Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 17, Issue 2, 2025 p: 12-28 OPEN ACCESS

Research Paper

Investigating the Genetic Diversity of Green Pea Accessions from the National Plant Gene Bank of Iran

Mehrzad Ahmadi[1], Ali Akbar Ghanbari[2], Maryam Mahmoodi[3], Simin Taheri Ardestani[4], Masoumeh Pouresmael Foshazadeh[5], and Farangis Ghanavati[6]

1- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran, (Corresponding author: ahmadimehrzad@ymail.com)
2- Associate Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
3- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Institute (SPII), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
4- Researcher, Seed and Plant Improvement Institute (SPII), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
5- Associate Professor, Seed and Plant Improvement Institute (SPII), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
6- Associate Professor, Seed and Plant Improvement Institute (SPII), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

Received: 3 November, 2024 Revised: 10 December, 2024 Accepted: 29 January, 2025

Extended Abstract

Background: Green pea (*Pisum sativum* L.) is the fourth most important legumes in the world, which is consumed as dry, green, and fodder peas. It is an annual, self-pollinating, and diploid (2n = 2x = 14) plant that is widely cultivated as a garden and field crop throughout the temperate regions of the world. Although this plant has been cultivated in Iran for a long time, few studies are available on the genotypes collected in Iran and their characteristics and genetic diversity. Between 2005 and 2009, there was a program to collect the vegetable genotypes of the country with the efforts of researchers and experts from all over the country aiming to preserve the native populations. The accessions in the country have been severely eroded due to the desire of farmers to cultivate foreign cultivars, and many of the accessions in the vegetable collection of the gene bank are unique; hence, it is not possible to find these accessions in the country anymore. These accessions are usually adapted to the weather conditions, pests, and diseases of the country and are very important in the development of sustainable cultivation. In green peas, foreign cultivars are most welcomed by farmers. Therefore, the accessions of the green pea collection of the Gene Bank are of special importance.

Methods: In this study, 63 green pea accessions, along with five commercial varieties Utrillo, Wando, Mr. Big, Alderman, and Rondo, were cultivated and evaluated in seven blocks in an augment design in the research field of the National Plant Gene Bank of Iran (Seed and Plant Improvement Institute) in 2020-2021. Each accession was cultivated in a 2-meter line with a row distance of 60 cm and a plant distance of 10 cm. Then, 38 agronomic and morphological traits were evaluated according to the UPOV descriptor in traits related to leaves, flowers, pods, and seeds. The Shannon index (H´) was used to determine the diversity of qualitative traits. Data were analyzed using SPSS and SAS statistical software, and the correlation was calculated using Pearson's method. The genotypes were grouped using cluster analysis.

Results: According to the results, the highest coefficient of variation (CV) in quantitative traits is respectively for the peduncle length between the first and second pods (1.30 cm) and the spore length (0.85 cm). The lowest CV was obtained for the standard petal width (0.14 cm) and the total length of the petiole, including tendrils (0.15 cm). The highest Shannon's coefficient in qualitative traits was observed in the density of flecking stipules (1.33), stipule size (1.09), and pod curvature (1.04). The lowest Shannon's coefficient was observed in having leaflets (0.09). The strongest positive correlation was obtained between the weight of one-hundred seeds and the length and width of the pod, as well as between the length and width of the pod.

The principal component analysis showed that the first four components included 65% of the total changes. In the first component, which accounted for 33% of the observed changes, the most important traits affecting this component were one-hundred dry seed weight, length, and width of pods. The second component justified 15% of the data changes and had a strong and positive

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]

Copyright ©2025 Ahmadi et al. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 Unported License which allows users to read, copy, distribute and make derivative works for non-commercial purposes from the material, as long as the author of the original work is cited properly.

relationship with the leaflet length and the petiole length. The third component justified 10% of the data changes and had a strong and positive relationship with the length from the peduncle to the first pod and the number of seeds per pod. The fourth component accounted for 7% of the observed changes and had a strong and positive relationship with the length of the distance from the length between the first and second pods and the stipule length from the axil to the tip.
In cluster analysis, the genetic accessions were classified into seven separate groups, respectively, 8, 26, 6, 1, 2, 13, and 12. The grouping of genetic accessions was independent of their geographical origins. The different genetic accessions of the investigated green peas had a wide range of morphological characteristics, which indicates the high genetic diversity of this crop.

Conclusion: The results showed a range of 32 days in the number of days to flowering, a range of 90 cm in the plant height, and a range of 24 g in one hundred seed weight. In this research, genetic accessions 38, 79, 83, and 82 were the earliest flowering genotypes, genetic accessions Mr. Big and 81 had the largest pod length, and genetic accessions 81 and 83 had the largest pod width. Genetic accessions 80, 82, and 58 had the highest one-hundred seed weight. Many genetic diversities were observed in the characteristics of the type of bracket and the margin of the stipule in an Iranian accession; thus, it seems necessary to include these characteristics in the international descriptor of green peas. In this study, a high genetic diversity was observed among green pea accessions in the country, and this diversity can be used in breeding programs to obtain cultivars compatible with Iran's cultivation areas.

Keywords: Cluster analysis, Correlation, Genetic diversity, Green pea

How to Cite This Article: Ahmadi, M., Ghanbari, A. A., Mahmoodi, M., Taheri Ardestani, S., Pouresmael Foshazadeh, M., & Ghanavati, F. (2025). Investigating the Genetic Diversity of Green Pea Accessions from the National Plant Gene Bank of Iran. *J Crop Breed,* 17(2), 12-28. DOI: 10.61882/jcb.2024.1527

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]

مقاله پژوهشی

بررسی تنوع ژنتیکی نمونه‌های نخودفرنگی بانک ژن گیاهی ملی ایران

مهرزاد احمدی[۱]، علی اکبر قنبری[۲]، مریم محمودی[۳]، سیمین طاهری اردستانی[۴]، معصومه پوراسماعیل فوشازاده[۵] و فرنگیس قنواتی[۶]

۱- استادیار، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران، (نویسنده مسوول: ahmadimehrzad@ymail.com)
۲- دانشیار، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
۳- استادیار، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
۴- محقق، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
۵- دانشیار، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
۶- دانشیار، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۸/۱۳ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۳/۰۹/۲۰ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۱/۱۰
صفحه: ۱۲ تا ۲۸

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف : نخودفرنگی (*Pisum sativum* L.) چهارمین گیاه مهم از گروه حبوبات در جهان است که به‌صورت نخود خشک، نخود سبز و نخود علوفه‌ای مصرف می‌شود. این گیاه یک ساله، خود گرده‌افشان و دیپلوئید (2n = 2x = 14) است که به‌عنوان یک محصول باغی و مزرعه‌ای به‌طور گسترده در سراسر مناطق معتدل جهان کشت می‌شود. این گیاه با وجود این که از دیرباز در ایران کشت می‌شده است، اما مطالعات اندکی بر روی ژنوتیپ‌های جمع‌آوری شده در ایران و خصوصیات و تنوع ژنتیکی آنها در دسترس هستند. با توجه به تمایل کشاورزان به کشت ارقام خارجی، نمونه‌های موجود در کشور مورد فرسایش شدیدی قرار گرفته‌اند و بسیاری از نمونه‌های موجود در کلکسیون سبزی و صیفی بانک ژن یونیک هستند و امکان پیداکردن این نمونه‌ها در عرصه وجود ندارد. این نمونه‌ها معمولاً به شرایط آب و هوایی و آفات و بیماری کشور سازگار هستند و در توسعه کشت پایدار اهمیت به‌سزایی دارند. بنابراین، نمونه‌های کلکسیون نخودفرنگی بانک ژن از اهمیت ویژه برخوردار هستند. در این تحقیق به بررسی تنوع ژنتیکی نمونه‌های نخودفرنگی بانک ژن پرداخته شده است.

مواد و روش‌ها: در این بررسی، ۶۳ نمونه نخودفرنگی به‌همراه پنج رقم تجاری Wando, Mr. Big, Alderman, Rondo و Utrillo در سال‌های ۱۳۹۹-۱۴۰۰ در مزرعه پژوهشی بانک ژن گیاهی ملی ایران (موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر) به‌صورت طرح آگمنت در هفت بلوک کشت شدند و مورد ارزیابی قرار گرفتند. هر نمونه در یک خط دو متری با فاصله ردیف ۶۰ سانتی‌متر و فاصله بوته ۱۰ سانتی‌متر کشت شد. ۳۸ ویژگی زراعی و مورفولوژیکی بر اساس دستورالعمل UPOV در صفات مربوط به برگ، گل، غلاف و دانه ارزیابی شد. همچنین، به‌منظور تعیین تنوع صفات کیفی از شاخص شانون (H´) استفاده شد. داده‌ها با استفاده از نرم‌افزارهای آماری SPSS و SAS مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند و محاسبه همبستگی با روش پیرسون و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از تجزیه کلاستر انجام شد.

یافته‌ها: طبق نتایج، بیشترین ضریب تغییرات در صفات کمّی (CV) به‌ترتیب برای طول فاصله اولین تا دومین غلاف (۱/۳ cm) و طول اسپور (۰/۸۵ cm) و کمترین ضریب تغییرات عرض استاندارد (۰/۱۴ cm) و طول ساقه تا آخر پیچک (۰/۱۵ cm) به‌دست آمد. بیشترین ضریب شانون در صفات کیفی در صفات شدت نقاط گوشوارک (۱/۳۳)، سایز گوشوارک (۱/۰۹) و انحناء غلاف (۱/۰۴) مشاهده شد. کمترین ضریب شانون در صفت برگچه‌دار بودن (۰/۰۹) مشاهده شد. قوی‌ترین همبستگی مثبت بین وزن صد دانه با طول و عرض غلاف و همچنین بین طول غلاف با عرض غلاف به‌دست آمد.
تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که چهار مؤلفه اول در برگیرنده ۶۵٪ از کل تغییرات بودند. در مؤلفه اول که ۳۳ درصد از تغییرات مشاهده شده را به‌خود اختصاص داد، مهم‌ترین صفات تاثیرگذار بر این مولفه وزن صد دانه خشک، طول و عرض غلاف بودند. مؤلفه دوم ۱۵ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه کرد و دارای ارتباط قوی و مثبت با طول برگچه و طول دمبرگ بود. مؤلفه سوم ۱۰ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه کرد و دارای ارتباط قوی و مثبت با طول از ساقه تا اولین غلاف و تعداد بذر در غلاف بود. مولفه چهار ۷ درصد از تغییرات مشاهده شده را به‌خود اختصاص داد و با صفات طول فاصله اولین تا دومین غلاف و طول گوشوارک از نوک تا ساقه ارتباط قوی و مثبت بود. در تجزیه خوشه‌ای، نمونه‌های ژنتیکی به هفت گروه مجزا به‌ترتیب ۸، ۲۶، ۶، ۱، ۲، ۱۳ و ۱۲ طبقه‌بندی شدند. گروه‌بندی نمونه‌های ژنتیکی مستقل از منشأ جغرافیایی آنها بود. نمونه‌های ژنتیکی مختلف نخودفرنگی مورد بررسی دارای طیف وسیعی ازخصوصیات ریخت‌شناسی بودندکه نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی بالای این محصول است.

نتیجه‌گیری: نتایج نشان دهنده وجود دامنه ۳۲ روزه در تعداد روز تا شروع گلدهی، دامنه ۹۰ سانتی‌متری در ارتفاع بوته و دامنه ۲۴ گرم در وزن صد دانه بود. در این تحقیق، نمونه‌های ژنتیکی ۳۸، ۷۹، ۸۳ و ۸۲ زودگل‌ترین ژنوتیپ بودند و نمونه‌های ژنتیکی Mr. Big و ۸۱ بیشترین طول و نمونه‌های ژنتیکی ۸۱ و ۸۳ بیشترین عرض غلاف را داشتند. نمونه‌های ژنتیکی ۸۰، ۸۲، و ۵۸ بیشترین وزن صد دانه را داشتند. در صفات نوع براکت و حاشیه گوشوارک، تنوع زیادی در نمونه‌های ایرانی مشاهده شد که به‌نظر می‌رسد گنجاندن این صفات در دستورالعمل آزمون تیپ نخودفرنگی (دیسکریپتور) ضروری باشد. در این مطالعه، تنوع ژنتیکی بالایی در بین نمونه‌های نخودفرنگی موجود در کشور مشاهده شد که از این تنوع می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی و برای دستیابی به ارقام سازگار با مناطق کشت ایران بهره‌برداری کرد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه کلاستر، تنوع ژنتیکی، نخودفرنگی، همبستگی

مقدمه

حبوبات منبع پایدار پروتئین در رژیم غذایی انسان و دام هستند. با توجه به توانایی آنها در ایجاد همزیستی با باکتری‌های تثبیت کننده نیتروژن، کشت آنها برای کاهش استفاده از کودهای نیتروژنی که از عوامل اصلی انتشار گازهای گلخانه‌ای است، مناسب است (Jensen & Hauggaard-Nielsen, 2003; Galloway *et al*., 2008).

یک‌چهارم از نیتروژنی که سالانه در زمین‌های زراعی به‌عنوان کودهای شیمیایی اعمال می‌شود به‌واسطه تثبیت بیولوژیکی نیتروژن (BNF[1]) حبوبات دانه‌ای (لگوم و لگوم دانه روغنی) است (Herridge *et al*., 2008). نخودفرنگی

[1]. Biological nitrogen fixation

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]

(*Pisum sativum* L.) گیاهی یک‌ساله، خود گرده‌افشان و دیپلوئید (2n = 2x = 14) است که به‌عنوان یک محصول باغی و مزرعه‌ای به‌طور گسترده در سراسر مناطق معتدل جهان کشت می‌شود. نخودفرنگی به طیف وسیعی از اقلیم‌ها و ارتفاعات سازگار است و در نتیجه، تنوع ژرم‌پلاسم نخودفرنگی بسیار زیاد است (Burstin *et al*. 2015). نخودفرنگی در درجه اول به‌دلیل کیفیت تغذیه‌ای دانه‌های آن ارزشمند است. پروتئین نخودفرنگی دارای مقدار کمی اسیدهای آمینه گوگرددار (سیستئین و متیونین) است، اما غنی از لیزین و سایر اسیدهای آمینه ضروری است (Ceyhan *et al*., 2005)، که ارزش غذایی بالایی در سبد غذایی خانوارهای فقیر دارد (Nawab *et al*, 2008). این گیاه دارای منبع غنی از کربوهیدرات‌ها، ویتامین‌ها، مواد معدنی، فیبرهای غذایی است (Bastainelli *et al*., 1998). این محصول چهارمین حبوبات مهم جهان است و پس از لوبیا، نخود و لوبیا چشم بلبلی قرار دارد (Pandey *et al*., 2021). با توجه به نحوه کشت، این گیاه را می‌توان به‌عنوان نخود خشک، نخود سبز و نخود علوفه‌ای طبقه‌بندی کرد (Rubiales *et al*. 2019, 2023). نخودفرنگی خشک که به‌نام نخود فلد[1] نیز شناخته می‌شود، پس از رسیدن دانه‌ها برداشت می‌شود. دانه‌های کامل آن برای خوراک دام و یا به‌صورت پوست‌کنده و یا لپه‌شده در غذا استفاده می‌شوند. همچنین، نخود فرنگی به‌عنوان نخود سبز، به‌صورت دانه‌ای و یا غلاف نارس مصرف می‌شود. نخود علوفه‌ایی نیز برای علوفه و یا چرا برداشت می‌شود.

میزان تولید کل نخود خشک در سال ۲۰۱۸ حدود ۱۳/۵ میلیون تن و برای نخود سبز ۲۱/۲ میلیون تن ثبت شد. چین بزرگترین تولیدکننده نخود سبز (۱۳/۰ میلیون تن) و پس از آن هند (۵/۴ میلیون تن) است، در حالی‌که کانادا بزرگترین تولیدکننده نخود خشک (۶/۳ میلیون تن) است و پس از آن روسیه (۲/۳ میلیون تن) و چین (۱/۵ میلیون تن) قرار دارند (FAOSTAT, 2020).

تنوع ژنتیکی گونه‌های گیاهی در به‌نژادی اهمیت به‌سزایی دارد. نخودفرنگی (*Pisum sativum*) حدود ۱۰۰۰۰ سال پیش از گونه‌های وحشی *Pisum* در "هلال حاصلخیز" شامل بخش‌هایی از ایران، ترکیه، عراق، لبنان، اسرائیل و سوریه اهلی شد (Zohary 1999; Abbo *et al*. 2010) و سپس در آسیای جنوب غربی، منطقه مدیترانه و اروپا پراکنده شد (Zohary *et al*. 2012؛ Smýkal *et al*., 2018).

در طول دو دهه گذشته، تنوع ژنتیکی نخودفرنگی به‌طور گسترده مورد بررسی قرار گرفته است. در حال حاضر، تقریباً ۹۸۰۰۰ نمونه نخودفرنگی در ۲۵ بانک ژن اصلی در سراسر جهان ذخیره شده‌اند که از این میان ۵۸۰۰۰ نمونه منحصر به فرد هستند. این نمونه‌ها شامل نخودفرنگی وحشی نیز می‌شود، که تنها ۱٪ از ژرم‌پلاسم حفاظت شده را در برمی‌گیرد (Warkentin *et al*. 2015؛ Holdsworth *et al*., 2017؛ Smýkal *et al*., 2018).

مطالعات متعددی بر روی تنوع ژنتیکی جنس *Pisum* با استفاده از ویژگی‌های مورفولوژیکی و صفات زراعی صورت گرفته‌اند (Gixhari *et al*., 2014؛ Yirga *et al*., 2013؛ Ouafi *et al*., 2016). در بررسی که بر روی تنوع ژنتیکی ۲۸ ژنوتیپ نخودفرنگی در منطقه بیهار هند انجام شد، نتایج تجزیه واریانس نشان دادند که بین ژنوتیپ‌ها در کلیه صفات مورد بررسی تفاوت معنی‌دار وجود داشت و ژنوتیپ‌ها در ۹ گروه متفاوت قرار گرفتند (Mamatha, 2022).

تحقیقی بر روی صفات زراعی و بیوشیمیایی ۴۷ نمونه ژنتیکی نخودفرنگی منتخب از ژرم‌پلاسم ۲۰۰ نمونه‌ای نخودفرنگی در پنجاب هند صورت گرفت. از ۲۴ صفت مورد ارزیابی، بیشترین تنوع در عملکرد غلاف سبز در بوته و ارتفاع بوته مشاهده شد و در صفات تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف، تعداد لکه در غلاف، وزن غلاف، طول، عرض و ضخامت غلاف تنوع معنی‌داری مشاهده نشد (Singh, 2021).

سمیکال و همکاران (Smy´kal *et al.,* 2018) نخود وحشی (*Pisum sativum* subsp. *elatius*) را منبع مهمی از تنوع ژنتیکی در برنامه‌های به‌نژادی به‌ویژه در زمینه تغییرات اقلیمی دانستند. آنها ۱۴ جمعیت مختلف نخودفرنگی جمع‌آوری‌شده از مناطق مختلف ترکیه را مورد بررسی قرار دادند. نتایج تحقیقات نشان دادند که تنوع ژنتیکی نخود وحشی به‌جای درون جمعیت‌ها به‌طور گسترده بین جمعیت‌ها توزیع شده بود و تفاوت بین جمعیت‌ها منعکس‌کننده فاصله مکانی (IBD)[2] به‌جای فاصله محیطی (IBE)[3] بود.

بر این اساس، در یک محل احتمالاً جمعیت‌ها شبیه‌تر از جمعیت‌های دورتر هستند. محیط نقشی در ساختار ژنتیکی شناسایی‌شده نداشته است. مطابق با نتایج، از آنجایی که IBD به‌جای IBE ساختار ژنتیکی را در نخود وحشی هدایت می‌کند، بنابراین بیشتر تغییراتی که در درون و بین جمعیت‌ها شناسایی شدند، منعکس‌کننده فرآیندهای ژنتیکی مانند رانش[4]، اثر بنیان‌گذار[5] و تلاقی نادر[6] با افراد مرتبط بودند و فشار انتخاب محیطی در ساختار ژنتیکی جمعیت‌های وحشی نخودفرنگی تاثیر نداشت. همچنین، فعالیت‌های طولانی‌مدت انسان در این منطقه سبب تکه‌تکه شدن زیستگاه‌های مناسب نخودفرنگی وحشی شده است (Smy´kal *et al*., 2018).

نخودفرنگی با اینکه بومی ایران است ولی متاسفانه اطلاعات اندکی از تنوع ژنتیکی نمونه‌های بومی و وحشی ایران در دسترس است و هنوز گونه‌های جدیدی از نخود فرنگی در ایران معرفی می‌شوند (Kosterin *et al*., 2020). در این پژوهش، به ارزیابی تنوع صفات مورفولوژیکی و زراعی در نمونه‌های ژنتیکی نخودفرنگی موجود در بانک ژن پرداخته شده است. این نمونه‌ها از نمونه‌های جمع‌آوری‌شده از مناطق مختلف کشور و همچنین نمونه‌های دریافتی از روسیه و نیوزلند تشکیل می‌شوند.

مواد و روش‌ها

[1]. Feld pea
[2]. Isolation by distance
[3]. Isolation by environment
[4]. Drift
[5]. Founder effect
[6]. Infrequent out-crossing

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]

مواد و روش‌ها

در این تحقیق، ۶۳ نمونه نخودفرنگی به‌همراه پنج رقم تجاری به‌عنوان شاهد Rondo Utrillo, Wando, Mr. Big, و Alderman در سال‌های ۱۳۹۹-۱۴۰۰ در مزرعه پژوهشی بانک ژن گیاهی ملی ایران (موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر) به‌صورت طرح آگمنت در هفت بلوک در اردیبهشت ماه کشت شدند و مورد ارزیابی قرار گرفتند (شکل ۱ و جدول ۱). هر نمونه در یک خط دو متری با فاصله ردیف ۶۰ سانتی‌متر و فاصله بوته ۱۰ سانتی‌متر روی پشته کشت شد. آبیاری با استفاده از نوارهای تیپ و بر اساس نیاز انجام و کنترل علف هرز مزرعه به‌صورت دستی در دو نوبت انجام شد. وضعیت تغییرات دمای هوا بر اساس میانگین ماهیانه در طی ماه‌های سال در کرج در جدول ۲ ارایه شده است. ۳۸ صفت (جدول ۳) بر اساس دستورالعمل UPOV شامل: آنتی‌سیانین دمبرگ و ساقه- برگ: برگچه- سایز برگچه- وضعیت قسمت ضخیم برگچه- حاشیه برگچه- سایز گوشوارک— شدت لکه‌دار بودن گوشوارک- تعداد گل - رنگ بال - رنگ استاندارد - شکل پایه استاندارد- عرض قسمت بالایی کاسبرگ- شکل ارس قسمت فوقانی کاسبرگ- براکت کنار گل- تعداد غلاف در گل آذین- شکل نوک غلاف- انحنا غلاف- شکل بذر- رنگ لپه- مرمری بودن پوسته بذر- رنگ ناف- وزن صد دانه خشک (g)- طول برگچه (cm)- عرض برگچه (cm)- طول گوشوارک (cm)- عرض گوشوارک (cm)- طول گوشوارک (cm)- طول دمبرگ: طول از ساقه تا اولین برگچه (cm)- طول ساقه تا آخر شاخک (cm)- عرض استاندارد (cm)- طول اسپور (cm)- طول از ساقه تا اولین غلاف (cm) - طول فاصله اولین تا دومین غلاف (cm)- تعداد دانه در غلاف - طول غلاف (cm)- عرض غلاف (cm)- ارتفاع بوته (cm)- تاریخ شروع گلدهی مورد بررسی قرار گرفتند (جدول۳).

آماره‌های توصیفی شامل کمینه، بیشینه، دامنه تغییرات، انحراف معیار، واریانس، میانگین، مد و ضریب تغییرات برآورد گردیدند. تجزیه همبستگی بین صفات کمی بر اساس روش پیرسون انجام شد.

$$cv = \frac{\sigma}{\mu} = \frac{\text{معیار انحراف}}{\text{میانگین}}$$

تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات با استفاده از SPSS انجام شد. همچنین بـه‌منظور تعیین تنوع صفات کیفی، از شاخص شانون (H´) براساس فرمول زیر استفاده شد (Shannon & Weaver, 1949).

$$H' = -\sum_{i=1}^{S} p_i ln(p_i)$$

در ایـن فرمول، pi نشان‌دهنده فراوانی نسبی هر گروه فنـوتیپی در صفت مربوطه و تعداد گروه‌های فنوتیپی هر صفت است. هر چـه مقدار ایـن شاخص برای صفتی بیـشتر باشد، نشان‌دهنده تنوع بیشتر آن صفت خواهد بود.

جدول ۱- منشا، محل جمع‌آوری و کد نمونه‌های ژنتیکی نخودفرنگی در بانک ژن گیاهی ملی ایران
Table 1. The country of origin, collection site, and the code of green pea accessions in NPGBI

استان جمع‌آوری Collection province	کشور مبدا Country of origin	شماره نمونه Accession number	شماره Entry	استان جمع‌آوری Collection province	کشور مبدا Country of origin	شماره نمونه Accession number	شماره Entry
Azarbaijan sharghy	IRN	50	35	Unknown	IRN	230002	1
Azarbaijan sharghy	IRN	51	36	Unknown	IRN	230003	2
Azarbaijan sharghy	IRN	52	37	Yazd	IRN	1	3
Azarbaijan sharghy	IRN	53	38	Mazandaran	IRN	2	4
Azarbaijan sharghy	IRN	54	39	Yazd	IRN	4	5
Azarbaijan sharghy	IRN	55	40	Mazandaran	IRN	5	6
Azarbaijan sharghy	IRN	56	41	Lorestan	IRN	7	7
Azarbaijan sharghy	IRN	57	42	Golestan	IRN	9	8
Kohkiloyeh & Boyerahmad	IRN	58	43	Azarbaijan sharghi	IRN	10	9
Azarbaijan sharghi	IRN	60	44	Azarbaijan sharghi	IRN	11	10
Kerman	IRN	61	45	Yazd	IRN	12	11
Gilan	IRN	67	46	Yazd	IRN	15	12
Sistan & Balochestan	IRN	68	47	Markazi	IRN	17	13
Sistan & Balochestan	IRN	69	48	Hamedan	IRN	18	14
Sistan & Balochestan	IRN	70	49	Hamedan	IRN	20	15
Sistan & Balochestan	IRN	71	50	Khorasan shomali	IRN	21	16
Sistan & Balochestan	IRN	72	51	Khorasan jonubi	IRN	22	17
Sistan & Balochestan	IRN	73	52	Sistan & Balochestan	IRN	33	18
Sistan & Balochestan	IRN	74	53	Sistan & Balochestan	IRN	34	19
Sistan & Balochestan	IRN	75	54	Sistan & Balochestan	IRN	35	20
Sistan & Balochestan	IRN	76	55	Sistan & Balochestan	IRN	36	21
-	NZ	77	56	–	RUS	37	22
-	NZ	78	57	–	RUS	38	23
-	NZ	79	58	–	RUS	39	24
-	NZ	80	59	–	RUS	40	25
-	NZ	81	60	–	RUS	41	26
-	NZ	82	61	–	RUS	42	27
-	NZ	83	62	–	RUS	43	28
-	NZ	84	63	–	RUS	44	29
رقم تجاری	–	Utrillo	64	–	RUS	45	30
رقم تجاری	–	Wando	65	Ghazvin	IRN	46	31
رقم تجاری	–	Mr. Big	66	Azarbaijan sharghi	IRN	47	32
رقم تجاری	–	Alderman	67	Alborz	IRN	48	33
رقم تجاری	–	Rondo	68	Markazi	IRN	49	34

IRN: ایران، Nz: کشور نیوزلند و RUS: کشور روسیه

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]

جدول ۲- بارش، دمای کمینه و بیشینه ماهانه در سال زراعی در طول دوره رشد نخودفرنگی در کرج
Table 2. Monthly rainfall, minimum, and maximum temperatures in 2020 during the growth period of green peas in Karaj

میانگین بارندگی (mm) Average rainfall	میانگین دما (°C) Average temperature	دمای کمینه (°C) Min. temperature	دمای بیشینه (°C) Max. temperature	
1	15.2	8.1	22.2	فروردین April
10.5	21.1	13.2	28.2	اردیبهشت May
11.4	26.3	17.9	34.7	خرداد Jun
1.5	28.8	20.7	36.9	تیر July
0.1	28.0	20.0	35.9	مرداد August
0	26.2	18.5	33.9	شهریور September
0	18.3	10.7	25.9	مهر October

جدول ۳- ارزیابی صفات کیفی در گیاه نخودفرنگی طبق دستورالعمل UPOV
Table 3. Evaluation of quality traits in green peas according to the UPOV descriptor

صفت Trait	توصیف صفات characters state
آنتی‌سیانین دمبرگ و ساقه Plant: anthocyanin coloration	۱. ندارد ۹. دارد 1. Absent 2. Present
برگ: برگچه Leaf: leaflets	۱. ندارد ۹. دارد 1. Absent 9. Present
سایز برگچه Leaflet: size	۱. بسیارکوچک ۳. کوچک ۵. متوسط ۷. بزرگ ۹. بسیاربزرگ 1. Very small 2. Small 5. Medium 7. Large 9. Very large
وضعیت قسمت عریض برگچه Leaflet: position of broadest part	۱. وسط برگ به سمت پایین ۲. وسط برگ ۳. کاملاً در قسمت پایین برگ 1. At the middle or slightly toward base 2. Moderately toward base 3. strongly toward base
حاشیه برگچه Leaflet: dentation	۱. ندارد یا بسیار کم ۳. کم ۵. متوسط ۷. قوی ۹. بسیار قوی 1. Absent or very weak 3. Weak 5. Medium 7. Strong 9. Very strong
سایز گوشوارک Stipule: size	۳.کم ۵. متوسط ۷. بزرگ 3. Small 5. Medium 7. Large
شدت لکه داربودن گوشوارک Stipule: density of flecking	۱. بسیار پراکنده ۳. پراکنده ۵. متوسط ۷. فشرده ۹. بسیار فشرده 1. Very sparse 3. Sparse 5. Medium 7. Dense 9. Very dense
تعداد گل Maximum number of flowers per node	۱. یک ۳. دو ۵. سه ۷. چهار یا بیشتر 1. One 3. Two 5. Three 7. Four and more
رنگ بال Color of wing	۱. سفید با صورتی ۲. صورتی ۳. بنفش مایل به قرمز 1. White with pink blush 2. Pink 3. Reddish purple
رنگ استاندارد Color of standard	۱. سفید ۲. کرم مایل به سفید ۳. کرم ۴. صورتی 1. White 2. Whitish cream 3. Pink
شکل پایه استاندارد Shape of base of standard	۱. به‌شدت ایستاده ۳. متوسط ایستاده ۵. قوس‌دار ۷. قوس متوسط ۹. به‌شدت قوس‌دار 1. Strongly raised 3. Moderately raised 5. Level 7. Moderately arched 9. Strongly arched
عرض قسمت بالایی کاسبرگ Width of upper sepal	۳. باریک ۵. متوسط ۷. عریض 3. Narrow 5. Medium 7. broad
شکل ارس قسمت فوقانی کاسبرگ Shape of the apex of upper sepal	۱. نوک‌دار ۲. حاده ۳. گرد شده 1. Acuminate 2. Acute 3. Rounded
براکت کنار گل Bracts near the flower	۱. ندارد ۲. دارد 1. Absent 2. Present
تعداد غلاف در گل آذین The number of pods in the inflorescence	۱. یک ۲. دو 1. One 2. Two
شکل نوک غلاف Pod shape of the distal part	۱. نقطه‌ای ۲. صاف 1. Pointed 2. Blunt
انحنا غلاف Curvature of pod	۱. عدم انحنا یا خیلی کم ۲. کم ۳. متوسط ۷. قوی ۹. بسیار قوی 1. Absent or very weak 2. Weak 3. Medium 7. Strong 9. Very strong
شکل بذر Seed: shape	۱. بیضی ۲. استوانه ای ۳. لوزی ۴. بی‌قاعده 1. Ellipsoid 2. Cylindrical 3. Rhomboid 4. Irregular
رنگ کتیلدون Color of cotyledon	۱. سبز ۲. زرد ۳. نارنجی ۴. قهوه‌ای مایل به قرمز ۵. قهوه ای ۶. قهوه ای مایل به سبز 1. Green 2. Yellow 4. Orange 4. Reddish brown 5. Brown 6. Brownish green
مرمری بودن پوسته بذر Marbling of testa	۱. ندارد ۹. دارد 1. Absent 9. Present
رنگ ناف Hilum color	۱. هم‌رنگ پوسته بذر ۲. تیره‌تر از پوسته بذر 1. Same color as testa 2. Darker than testa

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]



شکل ۱- مناطق جمع‌آوری نمونه‌های ژنتیکی نخودفرنگی در ایران
Figure 1. Collection areas of genetic green pea accessions in Iran

نتایج و بحث

۱۶ صفت کمی مهم زراعی و فنولوژیکی در این نمونه‌های ژنتیکی و ارقام شاهد ارزیابی شدند. در سال زراعی ۱۳۹۹-۱۴۰۰، نتایج تجزیه واریانس ارقام شاهد مورد بررسی در هفت بلوک در کرج نشان دادند که بین ارقام در کلیه صفات، به‌جز طول دمبرگ: طول از ساقه تا اولین برگچه و عرض استاندارد تفاوت معنی‌داری وجود داشت. تفاوت بین بلوک‌ها برای صفات وزن صددانه خشک و طول ساقه تا آخر پیچک معنی‌دار بود ولی در مورد سایر صفات، تفاوت بین بلوک‌ها معنی‌دار نبود. لذا برای این صفات تصحیح انجام شد. برای این منظور، میانگین کل برای هر صفت از میانگین هر بلوک برای آن صفت کسر شد و با این روش، عددی برای صفت مربوط در هر بلوک حاصل گردید. در نهایت، عدد تصحیح مربوط به هر بلوک برای هر صفت از اعداد مشاهده شده برای آن صفت در بلوک مربوطه کسر شد.

جدول ۴- نتایج تجزیه واریانس صفات ارزیابی شده در ارقام شاهد نخودفرنگی
Table 4. The variance analysis results for evaluated traits in green pea controls

منابع تغییر S.O.V	درجه آزادی (df)	وزن صد دانه خشک The weight of 100 dry seeds	طول برگچه Leaflet length	عرض برگچه Leaflet width	طول گوشوارک Stipule length	عرض گوشوارک Stipule width	طول گوشوارک از نوک تا ساقه Stipule length from the axil to the tip	طول دمبرگ: طول از ساقه تا اولین برگچه Petiole length from the axil to the first leaflet or tendril	طول ساقه تا آخر پیچک Total length of the petiole including tendrils
بلوک Block	6	0.08**	0.009 ^{ns}	0.06^{ns}	0.046^{ns}	0.03^{ns}	0.009^{ns}	11.1 ^{ns}	0.69**
ارقام شاهد Control	4	0.84**	0.29**	0.36**	1.52**	1.06**	1.70**	11.1 ^{ns}	30.7**
خطای آزمایشی Error	24	0.013	0.022	0.049	0.03	0.03	0.007	11.3	0.16
ضریب تغییرات CV		3.84	4.49	8.5	3.03	4.8	1.89	85.1	3.2

منابع تغییر S.O.V	درجه آزادی (df)	عرض استاندارد The width of standard	طول اسپور Spur length	طول از ساقه تا اولین غلاف The length from the peduncle to the first pod	طول غلاف The length of pod	عرض غلاف Pod width	ارتفاع بوته Plant height	تعداد روز تا شروع گلدهی Number of days to flowering	تعداد دانه در غلاف Number of seeds per pod
بلوک Block	6	0.01^{ns}	0.003 ^{ns}	0.04^{ns}	0.08 ^{ns}	0.02^{ns}	4.6 ^{ns}	5.33 ^{ns}	0.23^{ns}
ارقام شاهد Control	4	0.003^{ns}	0.59**	0.95**	3.6**	0.39**	269.9**	667.2**	2. 1**
خطای آزمایشی Error	24	0.006	0.01	0.06	0.07	0.010	2.7	1.03	0.26
ضریب تغییرات CV		3.8	15.9	22.4	2.82	5.78	3.9	2.41	9.8

تنوع قابل توجهی در بین نمونه‌های کلکسیون نخودفرنگی بانک ژن از نظر رنگ گل، طول گل آذین، شکل و حاشیه گوشوارک، طول اسپور، شکل و رنگ بذر و طول و عرض غلاف‌ها مشاهده شد (شکل‌های ۴ الی ۱۲). نتایج حاصل از بررسی آماره‌های توصیفی صفات کمّی و کیفی نمونه‌های ژنتیکی مورد ارزیابی در شرایط مزرعه پژوهشی در جدول ۵ آورده شده‌اند. با توجه به ضریب تغییرات در صفات کمّی، بیشترین تنوع در صفات طول فاصله اولین تا دومین غلاف (۱/۳۰ cm) و طول اسپور (۰/۸۵ cm) ملاحظه شد. کمترین ضریب تغییرات در صفات عرض استاندارد (۰/۱۴ cm) و طول ساقه تا آخر پیچک (۰/۱۵ cm) مشاهده شد. بیشترین ضریب شانون در صفات کیفی در صفات شدت نقاط گوشوارک (۱/۳۳)، سایز گوشوارک (۱/۰۹) و انحناء غلاف (۱/۰۴) مشاهده شد. کمترین ضریب شانون در صفت برگچه‌دار بودن (۰/۰۹) مشاهده شد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]

جدول ۵- آماره‌های توصیفی صفات اندازه‌گیری شده در نمونه‌های نخودفرنگی

Table 5. Descriptive statistics of measured traits in green pea accessions

شاخص شانون Shannon index	ضریب تغییرات Coefficient Of Variation	مد Mode	میانگین Mean	واریانس Variance	انحراف معیار SE	دامنه تغییرات Range	حداکثر Maximum	حداقل Minimum	صفت Traits
0.55	–	0	–	–	–	1	1	0	آنتی‌سیانین دمبرگ و ساقه Plant: anthocyanin coloration
0.09	–	1	–	–	–	1	1	0	برگچه‌دار بودن Have leaflets
0.43	–	5	–	–	–	2	5	3	سایز برگچه Leaflet size
0.92	–	2	–	–	–	3	3	0	وضعیت قسمت ضخیم برگچه Position of the broadest part of leaflets
0.98	–	1	–	–	–	9	9	0	حاشیه برگچه Leaflet dentation
1.09	–	5	–	–	–	4	7	3	سایز گوشوارک Stipule size
1.33	–	1	–	–	–	8	9	1	شدت نقاط گوشوارک Stipule density of flecking
0.68	–	1	–	–	–	1	2	1	تعداد گل Number of flowers
0.80	–	1	–	–	–	2	3	1	رنگ بال Wing color
0.60	–	1	–	–	–	3	4	1	رنگ استاندارد Standard color
0.73	-	5	-	-	-	6	7	1	شکل پایه استاندارد Shape of the standard base
0.73	-	2	-	-	-	2	3	1	عرض قسمت بالایی کاسبرگ Width of the upper sepal
0.71	–	2	-	-	-	2	3	1	شکل ارس قسمت فوقانی کاسبرگ Shape of the upper sepal apex
0.69	–	0	-	-	-	1	1	0	براکت کنار گل Bracts near the flower
0.68	–	1	-	-	-	1	2	1	تعداد غلاف در گل آذین Number of pods in the inflorescence
0.67	–	2	-	-	-	1	2	1	شکل نوک غلاف Shape of the distal part of pods
1.04	–	1	-	-	-	4	5	1	انحنا غلاف Curvature of pods
0.60	–	2	-	-	-	1	2	1	شکل بذر Seed shape
0.67	-	1	-	-	-	5	6	1	رنگ لپه Cotyledon color
0.55	-	1	-	-	-	8	9	1	مرمری بودن پوسته بذر Marbling of testa
0.57	–	1	-	-	-	1	2	1	رنگ ناف Hilum color
-	0.33	-	20.7	460	6.8	24	34	10	وزن صد دانه خشک (g) The weight of 100 dry seeds
–	0.21	-	3.00	0.41	0.64	4.5	4.5	0	طول برگچه (cm) Leaflet length
–	0.28	-	1.96	0.29	0.54	3.3	3.3	0	عرض برگچه (cm) Leaflet width
–	0.23	-	4.53	1.03	1.02	4.7	7.5	2.8	طول گوشوارک (cm) Stipule length
–	0.29	–	2.57	.55	0.74	3.1	4.5	1.4	عرض گوشوارک (cm) Stipule width
	0.22	-	3.6	0.65	0.8	4.1	5.8	1.7	طول گوشوارک از نوک تا ساقه (cm) Stipule length from the axil to tip
–	0.24	-	3.3	0.62	0.79	5	5	0	طول دمبرگ: طول از ساقه تا اولین برگچه (cm) Petiole length from the axil to the first leaflet or tendril
–	0.15	-	13.4	3.8	1.95	9.8	17.3	7.5	طول ساقه تا آخر پیچک (cm) Total length of the petiole including tendrils
–	0.14	-	1.92	0.07	0.27	1.3	2.5	1.2	عرض استاندارد (cm) Standard width
–	0.85	-	0.73	0.38	0.62	2.8	2.8	0	طول اسپور (cm) Spur length
–	0.54	-	2.68	20.8	1.44	6.4	6.7	0.3	طول از ساقه تا اولین غلاف (cm) Length from the peduncle to the first pod
–	1.30	-	0.66	0.73	0.86	2.5	2.5	0	طول فاصله اولین تا دومین غلاف (cm) Length between the first and second pods
-	0.17		5.47	0.91	0.95	4	7	3	تعداد دانه درغلاف Number of seeds per pod
–	0.30	-	6.25	3.57	1.89	7.5	11	3.5	طول غلاف (cm) Pod length
–	0.27	-	1.29	0.12	0.35	1.5	2.2	0.7	عرض غلاف (cm) Pod width
–	0.33	-	59.4	388.9	19.7	90	110	20	ارتفاع بوته (cm) Plant height
-	0.17	–	41.0	50.25	7.1	32	53.0	21	تعداد روز تا شروع گلدهی Number of days to flowering

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]

تجزیه خوشه‌ای نمونه‌ها براساس صفات اندازه‌گیری شده

تجزیه خوشه‌ای با روش ward نمونه‌های مورد بررسی با استفاده از داده‌های ۱۶ صفت کمی صورت گرفت و نمونه‌ها در هفت گروه قرار گرفتند. گروه اول شامل هشت نمونه ژنتیکی و براساس میانگین صفات، اعضای موجود در این گروه، بیشترین طول و عرض برگچه، طول و عرض گوشوارک، طول گوشوارک، طول و عرض غلاف را داشتند.

گروه دوم شامل ۲۶ نمونه ژنتیکی بود. در گروه سوم، شش نمونه ژنتیکی قرار گرفتند که کمترین تعداد دانه در غلاف را داشتند. در گروه چهارم، یک نمونه قرار گرفت که بیشترین وزن صد دانه خشک و عرض استاندارد را داشت و کمترین میزان طول و عرض گوشوارک، طول گوشوارک، طول دمبرگ: طول از ساقه تا اولین برگچه، طول ساقه تا آخر پیچک، طول اسپور، طول از ساقه تا اولین غلاف، طول فاصله اولین تا دومین غلاف، تعداد دانه در غلاف، ارتفاع و تاریخ شروع گلدهی را داشت.

در گروه پنجم، دو نمونه ژنتیکی قرار گرفتند که بیشترین طول دمبرگ، طول اسپور، طول از ساقه تا اولین غلاف، ارتفاع و کمترین میزان طول برگچه و عرض استاندارد را داشتند. در گروه ششم، ۱۳ نمونه قرار گرفتند که بیشترین طول ساقه تا آخر پیچک و کمترین تعداد دانه در غلاف را داشتند. در گروه هفت، ۱۲ نمونه که بیشترین طول فاصله اولین تا دومین غلاف، تعداد دانه غلاف، تاریخ شروع گلدهی و کمترین وزن صد دانه خشک، عرض برگچه، طول و عرض غلاف را داشتند، قرار گرفتند (شکل ۲).

کوپیک و همکاران (Cupic *et al.*, 2009) به بررسی ۱۸ ژنوتیپ نخودفرنگی پرداختند. نتایج نشان دادند که ژنوتیپ‌های مورد بررسی در سه خوشه دسته‌بندی شدند و خوشه‌های I، II و III به‌ترتیب شامل شش، سه و ۹ ژنوتیپ بودند. همچنین، بیشترین فاصله بین خوشه‌ای به ترتیب بین خوشه I و خوشه III (۰/۵۷) مشاهده شد.

دوی و همکاران (Devi *et al.*, 2022) چهار گروه رسیدگی، فوق زودرس (DTF ≤ 40) (Days to 50% Flowering)، زودرس (DTF: 40-50)؛ متوسطرس (DTF: 50-80) و دیررس (DTF≥70) را در نخودفرنگی مطرح کردند. کشاورزان ژنوتیپ‌های زودرس نخودفرنگی را به‌منظور کسب درآمد بهتر و همچنین در رعایت تناوب کاشت ترجیح می‌دهند. همچنین این ارقام از بیماری‌های اصلی مانند سفیدک پودری نخود و زنگ فرار می‌کنند (Devi *et al.*, 2022).

در این تحقیق، نمونه‌ها در دو گروه فوق زودرس و زودرس قرار گرفتند.

جدول۶- تجزیه خوشه‌ای نمونه‌های نخودفرنگی بر اساس صفات کمی مورد بررسی

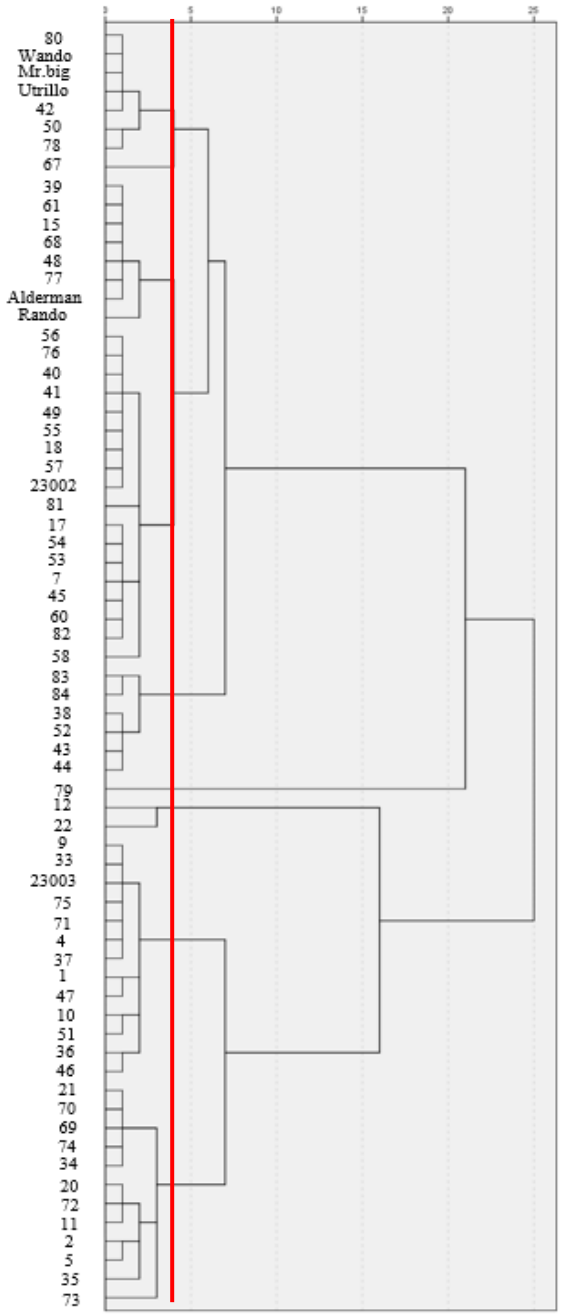
Table 6. Green pea accessions Cluster analysis of based on the investigated quantitative traits

صفات Traits	گروه Cluster						
	اول One	دوم Two	سوم Three	چهارم Four	پنجم Five	ششم Six	هفتم Seven
وزن صد دانه خشک (g) The weight of 100 dry seeds	2.69	2.18	2.40	2.80	1.90	1.85	1.51
طول برگچه (cm) Leaflet length	3.10	3.07	2.88	3.00	2.70	2.92	3.02
عرض برگچه Leaflet width (cm)	2.19	2.03	2.03	2.00	1.75	1.90	1.70
طول گوشوارک (cm) Stipule length	5.23	4.70	4.33	3.00	4.50	4.10	4.37
عرض گوشوارک (cm) Stipule width	3.28	2.56	2.33	2.30	2.50	2.38	2.49
طول گوشوارک از نوک تا ساقه (cm) Stipule length from the axil to tip	3.95	3.74	3.58	2.50	3.50	3.59	3.28
طول دمبرگ از ساقه تا اولین برگچه (cm) Petiole length from the axil to the first leaflet or tendril	3.18	3.13	3.52	2.50	3.80	3.28	3.57
طول ساقه تا آخر پیچک (cm) Total length of the petiole including tendrils	13.34	13.49	13.08	7.50	13.90	14.02	13.15
عرض استاندارد (cm) Standard width	2.05	1.99	2.07	2.10	1.70	1.80	1.77
طول اسپور (cm) Spur length	0.83	0.75	0.25	0.00	1.45	0.84	0.68
طول از ساقه تا اولین غلاف (cm) Length from the peduncle to the first pod	1.96	2.42	2.55	0.40	5.00	3.17	3.08
طول فاصله اولین تا دومین غلاف (cm) Peduncle length between the first and second pods	0.16	0.69	0.22	0.00	1.25	0.51	1.28
تعداد بذر در غلاف Number of seeds per pod	6	6	5	5	6	5	7
طول غلاف (cm) Pod length	8.04	6.62	7.07	6.80	5.65	5.30	4.91
عرض غلاف (cm) Pod width	1.51	1.34	1.50	1.40	1.10	1.23	1.04
ارتفاع بوته (cm) Plant height	35.25	49.23	51.17	20.00	106.00	69.08 40.85	86.67
تعداد روز تا شروع گلدهی Number of days to flowering	37.00	44.50	27.33	21.00	41.50		45.08
تعداد نمونه Number of accessions	8	26	6	1	2	13	12

در جدول، اعداد با قلم قرمز کمترین مقدار و اعداد بولد بیشترین مقدار را نشان می‌دهند.

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]



شکل ۲- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای صفات مورد بررسی در نمونه‌های ژنتیکی نخودفرنگی در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰
Figure 2. The cluster analysis dendrogram of the studied traits in green pea accessions from 2021 to 2022

نتایج ضرایب همبستگی صفات نخودفرنگی در جدول ۷ نشان داده شده‌اند. وزن صد دانه خشک با عرض برگچه، طول و عرض گوشوارک، طول گوشوارک، عرض استاندارد، و طول و عرض غلاف همبستگی مثبت و معنی‌دار و با صفات طول از ساقه تا اولین غلاف، طول فاصله اولین تا دومین غلاف، ارتفاع و تاریخ شروع گلدهی همبستگی منفی و معنی‌دار داشت. صفت طول برگچه با عرض برگچه، طول و عرض گوشوارک، طول گوشوارک و طول دمبرگ همبستگی مثبت و معنی‌دار داشت. صفت عرض برگچه با طول گوشوارک، عرض گوشوارک، طول گوشوارک، طول دمبرگ، عرض استاندارد، و طول و عرض غلاف همبستگی مثبت و معنی‌دار و با طول فاصله اولین تا دومین غلاف و ارتفاع بوته همبستگی منفی و معنی‌دار داشت. صفت طول گوشوارک با صفات عرض گوشوارک و طول گوشوارک، عرض استاندارد، و طول و عرض غلاف همبستگی مثبت و معنی‌دار و با صفت طول فاصله اولین تا دومین غلاف همبستگی منفی و معنی‌دار داشت. صفت عرض گوشوارک با صفات طول گوشوارک، عرض استاندارد، طول و عرض غلاف همبستگی مثبت و معنی‌دار و با صفت طول فاصله اولین تا دومین غلاف همبستگی منفی و معنی‌دار داشت. صفت طول گوشوارک با صفت عرض استاندارد و با طول و عرض غلاف

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]

همبستگی مثبت و معنی‌دار داشت. صفت طول دمبرگ با طول ساقه تا آخر پیچک و ارتفاع همبستگی مثبت و معنی‌دار و با صفت تعداد دانه در غلاف همبستگی منفی و معنی‌دار داشت. صفت طول ساقه تا آخر پیچک با طول اسپور و طول از ساقه تا اولین غلاف همبستگی مثبت و معنی‌دار داشت. صفت عرض استاندارد با طول و عرض غلاف، تعداد دانه در غلاف همبستگی مثبت و معنی‌دار و با صفات طول فاصله اولین تا دومین غلاف، ارتفاع و تاریخ شروع گلدهی همبستگی منفی و معنی‌دار داشت. صفت طول اسپور با صفات طول از ساقه تا اولین غلاف همبستگی مثبت و معنی‌دار داشت. صفت طول از ساقه تا اولین غلاف با صفت ارتفاع همبستگی مثبت و معنی‌دار و با طول غلاف همبستگی منفی و معنی‌دار داشت. صفت طول فاصله اولین تا دومین غلاف با صفات ارتفاع و تاریخ شروع گلدهی همبستگی مثبت و معنی‌دار و با صفات طول و عرض غلاف همبستگی منفی و معنی‌دار داشت. صفت طول غلاف با صفت عرض غلاف همبستگی مثبت و معنی‌دار و با صفت ارتفاع همبستگی منفی و معنی‌دار داشت. صفت عرض غلاف با ارتفاع و تاریخ شروع گلدهی همبستگی منفی و معنی‌دار داشت. نتایج مشابهی برای یک یا چند صفت از صفات فوق توسط لال و همکاران (Lal *et al.,* 2018) و کوماوات و همکاران (Kumawat *et al.,* 2018) گزارش شده‌اند.

پارتاپ و همکاران (Pratap *et al.,* 2021) در بررسی خود عنوان کردند که تعداد غلاف در بوته همبستگی بالایی با ارتفاع بوته و شاخص برداشت داشت. همچنین عملکرد بذری نمونه‌ها با شاخص برداشت، تعداد غلاف و تعداد گرده در بوته همبستگی مثبت و قوی داشت و با تعداد روز تا ۵۰٪ گلدهی و رسیدگی همبستگی منفی و معنی‌دار داشت.

جدول ۷- ضرایب همبستگی بین صفات مورد بررسی در نمونه‌های نخودفرنگی در سال ۱۴۰۱-۱۴۰۰

Table 7. Correlation coefficients between investigated traits in green pea accessions from 2021 to 2022

	a1	a2	a3	a4	a5	a6	a7	a8	a9	a10	a11	a12	a13	a14	a15	a16
a2	0.1															
a3	0.3**	0.8**														
a4	0.4**	0.3*	0.4**													
a5	0.6**	0.3**	0.5**	0.7**												
a6	0.3**	0.4**	0.4**	0.7**	0.6**											
a7	-0.1	0.5**	0.4**	0.1	0.1	0.1										
a8	0.1	0.2	0.2	0.2	0.2	0.2	0.3**									
a9	0.6**	0.2	0.3*	0.5**	0.5**	0.4**	0.0	0.0								
a10	0.1	-0.1	0.0	-0.1	0.1	0.0	0.0	0.3*	-0.1							
a11	-0. 3*	-0.1	-0.1	-0.2	-0.2	-0.1	0.2	0.3*	-0.2	0.3*						
a12	0.6**	-0.2	0.4**	-0.3*	0.3**	-0.2	-0.1	-0.1	0.4**	0.1	0.1					
a13	0.8**	0.0	0.3*	0.6**	0.6**	0.5**	-0.2	-0.1	0.7**	-0.1	-0.3*	0.6**				
a14	0.7**	0.2	0.4**	0.5**	0.6**	0.5**	0.1	0.0	0.6**	0.0	-0.2	0.6**	0.8**			
a15	0.5**	0.0	-0.3*	-0.2	-0.1	-0.1	0.2*	0.2	0.4**	0.2	0.4**	0.3*	0.5**	0.4**		
a16	0.3**	0.0	-0.1	0.0	-0.1	0.0	0.1	0.1	-0.3*	0.1	0.2	0.3*	-0.2	-0.6*	0.2	
a17	0.2	-0.1	-0.1	0.0	0.1	0.2	-0. 3*	0.1	0. 3*	0	0	0.1	0.2	0.1	0	-0.1

a1: وزن صد دانه خشک. a2: طول برگچه. a3: عرض برگچه. a4: طول گوشوارک. a5: عرض گوشوارک. a6: طول گوشوارک از نوک تا ساقه. a7: طول دمبرگ از ساقه تا اولین برگچه. a8: طول ساقه تا آخر پیچک. a9: عرض استاندارد. a10: طول اسپور. a11: طول از ساقه تا اولین غلاف. a12: طول فاصله اولین تا دومین غلاف. a13: طول غلاف. a14: عرض غلاف. a15: ارتفاع بوته. a16: تعداد روزتا شروع گلدهی a17: تعداد دانه در غلاف

a1: The weight of 100 dry seeds. a2: The length of leaflet. a3: The width of leaflet. a4: The length of stipule. a5: The width of stipule. a6: Stipule length from axil to tip. a7: Petiole length from axil to the first leaflet or tendril. a8: Total length of petiole including tendrils. a9: The width of standard. a10: The length of spur. a11: The length from peduncle to the first pod. a12: Petiole length from the axil to the first leaflet or tendril. a13: The length of pod. a14: The width of pod. a15: Plant height. a16: Number of days to flowering. a17: Number of seeds per pod

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس داده‌های به‌دست آمده از اجرای آزمایش (جدول ۸) نشان داد که چهار مؤلفه در تشکیل ماتریس ضرایب شرکت کردند که در مجموع ۶۵ درصد از کل واریانس موجود در صفات مورد بررسی را توجیه کردند. در مؤلفه اول که ۳۳ درصد از تغییرات مشاهده‌شده را به‌خود اختصاص داد، مهمترین صفات تاثیرگذار بر این مؤلفه وزن صد دانه خشک و طول و عرض غلاف بودند. این صفات دارای ارتباط قوی و مثبت با مؤلفه اول هستند.

مؤلفه دوم ۱۵ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه کرد و دارای ارتباط قوی و مثبت با طول برگچه و طول دمبرگ بود. وزن صد دانه با صفت تعداد غلاف در بوته دارای ارتباط منفی بود. مؤلفه سوم ۱۰ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه کرد و دارای ارتباط قوی و مثبت با طول از ساقه تا اولین غلاف و تعداد بذر در غلاف و ارتباط منفی با صفت طول برگچه بود. مؤلفه چهار ۷ درصد از تغییرات مشاهده شده را به‌خود اختصاص داد و با صفات طول فاصله اولین تا دومین غلاف و طول گوشوارک از نوک تا ساقه ارتباط قوی و مثبت و با صفت طول اسپور دارای ارتباط منفی و قوی بود.

نمودار بای‌پلات مولفه‌های اصلی بر اساس صفات مورد بررسی در شکل ۳ نشان داده شده است. همان طور که در شکل مشاهده می‌شود، ژنوتیپ شماره ۵۸ بیشترین فاصله را با بردار طول ساقه تا پیچک و طول دمبرگ و کمترین طول ساقه تا پیچک و طول دمبرگ را دارد. همچنین، ژنوتیپ‌های شماره ۲۳، ۲۰، ۲۹، ۲۲، ۵۶، ۲۷، ۳۵، و ۵۰ بیشترین فاصله را با طول اسپور و کمترین مقدار فاصله را با طول اسپور دارا هستند. ژنوتیپ‌های شماره ۵۹، ۶۰، ۶۱، ۶۵، ۶۷، ۶۶، ۶۴ و ۶۳ کمترین طول فاصله اولین تا دومین غلاف را دارند.

همچنین، ژنوتیپ شماره ۴۶ بیشترین طول برگچه را دارد و در نزدیکی بردار آن قرار گرفته است. ژنوتیپ شماره ۶۷ بیشترین عرض غلاف را دارد و در نزدیکی بردار آن قرار گرفته است.

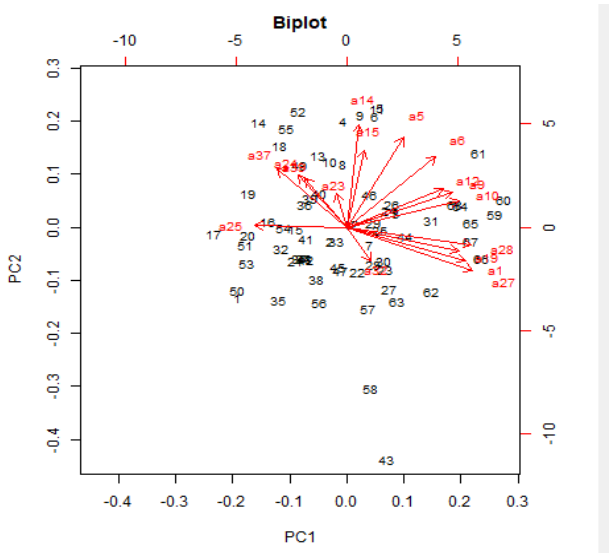
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]

در تحقیقی که بر روی ۵۶ ژنوتیپ نخودفرنگی با استفاده از ۱۲ صفت مورفولوژیکی صورت گرفت، نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که هفت مؤلفه اول ۷۹/۷۷ درصد از تغییرات را توجیه کردند. مؤلفه اول ۲۱ درصد که عمدتاً با صفات عملکرد غلاف، مؤلفه دوم ۱۸ درصد که با صفت طول روز تا اولین چین و مؤلفه سوم با ۱۰ درصد که با صفت عرض غلاف مرتبط بود (Sharma, 2022).

جدول ۸- نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای صفات زراعی در نمونه‌های ژنتیکی نخودفرنگی
Table 8. The results of principal component analysis for agronomic traits in green pea genotypes

PCA4	PCA3	PCA2	PCA1	Component
-0.26	0.06	-0.15	0.34	وزن صد دانه خشک The weight of 100 dry seeds
0.11	-0.33	0.41	0.16	طول برگچه Leaflet length
-0.023	-0.27	0.32	0.25	عرض برگچه Leaflet width
0.34	0.11	0.16	0.30	طول گوشوارک Stipule length
0.12	0.17	0.12	0.32	عرض گوشوارک Stipule width
0.37	0.18	0.17	0.27	طول گوشوارک از نوک تا ساقه Stipule length from the axil to tip
-0.17	-0.20	0.47	0.04	طول دمبرگ: طول از ساقه تا اولین برگچه Petiole length from the axil to the first leaflet or tendril
-0.21	0.30	0.35	0.05	طول ساقه تا آخر پیچک Total length of the petiole including tendrils
0.04	0.08	-0.1	0.32	عرض استاندارد Standard width
-0.36	0.42	0.16	-0.03	طول اسپور Spur length
-0.29	0.36	0.24	-0.14	طول از ساقه تا اولین غلاف The length from the peduncle to the first pod
0.42	0.13	0.007	-0.27	طول فاصله اولین تا دومین غلاف Peduncle length between the first and second pods
-0.04	0.09	-0.20	0.36	طول غلاف Pod length
-0.17	0.07	-0.08	0.35	عرض غلاف Pod width
0.08	0.24	0.27	-0.2	ارتفاع بوته Plant height
0.28	0.12	0.22	-0.12	تعداد روزتا شروع گلدهی Number of days to flowering
0.27	0.41	-0.16	0.07	تعداد بذر در غلاف Number of seeds per pod
1.12	1.29	2.56	5.65	Eigenvalue
0.07	0.1	0.15	0.33	Variance
0.65	0.58	0.48	0.33	Cumulative variance



شکل ۳- نمودار تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای صفات مورد ارزیابی در نمونه‌های نخودفرنگی در سال ۱۴۰۱-۱۴۰۰
Figure 3. The diagram of principal components for the evaluated traits in green pea accessions from 2021 to 2022

a1: وزن صد دانه خشک. a2: طول برگچه. a3: عرض برگچه. a4: طول گوشوارک. a5: عرض گوشوارک. a6: طول گوشوارک از نوک تا ساقه. a7: طول دمبرگ از ساقه تا اولین برگچه. a8: طول ساقه تا آخر پیچک. a9: عرض استاندارد. a10: طول اسپور. a11: طول از ساقه تا اولین غلاف. a12: طول فاصله اولین تا دومین غلاف. a13: طول غلاف. a14: عرض غلاف. a15: ارتفاع بوته. a16: تعداد روزتا شروع گلدهی a17: تعداد دانه در غلاف

a1: The weight of 100 dry seeds. a2: Leaflet length. a3: Leaflet width. a4: Stipule length. a5: length width. a6: Stipule length from the axil to tip. a7: Petiole length from the axil to the first leaflet or tendril. a8: Total length of the petiole including tendrils. a9: The standard width. a10: Spur length. a11: The length from the peduncle to the first pod. a12: Petiole length from the axil to the first leaflet or tendril. a13: length. a14: Pod width. a15: Plant height. a16: Number of days to flowering. a17: Number of seeds per pod

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]

نتیجه‌گیری کلی

براساس نتایج تجزیه آماری به‌دست آمده در صفات کمّی، بیشترین تنوع در صفات فاصله اولین تا دومین غلاف (۱/۳۰ سانتی‌متر) و طول اسپور (۰/۸۵ سانتی‌متر) مشاهده شد. در صفات کیفی، بیشترین ضریب شاخص شانون در صفات شدت نقاط گوشوارک (۱/۳۳)، سایز گوشوارک (۱/۰۹) و انحناء غلاف (۱/۰۴) مشاهده شد.

بین صفات اندازه‌گیری شده همبستگی معنی‌داری وجود داشت. بر اساس نتایج به‌دست آمده از ضرایب همبستگی بین صفات، طول غلاف با وزن صددانه خشک، و طول با عرض غلاف همبستگی مثبت و معنی‌دار داشتند. بنابراین، این صفت می‌تواند به‌عنوان شاخص مهم در انتخاب نمونه‌ها استفاده گردد.

در تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در فاصله پنج اقلیدسی، به هفت خوشه اصلی تقسیم شدند. نمونه‌های ژنتیکی مختلف نخودفرنگی مورد بررسی دارای طیف وسیعی از خصوصیات ریخت‌شناسی بودند که نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی بالای این محصول است. در این تحقیق، نمونه‌های ژنتیکی ۳۸، ۷۹، ۸۳ و ۸۲ زودگل‌ترین ژنوتیپ بودند و نمونه‌های ژنتیکی Mr. Big و ۸۱ بیشترین طول و نمونه‌های ژنتیکی ۸۱ و ۸۳ بیشترین عرض غلاف را داشتند. نمونه‌های ژنتیکی ۸۰، ۸۲، و ۵۸ بیشترین وزن صد دانه را داشتند.

با توجه به موارد مطرح شده، در بین توده‌های مورد بررسی تنوع قابل توجهی وجود دارد و می‌توان از این تنوع در برنامه‌های به‌نژادی استفاده کرد. در این راستا، بهتر است تعدادی از توده‌های برتر انتخاب شوند و با بررسی‌های تکمیلی نسبت به جداسازی برترین‌ها برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی اقدام کرد.

تشکر و قدردانی

این مقاله از پروژه شماره 2-03-03-017-000250 منتج شده است. نگارندگان لازم می‌دانند مراتب سپاسگزاری خود را از موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر بابت حمایت‌های به‌عمل آمده اعلام دارند.

References

Abbo, S., Lev-Yadun, S., & Gopher, A. (2010). Agricultural origins, centers and noncenters, a Near Eastern reappraisal. *Critical Reviews in Plant Sciences,* 29, 317–328

Burstin, J., Salloignon, P., Chabert-Martinello, M. (2015). Genetic diversity and trait genomic prediction in a pea diversity panel. *BMC Genomics*, 16, 105-125.

Ceyhan, E., & Avci., M. A. (2005). Combining Ability and Heterosis for Grain Yield and some Yield Components in Pea (*Pisum sativum* L.). *Pakistan Journal of Biological Sciences,* 8, 1447-1452.

Cupic, T., Tucak, M., Popovic, S., Bolaric, S., Grljusic, S., & Kozumplik, V. (2009). Genetic diversity of pea (*Pisum sativum* L.) genotypes assessed by pedigree, morphological and molecular data. *Journal of Food, Agriculture & Environment*, 7, 343-348.

Devi, J., Dubey, R. K., Sagar, V., Verma, R. K., Singh, P. M., & Behera, T. K. (2023). Vegetable peas (*Pisum sativum* L.) diversity: An analysis of available elite germplasm resources with relevance to crop improvement. *Spanish Journal of Agricultural Research,* 21, 1-13.

FAOSTAT. (2020). online database at < http://www.fao.org/faostat/ en/#data>.

Galloway, J. N., Townsend, A. R., Erisman, J. W., Bekunda, M., Cai, Z., & Freney, J. R. (2008). Transformation of the Nitrogen cycle: recent trends, questions, and potential solutions. *Science*, 320, 889–892.

Gixhari, B., Pavelková, M., Ismaili, H., Vrapi, H., Jaupi, A., & Smýkal, P. (2014). Genetic diversity of Albanian pea (*Pisum sativum* L.) landraces assessed by morphological traits and molecular markers. *Czech Journal of Plant Breeding and Genetics*, 50, 177-184.

Herridge, D. F., Peoples, M. B., & Boddey, R. M. (2008). Global inputs of biological nitrogen fixation in agricultural systems. *Plant Soil*, 311, 1–18.

Holdsworth, W.L., Gazave, E., Cheng, P., Myers, J.R., Gore, M.A., Coyne, C.J., McGee, R.J., & Mazourek, M. (2017). A community resource for exploring and utilizing genetic diversity in the USDA pea single plant plus collection. *Horticulture Research*, 4, 17017-17027.

Jensen, E. S., & Hauggaard-Nielsen, H. (2003). How can increased use of biological N2 fixation in agriculture benefit the environment? *Plant Soil,* 252, 177–186.

Kosterin, O.E., Bogdanova, V.S., & Mglinets, A.V. (2020). Wild pea (*Pisum sativum* L. subsp. elatius (Bieb.) Aschers. Et Graebn. s.l.) at the periphery of its range: Zagros Mountains. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 24, 60-68.

Kumawat, P. K., Singh, P., Singh, D., Mukherjee, S., & Kumawat, M. (2018). Study of correlation and path analysis for green pod yield and its contributing traits in vegetable pea (*Pisum sativum* L.). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 7, 3497-3502.

Lal, K., Kumar, R., Shrivastav, S.P., Kumar, A., & Singh, Y. (2018). Genetic variability, character association and path analysis of seed yield and its contributing traits in field pea [*Pisum sativum* (L.) var. arvense]. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 7, 1815-1820.

Mamatha, R.M., Kumar Sharma, R., Bhardwaj, A., & Kumar, R. (2022). Genetic Diversity Study among Garden Pea (*Pisum sativum* var. hortense L.) Genotypes. *Biological Forum*, 14, 911-915.

Nawab, N.N., Subhani, G.M., Mahmood, K., Shakil, Q., & Saeed, A. (2008). Genetic variability, correlation and path analysis studies in garden pea (*Pisum sativum* L.). *Agricultural Research,* 46, 333-340.

Ouafi, L., Alane, F., Rahal-Bouziane, H., & Abdelguerfi, A. (2016). Agro-morphological diversity within field pea (*Pisum sativum* L.) genotypes. *African Journal of Agricultural Research*, 11, 4039-4047.

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]

Pandey, A.K., Rubiales, D., Wang, Y.G., Fang, P.P., Sun, T., Liu, N., & Xu, P. (2021). Omics resources and omics-enabled approaches for achieving high productivity and improved quality in pea (*Pisum sativum* L.). *Theoretical and Applied Genetics,* 134, 755–776.

Pratap, V., Sharma, V., Kamaluddin, & Shukla, G. (2021). Assessment of Genetic Variability and Relationship between Different Quantitative Traits in Field Pea (*Pisum sativum* var. arvense) Germplasm. *Legume Research -An International Journal*, 10, 1-6.

Rispail, N., Wohor, O.Z., Osuna-Caballero, S., Barilli, E., & Rubiales, D. (2023). Genetic Diversity and Population Structure of a Wide Pisum spp. Core Collection. *International Journal of Molecular Sciences*, 24, 2470-2483.

Rubiales, D., González-Bernal, M.J., Warkentin, T.D., Bueckert, R., Patto, M.C.V., McPhee, K.E., McGee, R., & Smýkal, P. (2019). Advances in pea breeding. In Achieving Sustainable Cultivation of Vegetables, Hochmuth, G., Ed.; Burleigh Dodds Series in Agricultural Science; Burleigh Dodds Science Publishing: London, UK, 2019; p. 32.

Sharma, A., Sharma, S., Kumar, N., Rana, R.S., Sharma, P., & Kumar, P. (2022). Morphomolecular genetic diversity and population structure analysis in garden pea (*Pisum sativum* L.) genotypes using simple sequence repeat markers. *PLoS ONE*, 17(9), 1-21.

Singh, J., Dhall, R.K., & Vikal, Y. (2021). Genetic diversity studies in indian germplasm of pea (*pisum sativum* l.) Using morphological and microsatellite markers. *Genetika*, 53, 473-491.

Smy´kal, P., Trněny´, O., Brus, J., Hana´cek, P., Rathore, A., Roma, R.D., Pechanec, V., Duchoslav, M., Bhattacharyya, D, Bariotakis, M., Pirintsos, S., Berger, J., & Toker, C. (2018). Genetic structure of wild pea (*Pisum sativum* subsp. elatius) populations in the northern part of the Fertile Crescent reflects moderate cross-pollination and strong effect of geographic but not environmental distance. *PLoS ONE*, 13, 1-13.

Warkentin, T.D., Smýkal, P., Coyne, C.J., Weeden, N., Domoney, C., Bing, D.J., Leonforte, A., Xuxiao, Z., Dixit, G.P., Boros, L., & McPhee, K.E. (2015). Pea. In: De Ron A (ed) Grain Legumes. Handbook of Plant Breeding. Springer, New York, 37–83.

Yirga, H., Mohammed, H., & Abate, B. (2013). Characterization and preliminary evaluation of dekoko (*Pisum sativum* var. abyssinicum) accessions using quantitative traits in Southern Tigray, Ethiopia. *The International Journal of Innovative Technology and Exploring Engineering*, 1, 86-89.

Zohary, D. (1999). Monophyletic vs. polyphyletic origin of the crops on which agriculture was founded in the Near East. *Genetic Resources and Crop Evolution,* 46, 133–142.

Zohary, D., Hopf, M., & Weiss, E. (2012). Domestication of plants in the old world: the origin and spread of domesticated plants in southwest Asia, Europe, and the Mediterranean basin, 4th edn. Oxford University Press, Oxford.

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]

پیوست:



شکل ۴- تنوع ژنتیکی مشاهده‌شده در رنگ گل نمونه‌های نخود فرنگی موجود در بانک ژن گیاهی ملی ایران
Figure 4. The observed genetic diversity in the flower color of green pea accessions available in the National Plant Gene Bank of Iran



شکل ۵- تنوع مشاهده شده در طول گل آذین در نمونه‌های مورد بررسی – به‌ترتیب از سمت راست گل آذین کوتاهتر از گوشوارک- گل آذین بلندتر از گوشوارک- گل آذین هم اندازه با گوشوارک
Figure 5. The observed genetic diversity in the inflorescence length in the accessions - from the right side, the inflorescence is shorter than the stipule, the inflorescence is longer than the stipule, – and the inflorescence is the same size as the stipule.



شکل ۶- تنوع مشاهده‌شده در شکل، حاشیه و لکه‌های روی گوشوارک
Figure 6. Observed genetic diversity in the shape, margin and spots on the stipule
,



شکل ۷- تنوع مشاهده‌شده در تعداد گل در هر گل‌آذین
Figure 7. Observed genetic diversity in the number of flowers per inflorescence

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]



شکل ۸- تنوع مشاهده‌شده در براکت‌های نمونه‌های نخودفرنگی- بعضی از براکت‌ها بر روی اسپور قرار گرفته‌اند و بعضی از براکت‌ها مستقیما به گل آذین وصل هستند. این صفت در دیسکریپتور موجود نیست و با توجه به مشاهده نمونه شماره ۴۷ که تمام نمونه‌ها دارای براکت خاص در تمام گل‌آذین‌ها بودند، این صفت باید در دیسکریپتورشناسایی بین‌المللی این گیاه آورده شود.

Figure 8. The observed genetic diversity in the bracts of green pea accessions - some bracts are placed on the spur and some bracts are directly connected to the inflorescence. This trait was not available in the descriptor, and according to the observation of accession 47, this trait must be included in the international *Pisum sativum* L. descriptor.



شکل ۹- در این نمونه، طول اسپور بیش از ۵ سانتی‌متر بود.

Figure 9. In this sample, the spure length was more than 5 cm.



شکل ۱۰- تنوع مشاهده‌شده در شکل، حاشیه و لکه‌های روی برگ نخودفرنگی

Figure 10. The observed genetic diversity in the shape, margin, and spots on the green pea leaflets

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]



شکل ۱۱- تنوع مشاهده‌شده در شکل، طول، عرض، انحنا و شکل انتهای غلاف نمونه‌های نخودفرنگی
Figure 11. The observed genetic diversity in the shape, length, width, curvature, and shape of the end of the pod of green pea accessions



شکل ۱۲- تنوع ژنتیکی مشاهده‌شده در شکل، اندازه و رنگ بذر نمونه‌های نخودفرنگی
Figure 12. Observed genetic diversity in the seed shape, size, and color of green pea accessions

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1527]