دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

"مقاله پژوهشی"

شناسایی صفات موثر بر عملکرد وش و ارزیابی تنوع ژنوتیپ‌های پنبه آپلند ایران (*Gossipium hirsutum* L.)

حسن نجار[۱]، مجید طاهریان[۲]، محمدرضا رمضانی‌مقدم[۱] و مسعود اسکندری تربقان[۱]

۱- بخش تحقیقات علوم زراعی-باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان خراسان رضوی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مشهد، ایران
۲- بخش تحقیقات علوم زراعی-باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان خراسان رضوی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مشهد، ایران، (نویسنده مسوول: taherian.m@ut.ac.ir)

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۹/۱۸ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۹/۹
صفحه: ۲۲ تا ۳۰

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: پنبه (Gossypium spp.) از مهمترین محصولات کشاورزی در جهان به شمار می‌آید و از جمله گیاهان زراعی است که ارتباط بین دو بخش کشاورزی و صنعت را فراهم نموده و نقش بسیار با ارزشی در اقتصاد کشورها ایفا می‌نماید. اهداف این پژوهش شامل بررسی تنوع صفات زراعی و مورفولوژیک، تشخیص صفات موثر بر عملکرد وش و نهایتا گروه‌بندی ارقام پنبه تتراپلوئید کشور بود.

مواد و روش‌ها: ۴۰ ژنوتیپ مختلف پنبه شامل ارقام تجاری، وارداتی و دورگ در سال زراعی ۹۶-۱۳۹۵ در مزرعه ایستگاه تحقیقات کشاورزی کاشمر در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کشت و بررسی شدند. صفات تعداد غوزه باز و بسته، قطر طوقه، عملکرد چین اول، عملکرد چین دوم، عملکرد کل، وزن غوزه، تعداد غوزه، تعداد و طول شاخه‌های رویا و زایا، ارتفاع بوته و زودرسی محصول اندازه‌گیری شدند.

یافته‌ها: با توجه به نتایج آمار توصیفی، صفات تعداد غوزه باز و بسته، عملکرد وش، زودرسی و وزن غوزه بیشترین دامنه و ضریب تغییرات را به خود اختصاص دادند که نشان‌دهنده تنوع فنوتیپی این صفات در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود. تجزیه خوشه‌ای از لحاظ صفات مورد مطالعه، ژنوتیپ‌ها را در سه گروه اصلی قرارداد. به منظور بررسی صحت گروه‌بندی تجزیه خوشه‌ای، از تابع تشخیص نیز استفاده شد. نتایج تابع تشخیص نیز نشان داد که ژنوتیپ‌ها به درستی گروه‌بندی شده‌اند و میزان موفقیت تابع تشخیص در شناسایی گروه‌ها زیاد بود که به ترتیب ۸۹/۳، ۱۰۰ و ۷۱/۴ درصد از ژنوتیپ‌ها در گروه‌های خود به درستی گروه‌بندی شده‌اند. همچنین بر اساس نتایج تابع تشخیص کانونیک مهمترین صفات تاثیر گذار بر عملکرد وش ژنوتیپ‌های پنبه، شامل درصد زودرسی، تعداد غوزه بسته و وزن غوزه بودند. هر دو روش تجزیه خوشه‌ای و تابع تشخیص ژنوتیپ‌های مورد بررسی را در سه گروه مجزا قرار دادند به نحوی که نتایج تابع تشخیص نشان داد که ژنوتیپ‌ها در روش تجزیه خوشه‌ای به درستی گروه‌بندی شده‌اند ژنوتیپ‌های گروه ۱ که شامل ۲۸ ژنوتیپ بود، کمترین میانگین ارتفاع بوته را به خود اختصاص داد و به همراه گروه ۲ دارای کمترین میانگین تعداد غوزه بسته نیز بود. همچنین ژنوتیپ‌های گروه اول و گروه دوم دارای بیشترین میانگین عملکرد وش و زودرسی بودند. از طرفی گروه دوم که ۵ ژنوتیپ را در بر می‌گرفت، کمترین میزان میانگین صفات وزن غوزه و درصد کیل را دارا بود.

نتیجه‌گیری: براساس مجموع نتایج، انتخاب ژنوتیپ‌های گروه اول برای برنامه‌های به‌نژادی در جهت افزایش عملکرد وش از طریق صفات وزن غوزه، زودرسی و درصد کیل می‌تواند ما را در رسیدن به این هدف یاری کند.

واژه‌های کلیدی: پنبه آپلند، تنوع فنوتیپی، صفات زراعی، گروه‌بندی

مقدمه

پنبه (*Gossypium spp.*) از مهمترین محصولات کشاورزی در جهان به شمار می‌آید و از جمله گیاهان زراعی است که ارتباط بین دو بخش کشاورزی و صنعت را فراهم نموده و نقش بسیار با ارزشی در اقتصاد کشورها ایفا می‌نماید (۱). سطح زیر کشت پنبه کشور در سال ۱۳۹۹ حدود ۹۷۴۶۵ هزار هکتار برآورد شده است. در حال حاضر ۱۸ استان کشور به تولید پنبه می‌پردازند که سه استان خراسان رضوی، فارس و گلستان در این زمینه پیشرو هستند (۱۴). استان خراسان از تنوع اقلیمی برخوردار است، اما به طور کلی جزو مناطق نیمه خشک کشور به شمار می‌رود (۱۱).

تنوع ژنتیکی به عنوان یک مزیت در محیط‌های متغیر به شمارمی‌رود و این ناشی از ماهیت غیرقابل پیش‌بینی محیط است که گزینش را به علت خاصیت بافرینگ (Buffering) در جهت سطوح بالاتر تنوع ژنتیکی پیش می‌برد (۱۹). وجود انواع تنش‌های زیستی و غیرزیستی در مناطق کشت در ایران نشان دهنده اهمیت برنامه‌های حفاظت و بهره‌برداری از این تنوع ژنتیکی می‌باشد. کشت گسترده ارقام با پایه ژنتیکی ضعیف می‌تواند سبب آسیب‌پذیری آنها نسبت به تنش‌های زیستی و غیرزیستی شود، به ویژه اینکه وقوع غیرمنتظره این تنش‌ها به دلیل تغییرات جهانی شرایط محیطی و سیستم‌های کشاورزی رو به افزایش است (۲۰). مردیث و ولس (۱۸) در سال۱۹۸۶ دوازده رقم (شش رقم از دلتاپاین و شش رقم مربوط به استون‌ویل) حاصل از تلاش‌های به‌نژادی هفت دهه را مورد بررسی قرار دادند. آنها دریافتند که در ارقام پیشرفته مقادیر بیشتری از ماده خشک به رشد زایشی تسهیم می‌یابد. در مطالعه بعدی آنها پنج رقم قدیمی، پنج رقم رایج و پنج رقم پر تولید حاصل از پنج برنامه به‌نژادی تجاری و پانزده لاین پیشرفته از پنج موسسه اصلاح پنبه از نظر رشد و عملکرد مورد بررسی قرار دادند و مشاهده کردند که عملکرد ارقام قدیمی۲۴ درصد کمتر از بیست ژنوتیپ پیشرفته بود. ارقام پیشرفته همچنین تعداد زیادی غوزه کوچکتر تولید کردند که درصد الیاف بیشتری داشتند (۲۴). وفایی‌تبار و همکاران (۲۷) گزارش کردند که بین ارقام پنبه از نظر همبستگی عملکرد با صفات مختلف از جمله تعداد غوزه در بوته، تنوع زیادی وجود دارد. تفاوت در متوسط تعداد نهایی غوزه در بوته ارقام احتمالا ناشی از خصوصیات ژنتیکی آن‌ها از نظر تولید تعداد شاخه‌های زایا، موقعیت‌های میوه‌دهی و توانایی انتقال مواد به غوزه‌های تشکیل شده برای رسیدگی و شکفتن یکنواخت غوزه‌ها است. ریزش غوزه که ناشی از فرایندهای درونی تنظیم کننده روابط منبع و مخزن است ممکن است تحت تاثیر شرایط محیطی نامساعد افزایش یابد. باتوجه به تفاوت

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]

[DOI: 10.52547/jcb.14.42.22]

ژنتیکی ارقام مورد ارزیابی و واکنش متفاوت این ارقام نسبت بـه شرایط و تنش‌های محیطی، تعداد غوزه در بوته آنها نیز می‌تواند متفاوت باشد.

صلاحدین و همکاران (۲۳) در بررسی همبستگی عملکرد پنبه دانه با برخی از ویژگی‌های کمی‌مشاهده کردند که عملکرد پنبه دانه با تعداد شاخه رویا همبستگی مثبت و معنی‌دار دارد. همچنین آنها مشاهده کردند تعداد شاخه رویا، تعداد غوزه در بوته، وزن الیاف و شاخص الیاف با عملکرد پنبه در بوته در همه ژنوتیپ‌ها همبستگی مثبت داشت. فاروق و همکاران (۱۳) نیز گزارش کردند عملکرد پنبه دانه همبستگی مثبت و معنی‌داری با ویژگی‌های تعداد غوزه در بوته، ارتفاع بوته و وزن غوزه داشت. شاخص زودرسی، ارتفاع بوته، وزن غوزه و تعداد شاخه رویا بیشترین اثر مستقیم مثبت را بر عملکرد داشت. آنها همچنین بیان کردند که ویژگی‌هایی مانند شاخص زودرسی و وزن غوزه با داشتن همبستگی مثبت، وراثت‌پذیری بالا و اثر مستقیم مثبت بر عملکرد ممکن است شاخص انتخاب مناسبی برای افزایش عملکرد باشد. اراند و همکاران (۱۰) نیز مشاهده کردند در ژنوتیپ‌های پنبه ویژگی‌های تعداد شاخه رویا، ارتفاع بوته، تعداد غوزه در بوته، شاخص زودرسی، میانگین وزن غوزه، عملکرد الیاف در بوته و شاخص فیبر کوتاه با ویژگی وزن پنبه دانه در بوته همبستگی مثبت و معنی‌دار داشتند.

در پژوهشی که توسط عالیشاه و همکاران (۲) انجام شد تجزیه عامل‌ها نشان داد چهار عامل اول در مجموع ۸۳/۵۸ درصد از واریانس کل را توجیه نمود. فاکتور اول با ۳۹ درصد بیشترین تنوع را توجیه کرد که ویژگی‌های ارتفاع بوته، تعداد شاخه رویا، طول شاخه رویا، طول شاخه زایا و شاخص زودرسی بیشترین ضرایب عاملی را داشتند.

جابوتو و همکاران (۹) با مطالعه ۱۴ ژنوتیپ پنبه و با استفاده از تجزیه خوشه‌ای، دو گروه مجزا شامل گروه اول نه ژنوتیپ و گروه دوم پنج ژنوتیپ را مشخص کردند.

سکلوکا و همکاران (۲۵) با استفاده از تجزیه خوشه‌ای، ۱۶ ژنوتیپ پنبه مورد مطالعه را به سه گروه مجزا تقسیم کردند به طوری که ژنوتیپ‌های زودرس، با ارتفاع کوتاه و طول شاخه زایای کم در گروه اول قرار گرفتند. آنها با استفاده از تابع تشخیص،گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای را بررسی کرده و صحت گروه‌بندی را ۹۳/۵۷ درصد گزارش کردند. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و نیز شناسایی ارقام و ژنوتیپ‌های مناسب و صفاتی که بیشترین رابطه را با عملکرد دارد، می‌تواند در افزایش عملکرد و پایداری تولید در شرایط محیطی گوناگون موثر باشد. بر این اساس، اهداف این پژوهش شامل بررسی تنوع صفات زراعی و مورفولوژیک، تشخیص صفات موثر بر عملکرد وش و نهایتا گروه‌بندی ارقام پنبه تتراپلوئید کشور بودند.

مواد و روش‌ها

آزمایش در سال زراعی ۱۳۹۶ در ایستگاه تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی کاشمر در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار اجرا شد. مشخصات خاک محل آزمایش در جدول ۱ آورده شده است.

جدول ۱- مشخصات فیزیکو- شیمیایی خاک محل اجرای آزمایش

Table 1. Physico-chemical characteristics of the experiment site

عمق	هدایت الکتریکی EC (dS/m)	اسیدیته pH	T.N.V %	کربن آلی	ازت کل (٪)	فسفر قابل جذب	پتاسیم قابل جذب	آهن	منگنز	روی	مس	رس (٪)
									mg.kg^{-1}			
۰-۳۰	۲/۵	۷/۹	۲۰/۳	۰/۳۶	۰/۰۴	۱۲	۲۱۰	۱/۷	۴/۹	۰/۷	۰/۸	۲۳

جدول ۲- شماره و نام ژنوتیپ‌ها، ارقام و هیبریدهای مورد استفاده در این پژوهش

Table 2. Number and name of genotypes, cultivars and hybrids used in this research

شماره ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	مبدأ	شماره ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	مبدأ
۱	CRI- 108	ایران	۲۱	گلستان	ایران
۲	N2G80	ایران	۲۲	اکرا الیاف شتری	ایران
۳	M13	ایران	۲۳	الیاف سبز	ایران
۴	کاشمر	ایران	۲۴	الیاف شتری	ایران
۵	CRI 871	ایران	۲۵	تابلادیلا	استرالیا
۶	NNC (لطیف)	ایران	۲۶	818-312	یونان
۷	SKT 133	ایران	۲۷	سپید	ایران
۸	TBL - 60	ایران	۲۸	92-34	ایران
۹	NSK 847	ایران	۲۹	92-48	ایران
۱۰	SNK2 773	ایران	۳۰	90-10480-1	ایران
۱۱	خورشید	ایران	۳۱	بختگان	ایران
۱۲	CRI - 114	ایران	۳۲	T2 (حکمت)	ایران
۱۳	NN2A19	ایران	۳۳	B557	پاکستان
۱۴	ورامین	ایران	۳۴	ساحل	ایران
۱۵	خرداد	ایران	۳۵	اولتان	ایران
۱۶	اکرا بنفش	ایران	۳۶	دانه سبز	ایران
۱۷	سوپراکرا	استرالیا	۳۷	دلینته طبیعی	ایران
۱۸	بنفش معمولی	ایران	۳۸	پاک (گلاندلس)	ایران
۱۹	ارمغان	ایران	۳۹	براکته فریگو	استرالیا
۲۰	برگ دفورمه	یونان	۴۰	دلتاپاین۲۵	آمریکا

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]

[DOI: 10.52547/jcb.14.42.22]

ابتدا طی یک برنامه دوساله تعداد ۴۰ ژنوتیپ، رقم و دورگ پنبه جمع آوری و خالص سازی شدند. بدین منظور ژرم‌پلاسم مذکور از موسسه تحقیقات پنبه کشور دریافت و پس از دو سال کشت در ایستگاه تحقیقات کشاورزی کاشمر و حذف بوته‌های خارج از تیپ هر رقم، خاص‌سازی انجام شد. اسامی ژنوتیپ‌ها در جدول ۲ آورده شده‌اند. هر یک از ارقام مورد مطالعه در سه خط ۶ متری و با الگوی کاشت ۷۰ ×۲۰ کشت شدند. به‌منظور اندازه‌گیری صفات در هر کرت، ۵ بوته به طور تصادفی انتخاب و علامت‌گذاری شدند و کلیه یادداشت برداری‌ها روی بوته‌های انتخابی انجام پذیرفت.

آماده‌سازی زمین طبق روال معمول ایستگاه و دستورالعمل‌های مربوطه انجام گردید. شخم‌های زمستانه و بهاره جهت تهیه بستر مناسب کاشت در موعد مقتضی انجام پذیرفت. در فصل بهار، زمین مربوطه با گاوآهن برگردان‌دار شخم و پس از دیسک با لولر تسطیح گردید. کودهای فسفات آمونیوم (۱۸۰ کیلوگرم در هکتار) و سولفات پتاسیم (۱۲۵ کیلوگرم در هکتار) بر اساس آنالیز خاک و همزمان با کشت مصرف گردیدند. کود اوره در سه مرحله شامل ۲۵ درصد همراه با آبیاری اول، ۳۵ درصد در شروع غنچه‌دهی و ۴۰ درصد در شروع گلدهی مصرف شد. پس از دیسک زنی دوم، علفکش ترفلان به میزان ۲/۵ لیتر در هکتار پاشیده شد و با دیسک به طور کامل با خاک مخلوط شد و در نهایت عملیات فارو کشی و کشت آزمایش در نیمه دوم اردیبهشت ماه انجام شد. کاشت آزمایش توسط کارگر با الگوی ۲۰ × ۷۰ سانتیمتر انجام گرفته و در طی فصل رشد بلافاصله پس از آب اول واکاری انجام شد و تنک در مراحل چهار و شش برگی جهت تأمین سطح سبز کافی انجام گردید. علف‌های هرز توسط علف کش تریفلورالین، وجین و کولتیواتورکنترل گردیدند.

صفات تعداد غوزه باز و بسته، قطر طوقه، عملکرد چین اول، عملکرد چین دوم (عملکرد ژنوتیپ در کرت بعد از ۲۰ روز از چین اول) و عملکرد کل (مجموع عملکرد چین اول و دوم)، وزن غوزه، تعداد غوزه، تعداد و طول شاخه‌های رویا و زایا، ارتفاع بوته و زودرسی محصول (نسبت محصول چین اول به عملکرد کل ضرب‌در صد) اندازه‌گیری گردید. وش‌های هر رقم به طور جداگانه جین زده شدند. جهت اندازه‌گیری قطر طوقه از کولیس، وزن ۲۰ غوزه، ترازوی دیجیتال با دقت ۰/۰۱ گرم و طول شاخه‌های رویا و زایا و ارتفاع بوته از خط‌کش استفاده شد. به منظور بررسی آماره‌های توصیفی و همبستگی از نرم‌افزار JUMP، برای تجزیه عاملی (با استفاده از دوران وریماکس)، تجزیه خوشه‌ای (از طریق فاصله اقلیدسی و روش ward) و تابع تشخیص کانونیک (به روش Wilks' Lambda) از نرم‌افزار SPSS 21 و برای تجزیه واریانس گروه‌ها از نرم‌افزار SAS 9.2 استفاده شد.

نتایج و بحث

همبستگی بین صفات

همبستگی بین صفات اندازه‌گیری شده، در جدول ۳ نشان داده شده است. همبستگی عملکرد وش با زودرسی مثبت و معنی‌دار و با تعداد غوزه بسته در بوته منفی و معنی‌دار بود. در این آزمایش رقم CRI۱۱۴ نیز از زودرسی بالا (۸۶ درصد) برخوردار بود و جزء ژنوتیپ‌های با کمترین تعداد غوزه بسته بود. از طرفی رقم برگ دفرمه که کمترین میزان عملکرد وش رادارا بود، دیررس‌ترین (با ۵۶/۸ درصد زودرسی) رقم بود و رقم دلتاپاین ۲۵ نیز بعد از رقم مذکور کمترین زودرسی را به خود اختصاص داد.

استفاده از این دو صفت به ویژه زودرسی در برنامه‌های به نژادی می‌تواند به گزینش ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و مطلوب کمک کند. عالیشاه (۱) گزارش داد که بین زودرسی و عملکرد همبستگی مثبت وجود دارد که با نتایج این پژوهش مطابقت دارد.

عملکرد وش پنبه نیز همانند عملکرد سایر گیاهان زراعی می‌تواند تحت‌تأثیر شرایط محیطی مانند شدت تابش، آب، دما، حاصل‌خیزی خاک، رطوبت نسبی هوا و غلظت گازکربنیک (CO_2) محیط قرار گیرد. به طورکلی دمای کمتر از ۱۵ درجه سانتی‌گراد برای تداوم رشد و تشکیل عملکرد پنبه مناسب نیست و دمای بیش از ۳۵ درجه سانتی‌گراد نیز به دلیل کاهش سرعت تبادل کربن و کاهش زیستایی دانه گرده و افزایش تنفس شبانه نامناسب‌اند. ردی و همکاران (۲۱) دماهای روزانه و شبانه به ترتیب ۳۰ و ۲۵ درجه سانتی‌گراد را دماهای بهینه در مراحل رویشی و زایشی پنبه معرفی کردند. بورک و همکاران (۶) دمای ۲۷/۵ درجه سانتی‌گراد را به عنوان دمای بهینه رشد پنبه اعلام کردند. کربی و همکاران (۱۶) همچنین مشخص کردند که دمای شبانه پایین طویل شدن و سرعت افزایش ماده خشک الیاف رشد یافته روی تخمک‌ها را کاهش داد. با توجه به بالا بودن دمای منطقه کاشمر در ماه‌های تیر، مرداد و شهریور طی اجرای آزمایش امکان تاثیرپذیری صفات مورد بررسی ارقام ارزیابی شده وجود داشته است؛ بخصوص اینکه زودرسی که یک ساز وکار فرار از تنش محسوب می‌شود در این آزمایش تاثیر چشمگیری بر عملکرد ارقام داشته است. از بین صفات مطالعه شده، درصد زودرسی فقط با صفت تعداد غوزه بسته در بوته همبستگی منفی و معنی‌دار داشت. این مطلب منطقی به نظر می‌رسد چراکه هر چه یک رقم دیررس‌تر باشد، در اواخر مهر و آبان سرماهای پاییزه باعث توقف رشد گیاه شده و تکامل و شکفتن قوزه‌های دیررس می‌شود. وزن غوزه با درصد کیل همبستگی مثبت و معنی‌دار داشت که بیانگر این است که جزء الیاف نسبت به جزء دانه تاثیر بیشتری در وزن غوزه برخی ژنوتیپ‌های مورد بررسی داشته است.

دماهای متوسط بالا در طول روز ممکن است باعث کاهش فتوسنتز و تولید هیدرات کربن‌ها شود (۵) و دمای زیاد شب منجر به افزایش تنفس و کاهش بیشتر هیدارت کربن فراهم می‌شود (۱۷) که نتیجه آن کاهش تشکیل بذر، کاهش اندازه غوزه و تعداد بذر در غوزه و نیز تعداد الیاف در هر بذر است (۳). با توجه به این‌که دمای منطقه، طی مراحل گل‌دهی و تشکیل میوه بالا است، به نظر می‌رسد که پاسخ ارقام مورد ارزیابی از نظر واکنش به متغیرهای محیطی در شرایط منطقه متفاوت بوده و این تفاوت در قالب تغییر وزن غوزه ظاهر شده است.

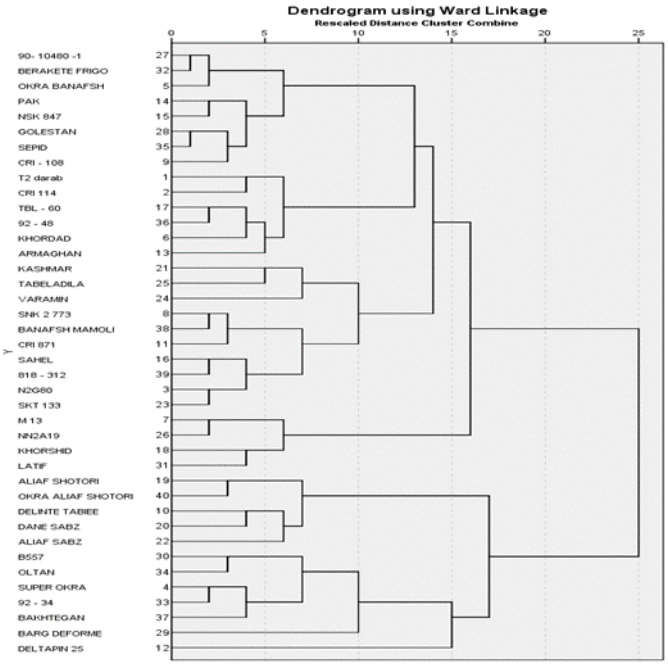
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.22]

جدول ۳- ضرایب همبستگی بین صفات مورد بررسی در ژنوتیپ‌های پنبه
Table 3. correlation coefficients among investigated traits in cotton genotypes

صفات	وزن قوزه	درصد کیل	عملکرد وش	زودرسی	قطر طوقه	ارتفاع بوته	تعداد شاخه رویا	تعداد شاخه زایا	تعداد قوزه باز	تعداد قوزه بسته
وزن غوزه	۱									
درصد کیل	۰/۴۲	۱								
عملکرد وش	۰/۰۹	۰/۲۳	۱							
زودرس	-۰/۲۴	۰/۰۸	۰/۶۲**	۱						
قطر طوقه	-۰/۰۷	-۰/۰۳	-۰/۰۸	-۰/۱۱	۱					
ارتفاع بوته	-۰/۲۶	۰/۰۷	-۰/۲۱	-۰/۰۹	۰/۵۶**	۱				
تعداد شاخه رویا	۰/۱۱	-۰/۲۱	۰/۰۵	-۰/۲۵	۰/۲۲	-۰/۰۶	۱			
تعداد شاخه زایا	-۰/۰۶	۰/۰۱	-۰/۲۴	-۰/۱۸	۰/۳۸*	۰/۵۱**	-۰/۱۱	۱		
تعداد غوزه باز	۰/۳۶*	۰/۳	-۰/۰۴	-۰/۱	۰/۳۳*	-۰/۰۰۴	۰/۰۵	۰/۰۶	۱	
تعداد غوزه بسته	۰/۳۱*	-۰/۰۰۳	۰/۴۹**	-۰/۳۹*	۰/۱۲	۰/۱۳	۰/۲۴	۰/۱۹	۰/۱۴	۱

تنوع ژنتیکی لاین‌های مورد بررسی

تجزیه خوشه‌ای از لحاظ صفات مورد مطالعه، ژنوتیپ‌ها را در سه گروه اصلی قرارداد (شکل ۱).



شکل ۱- دندروگرام مربوط به گروه‌بندی ژنوتیپ‌های پنبه با استفاده از صفات زراعی
Figure 1. Classifying dendrogram in cotton genotypes based on agronomic traits

به‌منظور بررسی بهتر گروه‌ها، برای تک تک صفات مورد بررسی به صورت جداگانه تجزیه واریانس یک طرفه انجام شد (جدول ۴). به طوری که ملاحظه می‌شود، بین گروه‌ها از نظر صفات درصد کیل، وزن غوزه، عملکرد وش، تعداد غوزه بسته، ارتفاع بوته و تعداد شاخه زایا اختلاف معنی‌دار وجود داشت (جدول ۴). در گروه اول ۲۸ ژنوتیپ قرار گرفتند. این گروه کمترین میانگین ارتفاع بوته را به خود اختصاص داد و به همراه گروه ۲ دارای کمترین میانگین تعداد غوزه بسته نیز بود (جدول ۵). همچنین ژنوتیپ‌های گروه اول و گروه دوم دارای بیشترین میانگین عملکرد وش و زودرسی بودند. از طرفی گروه دوم که ۵ ژنوتیپ را در بر می‌گرفت، کمترین میزان میانگین صفات وزن غوزه و درصد کیل را دارا بود. در پژوهش‌های مختلف بر ارتفاع کمتر ساقه در ارقام زودرس تأکید گردیده است (۲۷,۱۵,۸). گروه سوم ۷ لاین را در بر گرفت که از لحاظ صفات عملکرد وش و زودرسی کمترین مقدار را در مقایسه با سایر گروه‌ها به خود اختصاص داد. همچنین ژنوتیپ‌های این گروه دارای بیشترین میانگین تعداد غوزه بسته بودند. بنابراین انتخاب ژنوتیپ‌های گروه اول برای برنامه‌های به‌نژادی در جهت افزایش عملکرد وش از طریق صفات وزن غوزه، زودرسی و درصد کیل می‌تواند ما را در رسیدن به این هدف یاری کند. همچنین از گروه‌هایی که برای برخی از صفات ارزش بالاتر از میانگین داشتند می‌توان جهت بالا بردن ارزش آن صفت استفاده کرد.

به‌منظور بررسی صحت گروه‌بندی تجزیه خوشه‌ای، از تابع تشخیص نیز استفاده شد که نتایج گروه‌بندی در جدول آورده ۶ شده است. نتایج تابع تشخیص نیز نشان داد که ژنوتیپ‌ها

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.22]

به درستی گروه‌بندی شده‌اند و میزان موفقیت تابع تشخیص در شناسایی گروه‌ها زیاد بود که به ترتیب ۸۹/۳، ۱۰۰ و ۷۱/۴ درصد از ژنوتیپ‌ها در گروه‌های خود به درستی گروه‌بندی شده‌اند. سکلوکا و همکاران (۲۵) با استفاده از تجزیه کلاستر، ۱۶ ژنوتیپ پنبه مورد مطالعه را به سه گروه مجزا تقسیم کردند به‌طوری که ژنوتیپ‌های زودرس، با ارتفاع کوتاه و طول شاخه زایای کم در گروه اول قرار گرفتند. آنها با استفاده از تابع تشخیص، گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای را بررسی کرده و صحت گروه‌بندی را ۹۳/۵۷ درصد گزارش کردند.

در تجزیه تابع تشخیص کانونیکی دو متغیر کانونیک اول که مقادیر ویژه بالاتر از یک داشتند در مجموع ۱۰۰ درصد واریانس موجود را تبیین کردند که می‌تواند به عنوان معیاری مطمئن جهت انتساب ژنوتیپ‌های جدید به گروه صحیح مورد استفاده قرار گیرد. هر متغیر کانونیکی، ترکیب خطی مجموعه متغیرهای پیش‌بینی کننده و مجموعه متغیرهای اندازه‌گیری شده را محاسبه می‌کند (۲۸).

ضرایب تشخیص استاندارد شده کانونیکی، همبستگی خطی ساده بین متغیرهای اصلی و متغیرهای کانونیکی را نشان می‌دهد. بنابراین ضرایب تشخیص استاندارد شده کانونیکی نشان دهنده واریانس مشترکی است که متغیرهای اندازه گیری شده با متغیرهای کانونیک دارند و می‌تواند در ارزیابی توجیه نسبی هر متغیر در هر معادله کانونیک مورد تفسیر قرار گیرد (۷). رنشر (۲۲) نیز توصیه می‌کند که برای تفسیر توابع تشخیص از ضرایب تشخیص استاندارد شده استفاده شود. این ضرایب تاثیرات هر صفت را پس از حذف اثرات سایر صفات در توابع تشخیص محاسبه می‌کند. در حقیقت اثرات خالص هر صفت را در تابع تشخیص بدست می‌آورد. با توجه به ضرایب استاندارد شده کانونیکی (جدول ۸) صفات عملکرد وش و زودرسی با بار مثبت و تعداد غوزه بسته با بار منفی در اولین معادله تشخیصی کانونیکی قابل توجه بودند و در دومین معادله تشخیصی کانونیکی صفت وزن غوره مقدار بالاتری را نشان داد. سپس از متغیرهای کانونیکی اول و دوم که ۱۰۰ درصد تغییرات داده‌ها را توجیه کردند برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها استفاده شد (شکل ۲). بر اساس پراکنش ژنوتیپ‌ها در فضای بای‌پلات، ژنوتیپ‌ها در سه گروه مجزا گروه‌بندی شدند و در هر گروه تنوع ژنتیکی درون گروهی کمی‌نسبت به تنوع ژنتیکی بین گروهی دارد،در حقیقت ژنوتیپ‌های هر گروه فاصله ژنتیکی کمی‌با یکدیگر دارند. سپس به منظور تطبیق فاصله بین گروه‌ها، فواصل بین گروه‌ها به وسیله فاصله ماهالانوبیس (D2) محاسبه گردید. همان‌طور که مشاهده می‌شود بیشترین فاصله، بین گروه‌های اول و سوم و کمترین فاصله بین گروه‌های اول و دوم مشاهده گردید (جدول ۹ و شکل ۲). بنابراین به عنوان نمونه، استفاده از گروه‌های ۱ و ۳ جهت تعیین والدین تلاقی‌های فرضی در کارهای به نژادی احتمالاً مفید خواهد بود. برآورد فاصلهٔ گروه‌ها از هم و آزمودن معنی دار بودن آنها در روش تجزیه تشخیص متعارف، مزیت بسیار مهمی‌از این روش محسوب شده‌که با آمارهٔ ماهالانوبیس انجام شده و بهتر از راهکار تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای معمول، زیر جوامع را از هم تفکیک می‌نماید. بنابراین نباید چنین استنباط نمود که تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و خوشه ای معمول می‌تواند جایگزین تجزیه تابع تشخیص کانونیک شود. همانطور که استرلچنکو و همکاران (۲۶) بیان داشته‌اند، روش تجزیه تشخیص کانونیک درگندم توانسته است نه تنها گروه‌ها را بلکه حتی Accessionها را نیز درون گروه‌ها با دقت بیشتری متمایز نماید.

اتیچا و همکاران (۱۲) در بررسی ۲۵۵۹ ژنوتیپ گندم نیز برای بررسی صحت گروه‌بندی از تابع تشخیص استفاده کرده و نشان دادند که دو تابع تشخیص اول و دوم در مجموع ۹۵/۹ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه می‌کنند. آرمینیان و همکاران (۴) نیز نشان دادند که تابع تشخیص کانونیک در بررسی تنوع ژنتیکی صفات زراعی در گندم می‌تواند بهترین توصیف را از تنوع بین ژنوتیپ‌ها داشته باشد و در تفکیک زیرگروه‌ها موثرتر از روش‌های تجزیه خوشه‌ای و مولفه‌های اصلی عمل کند.

جدول ۴- تجزیه واریانس گروه‌ها برای صفات مورد بررسی

Table 4. variance analysis of clusters for investigated traits

صفات	واریانس بین گروهی	واریانس دورن گروهی
درجه آزادی	۲	۳۷
وزن غوزه	۳/۱۱**	۰/۲۱۷
درصد کیل	۲۲/۸**	۲/۶۷
عملکرد وش	۲/۶۱**	۰/۱۹۷
زودرس	۱۵۱/۸۷**	۲۴/۵
قطر طوقه	۰/۰۲۱$^{n.s}$	۰/۰۰۹
ارتفاع بوته	۱۷۵/۴*	۵۶/۳۸
تعداد شاخه رویا	۰/۰۲^{ns}	۰/۰۵۵
تعداد شاخه زایا	۲/۵۹**	۰/۶۷۸
تعداد غوزه باز	۲/۹۹^{ns}	۶/۸۶
تعداد غوزه بسته	۰/۳۸۵**	۰/۰۱۷

**، * و ns: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد، پنج درصد و غیر معنی‌دار

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.22]

جدول ۵- ژنوتیپ‌های موجود در گروه‌های حاصل تجزیه خوشه‌ای

Table 5. Genotypes in groups of cluster analysis

گروه	ژنوتیپ
۱	CRI- 108، N2G80، M13، کاشمر، CRI 871، NNC(لطیف)، SKT 133، TBL – 60، NSK 847، SNK2 773، خورشید، CRI – 114، NN2A1 ، ورامین، خرداد، اکرا بنفش، بنفش معمولی، گلستان پاک (گلاندلس)، ۴۸–۹۲، ۱–۱۰۴۸۰–۹۰ (حکمت)T2، ساحل، تابلادیلا، ۳۱۲–۸۱۸، سپید– براکته فریگو، ارمغان
۲	الیاف شتری، اکرا الیاف شتری، دلینته طبیعی، دانه سبز و الیاف سبز
۳	سوپراکرا، التان، B557، ۹۲–۳۴، بختگان، برگ دفورمه و دلتاپاین ۲۵

جدول ۶ – انحراف معیار و مقایسه میانگین گروه‌ها در صفات مورد بررسی در ژنوتیپ‌های پنبه

Table 6. Mean comparison and standard deviation of clusters in cotton genotypes

صفات	گروه ۱	گروه۲	گروه۳	میانگین کل
تعداد در ژنوتیپ	۲۸	۵	۷	
وزن غوزه	۵/۴۷^{a}±۰/۴۲۱	۴/۳۱^{b}±۰/۲۶۱	۵/۵۹^{a}±۰/۷۰۵	۵/۰±۳۵/۶۰۵
درصد کیل	۳۷/۵۵^{a}±۱/۵۹۴	۳۴/ ۳۲^{b}±۲/۳۹۶	۳۶/۵۹^{a}±۱/۰۸۴	۳۶/۱±۹۵/۹۲۴
عملکرد وش	۴/۰۸۶^{a}±۰/۴۴	۳/۶۴۱^{a}±۰/۳۲۳	۳/۱۵^{b}±۰/۵۲۸	۳/۰±۸۶۶/۵۶۷
زودرس	۸۱/۸۹^{a}±۳/۸۷	۷۹/۹^{a}±۲/۴۷۳	۷۴/۵۴^{b}±۸/۹۲۲	۸۰/۵±۳۶/۵۷۱
قطر طوقه	۱/۲۱^{a}±۰/۰۹۱	۱/۳۱^{a}±۰/۰۷۶	۱/۲۲^{a}±۰/۱۱۸	۱/۰±۲۲/۰۹۸
ارتفاع بوته	۷۸/۶۷^{b}±۷/۶۸۵	۸۷/۶۱^{a}±۷/۹۱۱	۱۸/۴۳^{ab}±۶/۳۴	۸۰/۷±۲۷۳/۹۰۵
تعداد شاخه رویا	۱/۳۶^{a}±۰/۲۵۸	۱/۴۶^{a}±۰/۲۳۱	۱/۳۸^{a}±۰/۰۸۷	۱/۰±۳۸/۲۳۲
تعداد شاخه زایا	۱۳/۳۸^{a}±۰/۸۹۳	۱۴/۱۷^{a}±۰/۷۸۹	۱۴/۱۶^{a}±۰/۴۲۶	۱۳/۰±۶۱/۸۸۱
تعداد غوزه باز	۱۳/۲^{a}±۱/۶۳۱	۱۲/۰۱^{a}±۲/۵۴۵	۱۲/۹۸^{a}±۵/۱۰۱	۱۳/۲±۰۱/۵۸۱
تعداد غوزه بسته	۰/۹۲۸^{b}±۱/۲۲۴	۰/۹۰۶^{b}±۰/۰۸۵	۱/۲۹^{a}±۰/۱۸۷	۰/۰±۹۸۹/۱۹

جدول ۷- نتایج تابع تشخیص برای صحت گروه‌بندی ژنوتیپ‌های پنبه

Table 7. Results of discriminant analysis to confirmation of cotton genotypes

گروه بندی			عضویت پیش بینی شده		
			۱	۲	۳	کل
اعتبارسنجی متقابل	مجموع	۱	۲۵	۱	۲	
		۲	۰	۵	۰	
		۳	۱	۱	۵	
	درصد	۱	۷/۱	۳/۶	۸۹/۳	
		۲	۰	۱۰۰	۰	
		۳	۱۴/۳	۱۴/۳	۷۱/۴	

۸۷٪/۵ گروه‌بندی اعتبارسنجی متقابل به درستی انجام شده است.

جدول ۸ – ماتریس ساختار کانونیکی صفات مطالعه شده در ژنوتیپ‌های پنبه

Table 8. Canonical structural matrix of studied traits in cotton genotypes

صفات	تابع	
	۱	۲
وزن غوزه	۰/۰۵۸	۰/۹۴۵
درصد کیل	-۰/۰۲۳	۰/۱۴۴
عملکرد وش	۰/۴۲	۰/۱۵
زودرس	۰/۴۵۲	-۰/۰۸۵
قطر طوقه	-۰/۱۶۴	۰/۲۱۹
ارتفاع بوته	-۰/۱۷	-۰/۰۱۸
تعداد شاخه رویا	-۰/۳۳۷	۰/۲۶۲
تعداد شاخه زایا	۰/۰۶۳	۰/۱
تعداد غوزه باز	-۰/۰۹۲	-۰/۳۵
تعداد غوزه بسته	-۰/۷۸۵	۰/۴۹۱

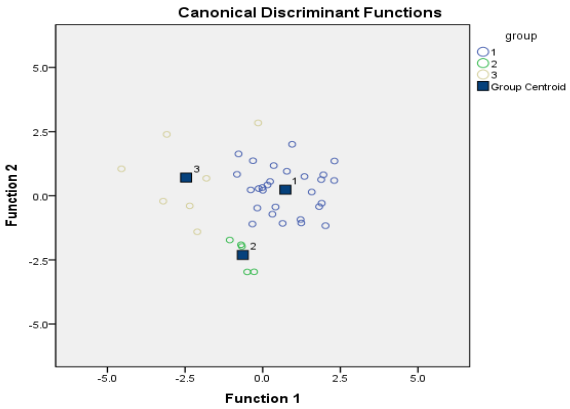
جدول ۹- فواصل ماهالانوبیس بین گروه‌ها در ژنوتیپ‌های پنبه

Table 9. Mahalanobis distance among cluster in cotton genotypes

گروه	۱	۲
۲	۱۱/۱۷	
۳	۱۸/۴۳	۱۱/۴۳

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]

[DOI: 10.52547/jcb.14.42.22]



شکل ۲- گروه بندی ژنوتیپ‌های پنبه بر اساس متغییرهای کانونیک
Figure 2. Classification of cotton genotypes based on canonical variables

نتیجه‌گیری کلی

با توجه به نتایج آمار توصیفی، صفات تعداد غوزه باز و بسته، عملکرد وش، زودرسی و وزن غوزه بیشترین دامنه و ضریب تغییرات را به خود اختصاص دادند که نشان‌دهنده تنوع فنوتیپی این صفات در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود. بر اساس نتایج تابع تشخیص کانونیک مهمترین صفات تاثیر گذار بر عملکرد وش ژنوتیپ‌های پنبه، شامل درصد زودرسی، تعداد غوزه بسته و وزن غوزه بودند. هر دو روش تجزیه خوشه‌ای و تابع تشخیص ژنوتیپ‌های مورد بررسی را در سه گروه مجزا قرار دادند به نحوی که نتایج تابع تشخیص نشان داد که ژنوتیپ‌ها در روش تجزیه خوشه‌ای به درستی گروه‌بندی شده‌اند ژنوتیپ‌های گروه ۱ که شامل ۲۸ ژنوتیپ بود، کمترین میانگین ارتفاع بوته را به خود اختصاص داد و به همراه گروه ۲ دارای کمترین میانگین تعداد غوزه بسته نیز بود. همچنین ژنوتیپ‌های گروه اول و گروه دوم دارای بیشترین میانگین عملکرد وش و زودرسی بودند. از طرفی گروه دوم که ۵ ژنوتیپ را در بر می‌گرفت، کمترین میزان میانگین صفات وزن غوزه و درصد کیل را دارا بود. بنابراین انتخاب ژنوتیپ‌های گروه اول برای برنامه‌های به‌نژادی در جهت افزایش عملکرد وش از طریق صفات وزن غوزه، زودرسی و درصد کیل می‌تواند ما را در رسیدن به این هدف یاری کند.

منابع

1. Alishah, O., H. Mahmoodjanloo, M.H. Hekmat, A. Naderi Arefi, S.Y. Masoomi and F. Talat. 2019. Investigation of genotype × environment interaction and yield stability of hopeful cotton (G.hirsutum L.) genotypes. Journal of Crop Breeding, 31: 226-236 (In Persian).
2. Alishah, O., M.B. Bagherieh-najjar and L. Fahmideh. 2008. Correlation, Path coefficient and factor analysis of some quantitative and agronomic traits in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Asian Journal of Biology, 1: 61-68.
3. Arevalo, L.S., D.M. Oosterhuis, D. Coker and R.S. Brown. 2008. Physiological response of cotton to high night temperature. American Journal of Plant Science and Biotechnology, 2: 63-68.
4. Arminian, A., S. Hoshmand and B. Shiran. 2012. Investigating genetic diversity and classification of diverse wheat genotypes using multivariate analysis methods. Electronical Journal of Plant Production, 5(4): 105-120 (In Persian with English Abstract).
5. Bibi, A.C., D.M. Oosterhuis and E.G. Gonias. 2008. Photosynthesis, quantum yield of photosystem II, and membrane leakage as affected by high temperatures in cotton genotypes. Journal of Cotton Science, 12: 150-159.
6. Burke, J.J., J.L. Hatfield and D.F. Wanjura. 1990. A thermal stress index for cotton. Agronomy Journal, 82: 526-530.
7. Cruz-Castillo, J.G., S. Ganeshanandam, B.R. MacKay, G.S. Lawes, C.R.O. Lawoko and D.J. Woolley. 1994. Applications of canonical discriminant analysis in horticultural research. Horticulture Science, 29: 1115-1119.
8. Damavande Kamali, S., O. Alishah and N.B. Jelodar. 2009. Investigate the interaction of genotype and environment and sustainability performance of cotton varieties by parametric and non-parametric method of single - variable. Journal of Agricultural Sciences and Natural Resources, 48: 41-50 (In Persian with English Abstract).
9. Djaboutou, M.C., M.G. Sinha, S.S. Houedjissin, G.H. Cacai and C. Ahanhanzo. 2017. Variability and Heritability of Morphological Traits in Collection of Cotton Genotypes (*Gossypium hirsutum* L.) and Their Potential Use for the Selection. European Scientific Journal, 13(3): 385-395.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.22]

10. Erande, C.S., H.V. Kalpande, D.B. Deosarkar, S.K. Chavan, V.S. Patill, V.S. Deshmukh, J.D. Chinchane, V.N. Kumar, A.U. Dey and M.R. Puttawar. 2014. Genetic variability, correlation and path analysis among different traits in desi cotton (*Gossypium arboreum* L.). African Journal of Agricultural Research, 9(29): 2278-2286.
11. Eskandari torbaghan, M., H. Najjar, M. Taherian and M.R. Ramazani moghadam. 2021. Study of Yield Stability of Promising Diploid Cotton Lines using Parametric Methods. Journal of Crop Breeding, 36: 47-56 (In Persian).
12. Eticha, F., G. Belay and E. Bekele. 2006. Species diversity in wheat landrace populations from two regions of Ethiopia. Genetic Resources Crop Evolution, 53: 387-393.
13. Farooq, J., M. Anwar, M. Riaz, A. Farooq, A. Mahmood, M.TH. Shahid, M. Rafiq and F. Ilahi. 2014. Correlation and path conefficient analysis of earliness, Fiber quality and yield contributing traits in cotton (*Gossypium hirsutum* L.*)*. Journal of Animal and Plant Science, 24(3): 781-790.
14. Ghanbari Shirsavar, A. 2021. Investigating the situation of cotton production in Iran. Political Research Office Publications. Political Deputy of Broadcasting.
15. Heitholt, J.J. 1995. Cotton flowering and boll retention in different planting configurations and leaf shapes. Agronomy Journal, 87: 994-998.
16. Kerby, T.A. and D.R. Buxton. 1981. Competition between adjacent fruiting forms in cotton. Agronomy Journal, 73: 867-871.
17. Loka, D. and D.M. Oosterhuis. 2010. Effects of high night temperature on cotton respiration, ATP levels and carbohydrate content. Environmental and Experimental Botany, 68: 258-263.
18. Meredith, W.R. and R. Wells. 1986. Normal vs. okra leaf yield interactions. I. Performance of near-isogenic lines from bulk populations. Crop Science, 26: 219-22.
19. Nevo, E. 1988. Genetic diversity in nature: patterns and theory. Evolutionary Biology, 23: 217.246.
20. Ramezanpur, S.S., A. Hossein Zadeh, H. Zeynalie and M. Wafaee tabar. 2004. Evaluation of the relationship between some important morphological and agronomic traits with yield in glandless cotton cultivars using multivariate statistical methods. Journal of Agricultural Sciences of Iran, 33(1): 103-113.
21. Reddy, V.R., K.R. Reddy and D.N. Baker. 1991. Temperature effect on growth and development of cotton during the fruiting period. Agronomy Journal, 83: 211-217.
22. Rencher, A.C. 2002. Methods of multivariate analysis. John Wiley and Sons Inc. 708 p.
23. Salahuddin, Sh., S. Abro, A. Rehman and K. Iqbal. 2010. Correlation analysis of seed cotton yield with some quantitative traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Pakistanian Journal of Botany, 42(6): 3799-3805.
24. Seddighi, E., M.R. Ramezani Moghaddam, A.R. Sirousmehr and M.R. Asgharipour. 2013. Investigation on the effect of cotton cultivars and different planting dates on cotton double cropping system in Gonabad climatic conditions. Journal of Agroecology, 5: 58-66.
25. Sekloka, E., A.K. Sabi, V.A. Zinsou, A. Aboudou, C.K. Ndogbe, L. Afouda and L. Baba-Moussa. 2018. Phenological, morphological and agronomic characterization of sixteen genotypes of cotton plant *(Gossypium hirsutum* L.*)* in rainfed condition in Benin. Journal of Plant Breeding and Crop Science, 10(2): 33-40.
26. Strelchenko, P., O. Mitrofanova, A. Konarev and F. Terami. 2010. Evaluation of genetic differentiation of wheat resources using RAPD markers. Research project. Available at: http://www.cryo.affrc.go.jp/kankobutu/kenkyusiryo/65/65-3-1.htm.
27. Vafaeitabar, T. and F. Talat. 2009. Quantitative and qualitative traits of some promising cotton cultivar in Varamin region. Journal of Agricultural Science, 5: 245-256 (In Persian).
28. Vafayi Tabar, M. and Z. Tajick Khaveh, 2012. Variation in yield and earliness correlation with other quantitative traits of early upland cotton cultivars. Electronic Journal of Cotton and Fiber Crops, 1: 97-114.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]

[DOI: 10.52547/jcb.14.42.22]

Evaluation of Variation and Identification of Effective Traits on Seed Cotton Yield in Iranian Upland Cotton Genotypes (*Gossipium hirsutum L.*)

Hassan Najjar[1], Majid Taherian[2], Mohammad Reza Ramazani Moghadam[1] and Masood Eskandari Torbaghan[1]

1- Horticulture Crop Research Department, Khorasan Razavi Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Mashhad, Iran
2- Horticulture Crop Research Department, Khorasan Razavi Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Mashhad, Iran, (Corresponding author: taherian.m@ut.ac.ir)
Received: 18 December, 2020 Accepted: 30 November, 2021

Extended Abstract

Introduction and Objective: Cotton (*Gossypium spp.*) is one of the most important agricultural products in the world. It is one of the crops that have provided the connection between the two sectors of agriculture and industry and it plays a very valuable role in the economies of countries. The objectives of this study were to investigate the diversity of agronomic and morphological traits, to identify the traits affecting the seed cotton yield and finally the grouping of tetraploid cotton cultivars in the country.

Material and Methods: 40 different cotton genotypes including commercial, imported and hybrid cultivars were cultivated and studied in the farm of Kashmar Agricultural Research Station in 2016-2017 in a randomized complete block design with three replications. The traits of number of open and closed bolls, crown diameter, first harvest yield, second harvest yield, total yield, and boll weight, number of bolls, number and length of vegetative and reproductive branches, plant height and early maturity of the crop were measured.

Results: According to the results of descriptive statistics, the number of open and closed bolls, seed cotton yield, early maturity and boll weight had the highest range and coefficient of variation which showed the phenotypic variation of these traits in the studied genotypes. Cluster analysis in terms of the studied traits divided the genotypes into three main groups. In order to check the accuracy of cluster analysis grouping, the detection function was used. The results of the detection function also showed that the genotypes were correctly grouped and the success rate of the detection function in identifying the groups was high that 89.3, 100 and 71.4 percent of the genotypes were properly grouped in their groups, respectively. Also, based on the results of the canonical detection function, the most important traits affecting the seedcotton yield of cotton genotypes were early maturity, number of closed bolls and boll weight. Both cluster analysis and detection function methods were divided the studied genotypes into three separate groups. In a way the results of the detection function showed that the genotypes were correctly grouped in the cluster analysis method. The genotypes of group 1 that included 28 genotypes, had the lowest average of plant height and along with group 2, it also had the lowest average number of closed bolls. Also, the genotypes of the first group and the second group had the highest mean of seed cotton yield and early maturity. On the other hand, the second group, which included 5 genotypes, had the lowest mean of the traits boll weight and percentage of fibers.

Conclusion: Based on the total results, the selection of the first group of genotypes for breeding programs to increase its seed cotton yield through boll weight, early maturity and fibre percentage traits can help us to achieve this goal.

Keywords: Agronomic traits, Grouping, Phenotypic variation, Upland cotton

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]

[DOI: 10.52547/jcb.14.42.22]