دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

بررسی تنوع ژنتیکی، وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی صفات مورفولوژیکی، اجزای عملکرد و عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های مختلف نخود (*Cicer arietinum*)

پیام پزشکپور[1] و سهیلا افکار[2]

۱- استادیار پژوهشی، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم آباد

۲- استادیار، گروه اصلاح نباتات ، دانشکده کشاورزی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران (نویسنده مسوول: Soheila.afkar@gmail.com)

تاریخ دریافت: ۹۵/۴/۵ تاریخ پذیرش: ۹۵/۶/۱۷

چکیده

نخود به‌عنوان سومین حبوبات مهم جهان نه تنها منبع مهمی برای تغذیه محسوب می‌گردد بلکه با افزودن نیتروژن باعث افزایش حاصلخیزی خاک می‌شود. این مطالعه با هدف بررسی تنوع از طریق تخمین ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی، وراثت-پذیری و پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار صفات کمی در نخود انجام شد. ژنوتیپ‌ها در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با ۳ تکرار کاشته شدند. نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی نشان داد که ٤ مولفه اول تقریباً ۸۰٪ تنوع ژنوتیپ‌ها را برای صفات بررسی شده توجیه کردند. در تجزیه کلاستر با روش ward، ژنوتیپ‌ها در ۳ گروه قرار گرفتند و بالاترین فاصله ژنتیکی بین کلاستر ۲ و ۳ مشاهده شد. مشخص شد که صفت تعداد بذر در غلاف بالاترین ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی دارد. بالاترین وراثت‌پذیری برای تعداد غلاف بارور (۰/۸٦)، عملکرد بذر (۰/۸٤) و وزن صددانه (۰/۸٤) مشاهده شد درحالی‌که بالاترین مقدار وراثت‌پذیری به همراه بیشترین مقدار پیشرفت ژنتیکی برای صفت عملکرد بیولوژیکی مشاهده شد لذا عملکرد بیولوژیکی می‌تواند مهم‌ترین معیار برای انتخاب لاین‌های والدینی در برنامه‌های اصلاحی محسوب گردد. همچنین با توجه به بالاترین فاصله ژنتیکی بین کلاستر ۲ و ۳ می‌توان از ژنوتیپ‌های این دو کلاستر برای دورگ‌گیری در جهت تولید واریته‌های اصلاح شده استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه به مولفه‌های اصلی، تجزیه کلاستر، تنوع ژنتیکی، نخود، وراثت‌پذیری

مقدمه

حبوبات اهمیت زیادی در تامین نیازهای غذایی انسان دارند (۳۳). نخود جزء حبوبات فصل سرد است که ارزش غذایی بالایی دارد و در رتبه سوم مهم‌ترین لگوم‌ها بعد از سویا و لوبیا قرار می‌گیرد (۸). حدود ۱۲٪ از تولید حبوبات جهان مربوط به گیاه نخود است که در مناطق خشک و نیمه خشک با تولید سالانه ۱۱/۶ میلیون تن و میانگین عملکرد ۰/۹۶ تن در هکتار رشد می‌کند (۳۰). علیرغم اصلاح و بهبود کشاورزی در سه دهه اخیر مصرف سالانه غذا فقط ۲۰٪ افزایش یافته است. بر طبق گزارشات در سال ۲۰۱۰ همگام با رشد جمعیت، مقدار تولید غذا در کشورها باید به ۷۰٪ بیشتر از تولید حال حاضر برسد تا قادر به پاسخ‌گویی به نیازهای رشد جمعیت باشند (۲۰). افزایش تقاضا برای مواد خام غنی از پروتئین جهت تغذیه انسان یا استفاده به‌عنوان علوفه باعث افزایش علاقه به این محصول به‌عنوان منبع پروتئین شده است (۱۸). با توجه به بالا بودن مقدار پروتئین، ویتامین‌ها، مواد معدنی و فیبر، این محصول به‌عنوان غذای انسان و خوراک دام استفاده می‌شود و این گیاه مهم‌ترین لگوم غذایی در چندین کشور از جمله الجزایر، اتیوپی، هند، ایران، مکزیک، مراکش، میانمار، پاکستان، تانزانیا، تونس و ترکیه است (۳۰،۲۲). کل مساحت نخود کشت شده در ایران حدود ۷۰۰۰۰۰ هکتار است که در جهان بعد از هند، پاکستان و ترکیه رتبه چهارم را به خود اختصاص داده است (۱۱). ایران بعنوان یکی از مرکز اصلی تنوع نخود مورد توجه است. با توجه به تعداد و تنوع ارقام، ایران در رتبه سوم جهان بعد از ICRISAT[1] ICARDA[2] قرار دارد (۲۲). عامل اصلی محدودکننده تولید نخود عموما پایین بودن تنوع ژنتیکی نخود کشت شده، تنش‌های زنده و غیرزنده می‌باشند (۳۰). رکن اصلی هر برنامه اصلاحی موفقیت‌آمیز در گیاهان زراعی وجود یک مجموعه غنی و متنوع ژرم‌پلاسم است (۲۶). اطلاع و دانش در مورد میزان، نوع و اندازه تنوع موجود در ژرم‌پلاسم و روابط ژنتیکی مواد اصلاحی می‌تواند ابزار ارزشمندی در استراتژی اصلاح محصول باشد (۲۵). به‌عبارت دیگر تنوع ژنتیکی، به‌عنوان مواد خام در اصلاح گیاهان زراعی محسوب می‌شود که در آن انتخاب جهت تکامل ژنوتیپ‌های برتر مد نظر می‌باشد (۲۶). با افزایش شناخت و اهمیت گیاه نخود، اصلاح‌گران گیاهی توجه بیشتری به‌ارزیابی و تشخیص ژرم‌پلاسم نخود دارند (۲۵). در مقایسه با دیگر روش‌ها، ارزیابی صفات مورفولوژیکی آسان است هرچند در این روش میزان خطا زیاد است. در ضمن برآورد شاخص‌های مرتبط با صفات مورفولوژیکی تا حدود زیادی به محیط وابسته است (۲۶). پایه ژنتیکی محدود و ناسازگاری جنسی در تلاقی با سایرگونه‌های وحشی دلیل کارایی پایین پیشرفت ژنتیکی در نخود می‌باشد. بنابراین برای اصلاح این گیاه در سراسر جهان تنوع ژرم‌پلاسم ضروری است (۶). به‌علت ترکیب ژنتیکی ضعیف واریته‌ها و عدم دسترسی به بذور واریته‌هایی با کیفیت خوب برای بهبود پتانسیل عملکرد و مقاومت در برابر بیماری‌ها و حشرات، اصلاح ژنتیکی نخود با چالش جدی روبرو می‌باشد (۲). تجزیه به مولفه‌های اصلی یکی از آنالیزهای چند متغیره است که می‌تواند به اصلاح‌گران نخود برای تعیین صفاتی که بیشترین تاثیر را روی کل تغییرات دارند، کمک کند (۳۰). در یک تحقیق تنوع ژنتیکی ۳۶۴ ژنوتیپ سویا برای صفات عملکرد و اجزای آن بررسی شد. بر اساس نتایج تجزیه کلاستر این ژنوتیپ‌ها به سه گروه تقسیم شدند. مهم‌ترین صفات در تمایز این سه گروه تعداد دانه در بوته، عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک بود (۱۵). در یک

1-International Crops Research Institute for the Semi-arid Tropic 2- International Center for Agricultural Research in the Dry Areas

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.24.61]

تحقیق تعداد ۱۵۳ توده عدس مناطق گرم و خشک بانک ژن گیاهی ملی ایران جهت مطالعه تنوع ژنتیکی برخی از صفات زراعی بررسی شدند. با توجه به نتایج تجزیه کلاستر توده‌ها در ۶ گروه قرار گرفتند و ۴ مولفه اول ۸۰٪ تغییرات بین صفات را توجیه کردند (۲۳). در مطالعه دیگری صفات عملکرد دانه، وزن صددانه و تعداد دانه در بوته در بین ۱۱ صفت مطالعه شده در ۲۲۸ ژنوتیپ عدس بیشترین ضریب تغییرات ژنوتیپی، وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی را دارا بودند (۱۶). در یک مطالعه که به‌منظور برآورد وراثت‌پذیری صفات برای ۲۰ ژنوتیپ برتر نخود اجرا شد، مشخص شد که بالاترین ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی برای صفات تعداد روز تا گلدهی، تعداد شاخه ثانویه در بوته، تعداد غلاف در بوته، تعداد بذر در غلاف، وزن صددانه، عملکرد دانه و مقدار پروتئین وجود دارد و صفات تعداد روز تا گلدهی، وزن صددانه و مقدار پروتئین بالاترین وراثت‌پذیری را به خود اختصاص دادند (۲۷). هدف از این مطالعه کسب اطلاعاتی درباره تنوع مورفولوژیکی-زراعی برخی ژنوتیپ‌های نخود به‌منظور تخمین ضریب تغییرات فنوتیپی، ژنوتیپی، وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار در صفات کمی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

شرایط کشت و مواد ژنتیکی

این مطالعه در سال زراعی ۹۴-۱۳۹۳ در مزرعه تحقیقاتی ایستگاه سراب چنگائی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان با طول جغرافیایی ۴۷ درجه و ۴۰ دقیقه شرقی، عرض جغرافیایی ۳۳ درجه و ۳۶ دقیقه شمالی با ارتفاع ۱۲۰۰ متر از سطح دریا اجرا شد. بافت خاک مزرعه از نوع سیلتی لوم بود. عملیات تهیه زمین به‌ترتیب شامل شخم پائیزه، دو دیسک عمود بر هم و سپس تسطیح زمین توسط لولر (Leveler) انجام شد. کود پایه بر مبنای ۵۰ کیلوگرم فسفر (P_2O_5) و ۲۰ کیلوگرم نیتروژن در هکتار بر اساس آزمون خاک محاسبه و قبل از کاشت در سطح مزرعه پخش و توسط دیسک با خاک مخلوط و عملیات کاشت در ۱۵ آذر ماه ۱۳۹۳ انجام شد. جهت پیشگیری از بروز بیماری‌های خاکزی، ضدعفونی بذور قبل از کاشت توسط قارچ‌کش کاربوکسی تیرام به‌نسبت دو در هزار انجام شد. علف‌های هرز در دو نوبت در اواخر فروردین ماه و اوایل اردیبهشت توسط دست وجین شدند. در این بررسی ۱۵ ژنوتیپ نخود (جدول ۱) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار مطالعه شدند. بذر ژنوتیپ‌های فوق از موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور تهیه شد. هر کرت آزمایشی شامل ۴ خط کاشت به طول ۴ متر، با فاصله ردیف ۳۰ سانتی‌متر، روی خط ۲ سانتی‌متر و با تراکم ۵۰ دانه در متر مربع بود.

صفات اندازه‌گیری شده

در هنگام رسیدگی پنج بوته به‌طور تصادفی از هر کرت آزمایشی انتخاب و صفات زیر اندازه‌گیری شد: ارتفاع بوته (cm)، تعداد شاخه اولیه، تعداد شاخه ثانویه، تعداد کل غلاف در بوته، تعداد گره در ساقه، تعداد غلاف تک‌بذر، تعداد غلاف دوبذر، تعداد غلاف پوک، وزن دانه با پوسته غلاف (g)، وزن دانه تک‌بوته (g)، وزن صددانه (g)، وزن کل دانه با کاه (g)، تعداد غلاف بارور، تعداد دانه در بوته، تعداد دانه در غلاف، وزن خشک ساقه تک‌بوته (g)، عملکرد دانه (g/m^2)، عملکرد بیولوژیکی (g/m^2)، عملکرد کاه (g)، شاخص برداشت و تلاش زادآوری (وزن غلاف تقسیم بر عملکرد بیولوژیکی ضربدر عدد ۱۰۰). به‌منظور تعیین عملکرد بیولوژیکی و عملکرد دانه سطحی معادل ۱/۸ متر مربع از هر کرت بعد از حذف اثرات حاشیه‌ای برداشت شد. بوته‌های برداشت شده، جهت خشک شدن به مدت چند روز در برابر نور آفتاب قرار گرفتند و سپس جهت تعیین عملکرد بیولوژیکی توزین شدند. تفکیک دانه از کاه و کلش بصورت دستی (کوبیدن، غربال کردن و باد دادن) انجام شد و سپس دانه‌ها بر حسب گرم در متر مربع توزین و شاخص برداشت با استفاده از نسبت عملکرد دانه به عملکرد بیولوژیکی محاسبه شد. همچنین وراثت‌پذیری عمومی هر صفت از رابطه $h^2_{bs} = (VG/VP) \times 100$ بدست آمد که در آن VG= واریانس ژنتیکی، VP= واریانس فنوتیپی و h^2_{bs}= وراثت پذیری می‌باشد. با توجه به امید ریاضی واریانس ژنوتیپ‌ها و خطا در جدول تجزیه واریانس، مقادیر واریانس ژنوتیپی و واریانس فنوتیپی محاسبه و برای بدست آوردن پیشرفت ژنتیکی از فرمول $GA= h^2_{bs}K\sqrt{Vp}$ که K= مقادیر شدت انتخاب استفاده شد (۳۲).

روش‌های آماری

به‌منظور تعیین سهم هر صفت در تنوع کل، کاهش حجم داده‌ها و تفسیر بهتر روابط از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA)[1] استفاده شد. برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها تجزیه کلاستر به روش وارد (Ward) و مقیاس فاصله اقلیدسی روی ژنوتیپ‌ها با استفاده از متغیرهای استاندارد شده و تجزیه‌های آماری با استفاده از نرم‌افزارهای SPSS22، MINITAB17 انجام شد.

نتایج و بحث

تجزیه به مولفه‌های اصلی

تجزیه به مولفه‌های اصلی اصولا قبل از تجزیه خوشه‌ای انجام می‌شود تا اهمیت نسبی صفاتی که در کلاستربندی نقش دارند مشخص شود (۱۹). به‌منظور بررسی واکنش ژنوتیپ‌ها بر اساس کل صفات اندازه‌گیری شده و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از روش تجزیه به مولفه‌های اصلی استفاده شد. پارامترهای حاصل از تجزیه به مولفه‌های اصلی شامل مقادیر ویژه، درصد واریانس توجیه‌شده، درصد واریانس تجمعی و ضریب همبستگی صفات با مولفه‌ها، برای مولفه اول تا چهارم در جدول ۲ نمایش داده شده است. نتایج حاصل نشان داد که ۴ مولفه اول تقریبا ۸۰٪ کل تغییرات را توجیه می‌کنند. مولفه اول به تنهایی ۵۴/۴٪ از کل تغییرات را بیان می‌کند. ضرایب همبستگی متغیرها با مولفه‌های اصلی نشان داد که صفات تعداد کل غلاف در بوته، وزن دانه تک‌بوته، وزن صددانه، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیکی، وزن خشک ساقه تک‌بوته و تعداد دانه در بوته مهم‌ترین صفات در مولفه اول هستند. مولفه اول را می‌توان عامل موثر بر عملکرد نام‌گذاری کرد. ضرایب صفات در مولفه اول نشان‌دهنده این است که ژنوتیپ‌های

1- Principal Component Analysis

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.24.61]

برخوردار از مقادیر بالای عامل اول دارای عملکرد بیشتری هستند. انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس افزایش عامل اول می‌تواند منجر به افزایش عملکرد و اجزای عملکرد در ژنوتیپ‌های مطالعه شده گردد. در بررسی توده های بومی عدس شمال غرب ایران نیز مشخص شد که عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیکی بالاترین ضرایب را در مولفه اول داشتند (۹). مولفه دوم ۱۱/۱٪ از کل تغییرات را در بر گرفت و صفات تعداد غلاف بارور، وزن خشک ساقه تک‌بوته، تعداد غلاف پوک، تعداد دانه در غلاف و تعداد گره در ساقه بالاترین وزن را در این مولفه دارا بودند. مولفه سوم نیز ۸/۹٪ از کل تغییرات را به خود اختصاص داد و عمدتا با صفات ارتفاع بوته، تعداد کل غلاف پوک، تلاش زادآوری و وزن خشک ساقه تک‌بوته مرتبط بود. مولفه چهارم ۶/۲٪ تغییرات را توجیه کرد و در بردارنده صفات تعداد کل غلاف پوک، تعداد شاخه ثانویه و وزن خشک ساقه تک‌بوته بود (جدول ۳).

تجزیه کلاستر

با توجه به اینکه عملکرد دانه صفتی پیچیده است که توسط ساختار ژنتیکی و محیط رشد گیاه تحت تاثیر قرار می‌گیرد، به کمک تجزیه کلاستر می‌توان ژنوتیپ‌های مطالعه شده را بر اساس عملکرد طبقه‌بندی کرده و با تلاقی ژنوتیپ‌های موجود در کلاسترهایی با فاصله دور انتخاب هیبریدهای مناسب را تسهیل کرد (۱۹،۱۳). تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش Ward و فاصله اقلیدسی برای صفات مطالعه شده انجام شد و نهایتا دندروگرام حاصل به ۳ گروه اصلی تقسیم شد (شکل ۱). از فرمول ($\sqrt{n/2}$) که در آن n تعداد افراد را مشخص می‌کند (۱۶) برای تعیین تعداد گروه‌های ایجاد شده توسط خط برش استفاده شد. گروه یک شامل ژنوتیپ‌های G1, G3, G13, G4, G5 و G16 بود و ژنوتیپ‌های G2,G14, G11, G7, G10 و G12 در گروه دو قرار گرفتند. گروه سه نیز شامل ژنوتیپ‌های G6, G9, G8, G15 بود. نهایتا ژنوتیپ‌های موجود در دو گروهی که بیشترین فاصله را از هم دارند، برای دستیابی به هتروزیس بیشتر می‌توانند به‌عنوان والدهای تلاقی‌ها مد نظر قرار گیرند (۱۵). انتخاب والدین برای هیبریداسیون ژنتیکی برای بدست آوردن نوترکیبی بیشتر و تفکیک متجاوز مورد نظر باید بر اساس تنوع ژنتیکی و نه تنوع جغرافیایی صورت گیرد. بنابراین هیبریداسیون می‌تواند با ژنوتیپ‌های متعلق به کلاسترهای متنوع با میانگین بالا برای اکثر صفات شروع شود. پیشنهاد می‌شود ژنوتیپ‌های متنوع از این گروه ها همراه با سایر ویژگی‌های مطلوب در برنامه‌های اصلاحی استفاده شوند تا تفکیک بهتری برای عملکرد بذر بالا و اجزاء عملکرد حاصل گردد (۳۱). ژنوتیپ‌های موجود در کلاستر ۳ و ۲ به ترتیب بالاترین و پایین‌ترین مقدار عملکرد بذر و بیولوژیکی را به خود اختصاص دادند. با توجه به فاصله بین گروه‌های ۲ و ۳ احتمالا بیشترین موفقیت در تلاقی بین ژنوتیپ‌های این دو گروه و کمترین هتروزیس از تلاقی ژنوتیپ‌های گروه ۱ و ۲ حاصل خواهد شد (جدول ۴). نتایج حاصل از نتایج تجزیه کلاستر ۴۰ ژنوتیپ عدس نشان داد که ژنوتیپ‌هایی از مناطق مشابه در کلاسترهای متفاوتی قرار می‌گیرند و برعکس و این نتیجه می‌تواند نشان‌دهنده عدم وجود رابطه بین تنوع ژنتیکی و جغرافیایی باشد. تنوع ژنتیکی عموماً نتیجه چندین فاکتور مختلف از جمله مواد اصلاحی، رانش ژنتیکی، تغییرات طبیعی و گزینش مصنوعی علاوه بر تنوع جغرافیایی و اکولوژیکی است (۳۱). در تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌های مختلف لوبیای معمولی (*Phaseolus vulgaris* L)، چهار کلاستر بدست آمد که ژنوتیپ‌های موجود در کلاستر اول از نظر میانگین صفات وزن غلاف با بذر، تعداد غلاف پر در بوته، تعداد بذر در بوته و عملکرد تک‌بوته بالاترین مقدار را داشتند و ژنوتیپ‌های موجود در کلاستر چهارم در اکثر صفات کمترین میزان میانگین را نشان دادند. این نتایج نشان می‌دهد که تلاقی ژنوتیپ‌های این دو کلاستر امکان تولید هیبریدهای زودرس با میانگین عملکرد بالا را نوید می‌دهد (۲۸). در مطالعه ۳۶ لاین نخود زراعی تیپ کابلی با استفاده از تجزیه کلاستر، لاین‌های مورد بررسی در سه گروه قرار گرفتند. لاین‌هایی که در کلاسترهای مختلف قرار گرفتند دارای کمترین فاصله ژنتیکی یا قرابت ژنتیکی بودند (۵). قرار گرفتن ژنوتیپ‌های مطالعه شده در گروه‌های متفاوت نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی است که می‌توان از این تنوع برای برنامه‌های اصلاحی استفاده کرد.

ضریب تغییرات ژنوتیپی، فنوتیپی، وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی

واریانس ژنتیکی و فنوتیپی، ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی، وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی به‌عنوان درصدی از میانگین برای صفات مختلف ارزیابی می‌شود. تغییرپذیری ژنوتیپی و فنوتیپی و وراثت‌پذیری برای صفات متفاوت در جدول ۵ نمایش داده شده است، بالاترین مقدار واریانس ژنوتیپی و فنوتیپی برای عملکرد بیولوژیکی و به دنبال آن برای عملکرد کاه در بوته، تعداد دانه در بوته و تعداد کل غلاف در بوته بدست آمد، اما برای تعداد دانه در غلاف دارای کمترین مقدار بود. ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی برای عملکرد دانه در بوته و تعداد دانه در غلاف به ترتیب دارای کمترین و بیشترین مقدار بود. بالا بودن ضریب تغییرات فنوتیپی برای صفات نشان می‌دهد که بیان این صفات تا حدود زیادی تحت تاثیر محیط قرار می‌گیرند (۱۱). همچنین بالا بودن ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی برای صفات نشان‌دهنده دامنه گسترده تغییرات برای این صفات است (۲۹). در بررسی روابط تعدادی از ارقام نخود (*Cicer arietinum*) از مجموعه ارقام بومی و اصلاح شده ایرانی، مشخص شد که بالاترین ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی مربوط به صفت تعداد شاخه ثانویه و کمترین مقدار ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی برای عملکرد بیولوژیکی بدست آمد (۱۸) همچنین در یک تحقیق، نتایج ارزیابی‌های کانونی روی ۶۰ ژنوتیپ نخود کابلی نشان داد که بالاترین ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی مربوط به عملکرد دانه و تعداد غلاف در گیاه است (۱۰) که نتایج این تحقیق با نتایج تحقیق حاضر مغایرت دارد. با توجه به متفاوت بودن ژنوتیپ‌های استفاده شده در این دو تحقیق، نتایج دور از انتظار نیست. بطورکلی نزدیک بودن مقدار ضریب تغییرات فنوتیپی و

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.24.61]

ژنوتیپی در برخی صفات نشان‌دهنده ناچیز بودن اثرات محیطی بر بیان صفات است درحالی‌که زمانی که ضریب تغییرات فنوتیپی بسیار بیشتر از ضریب تغییرات ژنوتیپی باشد دلالت بر بالا بودن میزان اثرات محیطی است (۲۹). تفاوت ناچیز بین ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی برای صفات عملکرد دانه، تلاش زادآوری، وزن صددانه و وزن دانه تک‌بوته نشان می‌دهد که این صفات بیشتر توسط عوامل ژنتیکی کنترل می‌شوند و انتخاب والدین بر اساس این صفات برای دورگ‌گیری با هدف اصلاح مناسب می‌باشد. اما این تفاوت برای صفات تعداد دانه در غلاف، عملکرد کاه، وزن دانه با پوسته غلاف تک‌بوته، تعداد غلاف تک‌بذر و تعداد کل غلاف در بوته بالاترین مقدار را به‌خود اختصاص داد که می‌تواند نشان‌دهنده تاثیر عوامل محیطی در کنترل این صفات باشد. در بررسی توده‌های مختلف عدس اتیوپی با سایر کشورها مشخص شد که ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی تخمینی برای صفت وزن صددانه تفاوت ناچیزی با هم دارند که نشان‌دهنده تاثیر نسبتا کم محیط روی این صفات است (۱۶). وراثت‌پذیری مهم‌ترین پارامتر در مطالعات ژنتیکی صفات کمی است (۵) و در تصمیم‌گیری برای گزینش یک صفت خاص نقش حیاتی ایفاء می‌کند (۱۲). در این تحقیق بالاترین میزان وراثت‌پذیری به‌ترتیب برای صفات تعداد غلاف بارور (۸۶٪)، عملکرد بذر در بوته (۸۴٪)، وزن صددانه (۸۴٪)، وزن دانه تک‌بوته (۸۴٪)، عملکرد بیولوژیکی (۸۳٪)، وزن کل دانه با کاه (۸۳٪)، تعداد کل غلاف پوک (۸۳٪)، تعداد گره در ساقه (۸۳٪) و ارتفاع بوته (۸۲٪) محاسبه شد. وراثت‌پذیری بعنوان شاخصی از انتقال‌پذیری صفات از والدین به فرزندان مورد توجه قرار می‌گیرد. بالا بودن وراثت‌پذیری صفات نشان‌دهنده پایین بودن اثرات محیطی برصفات بررسی شده می‌باشد (۵). بالا بودن وراثت‌پذیری این صفات نسبت به سایر صفات نشان‌دهنده پایین بودن تاثیر محیط روی این صفات است. تاثیر محیط بر صفاتی که دارای وراثت‌پذیری بالایی هستند، ناچیز بوده و انتخاب بر اساس فنوتیپ در این صفات موثر می‌باشد. در آزمایش دیگری تغییرپذیری و وراثت‌پذیری برای صفات مختلف در لاین‌های نخود محاسبه و مشخص شد که وراثت‌پذیری برای ارتفاع بوته و عملکرد بذر در بوته دارای بالاترین مقدار بود. با توجه به پارامترهای ذکر شده انتخاب برای ارتفاع گیاه برای اصلاح عملکرد بذر می‌تواند مؤثر باشد (۱) که با نتایج بدست آمده از این آزمایش هم‌خوانی دارد. در بررسی ۲۰ ژنوتیپ نخود در شرایط کشت نرمال و تنش خشکی بالاترین میزان وراثت‌پذیری برای عملکرد دانه به ترتیب ۸۸/۴۹ ٪ و ۹۳/۹۸ ٪ بدست آمد (۲۱). در بررسی وراثت‌پذیری برخی صفات در تعدادی ژنوتیپ نخود در دو منطقه از کنیا مشخص شد که وراثت‌پذیری صفات عملکرد بذر و وزن صددانه به‌ترتیب (۰/۹۹–۰/۴۵) و (۰/۹۹–۰/۸۳) است (۱۴). در ارزیابی تغییرپذیری ژنوتیپ‌های نخود از نظر مقدار پروتئین بذر و اجزای عملکرد، وراثت‌پذیری بالا برای صفات عملکرد بیولوژیکی (۹۹٪)، تعداد غلاف در بوته (۹۸/۱۸٪) و عملکرد بذر (۹۶/۷۸٪) مشاهده شد که دلالت بر کنترل این صفات توسط ژن‌هایی با اثرات افزایشی در ژنوتیپ‌های مطالعه شده دارد (۲۹) که تاییدکننده وراثت‌پذیری بالای صفات عملکرد بذر، عملکرد بیولوژیکی و وزن صددانه در این آزمایش است. در میان لاین‌های نخود کابلی بررسی شده برخی از صفات مثل وزن صددانه از ضریب تغییرات ژنتیکی نسبتا بالایی برخوردار بود اما وراثت‌پذیری برای این صفت ناچیز بود (۱۲) که با نتایج این آزمایش در تناقض است. بالا بودن وراثت‌پذیری نشان می‌دهد که انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب با توجه به فنوتیپ قابل اطمینان است (۲۹). اگر چه وراثت‌پذیری بالا موثر بودن گزینش را بر اساس کارایی فنوتیپی نشان می‌دهد اما هیچ گونه شاخصی از مقدار پیشرفت ژنتیکی را برای گزینش بهترین افراد نشان نمی‌دهد. این مورد با استفاده از پیشرفت ژنتیکی امکان‌پذیر است (۳). ترکیب وراثت‌پذیری با پیشرفت ژنتیکی نسبت به وراثت‌پذیری به تنهایی، برای تخمین اثرات انتخاب مفیدتر است (۱۱). عملکرد بیولوژیکی و عملکرد کاه بالاترین پیشرفت ژنتیکی و تعداد دانه در غلاف، تعداد غلاف دوبذر و تلاش زادآوری پایین‌ترین مقدار برای پیشرفت ژنتیکی را نشان دادند. پایین بودن پیشرفت ژنتیکی صفات احتمالا دلالت بر وجود اثرات اپیستازی در مکان‌های ژنی کنترل‌کننده این صفات است (۷). پیشرفت ژنتیکی برای صفات عملکرد بذر، وزن صددانه و وزن دانه تک‌بوته برای ذرت پایین بود که احتمالا با وراثت‌پذیری بالای آنها جبران می‌شود. مشخص شده است که همیشه وراثت‌پذیری بالا با پیشرفت ژنتیکی بزرگ همراه نیست (۲۴). از طرف دیگر پیوسته بودن وراثت‌پذیری بالا با پیشرفت ژنتیکی پایین برای برخی صفات نشان‌دهنده اثرات غالبیت و اپیستازی ژن‌های کنترل‌کننده این صفات است (۳۴). نتایج بدست آمده نشان داد بالاترین میزان وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی برای صفت عملکرد بیولوژیکی وجود دارد. انتخاب برای صفاتی که همزمان وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی بالایی دارند می‌تواند موفقیت‌آمیز باشد (۷).

به‌طورکلی نتایج و یافته‌های این تحقیق نشان می‌دهد که امکان بهبود ژنتیکی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه نخود در برنامه‌های اصلاحی متفاوت به‌منظور گسترش ژنوتیپ‌های مطلوب از طریق دورگ‌گیری وجود دارد. در ضمن می‌توان از صفت عملکرد بیولوژیکی به‌علت بالا بودن مقدار وراثت‌پذیری به همراه پیشرفت ژنتیکی بعنوان شاخص مناسب برای انتخاب والدین در برنامه‌های دورگ‌گیری استفاده کرد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.24.61]

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های بررسی شده در این تحقیق

Table 1. Description of studied genotypes in this research

شماره ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	منشاء ژنوتیپ
G1	SEL.S.P.L.k3-87	Iran
G2	SEL.S.P.L.k4-87	Iran
G3	SEL.SPL.K10-87	Iran
G4	SEL.SPL.K14-87	Iran
G5	SEL.SPL.K17-87	Iran
G6	SEL.SP.L.K18-87	Iran
G7	FLIP05-46C	ICARDA
G8	FLIP03-17C	ICARDA
G9	FLIP05-18C	ICARDA
G10	SEL.SP.L.K20-87	Iran
G11	FLIP05-22C	ICARDA
G12	SAR80J910K13-87	ICARDA
G13	SEL.SP.L.K2-87	Iran
G14	AZAD	Iran
G15	ADEL	Iran
شماره ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	منشاء ژنوتیپ
G1	SEL.S.P.L.k3-87	Iran
G2	SEL.S.P.L.k4-87	Iran
G3	SEL.SPL.K10-87	Iran
G4	SEL.SPL.K14-87	Iran
G5	SEL.SPL.K17-87	Iran
G6	SEL.SP.L.K18-87	Iran
G7	FLIP05-46C	ICARDA
G8	FLIP03-17C	ICARDA
G9	FLIP05-18C	ICARDA
G10	SEL.SP.L.K20-87	Iran
G11	FLIP05-22C	ICARDA
G12	SAR80J910K13-87	ICARDA
G13	SEL.SP.L.K2-87	Iran
G14	AZAD	Iran
G15	ADEL	Iran

جدول ۲- مقادیر ویژه و درصد واریانس تجمعی صفات مختلف در تجزیه به مولفه‌های اصلی

Table 2. Eigenvalue and percentage of cumulative variance different traits in principal component analysis

مولفه‌ها	مقدر ویژه	درصد واریانس	درصد واریانس تجمعی
اول	۱۱/۴۲	۰/۵۴	۰/۵۴
دوم	۲/۳۳	۰/۱۱	۰/۶۵
سوم	۱/۸۶	۰/۰۸	۰/۷۴
چهارم	۱/۳۱	۰/۰۶	۰/۸۰

جدول ۳- ضرایب تجزیه به مولفه‌های اصلی مربوط به صفات مطالعه شده در ژنوتیپ‌های نخود

Table 3. Coefficients principal components analysis of studied traits in chickpea genotypes

	مولفه			
صفت	اول	دوم	سوم	چهارم
ارتفاع بوته	۰/۲۱۸	۰/۰۴۱	۰/۳۴۵	-۰/۱۰۹
تعداد شاخه اولیه	۰/۱۹۵	۰/۱۸۰	-۰/۰۳۰	۰/۱۳۳
تعداد شاخه ثانویه	۰/۱۵۰	-۰/۱۲۲	-۰/۲۹۰	۰/۴۷۰
تعداد کل غلاف در بوته	۰/۲۹	۰/۰۳۶	۰/۰۲۷	۰/۰۲۱
تعداد گره در ساقه	۰/۱۸۶	-۰/۳۲۰	۰/۲۴۸	-۰/۰۹۲
تعداد کل غلاف تک بذر	۰/۲۷۱	-۰/۰۴	-۰/۰۲۵	-۰/۰۲۵
تعداد کل غلاف دو بذر	۰/۲۰۵	۰/۱۶۲	-۰/۱۶۷	۰/۱۵۰
تعداد کل غلاف پوک	۰/۰۶۲	۰/۳۳۵	-۰/۳۵۶	-۰/۳۹۴
وزن خشک ساقه تک بوته	۰/۰۷۳	-۰/۳۰۲	۰/۳۱۵	-۰/۴۸۵
وزن دانه با پوسته غلاف تک بوته	۰/۲۶۲	۰/۰۵۷	۰/۰۶۹	-۰/۰۰۱
وزن دانه تک بوته	۰/۲۸۹	۰/۰۶	۰/۰۹	۰/۰۴۴
وزن صد دانه	۰/۲۸۹	۰/۰۶	۰/۰۹	۰/۰۴۴
وزن کل دانه با کاه تک بوته	۰/۲۸۶	۰/۰۲۹	-۰/۰۰۴	-۰/۰۹۶
عملکرد بذر	۰/۲۸۹	۰/۰۶	۰/۰۹	۰/۰۴
عملکرد بیولوژیکی	۰/۲۸۶	۰/۰۲۹	-۰/۰۰۳	-۰/۰۹۷
تعداد دانه در بوته	۰/۲۸۵	۰/۰۳۷	-۰/۰۸۷	۰/۰۴۴
تعداد غلاف بارور	-۰/۰۴۲	۰/۴۹۴	۰/۲۸۵	۰/۰۶۲
تلاش زادآوری	۰/۰۷	-۰/۲۱۵	-۰/۵۵۵	-۰/۳۷۳
شاخص برداشت	۰/۱۹	-۰/۲۰۳	-۰/۱	-۰/۱۵۳
عملکرد کاه	-۰/۱۹۴	۰/۲۲۲	۰/۱۶۶	-۰/۲۶۳
تعداد دانه در غلاف	۰/۰۵۵	۰/۴۶۷	-۰/۱۲۷	-۰/۲۵۶

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.24.61]

جدول ۴- فاصله ژنتیکی (اقلیدسی) بین ۳ کلاستر به روش ward

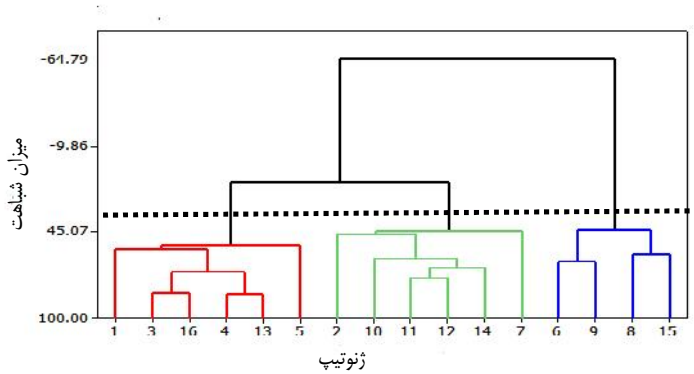
Table 4. Genetic distance between three clusters (ward method)

	کلاستر ۱	کلاستر ۲
کلاستر ۲	۳/۷	
کلاستر ۳	۵/۰۳	۷/۹۴

جدول ۵- پارامترهای ژنتیکی برای صفات مورفولوژیکی در ژنوتیپ‌های نخود

Table 5. Genetic parameters for morphological traits in chickpea genotypes

صفت	واریانس فنوتیپی	واریانس ژنوتیپی	ضریب تغییرات فنوتیپی	ضریب تغییرات ژنوتیپی	وراثت‌پذیری	درصد پیشرفت ژنتیکی
ارتفاع بوته	۴۹/۳۱	۴۰/۲۳	۱۶/۱	۱۴/۵۳	۰/۸۲	۱۱/۸۳
تعداد شاخه اولیه	۱/۱۹	۰/۹۶	۳۶/۳	۳۲/۶۶	۰/۸۱	۱/۸۲
تعداد شاخه ثانویه	۱/۰۲	۰/۷۸	۱۷/۵	۱۵/۲۳	۰/۷۶	۱/۵۸
تعداد کل غلاف در بوته	۴۰۷/۶	۳۰۸/۸۳	۳۷/۸	۳۲/۹	۰/۷۶	۳۱/۵۱
تعداد گره در ساقه	۹/۳	۷/۷	۱۵/۴	۱۳/۹۷	۰/۸۳	۵/۲
تعداد کل غلاف تک بذر	۳۴۴/۷	۲۶۸/۴۷	۴۱/۲	۳۶/۳۶	۰/۷۸	۲۹/۷۹
تعداد کل غلاف دو بذر	۰/۶۸	۰/۳۹	۱۱/۴	۸/۶	۰/۵۷	۰/۹۷
تعداد کل غلاف پوک	۱/۱۸	۰/۹۷	۲۹/۵	۲۶/۸۵	۰/۸۳	۱/۸۵
وزن خشک ساقه تک بوته	۱/۱۵	۰/۸۷	۶/۳	۵/۴۴	۰/۷۶	۱/۶۷
وزن دانه با پوسته غلاف تک بوته	۱۴۴/۹۴	۱۱۳/۲۸	۴۴/۶	۳۹/۴۲	۰/۷۸	۱۹/۳۸
وزن دانه تک بوته	۱/۲۵	۱/۰۶	۵/۷	۵/۲۱	۰/۸۴	۱/۹۵
وزن صد دانه	۱/۲۵	۱/۰۶	۵/۷	۵/۲۱	۰/۸۴	۱/۹۵
وزن کل دانه با کاه تک بوته	۳۲۵/۷	۲۶۹/۹	۳۹/۳	۳۵/۷۷	۰/۸۳	۳۰/۸۱
عملکرد بذر	۱/۲۵	۱/۰۶	۰/۲	۰/۱۷	۰/۸۴	۱/۹۵
عملکرد بیولوژیکی	۲۹۳۱۰۳	۲۴۲۸۹۴/۶۷	۳۹/۳	۳۵/۷۷	۰/۸۳	۹۲۴/۲۲
تعداد دانه در بوته	۴۶۹/۸	۳۶۸/۲۳	۳۶/۴	۳۲/۱۹	۰/۷۸	۳۵
تعداد غلاف بارور	۱/۳۱	۱/۱۳	۱۲/۹	۱۱/۹۶	۰/۸۶	۲/۰۲
تلاش زادآوری	۰/۸۳	۰/۴۸	۱/۶	۱/۲۴	۰/۵۷	۱/۰۸
شاخص برداشت	۳۶/۵۷	۲۲/۵	۱۴	۱۱/۰۱	۰/۶۲	۷/۶۶
عملکرد کاه	۷۰۹۴۶	۵۱۶۸۵/۳۳	۳۴/۷	۲۹/۶۱	۰/۷۳	۳۹۹/۷۳
تعداد دانه در غلاف	۰/۵۹	۰/۲۲	۶۷/۷	۴۱/۰۸	۰/۳۷	۰/۵۸



شکل ۱- دندروگرام مربوط به صفات مورفولوژیکی ژنوتیپ‌های نخود به روش ward

Figure 1. Dendrogram of morphological traits in chickpea genotypes with ward method

منابع

1. Ali, M.A., N.N. Nawab, G. Rasool and M. Saleem. 2008. Estimates of variability and correlations for quantitative traits in *Cicer arietinum* Journal of Agriculture and Social Sciences, 4: 177-179.
2. Ali, M.M., N.N. Nawab, A. Abbas, M. Zulkiffal and M. Sajjad. 2009. Evaluation of selection criteria in *Cicer arietinum* L. using correlation coefficients and path analysis. Australian Journal of Crop Science, 3: 65-70.
3. Beikzadeh, H., S.M. Alavi Siney, M. Bayat and A.A. Ezady. 2012. Estimation of Genetic Parameters of Effective Agronomical Traits on Yield in some of Iranian Rice Cultivar. Agronomy Journal, 104: 73-78 (In Persian).
4. Chegamirza, Sh., K. Chegamirza and R. Mohammadi. 2012. Study of genetic variation in cultivars and landraces of chickpea based on agronomic traits in dryland conditions. Journal of Dry Farming, 1: 108-11 (In Persian).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.24.61]

5. Crippa, I., C. Bermejo, M.A. Esposito, E.A. Martin, V. Cravero, D. Liberatti, F.S.L. Anido and E.L. Cointry. 2009. Genetic variability, correlation and path analyses for agronomic traits in Lentil genotypes. International Journal of Plant Breeding, 3: 76-80.
6. Farshadfar, E., E. Mahtabi and M.M. Jowkar. 2013. Evaluation of genotype × environment interaction in chickpea genotypes using path analysis. International Journal of Advanced Biological and Biomedical Research, 1: 583-593.
7. Gul, R., H. Khan, M. Bibi, Q.U. Ain and B. Imran. 2013. Genetic analysis and interrelationship of yield attributing traits in Chickpea (*Cicer arietinum* L.). The Journal of Animal and Plant Sciences, 23: 521-526.
8. Hajibarat, Z., A. Saidi, Z. Hajibarat and R. Talebi. 2014. Genetic diversity and population structure analysis of landrace and improved chickpea (*Cicer arientinum*) genotypes using morphological and microsatellite markers. Environmental and Experimental Biology, 12: 161-166.
9. Hashemzadeh, J. and Monirifar, H. 2016. Agro-Morphological traits variation in some Lentil landrace cultivars from Northwest of Iran. Journal of Crop Breeding, 8 (19): 102-111(In Persian).
10. Kanouni, H. 2012. Evaluation of seed yield and some traits in chickpea cultivars in winter planting in rainfed farmers' fields in Kurdistan. Research Achievements for Field and Horticulture Crops Journal, 1: 27-35.
11. Kanouni, H., M.R. Shahab, M. Imtiaz and M. Khalili. 2012. Genetic variation in drought tolerance in chickpea (*Cicer arientinum* L.) genotypes. Crop Breeding Journal, 2: 133-138.
12. Lotfi Aghmioni, M., M.J. Aghaei, Sh. Vaezi and E. Majidi Heravan. 2015. Evaluation of genetic diversity, heritability and genetic progress in Kabuli type Chickpea genotypes. Iranian Journal of Pulses Research, 6: 100-107 (In Persian).
13. Malik, S.R., A. Bakhsh, M.A. Asif, U. Iqbal and S.M. Iqbal. 2010. Assessment of genetic variability and interrelationship among some agronomic traits in Chickpea. International Journal of Agriculture and Biology, 12: 81-85.
14. Mallu, T.S., S.G. Mwangi, A.B. Nyende, N.V.P.R.G. Rao, D.A. Odeny, A. Rathore and A. Kumar. 2014. Assessment of genetic variation and heritability of agronomic traits in chickpea (*Cicer arietinum* L). International Journal of Agronomy and Agricultural Research, 5: 76-88.
15. Masoudi, B., M.R. Bihamta, H.R. Babaei and S.A. Peyghambari. 2008. Evaluation of Genetic Diversity for Agronomic, Morphological and Phenological Traits in Soybean. Seed and Plant Improvment Journal, 24: 413-427 (In Persian).
16. Mekonnen, F., F. Mekbib, S. Kumar, S. Ahmed and T.R. Sharma. 2014. Agromorphological traits variability of the Ethiopian lentil and exotic genotypes. Advance in Agriculture, 2014: 1-15.
17. Moghaddam, M., M. Mohammadi Shoti and M. Aghaie Sarborzeh. 1995. Multivariate Statistical Methods, a Primer. Pishtaz Elm publication. Tabriz, 25-50 (In Persian).
18. Mohammadi, K. and R. Talebi. 2015. Interrelationships and genetic analysis of seed yield and morphological traits in mini core collection of Iranian landrace, breeding lines and improved Chickpea (*Cicer arietinum* L.) cultivars. Genetika, 47: 383-393.
19. Montgomery, D.C. 2002. Design and Analysis of Experiment, 5th End. New York: John Wiley and Sons, USA, 655 pp.
20. Motavassel, H. 2013. Grouping phonological and morphological characteristics of Chickpea genotypes (*Cicer arietinum* L.) Ardabil region using cluster analysis and detection function. International Journal of Farming and Sciences, 2: 1091-1094.
21. Moucheshi, A.S., B. Heidari and A. Dadkhodaie. 2010. Genetic variation and agronomic evaluation of chickpea cultivars for grain yield and its components under irrigated and rainfed growing conditions. Iran Agricultural Research, 29: 39-50.
22. Naghavi, M.R., S. Rashidi Monfared and G. Humberto. 2012. Genetic diversity in Iranian chickpea (*Cicer arientinum* L.) landraces as revealed by microsatellite markers. Czech Journal of Genetics and Plant Breeding, 48: 131-138.
23. Naroui Rad, M.R., M.J. Aghaei, H.R. Fanaei and M.M. Ghasemi. 2008. The study of genetic variation of some morphologic and phenologic characters in lentil germplasms of warm and dry regions. Pajouhesh and Sazandegi, 78: 173-181 (In Persian).
24. 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: 24-28.
25. Ramanappa, T.M., K. Chandrashekara and D. Nuthan. 2013. Analysis of variability for economically important traits in Chickpea (*Cicer arietinum* L). International Journal of Research in Applied Natural and Social Sciences, 1: 133-140.
26. Saeed, A., H. Hovsepyan, R. Darvishzadeh, M. Imtiaz, S.K. Panguluri and R. Nazaryan. 2011. Genetic diversity of Iranian accessions, improved lines of Chickpea (*Cicer arietinum* L) and their wild relatives by using simple sequence repeats. Plant Molecular Biology Reporter, 29: 848-858.
27. Saleem, M., H.N. Tahir, R. Kabir, M. Javid and K. Shahzad. 2002. Interrelationships and path analysis of yield attributes in Chick Pea (*Cicer arietinum* L). International Journal of Agriculture and Biology, 4: 404-406.
28. Shafiee Khorshidi, M., M.R. Bihamta, F. Khialparast and M.R. Naghavi. 2012. Assessment of genetic variation in common Bean (*Phaseolus vulgaris* L) genotypes under drought condition using cluster and canonical discriminant analysis (CDA). Journal of Crop Breeding, 4: 1-17 (In Persian).
29. Singh, T.P., H.L. Raiger, J. Kumari Singh and P.S. Deshmukh. 2014. Evaluation of Chickpea genotypes for variability in seed protein content and yield components under restricted soil moisture condition. Indian Journal of Plant Physiology, 19: 273-280.
30. Tesfamichael, S.M., S.M. Githiri, A.B. Nyende and N.V.P.R. Rao. 2015. Variation for agro-morphological traits among kabuli Chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes. Journal of Agricultural Science, 7: 75-92.
31. Tyagi, S.D. and M.H. Kahn. 2010. Genetic diversity in Lentil. African Crop Science Journal, 18: 69-74.
32. Valizadeh, M. and M. Moghadam. 1998. Quantitative Genetics. 1th end. Publications Center, Tehran, Iran, 548 pp (In Persian).
33. Vandkarimi, A., M. Pooresmaeil, Sh. Vaezi and A. Ebrahimi. 2015. Evaluation and comparison of drought tolerance indices in Desi chickpea genotypes using multivariate analysis methods. Iranian Journal of Field Crop Science, 46: 169-179.
34. Zali, H., E. Farshadfar and S.H. Sabaghpour. 2011. Genetic variability and interrelationships among agronomic traits in chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes. Crop Breeding Journal, 1: 127-132.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.24.61]

The Study of Genetic Diversity, Heritability and Genetic Advance of Morphological Traits, Yield and Yield Components in Different Chickpea (*Cicer arietinum*) Genotypes

Payam Pezeshkpour[1] and Soheila Afkar[2]

1- Research Assistant Peroffesor, Seed and Plant Improvement Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Khorramabad,
2- Assistant Professor, Plant Breeding Department, Faculty of Agriculture, Payame Noor University, Tehran, Iran, (Corresponding author: soheila.afkar@gmail.com)
Received: June 25, 2016 Accepted: September 7, 2016

Abstract

Chickpea (*Cicer arietnum*) as the third most important grain legume in the world is not only an important source of feed but it also improve soil fertility by adding nitrogen. This work was aimed to study the variability of morphological trait, to estimate PCV, GCV, heritability, and expected genetic advance of quantitative traits of Chickpea. The genotypes were planted in a randomized complete block design with three replications. PCA analysis showed first four factors Justify almost near to 80 percent variance among studied characters. Cluster analysis with Ward method classified all genotypes in three groups and the highest genetic distance was observed between cluster 2 and cluster 3. It is shown that the number of seed per pod trait has the highest PCV and GCV. The highest heritability was found for number of fertile pod (0.86), seed yield (0.84) and 100-seed weight (0.84) whereas high heritability coupled with high genetic advance was found for biological yield. So biological yield can be the most important criteria for selection parental lines in breeding programs. Also in regard to the highest genetic distance between cluster 2 and cluster 3, genotypes of two clusters could be used for intercrossing to develop improved cultivars.

Keywords: Chickpea, Cluster analysis, Genetic variation, Heritability, Principal Component Analysis

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-16]

[DOI: 10.29252/jcb.9.24.61]