترین مقدار عملکرد تک بوته در ژنوتیپ Isfahan-149 و با اختلاف ناچیز در ژنوتیپ‌های PI253519 و CART215 و کمترین میزان این صفت در ژنوتیپ PI393988 مشاهده گردید.

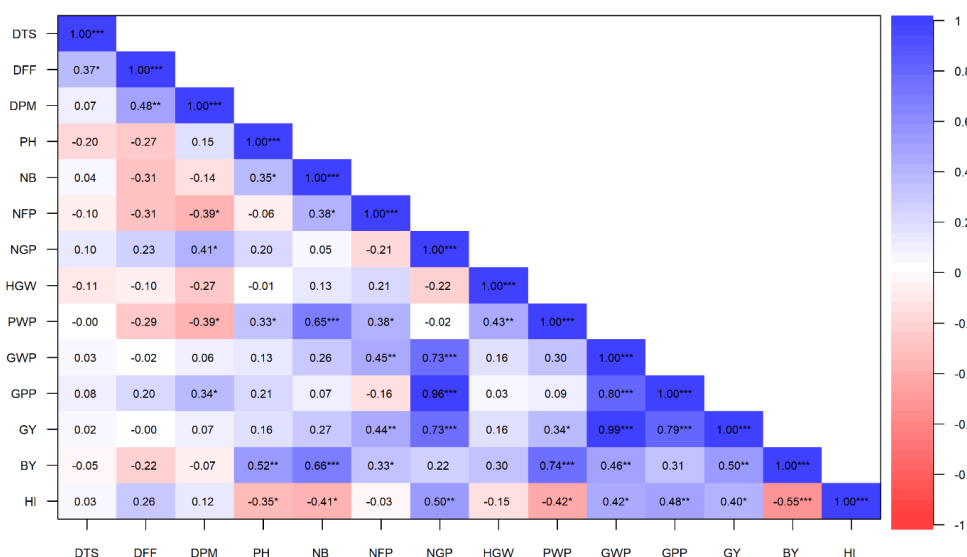
با توجه به تنوع قابل ملاحظه از نظر ویژگی‌های مورد بررسی در بین ژنوتیپ‌های گلرنگ، دامنه تنوع عملکرد دانه نیز در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی بسیار زیاد بود. نتایج مقایسه میانگین عملکرد دانه حاکی از اختلاف معنی‌دار ژنوتیپ PI253519 با دیگر ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود، درحالی‌که کمترین میزان عملکرد دانه مربوط به ژنوتیپ PI393988 بود. ژنوتیپ برتر از نظر عملکرد دانه، از لحاظ عملکرد تک بوته نیز برترین ژنوتیپ بود. بررسی روابط بین صفات در گلرنگ نشان داد که میزان تأثیر وزن صد

دانه بر عملکرد دانه صرفاً محض نیست و صفات دیگری همچون تعداد بذر در غوزه و تعداد شاخه فرعی نیز در آن مؤثر می‌باشند (۴ و ۲۸). با انجام مقایسه میانگین صفات مورد مطالعه ویژگی‌های هر ژنوتیپ از لحاظ ظرفیت تولید به طور دقیق‌تری مشخص گردید. ژنوتیپ CART67 هر چند از لحاظ تعداد بذر در غوزه در رتبه اول قرار گرفت ولی به نسبت ژنوتیپ‌های دیگر طولانی‌ترین زمان را تا گلدهی داشت و از کمترین میزان وزن صد دانه در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برخوردار بود. بیشترین ارتفاع بوته و نیز بیشترین وزن صد دانه در ژنوتیپ TN79563 مشاهده شد. ژنوتیپ PI253519 از لحاظ عملکرد تک بوته و عملکرد دانه نسبت به دیگر ژنوتیپ‌های مورد بررسی در بالاترین سطح قرار داشت. ژنوتیپ PI393988 از نظر بیشتر صفات مورد مطالعه (تعداد شاخه فرعی، تعداد بذر در غوزه، وزن صد دانه، وزن غوزه در بوته، عملکرد تک بوته، وزن دانه در غوزه، عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک) رتبه آخر را در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی به خود اختصاص داد. نتایج حاصل از مقایسه میانگین صفات به همراه نتایج حاصل از تجزیه‌های دیگر می‌تواند نکات تکمیلی در خصوص انتخاب ژنوتیپ‌ها جهت به‌نژادی صفات مرتبط با ظرفیت تولید در گلرنگ را ارائه دهد.

در برنامه‌های به‌نژادی دانستن روابط بین صفات از اهمیت زیادی برخوردار است، این امر ارتباط مثبتی با گزینش جهت افزایش تولید و بهره‌وری دارد (۲۹ و ۳۰). ارزیابی همبستگی امکان تجزیه و تحلیل میزان و جهت روابط بین صفات و ارزیابی قابلیت انتخاب غیرمستقیم در برنامه‌های به‌نژادی را فراهم می‌آورد که می‌تواند منجر به پیشرفت ژنتیکی سریع‌تر شود (۳۰). نتایج ضرایب همبستگی بین صفات مورد مطالعه نشان داد که همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری بین عملکرد

مختلف و شرایط محیطی متفاوت می‌باشد. در برنامه‌های به‌نژادی، معمولاً تعداد زیادی صفات زراعی بررسی و انتخاب بر اساس صفاتی صورت می‌گیرد که بین آنها همبستگی مثبت یا منفی معنی‌دار وجود داشته باشد (۱۱). همبستگی منفی و معنی‌دار بین تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک با تعداد غوزه بارور و وزن غوزه در بوته مشاهده شد. بر این اساس می‌توان نتیجه گرفت ژنوتیپ‌های دیررس از وزن هزار دانه کمتری برخوردار بودند.

کل دانه با وزن دانه در غوزه (۰/۷۹)، عملکرد تک بوته (۰/۹۹) و تعداد بذر در غوزه (۰/۷۳) وجود داشت (شکل ۱). ارتباط مثبت و معنی‌دار بین وزن هزار دانه و عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های گلرنگ گزارش شده است (۳۱). شاهوردی و همکاران (۲۰۲۲) با بررسی ۲۸ ژنوتیپ گلرنگ بیان کردند که عملکرد با صفات تعداد غوزه، ارتفاع و تعداد شاخه فرعی همبستگی مثبت و معنی‌دار داشته و بیان نمودند علت پایین بودن همبستگی عملکرد با وزن هزار دانه، دخالت گونه‌های



شکل ۱- ضرایب همبستگی پیرسون بین صفات مرتبط با ظرفیت تولید مورد بررسی در ژنوتیپ‌های گلرنگ. براساس نقشه حرارتی، رنگ‌های آبی و قرمز به ترتیب نشان دهنده ضرایب همبستگی مثبت و منفی هستند، بطوریکه افزایش شدت رنگ دلالت بر ضرایب بزرگتر دارد. جعبه‌های سفید نشان دهنده ضرایب غیر معنی‌دار هستند.

Figure 1. Pearson correlation coefficients between yield potential traits in safflower genotypes. Based on the heatmap, blue and red colors indicate positive and negative correlation coefficients, respectively, so that increasing color intensity means larger coefficients. White boxes indicate non-significant coefficients.

DTS: روز تا جوانه‌زنی؛ DFF: روز تا ۵ درصد گلدهی؛ DPM: روز تا رسیدگی فیزیولوژیک؛ PH: ارتفاع بوته؛ NB: تعداد شاخه فرعی؛ NFP: تعداد غوزه بارور؛ NGP: وزن صد دانه؛ PWP: وزن غوزه در بوته؛ GWP: عملکرد تک بوته؛ GPP: وزن دانه در غوزه؛ GY: عملکرد کل دانه؛ BY: عملکرد بیولوژیک؛ HI: شاخص برداشت

DTS: Days to seedling; DFF: Day to five percent flowering; DPM: Days to physiological maturity; PH: Plant height; NB: Number of Branches; NFP: Number of fertile pods per plant; NGP: Number of grain per pod; HGW: 100 grains weight; PWP: Pods weight per plant; GWP: Grain weight per plant; GPP: Grain weight per pod; GY: grain yield; BY: Biological yield; HI: Harvest index

را به عنوان شاخص خوبی برای انتخاب گیاهانی با عملکرد بالا مدنظر قرار داد. عملکرد بیولوژیک با صفاتی از قبیل وزن غوزه در بوته (۰/۷۴)، تعداد شاخه

همبستگی مثبت و معنی‌دار بین صفات وزن دانه در غوزه (۰/۹۶) و عملکرد تک بوته (۰/۷۳) با تعداد بذر در غوزه بیانگر این است که می‌توان خصوصیات غوزه

فرعی (۰/۶۶) و ارتفاع بوته (۰/۵۲) همبستگی مثبت و معنی دار نشان داد (شکل ۱). با توجه به اقلیم منطقه، دیررسی باعث تلاقی مرحله پرشدن دانه با دمای بالا و خشکی هوا می شود و این عامل ممکن است دلیل اصلی کاهش وزن دانه در ژنوتیپ های با تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک بالا باشد.

مطالعه انجام شده بر روی ۱۰۰ ژنوتیپ گلرنگ بهاره، نشان داد که همبستگی مثبت و معنی داری بین عملکرد دانه گلرنگ با تعداد غوزه، وزن هزار دانه، تعداد شاخه فرعی و عملکرد روغن وجود دارد، و نیز عملکرد دانه و روغن بالا و طول دوره رشد کوتاه را جزء مهم ترین اهداف برنامه های به نژادی بیان کردند (۳۲). ارتباط مثبت و معنی دار بین عملکرد دانه و ارتفاع بوته و همبستگی منفی بین عملکرد دانه و زمان آغاز گل دهی در بین ۱۵۰ ژنوتیپ گلرنگ نیز گزارش شده است (۳۳). گزارشات متعددی از میزان همبستگی وزن هزار دانه با عملکرد دانه، ارتفاع بوته، قطر غوزه و تعداد شاخه فرعی نیز ارائه شده است (۱۶ و ۲۸ و ۳۴ و ۳۵). خوشه بندی سلسله مراتبی ۳۶ ژنوتیپ بدون خار گلرنگ (مورد مطالعه) به روش Ward و بر اساس فاصله اقلیدسی بر روی صفات مورد بررسی منجر به تمایز شش (۶) گروه شد (شکل تکمیلی ۱). مقایسه میانگین بین خوشه ها نشان داد که تعداد هشت ژنوتیپ قرار گرفته در خوشه اول (Isfahan2, Sahebe- dorosht, CART225, PI 657820, PI 311737, TN79548, PI 253759, PI 253544) میانگین پایینی را برای صفات تعداد روز تا جوانه زنی، تعداد شاخه فرعی، تعداد غوزه بارور و عملکرد بیولوژیک داشتند (جدول ۵). خوشه دوم با دو ژنوتیپ (PI 393988, Gila) از نظر صفت تعداد روز تا جوانه زنی با اختصاص دادن بیشترین میانگین، اختلاف معنی داری با خوشه های دیگر نشان داد. ژنوتیپ های این خوشه عملکرد پایینی برای اکثر صفات مورد مطالعه داشتند

(شکل تکمیلی ۱، جدول ۵). نتایج بدست آمده از تجزیه خوشه ای حاکی از آن بود که تعداد پنج ژنوتیپ قرار گرفته در خوشه سوم از نظر صفات تعداد روز تا ۵ درصد گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، تعداد بذر در غوزه، عملکرد تک بوته، وزن دانه در غوزه، عملکرد کل دانه و شاخص برداشت با دارا بودن بیشترین میانگین، عملکرد بهتری را نسبت به خوشه های دیگر با اختلاف معنی دار نشان دادند (جدول ۳). همچنین این خوشه از نظر صفات تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، عملکرد تک بوته، وزن دانه در غوزه و عملکرد کل دانه ارزش بالاتری نسبت به خوشه های دیگر با رده معنی داری یکسان دارا بود. بیشترین تعداد ژنوتیپ ها (۱۲ ژنوتیپ) در خوشه چهارم گروه بندی شدند (شکل تکمیلی ۱). ژنوتیپ های این خوشه (Saroghamish, PI 253762, Maraghe30, Isfahan-Local Var.2, PI 253561, CART220, TN79690, CART42, CART226, Darab7, PI 576991, Darab-2-1) عملکرد متوسطی برای تمامی صفات مورد مطالعه داشتند (جدول ۵). خوشه پنجم با دارا بودن ۷ ژنوتیپ (PI 198843, CART1, Isfahan-149, TN7921, CART162, TN79650, Isfahan10)، از نظر صفات تعداد غوزه بارور، وزن غوزه در بوته، عملکرد تک بوته و عملکرد کل دانه اختلاف معنی داری را با خوشه های دیگر نشان داد. دو ژنوتیپ قرار گرفته در خوشه ششم از لحاظ صفات تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، ارتفاع بوته، تعداد شاخه فرعی، وزن صد دانه، وزن غوزه در بوته، عملکرد کل دانه و عملکرد بیولوژیک اختلاف معنی داری با سایر خوشه ها نشان دادند (جدول ۵). شاهوردی و همکاران (۲۰۲۲) در مطالعه ۲۸ ژنوتیپ گلرنگ نشان دادند که تنوع ژنتیکی قابل توجهی بین ژنوتیپ ها وجود داشته و بر اساس نتایج تجزیه خوشه ای ژنوتیپ های مورد مطالعه آنها در ۴ گروه قرار گرفتند (۱۱). نیکپور و همکاران (۲۰۲۳) در

مطالعه تنوع ژنتیکی ۱۶۰ ژنوتیپ گلرنگ با تمرکز بر ویژگی‌های کیفی روغن، بر اساس تجزیه خوشه‌ای گزارش نمودند که ژنوتیپ‌های مورد بررسی در ۴ گروه طبقه‌بندی شدند (۲). مطالعات متعددی برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گلرنگ انجام شده و نتایج کاملاً متفاوتی ارائه شده است، می‌توان گفت این تفاوت بستگی به نوع صفات مورد بررسی، نوع و تعداد ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و شرایط محیطی دارد. بر اساس نتایج مقایسه میانگین خوشه‌ها، تفاوت آماری معنی‌داری برای عملکرد کل دانه در خوشه‌های سوم، پنجم و ششم وجود نداشت، در حالی که از لحاظ ارزش عددی، میانگین عملکرد کل دانه در ژنوتیپ‌های خوشه سوم بالاتر بود. علاوه بر این، میانگین عملکرد تک بوته تفاوت آماری معنی‌داری در خوشه‌های سوم و پنجم نداشت، اما میانگین این صفت برای ژنوتیپ‌های خوشه سوم ارزش بالاتری نشان داد (جدول ۳). ژنوتیپ‌های قرار گرفته در خوشه سوم منشأ بومی نداشتند و از کشورهای ایتالیا، آلمان و اتریش وارد شده‌اند (جدول ۱). این ژنوتیپ‌ها در بای‌پلات دو مؤلفه اول در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی هم‌راستا با بردارهای عملکرد کل دانه، تعداد بذر در غوزه، عملکرد تک بوته و وزن دانه در غوزه بودند (شکل ۳). لذا نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نیز نتایج تجزیه خوشه‌ای را تأیید کرد و این ژنوتیپ‌ها را دارای ارزش بالایی برای عملکرد کل دانه و اجزای عملکرد (عملکرد تک بوته، وزن دانه در غوزه و تعداد بذر در غوزه) شناسایی نمود. ژنوتیپ‌های خوشه پنجم از کشورهای ایران، پاکستان و فرانسه منشأ گرفتند، و پراکنش آنها در نمودار بای‌پلات دو مؤلفه اول در راستای بردارهای وزن غوزه در بوته و تعداد غوزه بود

(شکل ۳). با توجه به میانگین صفات در ژنوتیپ‌های موجود در این گروه، این ژنوتیپ‌ها دارای پتانسیل تولید مطلوب در نظر گرفته شدند. همچنین دو ژنوتیپ موجود در خوشه ششم با منشأ ایرانی و اروپایی (جدول تکمیلی ۱)، با بردار صفات وزن صد دانه، وزن دانه در غوزه و ارتفاع بوته در بای‌پلات دو مؤلفه اول هم‌راستا بودند. ژنوتیپ‌های موجود در خوشه‌های سوم، پنجم و ششم از لحاظ عملکرد کل دانه و اجزای عملکرد به عنوان مطلوب‌ترین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه محسوب شدند. به طوری‌که از ژنوتیپ‌های این گروه‌ها با توجه به فاصله خوشه‌ها می‌توان والدین مناسب را به منظور انجام تلاقی‌های هدفمند در پروژه‌های به‌نژادی انتخاب نمود. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که حدود ۷۷/۹۹ درصد از کل تغییرات داده‌ها به وسیله ۴ مؤلفه اول قابل توجیه می‌باشند (جدول تکمیلی ۳). سهم مؤلفه اول ۳۰/۵۷ درصد و مؤلفه‌های بعدی به ترتیب ۲۵/۶۲، ۱۲/۶۴ و ۹/۱۵ درصد بود. بر این اساس مجموع دو مؤلفه اول و دوم بیش از پنجاه درصد از کل تغییرات داده‌ها را توجیه کردند. نیکپور و همکاران (۲۰۲۳) در مطالعه ۱۶۰ ژنوتیپ گلرنگ، گزارش کردند که چهار مؤلفه اول ۵۴/۹۴ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه کرده است، که سهم مؤلفه اول ۱۷/۹ درصد، سهم مؤلفه دوم ۱۵/۳ درصد، سهم مؤلفه سوم ۱۳/۵ درصد و سهم مؤلفه چهارم ۸/۲۴ درصد از کل تغییرات بود (۲). در بررسی ۲۰ رقم گلرنگ به روش مؤلفه‌های اصلی، حدود ۸۰ درصد از کل واریانس موجود در داده‌ها توسط سه مؤلفه تبیین شد که به ترتیب ۳۴، ۳۲ و ۱۴ درصد سهم مؤلفه‌های اول تا سوم گزارش شد (۳۶).

جدول ۵- تعداد اعضای گروه‌ها و اسامی ژنوتیپ‌های به دست آمده از تجزیه کلاستر همراه با مقایسه میانگین صفات مرتبط با ظرفیت تولید در ژنوتیپ‌های گل‌رنگ

Table 5. Number of members and names of genotypes in each group obtained from cluster analysis along with the mean comparison of yield potential traits in safflower genotypes

خوشه Cluster	روز تا جواندازی DTS	روز تا ۵ درصد گلدهی DFF	روز تا رسیدگی فیزیولوژیک DPM	ارتفاع بوته PH	فرعی NB	تعداد غوزه NFP	تعداد بذر NGP	وزن صدانه HGW	وزن غوزه PWP	وزن تک بوته GWP	عملکرد در غوزه GPP	کل دانه GY	عملکرد بیولوژیک BY	شاخص برداشت HI
خوشه اول Cluster 1 (n=8)	8.12 c	141 ab	180.3 ab	136.02 bc	18.84 c	9.42 c	38.56 c	3.52 ab	45.55 b	12.41 c	1.34 b	4966.7 c	31322 d	16.53 ab
خوشه دوم Cluster 2 (n=2)	11.25 a	143.7 ab	181 ab	124.14 c	22.99 bc	9.12 c	25.00 d	3.38 b	47.63 b	7.71 d	0.85 c	3085.7 d	37012 cd	9.61 c
خوشه سوم Cluster 3 (n=5)	9.50 b	145 a	183.9 a	126.43 bc	20.69 c	10.42 bc	61.11 a	3.60 ab	40.66 b	22.65 a	2.18 a	8809.9 a	42358 cd	21.33 a
خوشه چهارم Cluster 4 (n=12)	8.12 c	141.6 ab	182.2 ab	142.14 bc	25.86 bc	11.81 ab	37.72 c	3.68 ab	57.62 b	16.26 b	1.38 b	6462.6 b	49477 bc	13.73 bc
خوشه پنجم Cluster 5 (n=7)	9.14 bc	139.7 b	179 b	143.9 b	32.80 ab	13.26 a	45.71 bc	3.67 ab	109.75 a	21.79 a	1.66 b	8679.8 a	61017 b	15.25 b
خوشه ششم Cluster 6 (n=2)	9.0 bc	141.5 ab	183.5 a	168.41 a	37.40 a	9.13 c	56.00 ab	3.88 a	126.6 a	19.48 ab	2.14 a	7793.5 a	83362 a	9.34 c

Means with similar letter(s) are not significantly different at 5% probability level.

میانگین‌های دارای حروف مشترک در سطح احتمال ۵ درصد معنی‌دار نیستند.

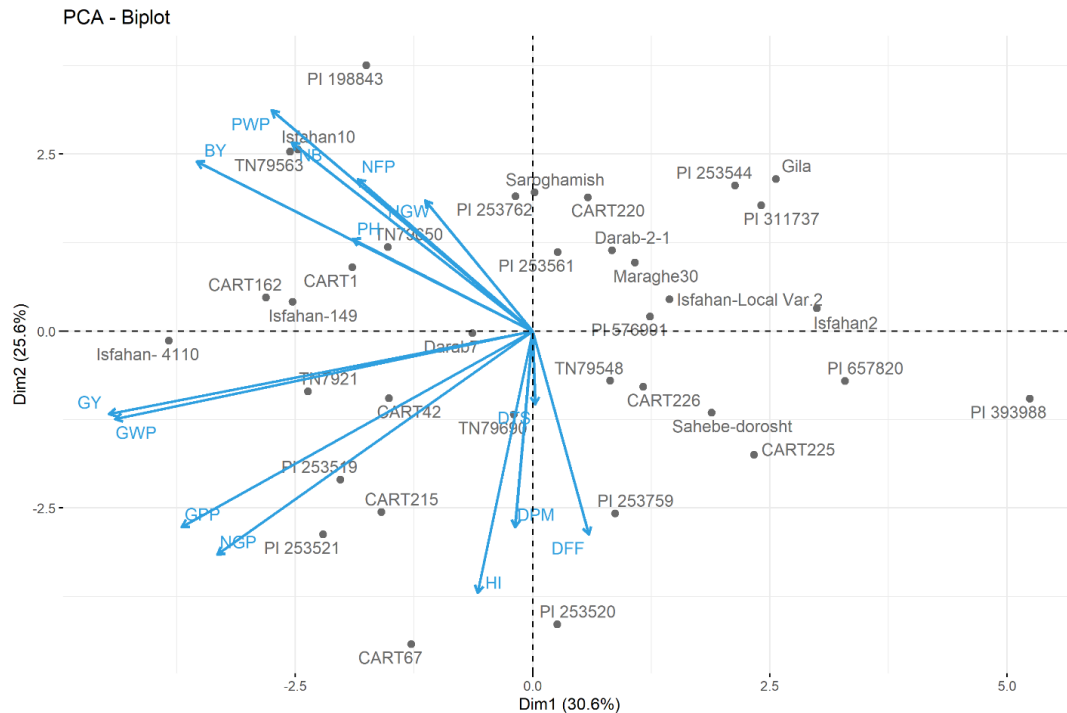
همچنین نتایج نشان داد که صفات عملکرد تک بوته، عملکرد کل دانه، عملکرد بیولوژیک، وزن دانه در غوزه، تعداد بذر در غوزه، وزن غوزه در بوته، و تعداد شاخه فرعی بیشترین همبستگی را با مؤلفه اول داشتند (جدول تکمیلی ۳)، ضرایب بالایی صفات مذکور نشان می‌دهد که این صفات در این مؤلفه دارای بالاترین میزان تنوع بوده و سایر صفات دارای تنوع کمتری هستند، از این رو مؤلفه اول عملکرد نام‌گذاری شد. صفات تعداد بذر در غوزه، وزن دانه در غوزه، وزن غوزه در بوته، و تعداد شاخه فرعی به همراه روز تا ۵ درصد گلدهی، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و شاخص برداشت همبستگی بالایی با مؤلفه دوم داشتند، و این مؤلفه اجزای عملکرد نام‌گذاری شد. مؤلفه سوم تحت عنوان معماری گیاه همبستگی بالایی با صفات ارتفاع بوته، تعداد غوزه بارور، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و شاخص برداشت داشت. همچنین ضرایب صفات روز تعداد روز تا جوانه‌زنی و تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک در مؤلفه چهارم بالا بود و این مؤلفه فنولوژی نام گرفت.

بهمینکار و همکاران (۲۰۱۷) در بررسی ارقام گلرنگ با تحلیل مؤلفه‌های اصلی، مؤلفه اول را با صفات قطر غوزه، عملکرد تک بوته، وزن هزار دانه، تعداد دانه در غوزه تحت عنوان عملکرد و اجزای عملکرد نامگذاری کردند. در آن بررسی مؤلفه دوم صفات فنولوژیک (تعداد روز تا پنجاه درصد گلدهی، تعداد روز تا شروع گلدهی و تعداد روز تا رسیدگی) و مؤلفه سوم را معماری گیاه (تعداد غوزه در بوته و ارتفاع بوته) نامگذاری شد (۳۶). مشاهدات مشابهی در مطالعات دیگری که روی گلرنگ (۳۷) و همچنین روی دیگر محصولات مانند ذرت (۳۸)، سورگوم (۳۹)، و کلزا (۴۰) انجام شده، گزارش شده است.

در این پژوهش، بر اساس توزیع ژنوتیپ‌ها در بای‌پلات دوطرفه مؤلفه اول و دوم، در مجموع می‌توان ژنوتیپ‌ها را به چهار گروه طبقه‌بندی نمود (شکل ۲). ژنوتیپ‌های موجود در گروه اول، حول بردارهای عملکرد کل دانه، تعداد بذر در غوزه، عملکرد تک بوته و وزن دانه در غوزه تمرکز داشتند، لذا این ژنوتیپ‌ها دارای متوسط عملکرد کل دانه بالایی بودند. در گروه اول ژنوتیپ‌های TN7921، Isfahan-4110، CART42، PI253519، CART215، PI253521 و CART67 با دارا بودن بیشترین میزان عملکرد کل دانه برتر بودند (جدول تکمیلی ۲). ژنوتیپ‌های گروه دوم، حول محور بردارهای ارتفاع بوته، تعداد شاخه فرعی، تعداد غوزه بارور، عملکرد بیولوژیک، وزن غوزه در بوته و وزن صد دانه قرار داشتند (شکل ۲). ژنوتیپ‌های TN79650، TN79563، Isfahan10، CART1، PI198843، CART162، PI253762 در این گروه قرار گرفتند. میانگین ارتفاع بوته در این ژنوتیپ‌ها بلندتر از سایر گروه‌ها بود و به واسطه داشتن شاخص‌های مورفولوژی بوته قوی‌تر (تعداد شاخه فرعی و تعداد غوزه بارور) این ژنوتیپ‌ها دارای پتانسیل عملکرد دانه بالایی می‌باشند (جدول تکمیلی ۲). ژنوتیپ‌های گروه سوم در راستای بردارهای تعداد روز تا جوانه‌زنی، تعداد روز تا ۵ درصد گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و شاخص برداشت قرار گرفتند. این گروه شامل دو ژنوتیپ TN79690 و PI253520 بود، که در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی به عنوان ژنوتیپ‌های دیررس مطرح بودند (شکل ۲، جدول تکمیلی ۲). گروه چهارم شامل ژنوتیپ‌هایی بود که در راستای بردار هیچ‌کدام از صفات مورد مطالعه قرار نگرفتند و از لحاظ صفات مذکور حد واسط رو به پایین در نظر گرفته شدند. تعداد زیادی از ژنوتیپ‌ها در این گروه قرار گرفتند که در بین آنها ژنوتیپ‌هایی از ایران، هلند و پرتغال به وجود داشت.

تعداد دانه در غوزه، شاخص برداشت، قطر غوزه اصلی، قطر غوزه جانبی و تعداد غوزه در بوته اقدام گردد. همچنین بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی بر اساس صفات مورد مطالعه تنوع قابل ملاحظه‌ای گزارش شد (۴۱).

این ژنوتیپ‌ها اکثراً دیرگل و دارای میانگین عملکرد دانه کم بودند (شکل ۲، جدول تکمیلی ۲). در مطالعه‌ای بر روی ۶۴ ژنوتیپ گلرنگ، به طور کلی، بر اساس نمای برداری بیان شد که به منظور انتخاب عملکرد دانه بالا بهتر است از طریق گزینش صفات



شکل ۲- نمودار بای پلات ژنوتیپ‌های گلرنگ بر اساس دو مؤلفه اول حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر روی صفات مرتبط با ظرفیت تولید که در آن موقعیت صفات و ژنوتیپ‌ها مشخص است (دایره‌های مشکی نشان دهنده ژنوتیپ‌ها و پیکان‌ها بیانگر صفات).

Figure 2. Biplot diagram of safflower genotypes based on the first two components resulting from principal component analysis on yield potential traits, where the position of the traits and genotypes is known (black circles indicate genotypes and arrows indicate traits).

DTS: روز تا جوانه‌زنی؛ DFF: روز تا ۵ درصد گلدهی؛ DPM: روز تا رسیدگی فیزیولوژیک؛ PH: ارتفاع بوته؛ NB: تعداد شاخه فرعی؛ NFP: تعداد غوزه بارور؛ NGP: تعداد بذر در غوزه؛ HGW: وزن صد دانه؛ PWP: وزن غوزه در بوته؛ GWP: عملکرد تک بوته؛ GPP: وزن دانه در غوزه؛ GY: عملکرد کل دانه؛ BY: عملکرد بیولوژیک؛ HI: شاخص برداشت

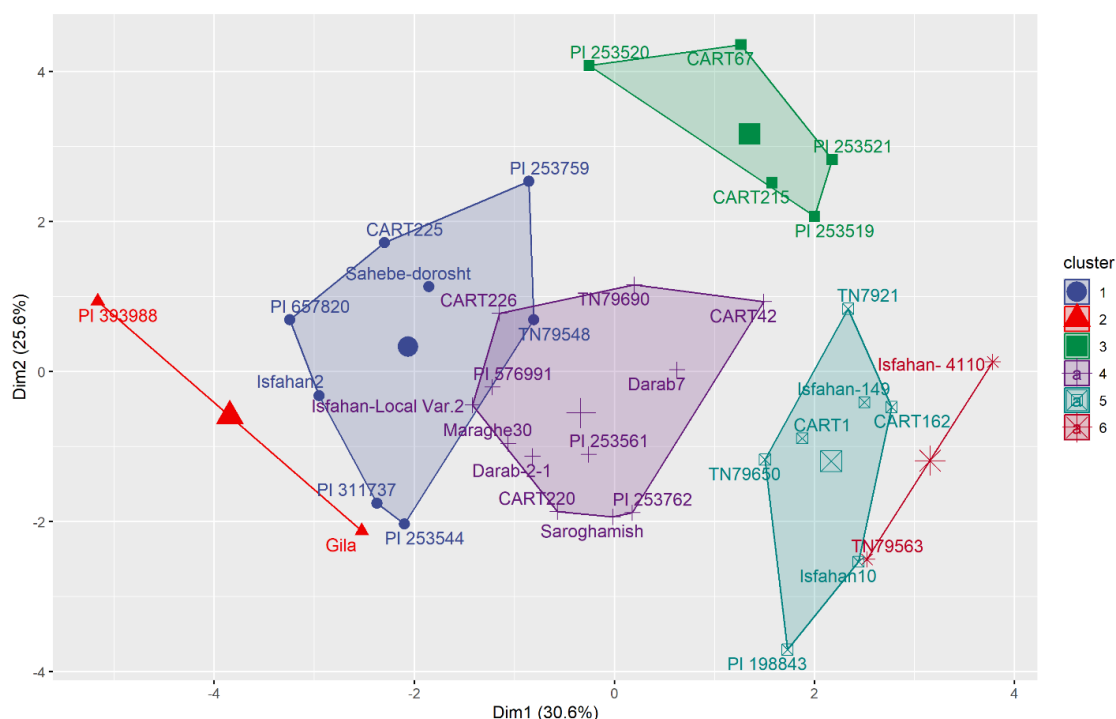
DTS: Days to seedling; DFF: Day to five percent flowering; DPM: Days to physiological maturity; PH: Plant height; NB: Number of Branches; NFP: Number of fertile pods per plant; NGP: Number of grain per pod; HGW: 100 grains weight; PWP: Pods weight per plant; GWP: Grain weight per plant; GPP: Grain weight per pod; GY: grain yield; BY: Biologycal yield; HI: Harvest index

کل موجود در جمعیت مورد مطالعه، تفسیر بهتر روابط بین متغیرها و تعیین سهم هر صفت در تنوع کل کمک می‌کند (۱۶ و ۲۵). این روش ابزاری بسیار مؤثر در سیستم‌های چندصفتی مانند رشد و تولید گیاهان زراعی است. نتایج مشابهی نیز با استفاده از ژرم پلاسماهای مختلف گلرنگ گزارش شده است (۳۴ و ۴۳). این

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی از جمله روش‌های آماری چند متغیره است که به منظور ساده‌سازی مجموعه‌ای از داده‌ها استفاده می‌شود (۴۲). هدف از این تکنیک، کاهش تعداد متغیرهای اصلی از طریق ایجاد مؤلفه‌های غیرهمبسته است که خود ترکیبی از متغیرهای اصلی هستند. این روش همچنین به توصیف و تشریح تنوع

دارای ضرایب بالایی برای مؤلفه اول بودند، همبستگی بالایی با لاین‌های موجود در خوشه پنجم و ششم نشان دادند. ژنوتیپ‌های موجود در خوشه اول و چهارم، دارای همبستگی متوسطی با صفات موجود در هر دو مؤلفه اول و دوم بودند (شکل ۳). همچنین ژنوتیپ‌های موجود در خوشه سوم همبستگی بالایی با صفاتی که دارای ضرایب بالای مؤلفه دوم بودند، نشان دادند. در نمودار تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس گروه‌های تجزیه خوشه‌ای، مرکز خوشه‌ها و فواصل تقریبی بین آنها نیز نشان داده شده است، که در صورت نیاز به دورگ‌گیری و اصلاح ویژگی‌های مهم زراعی گلرنگ می‌توان والدین مناسب را از بین ژنوتیپ‌های موجود در خوشه‌های مختلف انتخاب و از تلاقی هدفمند بین آنها به منظور بهره‌وری بیشتر استفاده نمود.

تکنیک در واقع مکمل تجزیه خوشه‌ای بوده و با کاهش تعداد متغیرها به تعداد کمی از مؤلفه‌های متعامدی که همبستگی با هم ندارند و هر مؤلفه جنبه‌های متفاوتی از داده‌ها را اندازه‌گیری می‌کند، اهمیت نسبی متغیرها در خوشه‌های بدست آمده را آشکار می‌سازد (۲۵). در این بررسی با استفاده از بسته factextra تجزیه به مؤلفه‌های اصلی انجام و نمودار بای‌پلات پراکنش ژنوتیپ‌ها از طریق دو مؤلفه اول رسم گردید، گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها در نمودار بای‌پلات بر اساس دو مؤلفه اول انجام شد که کاملاً منطبق بر خوشه‌بندی به روش Ward بود. نمودار بای‌پلات پراکنش ژنوتیپ‌های گلرنگ بر اساس دو مؤلفه اصلی اول و دوم (شکل ۳)، به وضوح خوشه‌های به دست آمده از تجزیه خوشه‌ای را از یکدیگر متمایز کرد. بر این اساس، صفاتی که



شکل ۳- نمودار بای‌پلات دو مؤلفه اصلی اول برای صفات مرتبط با ظرفیت تولید در ژنوتیپ‌های گلرنگ بر اساس گروه‌های تجزیه خوشه‌ای. ژنوتیپ‌ها بر اساس عدم تشابه بین آنها و منطبق بر خوشه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای پراکنده شده‌اند.

Figure 3. Biplot of the first two principal components for yield potential traits in safflower genotypes based on cluster analysis groups. Genotypes are dispersed in different ordinates based on the dissimilarity among them.

جدول ۲- مقایسه میانگین صفات مرتبط با ظرفیت تولید در ۳۶ ژنوتیپ گلریگ

Table 2. Mean comparison of yield potential traits in 36 safflower genotypes

کد ژنوتیپ Genotype Code	روز تا جوانه زنی DTS	روز تا ه درصد گلدهی DFF	روز تا رسیدگی DPM	ارتفاع بوته (سانتی متر) PH	تعداد شاخه فرعی NB	تعداد غوزه بارور NFP	تعداد بذر در غوزه NGP	وزن صد دانه (گرم) HGW (g)	وزن غوزه در بوته (گرم) PWP (g)	عملکرد تک بوته (گرم) GWP (g)	وزن دانه (گرم) GPP (g)	عملکرد کل دانه (کیلوگرم در هکتار) GY (kg ha ⁻¹)	عملکرد بیولوژیک (کیلوگرم در هکتار) BY (kg ha ⁻¹)	شاخص برداشت HI
Isfahan2	9 bed	143.5 a-e	184.5 a-d	133.7 d-g	22.8 h-n	9.2 e-j	29.0 j-l	3.6 a-f	41.5 k-o	9.5 nlm	1.07 o-r	3818.2 lmn	37191 f-k	10.3 efg
PI 393988	12 a	145.5 ab	182.5 a-g	121.7 fg	12.2 o	9.5 d-i	22.5 m	3.1 f	11.5 q	6.8 n	0.72 r	2723.3 n	22392 k	12.6 d-g
Sahebe-dorshet	8.5 bed	140.5 b-g	181 e-h	151.0 a-e	14.1 no	8.1 i	43.5 d-h	3.5 a-f	28.3 nop	12.7 i-n	1.56 f-l	5117.6 i-m	28489 j-k	18.0 a-e
Gila	10.5 ab	142 a-f	179.5 e-j	126.5 fg	33.6 b-g	8.6 ghi	27.5 klm	3.5 a-f	83.7 de	8.6 mn	0.99 pqr	3448.2 mn	51631 d-i	6.6 g
PI 253520	9.5 bed	144.5 abc	185 abc	117.2 g	14.6 mno	9.8 c-i	56.5 bc	3.5 a-f	14.6 pq	19.4 a-h	1.98 b-e	7772.3 a-h	30519 h-k	25.8 a
Saroghamish	8 bed	137.5 efg	180.5 d-i	168.6 ab	34.6 a-f	9.2 e-j	39.5 f-j	3.7 a-e	61.3 q	13.9 g-m	1.50 h-n	5578.5 h-m	54882 c-h	10.3 efg
PI 253762	7 d	138 d-g	183 a-f	160.6 a-d	25.6 f-l	13.7 b	35.5 g-k	3.2 c-f	68.6 e-h	16.6 c-j	1.17 m-q	6667.5 d-i	64702 a-d	10.0 efg
PI 198843	10 abc	137.5 efg	176 j	150.4 a-e	43.0 a	17.04 a	31.5 i-m	3.6 a-f	110.6 c	19.5 a-h	1.15 m-q	7809.0 a-h	65518 a-d	12.4 d-g
Maraghe30	8.5 bed	140.5 b-g	180.5 d-i	134.6 d-g	15.8 mno	11.2 b-i	33.5 h-l	3.9 abc	65.6 f-i	14.7 e-m	1.32 k-q	5893.7 f-l	48725 d-j	12.5 d-g
Isfahan-Local Var.2	9 bed	144.5 abc	183.5 a-e	119.9 fg	30.1 e-i	13.16 bc	29.0 j-m	3.7 a-f	58.7 h-k	14.3 f-m	1.10 opq	5748.8 h-m	38428 e-k	15.0 b-g
CART225	9.5 bed	144 a-d	179 f-j	134.5 d-g	19.5 j-o	8.6 ghi	44.5 d-g	3.2 ef	34.6 i-o	12.3 i-n	1.43 i-o	4953.9 i-n	24567 j-k	20.2 a-d
PI 253561	7.5 cd	140.5 b-g	180.5 d-i	135.1 d-g	32.5 c-h	13.7 b	33.5 h-l	3.7 a-f	43.0 k-n	17.2 c-i	1.25 l-q	6893.3 c-i	45091 d-k	15.5 b-f
PI 657820	7 d	142 a-f	183 a-f	146.5 a-f	14 no	8.6 ghi	35 g-l	3.3 b-f	15.5 pq	9.9 k-n	1.16 m-q	3997.5 k-n	27886 j-k	14.6 b-g
CART215	9.5 bed	146 ab	183 a-f	121.3 fg	24 j-n	11.6 b-h	55.7 bc	3.7 a-f	42.8 k-o	24.1 a	2.08 a-d	9150.5 abc	45987 d-k	19.9 a-d
CART220	8 bed	141 a-g	182.5 a-g	135.08 d-g	37.6 a-d	10.6 b-i	34.7 g-l	3.6 a-f	85.4 d	13.3 i-m	1.26 l-q	5355.0 i-m	57995 b-g	9.2 efg
TN79563	8 bed	137.5 efg	182.5 a-g	170.1 a	36.1 a-e	9.3 d-i	46.5 c-f	4.1 a	127.1 c	17.8 b-i	1.93 c-f	7136.0 b-i	79690 ab	9.0 ffg
PI 311737	7.5 cd	136 fg	176 j	120 fg	12 o	10.8 b-i	30.5 j-m	3.6 a-f	62.7 g-j	12.08 i-n	1.13 n-q	4831.9 i-n	41171 d-k	12.0 d-g
TN79548	7.5 cd	139 c-g	179 f-j	140.5 c-g	18.5 j-n	9.9 c-i	49.0 c-f	3.2 def	41.8 k-o	15.9 d-k	1.59 f-l	6381.2 e-j	37855 e-k	17.1 a-f
PI 253759	7.5 cd	142.5 a-e	182 b-h	136.3 d-g	16.5 k-o	8.3 hi	52.5 cd	3.6 a-f	25.7 opq	15.8 d-k	1.90 c-g	6327.3 e-k	27921 j-k	23.3 ab
CART67	10 abc	147 a	185.5 ab	135.8 d-g	26.7 e-j	8.7 h-i	74.7 a	3.1 f	32.9 mno	20.4 a-f	2.33 ab	8187.2 a-g	39256 e-k	20.8 a-d
TN79690	9 bed	141.5 a-f	184.5 a-d	160.1 a-d	25.9 f-k	9.3 d-i	50.0 c-f	3.5 a-f	40.8 i-m	16.7 c-j	1.77 c-i	6679.5 d-i	41785 d-k	17.3 a-f
CART42	8 bed	142 a-f	186.5 a	150.3 a-e	23 h-n	12.4 b-e	51.5 cde	3.3 b-f	63.2 f-j	21.4 a-d	1.72 d-j	8568.3 a-e	58297 b-g	14.7 b-g
CART226	7.5 cd	143.5 a-e	185 abc	135 d-g	20.7 i-o	11.4 b-i	36.0 g-k	3.8 a-e	33.2 mno	15.6 d-l	1.38 j-p	6270.0 e-k	35616 g-k	17.7 a-f
Darab7	7 d	141 a-g	178.5 g-j	128.7 fg	26.5 e-k	14.06 b	42.5 d-h	3.6 a-f	51.6 h-l	21.5 a-d	1.53 g-m	8119.3 a-g	40858 d-k	19.8 a-d
CART1	9.5 bed	140.5 b-g	178.5 g-j	129 fg	27.9 d-j	12.4 b-e	44.0 d-h	3.8 a-e	111.8 c	20.8 a-e	1.68 e-k	9195.0 abc	62875 b-e	15.8 b-f
Isfahan-149	9.5 bed	135 g	178 hij	127.3 fg	32.7 c-h	13.1 bc	53.0 cd	3.6 a-f	76.4 d-g	25.5 a	1.95 c-f	9103.0 abc	53138 e-i	17.5 a-f
PI 253544	8.5 bed	140.5 b-g	178.5 g-j	125.5 fg	33.2 c-g	11.5 b-i	24.5 lm	3.8 a-e	114.5 c	10.7 j-n	0.94 q-r	4305.8 j-n	25498 j-k	16.9 b-f
PI 253521	8.5 bed	144.5 abc	185.5 ab	127.5 fg	19.5 j-o	9.8 c-i	65.7 ab	3.6 a-f	67.0 f-i	23.5 ab	2.40 a	9182.8 abc	52704 c-i	17.5 a-f
PI 253519	10 abc	143 a-e	180.5 d-i	130.1 fg	18.5 j-o	12.03 b-g	52.7 cd	4.05 a	46.0 j-m	25.6 a	2.13 abc	9756.9 a	43326 d-k	22.7 abc
TN7921	9.5 bed	144.5 abc	181 c-h	160.6 a-d	21.6 i-o	12.2 b-f	52.5 cd	3.6 a-f	87.7 d	23.4 ab	1.93 c-f	9396.9 ab	53868 c-h	17.5 a-f
CART162	9 bed	137.5 efg	183.5 a-e	152.1 a-e	44.08 a	12.3 b-e	56.0 bc	3.2 def	79.9 def	22.4 abc	1.82 c-h	8869.2 a-d	66097 a-d	13.9 c-g
Isfahan- 4110	10 abc	145.5 ab	184.5 a-d	166.6 abc	38.6 abc	8.9 f-i	65.5 ab	3.6 a-f	126.1 c	21.1 a-d	2.36 a	8451.1 a-e	87035 a	9.7 efg
PI 576991	9.5 bed	144 a-d	181.5 b-h	135.1 d-g	15.6 i-o	11.2 b-i	33.5 h-l	3.9 ab	54.7 h-k	14.8 e-m	1.32 k-q	5939.8 f-l	45568 d-k	13.2 d-g
TN79650	9 bed	140 b-g	179.5 e-j	150.6 a-e	24.5 g-m	13.03 bc	41.5 e-i	3.7 a-f	143.5 b	20.1 a-g	1.54 g-m	8155.7 a-g	48505 d-j	16.9 b-f
Isfahan10	7.5 cd	143.5 a-e	176.5 ij	137.1 d-g	35.6 a-f	12.6 bed	41.5e-i	3.8 a-d	158.4 a	20.5 a-f	1.62 e-l	8229.7 a-f	77121 abc	12.8 d-g
Darab-2-1	8.5 bed	145.5 ab	180 e-j	142.1 b-g	22 i-o	11.5 b-i	33.5 h-l	3.7 a-f	56.5 h-k	14.5 e-m	1.27 l-q	5837.6 g-l	61778 b-f	9.5 efg

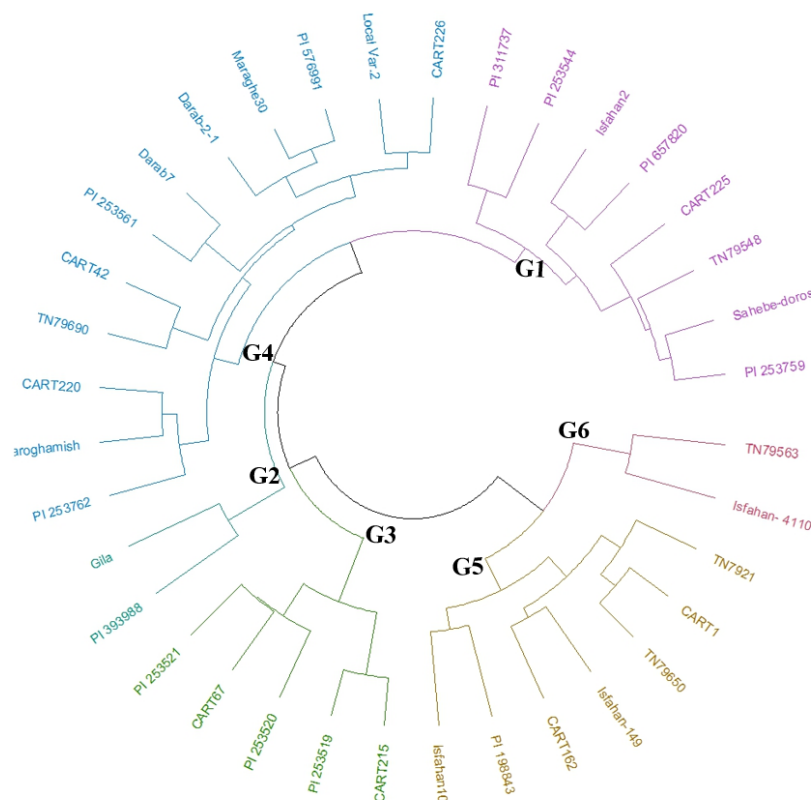
میانگین‌های دارای حروف مشترک در سطح احتمال ۵ درصد معنی دار نیستند.

Means with similar letter(s) are not significantly different at 5% probability level.

جدول ۳- تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس صفات مرتبط با ظرفیت تولید در ۳۶ ژنوتیپ گلرنگ

Table 3. Principal component analysis based on yield potential traits in 36 safflower genotypes

صفات Trait	مؤلفه اول PC1	مؤلفه دوم PC2	مؤلفه سوم PC3	مؤلفه چهارم PC4
روز تا جوانه زنی DTS	0.006	-0.214	-0.064	<u>0.822</u>
روز تا ۵ درصد گلدهی DFF	0.123	<u>-0.595</u>	-0.165	<u>0.556</u>
روز تا رسیدگی فیزیولوژیک DPM	-0.038	<u>-0.574</u>	<u>-0.569</u>	0.015
ارتفاع بوته PH	-0.393	0.270	<u>-0.633</u>	-0.354
تعداد شاخه فرعی NB	<u>-0.526</u>	<u>0.552</u>	-0.206	0.168
تعداد غوزه بارور NFP	-0.382	0.445	<u>0.587</u>	0.038
تعداد بذور در غوزه NGP	<u>-0.689</u>	<u>-0.654</u>	-0.183	-0.099
وزن صد دانه HGW	-0.235	0.383	0.276	0.196
وزن غوزه در بوته PWP	<u>-0.570</u>	<u>0.647</u>	-0.035	0.224
عملکرد تک بوته GWP	<u>-0.912</u>	-0.258	0.275	-0.021
وزن دانه در غوزه GPP	<u>-0.767</u>	<u>-0.574</u>	-0.116	-0.049
عملکرد کل دانه GY	<u>-0.925</u>	-0.243	0.247	-0.011
عملکرد بیولوژیک BY	<u>-0.734</u>	0.497	-0.322	0.121
شاخص برداشت HI	-0.120	<u>-0.766</u>	<u>0.513</u>	-0.158
واریانس توجیه شده Percentage of Variance	30.57	25.62	12.64	9.153
واریانس تجمعی Cumulative Variance	30.57	56.19	68.83	77.99
مقادیر ویژه Eigen values	4.27	3.58	1.77	1.28



شکل ۱. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای سلسله‌مراتبی ژنوتیپ‌های گلرنگ به روش Ward بر مبنای صفات مرتبط با ظرفیت تولید

Figure 1. Dendrogram resulted from hierarchical cluster analysis of safflower genotypes using Ward's method based on yield potential traits

نتیجه‌گیری

مطالعه تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف، اطلاعات با ارزشی را در مورد نگهداری و استفاده از ژرم پلاسماها در اختیار به‌نژادگران قرار می‌دهد تا از آن در راستای افزایش راندمان پروژه‌های به‌نژادی استفاده کنند (۴۴). نتایج این پژوهش نشان داد که تنوع ژنتیکی قابل توجهی در میان ژنوتیپ‌های گلرنگ مورد بررسی، از نظر صفات مرتبط با ظرفیت تولید دانه وجود دارد. این تنوع، امکان استفاده از این ژنوتیپ‌ها را به عنوان منابع ژنی ارزشمند در برنامه‌های به‌نژادی با هدف بهبود عملکرد دانه و اجزای تشکیل‌دهنده آن فراهم می‌سازد. صفاتی از قبیل وزن دانه در غوزه، عملکرد تک بوته و تعداد بذر در غوزه از اجزای مهم تأثیرگذار بر عملکرد کل دانه شناسایی شدند، که

دارای بردارهای هم‌راستا با عملکرد نیز بودند. از آنجایی که عملکرد دانه به شدت تحت تأثیر محیط قرار گرفته و معمولاً وراثت‌پذیری پایینی دارد، از این صفات می‌توان به منظور گزینش غیرمستقیم برای بهبود عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های گلرنگ استفاده کرد. با استفاده از تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های گلرنگ در شش خوشه قرار گرفتند. مقایسه میانگین بین خوشه‌ها نشان داد که ژنوتیپ‌های موجود در خوشه سوم، پنجم و ششم دارای بیشترین میانگین برای عملکرد دانه و اجزای مرتبط با عملکرد بودند. از طرفی ژنوتیپ‌های خوشه چهارم نیز میانگین متوسطی برای بیشتر صفات نشان دادند. بنابراین، برای بدست آوردن ژنوتیپ‌هایی با بیشترین ارزش عملکرد دانه، می‌توان از تلاقی ژنوتیپ‌های موجود در خوشه‌های

سوم، پنجم و ششم با ژنوتیپ‌های خوشه چهارم به کمک نمودار بای پلات تجزیه به مؤلفه اصلی بر اساس فاصله بین خوشه‌ها بهره برد. با توجه به توسعه ژنوتیپ‌های متعدد گلرنگ بدون خار و اهمیت این صفت در توسعه کشت گلرنگ، استفاده از ژنوتیپ‌های بدون خار شناسایی شده در برنامه‌های به‌نژادی می‌تواند گامی مؤثر در جهت اجرای برنامه‌های به‌نژادی باشد.

References

1. Weiss, E.A. (2000). Oil seed crops. 2nd ed. Black Well Science Oxford.
2. Nikpour, B., Nazari, M., & Abbasi, A. (2023). Assessment of the genetic diversity in 160 safflower genotypes focusing on oil quality characteristics. *Journal of Crop Breeding*, 15(48), 113-122. <https://doi.org/10.61186/jcb.15.48.113>
3. Singh, V., & Nimbkar, N. (2007). Genetics Resources, Chromosome Engineering and Crop Improvement Series, R.J. Singh, CRC Press, London.
4. Nazari, M., Shariati, F., Sadeghi Garमारoodi, H., & Jabbari, H. (2022). Evaluation of genetic diversity in 273 safflower genotypes collected from different regions of the world. *Journal of Crop Breeding*, 14(44), 174-180. <https://doi.org/10.52547/jcb.14.44.174>. [In Persian]
5. Bowers, J.E., Pearl, S.A., & Burke, J.M. (2016). Genetic mapping of millions of snps in safflower (*Carthamus tinctorius* L.) via whole-genome resequencing. *G3 (Bethesda, Md.)*, 6(7), 2203–2211. <https://doi.org/10.1534/g3.115.026690>
6. Coşge, B., Gürbüz, B., & Kıralan, M. (2007). Oil content and fatty acid composition of some safflower (*carthamus tinctorius* L.) varieties sown in spring and winter. *International Journal of Natural and Engineering Sciences*, 1, 11-16. [Corpus ID: 131524244](https://doi.org/10.131524244)
7. Janmohammadi, M., Mohamadi, N., Shekari, F., Abbasi, A., & Esmailpour, M. (2017). The effects of silicon and titanium on safflower (*Carthamus tinctorius* L.) growth under moisture deficit condition. *Acta Agriculturae Slovenica*, 109(2), 443–455. <https://doi.org/10.14720/aas.2017.109.2.27>
8. Patil, H.S. (1998). Genetic variability, association and path analysis in safflower. *Indian Journal of Agricultural Resources*, 32, 46-50.
9. Rahmati, F., Seifzade, S., Jabari, H., Valadabadi, A. & Hadidi masoule, A. (2020). Effect of drought stress and foliar spraying on some physiological and agronomic traits of safflower cultivars. *Scientific Journal of Crop Physiology*, 47, 27-43. [In Persian]
10. Safavi, A., Pourdad, S., Taeb, M., & Khosroshahli, M. (2010). Assessment of genetic variation among safflower (*Carthamus tinctorius* L.) accessions using agro-morphological traits and molecular markers. *Journal of Food, Agriculture & Environment*, 8, 616-625.
11. Shahvardi, M. S., mohsenzadeh, M., & Habibollah Samizadeh Lahiji, H. (2022). Investigating the relationship between morphological and molecular diversity in safflower genotypes. *Crop Biotechnology*, 11(4), 93-110. <https://doi.org/10.30473/cb.2023.66492.1896>. [In Persian]
12. Falconer, D., & Mackay, F.C. (1996). Introduction to quantitative genetics. Longman Group Ltd,
13. McPherson, M.A., Good, A.G., Topinka, A.K.C., & Hall, L.M. (2004). Theoretical hybridization potential of transgenic safflower (*Carthamus tinctorius* L.) weedy relatives in the New World. *Canadian Journal of Plant Science*, 84, 923-934.
14. Ahmadzadeh, A.R., Majedi, E., Darbani, B., Hagegat, A.R., & Dadashe, M.R. (2008). Grain yield and morphological characters of spring safflower genotypes: Evaluation relationship using correlation and path analysis. *Research Journal of Biological Sciences*, 3, 181-185.
15. Mahmood, T., Muhammad, S. & Shinwari, Z.K. (2010). Molecular and morphological characterization of Caralluma species. *Pakistan Journal of Botany*, 42, 1163-1171.
16. Mosavi Ojagh, S.M., Mozafari, H., Jabbari, H., & 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. <https://doi.org/10.29252/jcb.11.30.47>. [In Persian]

17. Shinwari, Z.K., Rehman, H., & Ashiq Rabbani, M. (2014). Morphological traits based genetic diversity in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *Pakistan Journal of Botany*, 46(4), 1389-1395. [Corpus ID: 4999358](#)
18. Yazdi Samadi, B. (1978). Evaluation of drought resistance in Iranian and foreign safflower cultivars. *Iranian Journal of Agriculture Science*, 2(3): 6-10. [In Persian]
19. Yasari, T., Shahsavari, M., Barzegar, A. & Omid, A.H. (1995). Study of developmental stages and relationship between of them and seed yield in ten advanced safflower genotypes. *Pajouhesh and Sazandegi*, 68(3), 75- 83. [In Persian]
20. Biradar, S.S., Patil, M.K., Naik, V.R., Mukta, N., Nayidu, N.K., & Desai, S.A. (2022). Safflower improvement: conventional breeding and biotechnological approach. In: Gosal, S.S., Wani, S.H. (eds) *Accelerated Plant Breeding*, Volume 4. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-030-81107-5_9
21. Arzu, K.O.S.E., Onder, O., Bilir, O., & Kosar, F. (2018). Application of multivariate statistical analysis for breeding strategies of spring safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *Turkish Journal of Field Crops*, 23(1), 12-19. <https://doi.org/10.17557/tjfc.413818>
22. Ziaei, S.M., Salimi, K., Amiri, S.R., & Rigi, M.R. (2023). Effect of end-of-season drought and foliar application of Zinc and Manganese sulfate on yield and yield components of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) in Saravan climatic conditions. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 16(3), 803-815. <https://doi.org/10.22077/escs.2023.5002.2101>
23. SAS Institute Inc. 2019. SAS 9.4 Programmer's Guide: Essentials. Cary, NC: SAS Institute Inc.
24. Maechler, M., Rousseeuw, P., Struyf, A., Hubert, M., & Hornik, K., et al (2024). R package 'cluster' Ver. 2.1.2. Cluster analysis basics and extensions. <https://doi.org/10.32614/CRAN.package.cluster>
25. Arzangh, S., Darvishzadeh, R., & Alipour, H. (2021). Evaluation of genetic diversity of maize lines (*Zea mays* L.) under normal and salinity stress conditions. *Cereal Research*, 11(3), 243-268. <https://doi.org/10.22124/cr.2022.21075.1699>. [In Persian]
26. Sasaki, A. (2023). R Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org>
27. Shiravand, R., & Majidi, M. (2014). Drought tolerance of wild and cultivated species of safflower and assessment of morphological variation. *Iranian Journal of Field Crops Research*, 12(4), 738-750. <https://doi.org/10.22067/gsc.v12i4.24687>. [In Persian]
28. Vafaei, S., Tobeh, A., Hokmalipour, S., & Ashrafi, Reza. (2012). Investigate the correlation between components of grain filling and grain yield of different cultivars of rain-fed safflower. *World Applied Sciences Journal*, 18, 1257-1263. <https://doi.org/10.5829/idosi.wasj.2012.18.09.896>.
29. Soares, R.S., Silva, H.W.da., Candido, W.dos.S., & Vale, L.S.R. (2018). Correlations and path analysis for fruit yield in pepper lines (*Capsicum chinense* L.). *Comunicata Scientiae*, 8(2), 247-255. <https://doi.org/10.14295/cs.v8i2.1839>
30. Salehian, M., Darvishzadeh, R., Rezazadeh Bari, M., Jabbari, M., & Jannatdoust, M. (2022). Evaluation of genetic variability of agro-morphological traits in Iranian pepper population (*Capsicum annum* L.). *Plant Productions*, 45(2), 157-168. <https://doi.org/10.22055/PPD.2022.37868.1988>. [In Persian]
31. Malleshappa, S.M., Hiremath, I., & Ravikumar, R.I. (2003). Negative associations between important quantitative traits in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *Sesame and Safflower Newsletter*, 80-84.
32. Omid, A.H., Khazaei, H., & Hongbo, S. (2009). Variation for some important agronomic traits in spring Safflower (*Carthamus tinctorius* L.) genotypes. *American-Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Sciences*, 5(6):791-795.
33. Pavithra, K.P., Rajesh, S., Patil Harijan, Y., & Nishanth, G.K. (2016). Correlation and path analysis studies in Safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm. *Research Journal of Agricultural Sciences*, 7(2), 428-432.

34. Sabaghnia, N., Ebrahimi, H., & Janmohammdi, M. (2024). Genetic variation among diverse safflower genotypes for some agro-morphological traits. *OCL*, 31. 17. <https://doi.org/10.1051/ocl/2024015>
35. Abd El-Lattief, E.A. (2012). Evaluation of 25 safflower genotypes for seed and oil yields under arid environment in upper egypt. *Asian Journal of Crop Science*, 4, 72-79. <https://doi.org/10.3923/ajcs.2012.72.79>. [In Persian]
36. Bahmankar, M., Nabati, D.A., & Dehdari, M. (2017). Genetic relationships among Iranian and exotic safflower using microsatellite markers. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 20, 159-165. <https://doi.org/10.1007/s12892-017-0001-0>.
37. Ebrahimi, H., Sabaghnia, N., Javanmard, A., & Abbasi, A. (2023). Genotype by trait biplot analysis of trait relations in safflower. *Agrotechniques in Industrial Crops*, 3(2), 67-73. <https://doi.org/10.22126/atic.2023.8906.1086>.
38. Shojaei, S.H., Mostafavi, K., Khosroshahli, M., Reza Bihamta, M., & Ramshini, H. (2020). Assessment of genotype-trait interaction in maize (*Zea mays* L.) hybrids using GGT biplot analysis. *Food science & nutrition*, 8(10), 5340-5351. <https://doi.org/10.1002/fsn3.1826>
39. Welderufael, S., Abay, F., Ayana, A., & Amede, T. (2023). Genotype by trait (GT) and genotype by yield traits (GYT) analysis of sorghum landraces in Tigray, Northern Ethiopia. *Crop Breed Genet Genom*, 5(2), e230002. <https://doi.org/10.20900/cbgg20230002>
40. Bakhshi, B., Oghan, H.A., Rameeh, V., Fanaei, H.R., Askari, A., Faraji, A., et al. (2023). Analysis of genotype by environment interaction to identify high-yielding and stable oilseed rape genotypes using the GGE-biplot model. *Ecological Genetics and Genomics*, 28, 100187. <https://doi.org/10.1016/j.egg.2023.100187>
41. Baljani, R., Shekari, F., & Sabaghnia, N. (2015). Biplot analysis of trait relations of some safflower (*Carthamus tinctorius* L.) genotypes in Iran. *Crop Research*, 50(1-3), 63-73. [Corpus ID: 90958270](https://doi.org/10.1007/s12041-015-0270-0)
42. La Bella, S., Tuttolomondo, T., Lazzeri, L., Matteo, R., Leto, C., & Licata, M. (2019). An agronomic evaluation of new safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm for seed and oil yields under mediterranean climate conditions. *Agronomy*, 9(8), 468-484. <https://doi.org/10.3390/agronomy9080468>
43. Beyyavas, V., & Dogan, L. (2022). Yield, yield components and oil ratios of irrigated and rainfed safflower cultivars (*Carthamus tinctorius* L.) under semi-arid climate conditions. *Appl Ecol Environ Res*, 20(2), 1807-1820. https://doi.org/10.15666/aecer/2002_18071820
44. Gholami, M., Sabaghnia, N., Nouraein, M., Shekari, F. & Janmohammadi, M. (2018). Cluster analysis of some safflower genotypes using a number of agronomic characteristics. *Journal of Crop Breeding*, 10(25), 159- 166. <https://doi.org/10.29252/jcb.10.25.159> . [In Persian]

