

مطالعه تنوع ژنتیکی از نظر صفات آگرو-مورفولوژیکی در ژنوتیپ‌های گلرنگ (*Carthamus tinctorius* L.)Genetic variation study for agro-morphological traits in safflower genotypes (*Carthamus tinctorius* L.)علی صارمی‌راد*^۱، محمد هادی طالب^۲، سعید عمرانی^۲، خداداد مصطفوی^۳ و سید محمدصادق حسینی^۴

تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۰۸/۱۶

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۰۱/۲۲

چکیده

پژوهش حاضر با هدف تعیین روابط میان عملکرد بوته، اجزاء عملکرد و صفات مورفولوژیکی و نیز شناخت دقیق صفات مؤثر بر عملکرد در ۳۲ ژنوتیپ گلرنگ در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه پژوهشی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج اجرا شد. بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی اختلاف بسیار معنی‌داری برای صفات مورد مطالعه شامل عملکرد بوته، وزن هزار دانه، تعداد شاخه فرعی، تعداد غوزه در بوته، وزن غوزه، زمان گلدهی، زمان رسیدگی، ارتفاع بوته و زمان گلدهی تا رسیدگی وجود داشت که حاکی از تنوع بالا در ژرم‌پلاسِم مورد مطالعه می‌باشد. در بین اجزای عملکرد بیش‌ترین وراثت‌پذیری متعلق به صفت وزن هزار دانه (۶۶/۳۷) و تعداد شاخه فرعی (۶۵/۱۸) بود و کم‌ترین وراثت‌پذیری نیز به عملکرد بوته (۲۷/۹۱) اختصاص داشت که نشان می‌دهد اصلاح غیرمستقیم عملکرد سودمندتر خواهد بود. صفات ارتفاع بوته و تعداد شاخه فرعی می‌توانند به‌عنوان شاخص انتخاب در برنامه‌های به‌نژادی مورد استفاده قرار گیرند. تجزیه کلاستر بر اساس صفات مورفولوژیکی ژنوتیپ‌ها را در پنج کلاستر گروه‌بندی کرد. بر مبنای نتایج حاصل از مطالعه حاضر می‌توان اظهار نمود که با اصلاح صفات وزن غوزه و تعداد غوزه در بوته امکان دستیابی به عملکرد دانه مطلوب در ژنوتیپ‌های گلرنگ میسر خواهد شد.

کلمات کلیدی: پارامتر ژنتیکی، کلاستر، گلرنگ و وراثت‌پذیری

۱- دانشجوی دکتری تخصصی، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج، باشگاه پژوهشگران و نخبگان جوان، کرج، ایران

۲- دانشجوی دکتری اصلاح نباتات، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه صنعتی اصفهان، اصفهان، ایران

۳- دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج، کرج، ایران

۴- دانشجوی دکتری تخصصی، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج، کرج، ایران

* - مسئول مکاتبه E-mail: Asaremirad@gmail.com

مقدمه

گلرنگ (*Carthamus tinctorius* L.) یک محصول چند منظوره به شمار می‌رود که برای قرن‌ها مورد کشت قرار گرفته است (Dwivedi et al., 2005). آستراسه به‌عنوان بزرگ‌ترین خانواده گیاهان گلدار شناخته شده است و شامل بیش از ۱۵۰۰ جنس و ۲۲۰۰۰ گونه می‌باشد. گونه *C. tinctorius* تنها گونه‌ای از این جنس است که توسط انسان مورد کشت قرار می‌گیرد (Griffiee, 2000). گلرنگ از گیاهان دنیای قدیم با قدمت کشت حدود ۴۰۰۰ سال در جهان و نیز گیاهی با سازگاری وسیع در مناطق مختلف است (Weiss, 2000, Zhang, 2001). سازمان خواروبار کشاورزی جهانی (FAO) مقدار سطح زیر کشت، عملکرد و مقدار برداشت گلرنگ را به ترتیب ۱۱۴۰۰۲ هکتار، ۸۳۲ کیلوگرم در هکتار و ۹۴۸۵۱۶ تن گزارش نموده است (FAO, 2016). کشورهای هند، ایالات متحده آمریکا، مکزیک، استرالیا و اتیوپی مجموعاً ۸۵ درصد سطح زیر کشت این گیاه را به خود اختصاص داده‌اند (Damodaram and Hegde, 2002). این گیاه در صنعت نفت، دارو و مواد غذایی از منطقه دریای مدیترانه تا اقیانوس آرام در عرض‌های بین ۴۵ درجه شمالی تا ۴۵ درجه جنوبی رشد می‌کند (Talebi and Abhari, 2016). گلرنگ گیاهی یک‌ساله است که ارتفاع آن بین ۲۰ تا ۱۲۰ سانتی‌متر است (Tahmasbpour et al., 2017). محتوای روغن دانه آن حدود ۴۰-۲۷ درصد و محتوای پروتئین ۱۵ تا ۱۹ درصد می‌باشد و دانه‌های آن مانند دانه‌های آفتابگردان کوچک است (Emongor, 2010). گلرنگ با داشتن اسیدهای چرب مفید و ضروری و کیفیت بالا از لحاظ تغذیه‌ای حائز اهمیت ویژه‌ای می‌باشد (Talebi and Abhari, 2016). این گیاه دارای برگ‌های پهن، بدون دمبرگ و دندانه‌دار است و گل‌های آن به‌صورت منفرد، لوله‌ای و به رنگ زرد مایل به قرمز است که در انتهای ساقه ظاهر می‌گردد (Bradley et al., 1999). برگ‌ها، گلبرگ‌ها و دانه‌ها دارای خاصیت درمانی هستند. از گلبرگ‌ها برای استخراج رنگ در صنعت پارچه و مواد غذایی استفاده می‌شود (Zhaomu and Lijie, 2001). از آنجایی که گلرنگ در منطقه وسیعی (دریای خزر تا دریای آرال) از زمان‌های قدیم مورد کشت قرار گرفته و به دلیل دارا بودن دگرگرفته‌افشانی، تنوع در گلرنگ در اکثر صفات بسیار زیاد است

(Dwivedi et al., 2005). تفاوت‌های مورفولوژیکی را می‌توان بیشتر در شاخه (ارتفاع و تراکم)، برگ‌ها (حضور یا عدم حضور برگ)، تعداد و اندازه گل‌آذین، رنگ گل (قرمز، نارنجی، زرد و سفید) و زمان رسیدگی (زودرس، متوسط رس و دیررس) مشاهده نمود (Arsalan, 2007).

اساس علم اصلاح نباتات بر وجود تنوع ژنتیکی در میان جوامع گیاهی استوار است و بدون وجود تنوع، به‌نژادی و انتخاب مفهومی نخواهد داشت (Patil et al., 1984). اطلاعات مربوط به ماهیت و بزرگی تنوع و وراثت‌پذیری در جمعیت یکی از پیش شرط‌های لازم برای موفقیت برنامه‌های اصلاحی در انتخاب ژنوتیپ‌های با صفات مطلوب است (Dudley and Moll, 1969).

بهبود ژنتیکی گیاهان بر قدرت تنوع ژنتیکی در میان گونه‌های آن گیاه متمرکز می‌باشد. تنوع موجب انتخاب برای بهبود و هیبریداسیون می‌گردد (Ogunniyan and Olakojo, 2014). صفت عملکرد یکی از مهم‌ترین صفات کمی است که توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌گردد و تحت تأثیر شرایط محیطی قرار دارد؛ بنابراین دارای وراثت‌پذیری پایینی می‌باشد به‌نحوی که تاکنون ژنی که به‌صورت مستقیم بر عملکرد مؤثر باشد یافت نشده است، لذا گزینش و انتخاب بر اساس عملکرد دانه چندان مؤثر نیست (Richards, 1996). در این حالت بهبود عملکرد با استفاده از گزینش یک یا چند صفت که بر صفت عملکرد مؤثر است، صورت می‌گیرد، در نتیجه همبستگی بین اجزاء عملکرد ساده نبوده و حاصل برهمکنش تعدادی صفت مختلف است (Marinkovic, 1992)؛ بنابراین برای به‌نژادگران گیاهی شناخت دقیق روابط بین صفات اجزای عملکرد و اثرات متقابل آن‌ها از لحاظ جنبه‌های اصلاح و بهبود عملکرد به‌صورت غیرمستقیم و شناسایی صفاتی که به‌طور خود به خودی در نتیجه اصلاح یک صفت تغییر خواهند کرد، حائز اهمیت ویژه‌ای می‌باشد (Holtom et al., 1995). اصولاً لازمه پاسخ به گزینش مطلوب در هر برنامه به نژادی، وجود سه عامل مهم تنوع ژنتیکی کافی، شدت گزینش زیاد و قابلیت توارث‌پذیری بالا برای صفت مورد نظر است (Falconer, 1989). برآورد تنوع ژنتیکی در گیاهان، نقش به‌سزایی در پیشبرد برنامه‌های اصلاحی و حفاظت از منابع ژنتیکی ایفا می‌کند (Pearce et al., 2000). از

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد بررسی در این آزمایش شامل ۳۲ ژنوتیپ گلرنگ بومی کشور بود که در مزرعه پژوهشی دانشکده کشاورزی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج واقع در ماهدشت به صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار مورد کشت و ارزیابی قرار گرفت. ارتفاع این منطقه از سطح دریا ۱۳۲۱ متر می‌باشد. از نظر مختصات جغرافیایی در ۵۰ درجه و ۸۱ دقیقه طول شرقی و ۳۵ درجه و ۷۲ دقیقه عرض شمالی واقع شده است. کرج دارای آب‌وهوای استوایی سرد با میانگین درجه حرارت سالیانه ۱۲/۴ درجه سانتی‌گراد بوده و مجموع بارندگی سالیانه ۲۵۶٫۷ میلی‌متر می‌باشد. بر اساس اقلیم بندی، منطقه کرج دارای حدود ۲۰۳ روز خشکی از سال می‌باشد. در نتیجه دارای اقلیمی حد واسط نیمه بیابانی خفیف تا مدیترانه‌ای گرم و خنک می‌باشد. از نظر اقلیم بندی در اقلیم نیمه‌خشک سرد قرار دارد. از نظر خاکشناسی نیز به‌طور کلی اراضی منطقه در یک واحد فیزیوگرافی قرار می‌گیرند که عبارت‌اند از: رسوبات بادبزنی رودخانه کرج می‌باشد. بافت خاک‌های کرج از نوع لومی رسی می‌باشند و از نظر مواد آلی نسبتاً غنی است.

در این آزمایش هر کرت شامل پنج ردیف کشت ۴ متری به فاصله ۴۰ سانتی‌متر و با فاصله بوته روی هر ردیف ۱۰ سانتی‌متری در نظر گرفته شد. عملیات آماده‌سازی زمین کشت متشکل از شخم، دیسک و ایجاد ردیف کاشت (فارو کشی) بود و مقدار ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار کود نیتروژنه به زمین داده شد. در طول فصل رشد وجین و مبارزه با علف‌های هرز به صورت دستی اجرا شد. آبیاری و برداشت محصول مطابق نیاز گیاه و روش معمول منطقه به صورت دستی انجام داده شد. جهت حذف اثرات حاشیه‌ای، یادداشت‌برداری با حذف یک خط از ابتدا، یک خط از انتها و یک متر از ابتدا و انتهای هر خط از بوته‌های در حال رقابت صورت پذیرفت. صفات عملکرد بوته، وزن هزار دانه، تعداد شاخه فرعی، تعداد غوزه در بوته، وزن غوزه، زمان گلدهی، زمان رسیدگی، ارتفاع بوته و زمان گلدهی تا رسیدگی اندازه‌گیری و یادداشت‌برداری شدند.

به‌منظور محاسبه پارامترهای ژنتیکی تجزیه واریانس برای همه صفات مورد مطالعه انجام شد. واریانس‌های ژنتیکی، محیطی و

جمله مهم‌ترین روش‌های آماری جهت برآورد تنوع ژنتیکی روش آماری چندمتغیره است که هم‌زمان از اطلاعات چندین صفت استفاده نموده و کاربردهای گسترده‌ای در تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی بر اساس داده‌های مورفولوژیک، بیوشیمیایی و مولکولی دارد (Nawaz et al., 2018). در مطالعه‌ای روی ۱۷۱ رقم، لاین و توده گلرنگ از دو گونه *Carthamus* و *Carthamus oxycantha tinctorius* گزارش گردید که عملکرد بالا در ژنوتیپ‌های گلرنگ بیشتر به علت بالا بودن تعداد دانه در غوزه و تعداد غوزه در بوته است. لذا وجود تنوع ژنتیکی کافی در این صفات می‌تواند امکان انتخاب بهتر و عملکرد بالاتر توسط اصلاح‌کنندگان را فراهم می‌سازد (Pourdad and Singh, 2002). در گزارشی اعلام گردید که بین ژنوتیپ‌های گلرنگ از لحاظ صفات فنوتیپی تنوع معنی‌داری وجود دارد (Elfal et al., 2010). در مطالعه‌ای دیگر روی ۲۰۷ ژنوتیپ گیاه گلرنگ، گزارش گردید که تنوع بسیاری در بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات زراعی وجود دارد (Johnson et al., 1997). در مطالعه‌ای دیگر که برای تعیین همبستگی میان عملکرد دانه، اجزاء عملکرد و صفات زراعی انجام گردید چهار صفت تعداد دانه در غوزه، تعداد غوزه در بوته، عملکرد بیولوژیک و تعداد شاخه فرعی وارد مدل رگرسیونی شدند و تأثیرات بسزایی بر تغییرات عملکرد دانه داشتند (Omidi et al., 2009). در این مطالعه ضریب تغییرات ژنتیکی دامنه‌ای بین ۳/۶۵ تا ۳۵/۷ درصد به ترتیب برای صفات تعداد روز تا سبز شدن و عملکرد روغن داشت. در پژوهشی روی تعدادی از ژنوتیپ‌های گلرنگ مشخص شد که تعداد دانه در غوزه اولین متغیر وارد شده به مدل رگرسیونی بود (Tavakoli et al., 2012). آگاهی از تنوع ژنتیکی موجود بین ژنوتیپ‌های گلرنگ امکان استفاده از آن‌ها را در برنامه‌های به‌نژادی به‌منظور تولید هیبریدهای با عملکرد کمی و کیفی مطلوب را فراهم می‌آورد. لذا مطالعه حاضر جهت ارزیابی تنوع ژنتیکی در این ژرم پلاسما و تعیین اهمیت نسبی هر یک از صفات مورد مطالعه در ارتباط با عملکرد به‌عنوان شاخص انتخاب در برنامه‌های به‌نژادی و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس تنوع ژنتیکی در خصوصیات مورفولوژیک و تعیین ژنوتیپ‌های برتر از لحاظ عملکرد دانه و در آخر شناسایی بهترین ژنوتیپ از لحاظ عملکرد و صفات مرتبط با آن انجام گرفت.

(واریانس ژنتیکی، درصد ضریب تغییرات ژنتیکی، واریانس فنوتیپی، درصد ضریب تنوع فنوتیپی، واریانس محیطی، درصد وراثت پذیری و راندمان ژنتیکی) برای کلیه صفات در جدول ۲ نشان داده شده است. بر اساس جدول ۲ بیشترین و کمترین مقدار واریانس ژنتیکی (۴۲۶/۶۴ و ۳/۸) و ضریب تغییرات ژنتیکی (۲۸/۱۲ و ۲/۲۴) در بین کلیه صفات مربوط به صفات وزن غوزه و زمان گلدهی بود. زمان گلدهی در گیاه گلرنگ یکی از صفات مهم در هنگام برداشت این محصول می‌باشد. این نتایج بیانگر آن بود که در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه این صفت دارای تنوع کمتری می‌باشد و این یک مزیت در هنگام برداشت می‌باشد، به این دلیل که می‌توان از ادوات مکانیزاسیون در زمان کمتر در هنگام برداشت بهره برد. برای صفت وزن هزار دانه مقدار واریانس ژنتیکی برابر ۲۳/۸۶ درصد و مقدار ضریب تغییرات ژنتیکی نیز برابر با ۱۴/۵۶ درصد بود. مجیدی و همکاران (Majidi et al., 2012) در مطالعه‌ای بر روی ۱۰۰ ژنوتیپ گلرنگ نیز اختلاف بسیار معنی‌داری روی صفات مورفولوژیکی و مخصوصاً صفت وزن هزار دانه گزارش نمودند. نتایج جدول ۲ نشان می‌دهد عوامل محیطی تأثیر عمده‌ای بر صفات وزن غوزه و تعداد غوزه در بوته دارند و در نتیجه بایستی از سایر صفات که وراثت پذیری بیشتری دارند جهت انتخاب و بهبود آن بهره برد.

ژنوتیپ‌ها از لحاظ ارتفاع بوته دارای اختلاف معنی‌داری بودند (جدول ۱) و مقدار واریانس فنوتیپی و ژنوتیپی آن‌ها نیز برابر با ۲۹/۸۷ و ۴۸/۱۷ بود. وراثت‌پذیری کل برای ارتفاع ۶۲/۰۱ درصد برآورد گردید (جدول ۲). برای صفت ارتفاع بوته وراثت‌پذیری بالایی در گزارش‌ها وجود داشت (Amini et al., Camas et al., 2006; Majidi et al., 2012; 2008). به دلیل معنی‌دار بودن تفاوت ژنوتیپ‌ها از لحاظ ارتفاع بوته، وجود تنوع ژنتیکی و وراثت‌پذیری بالای برآورد شده برای این صفت و با توجه به اینکه بوته‌های پابند برای برداشت مکانیزه مناسب نیستند و خوابیدگی محصول و در نتیجه کاهش محصول را به دنبال خواهند داشت، امکان انتخاب ژنوتیپ‌های مناسب جهت مقاومت به ورس و برداشت مکانیزه وجود دارد. مقدار وراثت‌پذیری برای صفت وزن هزار دانه نسبت به سایر صفات بیشترین مقدار (۶۶/۳۷) بود که می‌توان نتیجه گرفت برای انتخاب، شاخص مناسبی می‌باشد. بر اساس نتایج جدول ۲ صفت وزن غوزه

فنوتیپی بر اساس روش کامستوک و رابینسون (Comstock and Robinson, 1952) به ترتیب با استفاده از روابط $\sigma_g^2 = \frac{MSg - MS_e}{r}$ و $\sigma_e^2 = MS_e$ محاسبه شد. در این روابط MS_g میانگین مربعات ژنوتیپ، MS_e میانگین مربعات خطا و r تعداد بلوک‌های آزمایشی است. وراثت‌پذیری بر اساس روش فالکونر (Falconer, 1989) از طریق رابطه $h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_p^2}$ برآورد شد که در آن σ_g^2 واریانس ژنتیکی و σ_p^2 واریانس فنوتیپی به دست آمده از جدول تجزیه واریانس بر طبق روش کومستاک و رابینسون (Comstock and Robinson, 1952) می‌باشد. جهت برآورد ضریب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی از روش سینگ و چودوری (Singh and Chaudhary, 1979) با استفاده از روابط $PCV (\%) = \frac{\sqrt{\sigma_p^2}}{X}$ و $GCV (\%) = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{X}$ به ترتیب واریانس ژنتیکی، واریانس فنوتیپی و میانگین صفت می‌باشند. جهت برآورد پیشرفت ژنتیکی از رابطه $GA = k \times \sigma_p \times h^2$ (Allard, 1960; Singh and Chaudhary, 1979) استفاده شد که در آن k شدت گزینش ۱۰ درصد برابر ۱/۷۵۵، σ_p انحراف معیار فنوتیپی و h^2 وراثت‌پذیری می‌باشد.

گروه‌بندی ژنوتیپ‌های آفتابگردان بر اساس روش‌های مختلف تجزیه خوشه‌ای با استفاده از نرم‌افزار SPSS انجام شد اما به دلیل این‌که روش Ward در تمایز ژنوتیپ‌ها در مقایسه با سایر روش‌ها موفق‌تر عمل نمود، جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و تفسیر نتایج استفاده شد.

تجزیه واریانس ساده داده‌های حاصل از آزمایش با استفاده از نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۱ و محاسبه پارامترهای ژنتیکی، میانگین خوشه‌ها و درصد انحراف از میانگین گروه‌ها در روش تجزیه خوشه‌ای با استفاده از محیط Excel انجام شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس صفات مورد بررسی ژنوتیپ‌های گلرنگ در جدول ۱ ارائه شده است. بر اساس این نتایج، بین کلیه صفات مورد اندازه‌گیری اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد وجود دارد. این موضوع نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی میان ژنوتیپ‌های مورد مطالعه گلرنگ می‌باشد. نتایج پارامترهای ژنتیکی

مطالعه تنوع ژنتیکی از نظر صفات آگرو-مورفولوژیکی در ...

دارای بیشترین راندمان ژنتیکی می‌باشد. می‌توان از این صفت برای شاخص انتخاب در مطالعات بعدی استفاده نمود.

جدول ۱- نتایج تجزیه واریانس صفات زراعی در ژنوتیپ‌های گلرنگ

Table 1-Analysis of variance results for safflower agronomic traits

منابع تغییر S.O.V	درجه آزادی df	عملکرد بوته Plant yield	ارتفاع بوته Plant height	تعداد شاخه فرعی No. of branches	وزن هزار دانه 1000 seeds weight	تعداد غوزه در بوته No. of bolls per plant	وزن غوزه Boll weight	زمان گلدهی Flowerin g time	زمان رسیدگی Ripening time	زمان گلدهی تا رسیدگی Flowering to Ripening
بلوک Block	2	33.01 ^{ns}	72.9*	9.94*	3.37 ^{ns}	40.83 ^{ns}	157.26 ^{ns}	6.21 ^{ns}	2.32 ^{ns}	6.29 ^{ns}
ژنوتیپ Genotype	31	167.08**	107.9**	19.45**	83.69**	417.42**	1633.8**	16.34**	32.78**	18.3**
خطای آزمایشی Error	62	77.3	18.3	2.94	12.09	133.95	353.92	4.92	7.9	5.74
ضریب تغییرات (درصد) CV (%)		32.33	5.53	13.05	10.36	26.56	26.15	2.55	2.35	7.44

ns, *, **: معنی دار در سطح احتمال ۵، ۱ درصد و غیر معنی دار.

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

جدول ۲- پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی ژنوتیپ‌های آفتابگردان برای صفات مورفوفیزیولوژی

Table 2- Genotypic and phenotypic parameters of sunflower genotypes for agro-morphological traits

پارامترهای ژنتیکی Genetic parameters	عملکرد بوته Plant yield	ارتفاع بوته Plant height	تعداد شاخه فرعی No. of branches	وزن هزار دانه 1000 seeds Weigh	تعداد غوزه در بوته No. of bolls perbush	وزن غوزه Boll weight	زمان گلدهی Flowerig time	زمان رسیدگی Ripening time	زمان گلدهی تا رسیدگی Flowering to Ripening
Genetic variance	29.92	29.87	5.50	23.86	94.49	426.64	3.8	8.29	4.18
Coefficient of genetic variation (%)	20.12	7.07	17.84	14.56	22.32	28.12	2.24	2.41	6.35
Phenotypic variance	107.22	48.17	8.44	35.95	228.44	780.56	8.72	16.19	9.92
Coefficient of phenotypic variation (%)	38.08	8.98	22.10	17.87	34.70	38.03	3.40	3.37	9.79
Environmental variance	77.30	18.30	2.94	12.09	133.95	353.92	4.92	7.90	5.74
Heritability percentage	27.91	62.01	65.18	66.37	41.36	54.65	43.62	51.21	42.17
Genetic efficiency (%)	18.66	9.78	25.28	20.83	25.20	36.49	2.60	3.03	7.25

بوته دارای کم‌ترین مقدار (۱۱/۴۱ و ۲۶/۵۴) بودند. بیشترین و کمترین درصد انحراف در میانگین گروه اول (عملکرد بوته ۰/۹۲ و تعداد شاخه فرعی ۴/۱۵-)، گروه دوم (زمان گلدهی تا رسیدگی ۰/۴۶ و وزن غوزه ۹/۵۴-)، گروه سوم (وزن غوزه ۳/۷ و وزن هزار دانه ۰/۹۱-)، گروه چهارم (وزن غوزه ۵/۴ و ارتفاع بوته ۰/۵-) و

در جدول ۳ نتایج میانگین گروه‌بندی بر مبنای تابع تشخیص و درصد انحراف از میانگین کل در تمامی ژنوتیپ‌های گلرنگ نشان داده شده است. این نتایج صفات مورد مطالعه را در ۵ گروه کلی قرار داد. صفات زمان رسیدگی و ارتفاع بوته در اولین گروه دارای بیشترین مقدار (۱۱۹ و ۷۹/۸۳) و صفات تعداد شاخه فرعی و عملکرد

تنوع ژنتیکی و میزان هتروزیس بالاتری را ایجاد خواهد نمود. نتایج این پژوهش با نتایج مجیدی و همکاران (۲۰۱۲) و امینی و همکاران (۲۰۱۱) مطابقت داشت.

نتیجه گیری کلی

در مجموع نتایج این مطالعه تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای بین تمامی ژنوتیپ‌ها از نظر تمامی صفات مورد بررسی را نشان داد. شناخت دقیق نحوه روابط میان صفات (عملکرد دانه، اجزاء عملکرد و صفات زراعی) این امکان را برای به‌نژادگران گیاهی فراهم می‌آورد تا با گزینش ژنوتیپ‌های مناسب و مورد استفاده قرار دادن در برنامه‌های اصلاحی به نتیجه مدنظر و مطلوب نزدیک شوند. نتایج نشان داد که صفت تعداد غوزه در بوته و وزن غوزه مهم‌ترین صفات در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه است لیکن به دلیل اینکه وراثت‌پذیری پایین‌تری نسبت به وزن هزار دانه دارد، هر سه جزء می‌توانند در برنامه‌های اصلاحی برای گزینش ژنوتیپ‌های با عملکرد بالاتر مورد توجه قرار گیرند.

گروه پنجم (تعداد غوزه در بوته ۳/۵۲ و ارتفاع بوته ۰/۱۵-) بود. صفت زمان رسیدگی و تعداد شاخه فرعی در تمامی گروه‌ها بیشترین و کمترین مقدار را دارا بودند (جدول ۳). همچنین این نتایج نشان داد که صفات ارتفاع و عملکرد بوته در تمام گروه‌ها دارای میانگین بیشتر و کمتر نسبت به سایر صفات و کمتر و بیشتر از صفت زمان رسیدگی و تعداد شاخه فرعی می‌باشد.

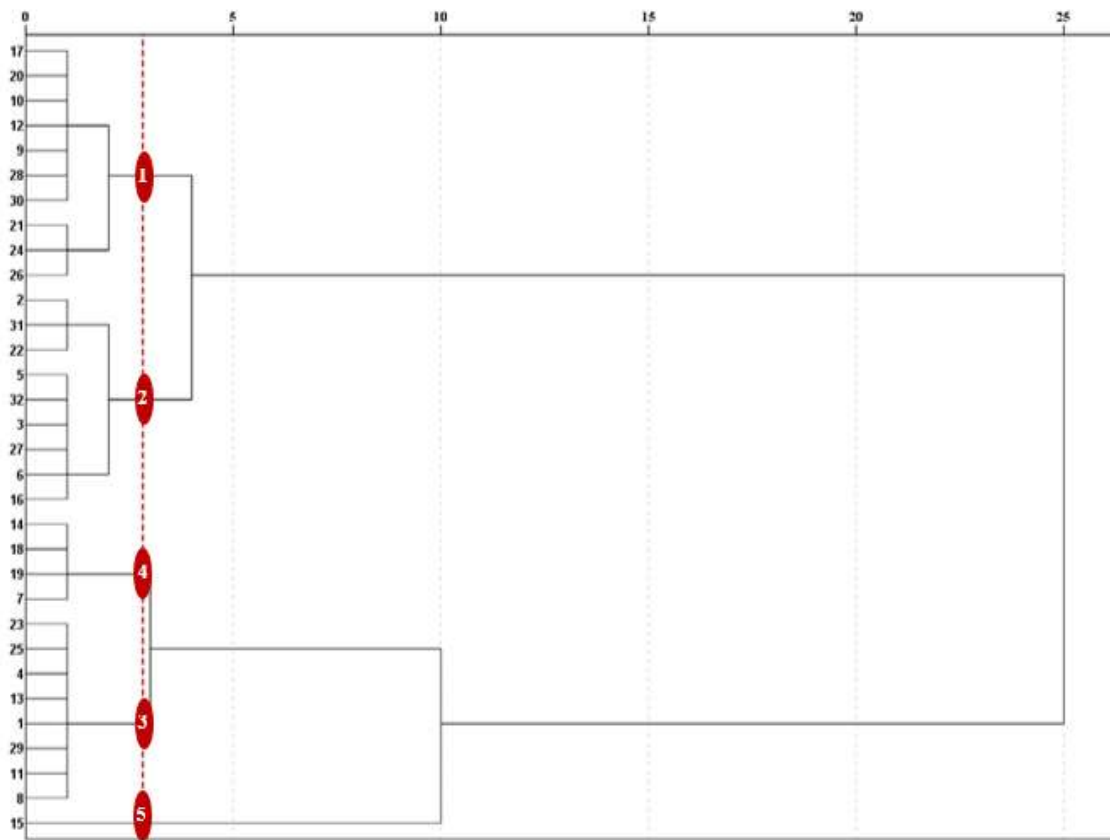
در این مطالعه به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از تجزیه خوشه‌ای به روش وارد و بر مبنای تابع تشخیص به‌عنوان معیار تشابه استفاده شد. شکل ۱ نمودار درختی حاصل از تجزیه خوشه‌ای و ۵ گروه ژنوتیپی را در فاصله حدود ۳ نشان می‌دهد. خوشه‌های ۱ تا ۵ هر کدام به ترتیب دارای ۱۰، ۹، ۸، ۴ و ۱ ژنوتیپ بودند. بررسی ژنوتیپ‌های موجود در چهار گروه نشان می‌دهد که ژنوتیپ‌های مناطق مشابه و یکسان به‌طور کلی و تا حدودی در یک کلاستر قرار گرفته‌اند. این دندروگرام نشان داد که ژنوتیپ‌های گروه یک با ژنوتیپ‌های گروه‌های ۱ و ۲ با ژنوتیپ‌های گروه ۳، ۴ و ۵ اختلاف زیادی دارند و در نتیجه تلاقی بین ژنوتیپ‌های این دو کلاستر احتمالاً

جدول ۳- نتایج گروه‌بندی بر مبنای تابع تشخیص در ژنوتیپ‌های گلرنگ

Table 3- Results of classification based on the discriminating function of Safflower Genotypes

گروه Groups	عملکرد بوته Plant yield	ارتفاع بوته Plant height	تعداد شاخه فرعی No. branches	وزن هزار دانه Weigh 1000 seeds	تعداد غوزه در بوته No. bollsperbush	وزن غوزه Boll weight	زمان گلدهی Flowerig time	زمان رسیدگی Ripening time	زمان گلدهی تا رسیدگی Flowering to Ripening
First group mean	26.54	79.83	11.41	32.47	40.08	65.69	87.17	119	31.3
Percentage deviation from total mean	1.05	0.92	-4.15	0.16	-0.81	-0.94	-0.03	-0.11	-0.46
Second group mean	19.51	76.43	13.36	34.14	34.47	47.52	87	119.59	32.7
Percentage deviation from total mean	-7.95	-0.3	0.45	0.5	-5.87	-9.54	0.05	0.06	0.46
Third group mean	29.71	76.94	14.86	32.31	48.06	82.58	86.38	119.38	32.25
Percentage deviation from total mean	2.32	-0.1	3.26	-0.91	2.58	3.7	-0.13	0.01	0.06
Fourth group mean	37.85	74.19	12.88	37.67	51.45	102.99	85.83	118.08	32.25
Percentage deviation from total mean	4.9	-0.5	-0.26	1.54	2.26	5.4	-0.15	-0.13	0.03
Fifth group mean	40	73.67	16	32.14	92.67	144.5	90	124.67	35.33
Percentage deviation from total mean	1.47	-0.15	0.68	-0.13	3.52	3.15	0.11	0.14	0.31
Total mean	27.18	77.25	13.14	33.54	43.56	71.92	86.84	119.32	32.17

مطالعه تنوع ژنتیکی از نظر صفات آگرو-مورفولوژیکی در ...



شکل ۱- دندروگرام ژنوتیپ‌های گلرنگ بر اساس صفات مورد مطالعه، با استفاده از روش Ward و برش با استفاده از تابع تشخیص

Figure 1- Dendrogram of safflower genotypes basis of studied traits using Ward method and cutting by discriminate function

www.iapb.org

References

- Allard, R. W. 1960. Principles of Plant Breeding. John Wiley and sons. Inc., New York.
- Amini, F., A. Mirlohi., M. M. Majidi., S. Shojaifar and R. Kolliker. 2011. Improved polycross breeding of tall fescue through marker based parental selection. Plant Breeding. 130: 701-707.
- Amini, F., G. Saeidi and A. Arzani. 2008. Study of genetic diversity in safflower genotypes using agromorphological traits and RAPD markers. Euphytica. 163: 21-30.
- Arsalan, B. 2007. The path analysis of yield and its components in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). Journal of Biological Science. 7: 668-672.
- Bradley V. L., R. L. Guenther., R. C. Johnson and R. M. Hannan. 1999. Evaluation of safflower germplasm for ornamental use. In Perspectives on new crops and new uses (ed. J. Janik), pp. 433– 435. ASHS Press, Alexandria, USA.
- Camas, N. and E. Esendal. 2006. Estimates of broad-sense heritability for seed yield and yield components of safflower (*Carthamus tinctorius* L.). Hereditas 143: 55-57.
- Comstock, R. R. and H. F. Robinson, H. F. 1952. Genetic parameters, their estimation and significance, proc. 6th international Grassland Congress, 1, 494- 516, Nat. Publ. co. Wash., D.C., U.S.A.
- Damodaram T. and D. M. Hegde. 2002. Oilseeds Situation: A Statistical Compendium 2002. Directorate of Oilseeds Research, Rajendranagar, Hyderabad 500030, India, p. 471.
- Dudley, J. W. and R. H. Moll. 1969. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. Crop Sci. 9: 257-262.
- Dwivedi S. L., H. D. Upadhyaya and D. M. Hegde. 2005 Development of core collection in safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm. Genet. Resour. Crop Evol. 52: 821–830.
- Elfal, E., C. Reinbrecht and W. Claupein. 2010. Evaluation of phenotypic variation in a worldwide germplasm of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) grown under organic farming conditions in Germany. Genetic Resources and Crop Evolution. 57: 155-170.
- Emongor, V. 2010. Safflower (*Carthamus tinctorius* L.) the underutilized and neglected crop: A review. Asian J Plant Sci. 9: 299-306.
- Falconer, D. S. 1989. Introduction to Quantitative Genetics. Third Edition. Longman Scientific and Technical, New York.
- Griffie, P. 2000. Saccharum officinarum: Food and Agricultural Organisation (FAO) of the UN.
- Holtom, M. J., H. S. Pooni., C. J. Rawlinson., B. W. Barnes., T. Hussain and D. F. Marshall. 1995. The genetic control of maturity and seed characters in sunflower crosses. J. Agr. Sci., Cambridge. 125:69-78.
- Johnson, R. C., V. L. Barldly., P. B. Ghorpade and J. V. Bergman. 1997. Regeneration and evaluation of the U.S. safflower germplasm collection. Proceeding of the Fourth International Safflower Conference. Italy, Bari, 2-7 June. Pp 215-218.
- Majidi, M. M., R. Dehghan., R. Maleki nejhada and G. Saeedi. 2012. Study of Genetic Variation of Grain Yield Traits in Internal and External Germplasm of Safflower (*Carthamus tinctorius*). Journal of Crop Production and Processing. 16: 1-13. (In Farsi).
- Marinkovic, R. 1992. Path coefficient analysis of some yield components of sunflower. Euphytica. 60: 201-205.
- Nawaz, M., K. Krutovsky., M. Mueller., O. Gailing., A. Khan., A. Buerkert and M. Wiehle. 2018. Morphological and Genetic Diversity of Sea Buckthorn (*Hippophae rhamnoides* L.) in the Karakoram Mountains of Northern Pakistan. Diversity. 10(3): 53-76.
- Ogunniyan, D. J. and S. A. Olakojo. 2014. Genetic variation, heritability, genetic advance and agronomic character association of yellow elite inbred lines of maize (*Zea mays* L.). Nigerian Journal of Genetics. 28(2): 24-28.

- Omidi, A. H., K. Hamid and H. Shao. 2009.** Variation for some important agronomic traits in 100 spring safflower (*Carthamus tinctorius* L.) genotypes. American-Eurasian Journal of Agricultural and Environmental Sciences. 5: 791-795.
- Patil, F. B., D. C. More and M. V. Thombre. 1984.** Genetic divergence in safflower. Journal of Maharashtra Agricultural Universities. 1: 12-15.
- Pearce S. R., M. Knox., T. N. H. Ellis., A. J. Flavell and A. Kumar. 2000.** Pea Ty1-copia group retrotransposons: transitional activity and use as markers to study genetic diversity in Pisum. Molecular Genetics. 263: 898-907.
- Pourdad, S. S. and J. B. Singh. 2002.** Evaluation of germplasm collection of safflower (*Carthamus tinctorius* and *C. oxycantha*) in dryland condition of Iran. Indian Journal of Genetics and Plant Breeding. 62(1): 87-88.
- Richards, R. A. 1996.** New wheats for a Secure, Sustainable Future. Mexico D. F., CIMMYT.
- Singh, R. K. and B. D. Chaudhary. 1985.** Biometrical methods in quantitative analysis. Kalyani, Publishers. New Delhi New Delhi, India. 143 pp.
- Tahmasbpour, B., M. Younessi-Hamzekhanlu., D. Mahdavisafa and M. Sabzi Nojadedh. 2017.** Grain yield performance of *Carthamus tinctorius* L. cultivars under water deficient condition. J Bio and Environmental Sciences. 235-243.
- Talebi, R. and S. A. Abhari. 2016.** Evaluation of genetic diversity in safflower (*Carthamus tinctorius* L.) using agro-morphological, fatty acid composition and ISSR molecular markers. Research Journal of Biotechnology. 11 (7).
- Tavakoli, V., M. M. Majidi., A. Mirlohi and M. R. Sabzalian. 2012.** Investigation of Relationship between Traits and Path Analysis in Safflower and Safflower Lines under Drought and Stress Conditions. Electronic Journal of Crop Production. 5: 45-62. (In Farsi).
- Weiss, E. A. 2000.** Safflower. In: Oilseed Crops. 93-129. Blackwell Science Ltd., Victoria, Australia.
- Zhang, Z. W. 2001.** Studies on genetic diversity and classification of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm by isozyme techniques, In Bergman J. and Mundel H.H., eds., Proceedings of the 5th International Safflower Conference, Williston, ND and Sidney, MT, 23-27. 157-162.
- Zhaomu, W. and D. Lijie. 2001.** Current situation and prospects of safflower products development in China. In: Bergman J.W., Mundel H.H., Jensen J.L., Flynn C.R., Grings E.E., Tanaka D.L., Riveland N.R., Johnson R.C. and Hill A.B. (eds), Proceedings of the Fifth International Safflower Conference. Williston, North Dakota and Sidney, MT, USA, pp. 315-319.

Genetic variation study for agro-morphological traits in safflower genotypes (*Carthamus tinctorius* L.)

A. Saremi-Rad*¹, M. H. Taleb², S. Omrani², K. Mostafavi³, S. M. S. Hoseini⁴

Received date: 07 November 2017

Accepted date: 11 April 2018

Abstract

Safflower cultivation is widespread throughout the world from India and China to Africa and Europe. The aim of this study was to determine the relationship between plant yield, yield components and morphological traits, as well as accurate recognition of traits affecting the yield on 32 safflower genotypes in a randomized complete block design with three replications at the research farm of Islamic Azad University, Karaj Branch. Among the studied genotypes, there was a significant difference in all studied traits such as plant yield, 1000-seed weight, number of branches, number of bolls per plant, boll weight, flowering time, flowering time, plant height and flowering time until there was an examination that indicated a high diversity in the germplasm studied. Among the yield components, the most heritability was attributed to 1000 seed weight (66.37) and number of branches (65.18), and the lowest heritability (27.91) was attributed to plant yield, which indicates that indirect modification of yield would be more beneficial. Plant height and number of branches can be used as an index of selection in breeding programs. Cluster analysis based on morphological traits categorized genotypes into five clusters. Based on the results of this study, it can be stated that by improving the traits of boll weights and number of bolls per plant, it is possible to achieve the desired grain yield in safflower genotypes.

Keywords: Genetic Parameters, Cluster, Heritability, Safflower.

1- Plant breeding Ph.D student, Department of Agronomy and Plant Breeding, Young Researchers and Elite Club, Karaj Branch, Islamic Azad University, Karaj, Iran.

2- Plant breeding Ph.D student, Department of Agronomy and Plant Breeding, College of Agricultural Engineering Isfahan University Of Technology, Isfahan, Iran.

3- Associated Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Karaj Branch, Islamic Azad University, Karaj, Iran.

4- Plant breeding Ph.D student, Department of Agronomy and Plant Breeding, Karaj Branch, Islamic Azad University, Karaj, Iran.

* Corresponding Author: Asaremirad@gmail.com