



ارزیابی تنوع ژنتیکی صفات زراعی و مورفولوژیکی ژنوتیپ‌های کنجد

بهرام مسعودی^۱ و مهرزاد احمدی^۲

۱- استادیار موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران،
(نویسنده مسؤول: bmasoudi@gmail.com)

۲- کارشناس موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
تاریخ دریافت: ۹۷/۳/۳۰
تاریخ پذیرش: ۹۸/۴/۵
صفحه: ۹۱ تا ۷۸

چکیده

موافقیت در یک برنامه بهنژادی و برنامه‌های انتخاب بستگی به دو عامل وجود تنوع ژنتیکی و انتخاب موثر ژنوتیپ‌های مطلوب دارد، لذا مطالعه تنوع ژنتیکی برای صفات و استفاده از این تنوع جهت بهبود ژنتیکی صفات دارای اهمیت می‌باشد. به منظور بررسی تنوع ژنتیکی عملکرد و اجزای آن و برخی از صفات مورفولوژیک و فنولوژیک و شناخت عوامل مهم تاثیرگذار بر عملکرد، ۹۱ ژنوتیپ جدید وارداتی کنجد به همراه سه رقم شاهد (ناز تکشاخه، اولتان و یلووایت) در یک طرح آگمنت و شش بلوک در موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج در سال ۱۳۹۵ مورد مطالعه قرار گرفت. نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی که از نواحی مختلف جغرافیایی جمع‌آوری شده بود برای اکثر صفات تنوع مطلوبی دارد. صفات تعداد کپسول در شاخه فرعی، عملکرد دانه تکبوتیه، تعداد شاخه فرعی و تعداد کل کپسول در تکبوتیه دارای بیشترین ضریب تنوع فنوتیپی بود. نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد که شش عامل مشترک مجموعاً ۸۲/۷۷ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کنند. این عامل‌ها با توجه به نوع صفات، تحت عنوانی خصوصیات عملکرد و اجزای آن، خصوصیات کپسول، خصوصیات فنولوژیکی، خصوصیات مغز بذر یا کیفیت، عامل ارتفاع و عامل قدرت جوانه‌زنی نام گذاری شد. براساس تجزیه خوشهای برای کلیه صفات مورد ارزیابی پنج گروه تشخیص داده شد. نتایج تجزیه خوشهای مورفولوژیکی گروه‌بندی شدند. صحبت گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشهای توسعه تابع تجزیص کانونی بهروش خطی فیشر ۹۵/۷ درصد تایید شد. چهار تابع حدوداً ۱۰۰ درصد از واریانس بین ژنوتیپ‌ها را تبیین کرد. به طور کلی می‌توان نتیجه‌گیری نمود که نمونه‌های جدید وارداتی کنجد دارای تنوع خوبی برای اکثر صفات می‌باشند که می‌توان از این تنوع در برنامه‌های اصلاحی استفاده نمود. اجمالاً ژنوتیپ‌های Margo Black chil sung Bukbak (Q21115) و Jungkyung (shattering selection) پتانسیل خوبی برای افزایش عملکرد دانه داشته و از آنها می‌توان در برنامه‌های آتی اصلاحی استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی: کنجد، تنوع، تجزیه به عامل‌ها، تجزیه خوشهای، تجزیه تابع تشخیص

مقدمه

توسط محققان مختلف گزارش شده است (۵،۷،۱۰). چندین برسی برپایه نشانگرهای مورفولوژیک، تنوع ژنتیکی بالایی را در جمعیت‌های کنجد بیان داشته‌اند (۱۱). تنوع ژنتیکی در گونه‌های گیاهی هم توسط صفات زراعی و مورفولوژیک و هم نشانگرهای بیوشیمیایی و مولکولی قابل تخمین است (۱۱). در ادامه اشاره‌ای به نمونه‌هایی از این برسی‌ها می‌گردد.

در مطالعه‌ای که روی ۱۰۰ ژنوتیپ کنجد صورت پذیرفت تنوع زیادی از لحاظ صفات ارتفاع بوته، الگوی شاخه‌دهی، دوره رسیدگی، رنگ گل، شکل و اندازه کپسول، تعداد کپسول در زاویه برگ، تعداد برچه در کپسول، تعداد کپسول در بوته، تعداد دانه در کپسول، وزن دانه و عملکرد دانه در بوته بین ژنوتیپ‌ها مشاهده گردید (۷).

در گزارش صالحی و همکاران (۱۹) که ۱۵ لاین و ۵ توده بومی کنجد را مورد برسی قرار دادند بیشترین و کمترین ضریب تنوع ژنتیکی و فنوتیپی را به ترتیب برای صفت تعداد شاخه فرعی در بوته و تعداد روز تا ۵۰ درصد گذشته مشاهده نمودند و با استفاده از تجزیه خوشهای این لاین‌ها را به دو گروه تقسیم‌بندی نمودند.

محققان مختلفی گزارش کرده‌اند که تعداد شاخه فرعی در گیاه، درصد روغن و عملکرد دانه تکبوتیه، تعداد کپسول در

کنجد (Sesamum indicum L.) یکی از گیاهان بومی ایران از تیره Pedaliaceae است که از زمان‌های قدیم در ایران کشت می‌شده و عمدها خودگشن بوده و بهدلیل سهولت استخراج و پایداری روغن و تحمل به خشکی بالا، به عنوان یکی از مهم‌ترین گیاهان روغنی مورد توجه می‌باشد (۱۷). سطح کشت کنجد در ایران حدود ۴۰ هزار هکتار و میانگین عملکرد آن ۸۰۱ کیلوگرم در هکتار بوده و بیشترین کشورهای تولیدکننده آن لبنان، افغانستان، عربستان و چین می‌باشد (۹).

استفاده از ارقام اصلاح شده می‌تواند موجب افزایش تولید و کیفیت محصولات زراعی از جمله افزایش کمی و کیفی روغن در گیاه کنجد گردد و از این رو موافقیت در یک برنامه بهنژادی و برنامه‌های انتخاب بستگی به دو عامل وجود تنوع ژنتیکی و انتخاب موثر ژنوتیپ‌های مطلوب دارد (۸)، لذا مطالعه تنوع ژنتیکی برای صفات کمی از عوامل محیطی نیز بسیار جوامع گیاهی برای صفات کمی از عوامل محیطی نیز ژنتیکی و تاثیرپذیر است و این تنوع تشخیص تقاضاهای ژنتیکی و انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب را دشوار می‌کند. تنوع زیادی برای صفات مورفولوژیک در کلکسیون‌های مختلف کنجد

اصلی، در فاکتور چهارم نیز صفت طول میانگرۀ دارای بالاترین ضرایب بودند. تحت شرایط تنش رطوبتی نیز در عامل اول صفات روز تا گلدهی، روز تا رسیدگی اولین کپسول، طول اولین کپسول، طول قسمت بارده ساقه اصلی، وزن صدنه و تعداد گره‌های عقیم، در عامل دوم صفات طول دوره گلدهی، تعداد کپسول در شاخه اصلی، قطر ساقه و تعداد گره‌های بارور، در عامل سوم صفات طول قسمت بارده ساقه اصلی، طول کپسول و تعداد دانه در کپسول و در عامل چهارم صفات طول دوره گلدهی و طول میانگرۀ دارای بالاترین ضرایب بودند.

تجزیه خوشهای روشی است که می‌تواند برای پیداکردن شباهت بین ژنتیپ‌ها مورد استفاده قرار گیرد. هدف از تجزیه خوشهای اولاً پیداکردن دسته واقعی افراد و یا ژنتیپ‌های مشابه و ثانیاً کاهش تعداد داده‌های آزمایش است. تعیین مشخصات و گروه‌بندی ژرمپلاسم به بهترادگران این امکان را می‌دهد تا در نمونه‌گیری از جمعیت‌ها از دوباره کاری خودداری کنند و به میزان زیادی از حجم کارهای اصلاحی کاسته و در زمان و هزینه صرفه جویی گردد (۲۱).

ناوال و همکاران (۱۸) ۵۰ ژنتیپ کنجد از مناطق مختلف را با استفاده از صفات زراعی از طریق تجزیه خوشهای به شش گروه تقسیم کردند و اظهار داشتند که تنوع ژنتیکی و تنوع چرافیابی با هم مطابقت داشته است. در مطالعه‌ی از ۲۰ کشور جهان، ارقام زراعی متفاوتی از کنجد جمع‌آوری شد و تجزیه خوشهای ارقام مورد بررسی را به هشت گروه تقسیم کرد، به طوری که ارقامی با کپسول چهار برجه‌ای در یک گروه، ارقام زراعی که عموماً کوتاه، منشعب و زودرس بودند نیز در یک گروه مجزا و بقیه ارقام در گروه‌های مختلف دیگر قرار گرفتند (۴,۵).

در بررسی دیگری ۱۰۸ ژنتیپ کنجد از نظر ۳۰ صفت مورفولوژیک و زراعی از جمله روز تا گلدهی، ارتفاع بوته، تعداد انشعب در بوته، طول کپسول، تعداد کپسول در بوته، وزن دانه و عملکرد دانه در ۷ گروه توسط تجزیه خوشهای گروه‌بندی شدند (۱).

ترهان و همکاران (۲۶) با بررسی ۵۰ ژنتیپ کنجد از نظر صفاتی مانند روز تا گلدهی، روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، طول کپسول، تعداد کپسول در بوته، تعداد دانه در کپسول و وزن دانه آنها را با استفاده از تجزیه خوشهای در ۱۷ گروه طبقه‌بندی کردند.

هدف از انجام این تحقیق بررسی تنوع ژنتیکی صفات زراعی و پیداکردن ژنتیپ‌های مطلوب از لحاظ این صفات در بین ژنتیپ‌های کنجد جدید وارداتی و سپس گروه‌بندی آنها به منظور استفاده در برنامه‌های بهترادی به عنوان والدین در تلاقی‌ها بوده است.

مواد و روش‌ها

این آزمایش در سال ۱۳۹۴-۹۵ در موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج انجام گرفت. آزمایش به صورت طرح آگمنت با ۹۱ ژنتیپ جدید وارداتی کنجد (دریافت شده از بانک‌های ژن گیاهی کشورهای آلمان، کانادا و استرالیا) با سه شاهد (نان

گیاه، ارتفاع گیاه و تعداد گره در گیاه دارای بیشترین میزان ضریب تنوع ژنتیکی در کنجد هستند (۲۲، ۱۴، ۱۳). همچنین سیوا پرساد و همکاران (۲۲) در بررسی خود گزارش کردند که تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی و تعداد دانه در کپسول دارای کمترین ضریب تنوع ژنتیکی بود.

روش تجزیه به عامل‌ها یکی از روش‌های آماری چندمتغیره است که در آن می‌توان تعداد زیادی از متغیرهای همبسته را به تعداد کمتری عامل اصلی کاهش داد. از جمله ارزیابی‌هایی که در کنجد از تجزیه به عامل‌ها استفاده نموده‌اند می‌توان به بررسی ۳۴۵ نمونه کنجد از لحاظ ۹ صفت با استفاده از تجزیه به عامل‌ها توسط بیول و همکاران (۲۵) اشاره نمود که سه عامل شناسایی نمودند. فاکتور اول ۲۲/۷۳ درصد از واریانس بین داده‌ها را توجیه می‌کرد و مهمترین صفات در این عامل شامل روز تا شروع گلدهی و روز تا ۵۰ درصد گلدهی بود. عامل دوم ۱۸/۸۲ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کرد و صفات ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین و ارتفاع گیاه دارای بالاترین ضرایب در این عامل بودند. سومین عامل ۱۸/۷۲ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کرد و صفات تعداد کپسول در گیاه، تعداد شاخه‌های فرعی، عملکرد دانه و وزن هزاردانه دارای بالاترین ضرایب در این عامل بودند. تجزیه به عامل‌ها نشان داد که صفات ارتفاع گیاه، تعداد شاخه‌های جانی و تعداد کپسول در گیاه صفات مهمی در عملکرد کنجد هستند.

بیابانی و پاکنیت (۶) با بررسی ۱۴ ژنتیپ کنجد از نظر ۱۵ صفت زراعی با استفاده از تجزیه به عامل‌ها، پنج عامل شناسایی نمودند که ۸۱ درصد از تنوع ژنتیکی بین ژنتیپ‌ها را توجیه می‌کردند. در عامل اول صفات تعداد کپسول در شاخه اصلی، طول محور گلدهی، تعداد کپسول در گیاه، طول پایین‌ترین کپسول، قطر ساقه اصلی و ارتفاع گیاه با ضرایب مثبت و صفات روز تا ۵۰ درصد گلدهی و رسیدگی فیزیولوژیکی با ضرایب منفی بود. در عامل دوم صفات ارتفاع اولین کپسول از سطح زمین و ارتفاع گیاه با ضرایب مثبت و صفات تعداد شاخه‌های جانی و شاخص برداشت با ضرایب منفی بود. عامل سوم شامل صفت درصد رونغن با ضرایب مثبت و عملکرد بیولوژیک با ضرایب منفی بود. عامل چهارم شامل صفات ارتفاع اولین کپسول از سطح زمین، قطر ساقه و وزن هزاردانه بود. عامل پنجم شامل صفت درصد پروتئین بود.

در بررسی دیگری ۲۸ جمعیت نسل F3 از نظر ۱۴ صفت مورفولوژیک و زراعی تحت شرایط نرمال و تنش رطوبتی مورد ارزیابی قرار گرفتند (۱۵) و توسط تجزیه به عامل‌ها ۴ عامل در هر شرایط شناسایی شد. تحت شرایط نرمال در عامل اول صفات روز تا گلدهی، طول دوره گلدهی، روز تا رسیدگی اولین کپسول، تعداد کپسول در شاخه اصلی، طول اولین کپسول، قطر ساقه، وزن صدنه، طول میان‌گره، تعداد گره‌های عقیم، تعداد گره‌های بارور و عملکرد دانه، در عامل دوم صفات تعداد کپسول در شاخه اصلی، وزن صدنه، طول کپسول، تعداد دانه در کپسول و عملکرد دانه، در عامل سوم صفات روز تا رسیدن اولین کپسول و طول قسمت بارده ساقه

محاسبات فوق با استفاده از نرم‌افزار SPSS نسخه ۱۵ انجام شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس شاهدها نشان داد که اختلاف معنی‌داری بین بلوک‌ها از نظر صفات مربوط به عملکرد و اجزای آن وجود نداشت (جدول ۱).

پارامترهای آماری صفات مورد بررسی منتج از استخراج آمار توصیفی در جدول ۲ آورده شده است. نتایج نشان می‌دهد که ژنتیپ‌های مورد بررسی برای اکثر صفات تنوع مطلوبی نشان می‌دهند که البته دور از انتظار نبود زیرا ژنتیپ‌ها از نقاط جغرافیایی مختلفی گردآوری شده بودند. براساس نتایج حاصل بیشترین مقدار ضریب تنوع فنوتیپی مربوط به تعداد کپسول در شاخه فرعی (۹۹/۲)، عملکرد دانه تک بوته (۸۶/۴)، تعداد شاخه فرعی (۸۶/۱۶) و تعداد کل کپسول در تک بوته (۷۴/۸۵) و کمترین ضریب تنوع فنوتیپی مربوط به درصد روغن (۵/۵۶)، تعداد روز تا رسیدگی کامل (۱۰/۸۲) و طول کپسول (۱۱/۹۱) بودند. برای صفات عملکرد دانه، تعداد شاخه فرعی و تعداد کپسول در گیاه محققان مختلف نیز ضریب تنوع فنوتیپی بالایی ذکر نموده‌اند (۷/۲۳، ۲۲، ۱۹). همان‌گونه که مشاهده می‌شود عملکرد و اجزای آن تنوع زیادی داشتند که این تنوع می‌تواند به صورت چشمگیری در برنامه‌های بهمنزدای کنجد به کار گرفته شود. برخی از خصوصیات زراعی ژنتیپ‌های کنجد موردنی بررسی به همراه مقایسه میانگین عملکرد دانه این ژنتیپ‌ها در جدول ۳ آورده شده است. برخی از لاین‌ها تنوع قابل ملاحظه‌ای برای صفات مختلف نشان دادند، به عنوان مثال از نظر عملکرد دانه تک بوته، پنج ژنتیپ Q21115، Black chil sung، Bukbak، Margo Hybrid، Bukbak Japanese golden، Bukbak c-2-c و JILJILAN 1651 از نظر وزن صد دانه، پنج ژنتیپ Jungkyung (shattering selection) و ۲۵ VNIIMK کپسول‌ها در بوته، پنج ژنتیپ ۲۵ و ۱۶۵۱ از نظر طول کپسول پنج ژنتیپ Lao hongzhi ma Beech 173 (shattering selection) دارای میانگین بالاتری برای صفات ذکر شده بودند که می‌توانند به عنوان والدین ارزشمندی در برنامه‌های دورگ‌گیری برای نیل به آن صفت خاص مورد استفاده قرار گیرند.

تک شاخه، اولتان و بلووایت) و در شش بلوک اجرا شد (جدول ۳). هر ژنتیپ روی یک خط دو متري با فاصله رديف ۶۰ سانتي‌متر و فاصله بین دو بوته ۱۰-۷ سانتي‌متر کاشته شد. اين ژنتیپ‌ها از لحاظ منشا شامل هشت ژنتیپ چيني، يك ژنتیپ مصرى، دو ژنتیپ مربوط به سوروى سابق، يك ژنتیپ مربوط به گواتيمالا، يك ژنتیپ مربوط به عراق، شش ژنتیپ مربوط به ژاپن، ۴۴ ژنتیپ مربوط به كره جنوبى، يك ژنتیپ مربوط به ميانمار، دو ژنتیپ مربوط به تركيه، يك ژنتیپ مربوط به آمريكا، يك ژنتیپ مربوط به چين و مابقى ژنتیپ‌ها داراي منشاء نامشخص بودند (جدول ۳). در طول دوره رشد، سه بار وجين دستي انجام شد. اندازه‌گيری صفات با استفاده از پنج بوته تصادفي از وسط هر كرت با حذف حاشيه انجام پذيرفت. صفاتي که در اين تحقيق مورد بررسی قرار گرفتند عبارت از تعداد روز تا شروع گلدهي و رسيدگى، ارتفاع اولين کپسول از سطح زمين (با خط كش بر حسب سانتي‌متر)، ارتفاع بوته (با خط كش بر حسب سانتي‌متر)، تعداد شاخه فرعی (با شمارش بر حسب تعداد)، تعداد کپسول در شاخه‌های فرعی و شاخه اصلی و كل بوته (با شمارش بر حسب تعداد)، تعداد دانه در کپسول (ميانگين بذر تعداد ۱۰ کپسول از ناحيه وسط بوته در پنج بوته در پنج بوته بر حسب گرم)، وزن دانه يك کپسول (ميانگين وزن دانه ۱۰ کپسول از ناحيه وسط بوته در پنج بوته بر حسب گرم)، وزن صد دانه (با ترازو بر حسب گرم)، وزن گرم)، وزن گرم)، وزن کپسول (ميانگين وزن ۱۰ کپسول از ناحيه وسط بوته در پنج بوته با ترازو بر حسب گرم)، طول کپسول (ميانگين طول ۱۰ کپسول از ناحيه وسط بوته در ۵ بوته با خط كش بر حسب سانتي‌متر)، قطر کپسول (ميانگين قطر ۱۰ کپسول از ناحيه وسط بوته در پنج بوته با كوليis بر حسب ميلى‌متر)، درصد روغن (با دستگاه NMR بر حسب درصد)، عملکرد بيوالوژيك (با ترازو بر حسب گرم) و عملکرد دانه (با ترازو بر حسب گرم) بودند.

بعد از تجزیه واریانس شاهدها، آماره‌های توصیفی (پارامترهای جامعه) اندازه‌گيری شد. تجزیه به عامل‌ها با استفاده از تکnik تجزیه به مولفه‌های اصلی و چرخش وريماكس انجام شد. سپس به منظور گروه‌بندی ژنتیپ‌های مورد بررسی، تجزیه خوش‌های مبتنی بر روش وارد (Ward) موردن استفاده قرار گرفت. برای حفظ و استفاده مناسب از گروه‌بندی ارقام توسط تجزیه خوش‌های، توابع تشخيص مربوط به آن با توجه به گروه‌بندی انجام شده به دست آمدند. توابع تشخيص به دست آمده از نوع توابع خطی فишـر بودند. كليـه

جدول ۱- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس شاهدها برای عملکرد دانه و بیولوژیک

Table 1. Mean squares obtained from variance analysis of checks for seed and biological yield

| منابع تغییرات | درجه آزادی | عملکرد بیولوژیک تک بوته | عملکرد دانه تک بوته | عملکرد بیولوژیک |
|---------------|------------|-------------------------|------------------------|-----------------|
| بلوک | ۵ | ۳۰/۴۹ ^{ns} | ۸۱/۹۵ ^{ns} | |
| زنوتیپ | ۲ | ۸۲۹/۲۹ ^{**} | ۲۳۸۶۱/۳۴ ^{**} | |
| خطا | ۱۰ | ۲۴/۳۲ | ۱۳۱/۱۴ | |

جدول ۲- مقادیر پارامترهای آماری صفات مختلف در چنوتیپ‌های مورد بررسی

Table 2. Values of statistic parameters of different traits in studied genotypes

| صفات | حداقل | حداکثر | میانگین | درصد ضریب تغییرات |
|--|-------|--------|---------|-------------------|
| تعداد روز تا گلدهی | ۴۰ | ۷۵ | ۵۶/۴۷ | ۱۵/۲۴ |
| تعداد روز تا رسیدگی کامل | ۱۰۰ | ۱۴۵ | ۱۱۲/۹ | ۱۰/۶۲ |
| ارتفاع (سانتی‌متر) | ۳۶ | ۱۷۰ | ۹۸/۲۱ | ۲۳/۶۹ |
| ارتفاع اولین کپسول از سطح زمین (سانتی‌متر) | ۹ | ۱۰۶ | ۳۲/۱۱ | ۴۳/۰۹ |
| تعداد شاخه فرعی | ۰ | ۲۴ | ۴/۸۲۸ | ۸۶/۱۶ |
| طول کپسول (میلی‌متر) | ۱۷/۵ | ۳۶/۶۷ | ۲۹/۳۴ | ۱۱/۹۱ |
| عرض کپسول (میلی‌متر) | ۰/۲ | ۰/۸۲۳ | ۰/۵۲۲ | ۱۷/۶۷ |
| وزن یک کپسول (گرم) | ۰/۱۵ | ۰/۵۹۴ | ۰/۳۵۶ | ۲۵/۹۵ |
| تعداد دانه در یک کپسول | ۱۲/۳ | ۱۰۷/۷ | ۷۳/۷۲ | ۲۶/۷۵ |
| وزن دانه در یک کپسول | ۰/۰۷۶ | ۰/۳۱۷ | ۰/۲۰۷ | ۲۸/۷۴ |
| تعداد کپسول در شاخه فرعی | ۰ | ۴۳۵ | ۸۵/۱۷ | ۹۹/۲ |
| تعداد کپسول شاخه اصلی | ۴ | ۱۴۵ | ۴۹/۵۹ | ۵۹/۶۹ |
| تعداد کل کپسول‌ها | ۴ | ۶۲۱ | ۱۴۳/۹ | ۷۴/۸۵ |
| وزن صد دانه | ۰/۱۴۱ | ۰/۶۷۶ | ۰/۲۹ | ۲۷/۱۴ |
| وزن یک بوته (گرم) | ۲۵ | ۳۴۰ | ۱۲۲/۸ | ۶۱/۰۶ |
| عملکرد تک بوته (گرم) | ۰/۳۷۶ | ۸۲ | ۱۹/۰۶ | ۸۶/۴ |
| درصد روغن | ۴۴/۹۵ | ۵۶/۶۱ | ۵۰/۴۵ | ۵/۵۶ |

جدول ۳- خصوصیات زراعی چنوتیپ‌های کنجد مورد بررسی به همراه مقایسه میانگین برای عملکرد دانه

Table 3. Agronomic characteristics of studied sesame genotypes with mean comparison of seed yield

| گروه کلاستر | درصد روغن | روزنگاری | ارتفاع | وزن صد دانه (گرم) | عملکرد دانه | منشاء | نام چنوتیپ |
|-------------|-----------|----------|--------|-------------------|-------------|-------------------------|-------------------------------|
| ۴ | ۵۴/۶۵ | ۱۱۶ | ۱۱۳ | ۰/۳۴ | ۸۲ | آمریکا | Margo |
| ۴ | ۵۰/۶۸ | ۱۰۸ | ۱۱۲ | ۰/۵۳ | ۷۶/۸۴ | نامشخص | Bukbak |
| ۲ | ۵۰/۵۹ | ۱۱۰ | ۱۰۸/۵ | ۰/۳۶ | ۶۲/۱ | نامشخص | Black chil sung |
| ۲ | ۵۲/۳۳ | ۱۰۰ | ۱۱۴ | ۰/۳۲ | ۵۸/۲۷ | نامشخص | Q21115 (shattering selection) |
| ۲ | ۵۴/۲۸ | ۱۰۵ | ۱۱۴/۱۷ | ۰/۲۶ | ۵۴/۸۹ | نامشخص | Jungkyung |
| ۲ | ۵۱/۶۵ | ۱۱۲ | ۱۰۹/۵ | ۰/۲۸ | ۵۱/۰۱ | کره جنوبی | Songhak |
| ۴ | ۴۷/۰۸ | ۱۳۰ | ۱۰۴/۵ | ۰/۲۸ | ۴۶/۲۴ | نامشخص | Black c-2-c |
| ۲ | ۵۵/۹۱ | ۱۰۰ | ۱۳۰ | ۰/۳۸ | ۴۱/۱۸ | نامشخص | Rodopi |
| ۲ | ۵۱ | ۱۰۰ | ۱۰۸ | ۰/۲۶ | ۴۰/۰۴ | کره جنوبی | White sesami 2-2 |
| ۲ | ۵۱/۷۸ | ۱۲۶ | ۱۱۱ | ۰/۳۵ | ۳۹/۳۴ | نامشخص | Dulce 101/87 |
| ۲ | ۵۲/۴۳ | ۱۱۰ | ۹۹/۲۵ | ۰/۳۲ | ۳۵/۴۶ | نامشخص | BIAN GAN |
| ۲ | ۵۳/۶ | ۱۲۰ | ۱۲۲/۳۵ | ۰/۲۹ | ۳۴/۱۷ | ایران | اولتان |
| ۲ | ۵۲/۵۲ | ۱۲۸ | ۱۰۴ | ۰/۴۲ | ۳۳/۴۳ | اتحاد جماهیر شوروی سابق | VNIIMK 1651 |

LSI 5% = ۱۱/۷۳

ادامه جدول ۳- خصوصیات زراعی ژنتیپ‌های کنجد مورد بررسی به همراه مقایسه میانگین برای عملکرد دانه
Continue of Table 3. Agronomic characteristics of studied sesame genotypes with mean comparison of seed yield

| گروه کلاستر | درصد رونمایش | روز تاریخی | ارتفاع | وزن حد دانه | عملکرد دانه (گرم) | منشاء | نام ژنتیپ |
|-------------|--------------|------------|--------|-------------|-------------------|-----------|------------------|
| ۳ | ۴۰/۸ | ۱۰-۸ | ۱۴۵/۰ | .۰/۲۶ | ۳۳/۷/۴ | چین | Lao hongzhi ma |
| ۲ | ۵۶/۶۱ | ۱۱۰ | ۹۷ | .۰/۲۵ | ۳۳/۷/۳ | نامشخص | Amaliada |
| ۲ | ۵۴/۰۳ | ۱۰۰ | ۱۱۱/۳۳ | .۰/۲۴ | ۳۰/۳۹ | مصر | Local 123 |
| ۲ | ۵۳/۷۱ | ۱۱۰ | ۹۵ | .۰/۲۳ | ۳۹/۱۹ | کره جنوبی | Backsan 2-2 |
| ۴ | ۵۱/۴۶ | ۱۲۶ | ۸۳ | .۰/۳۱ | ۲۹/۸/۳ | نامشخص | White c323-2 |
| ۲ | ۵۷/۳ | ۱۰-۹ | ۱۳۴/۶۷ | .۰/۲۴ | ۳۹/۸/۵ | نامشخص | Pachequero |
| ۳ | ۴۷/۱۲ | ۱۱۲ | ۱۰-۹ | .۰/۲۳ | ۳۷/۹/۷ | کره جنوبی | Simchun 2 |
| ۱ | ۴۷/۶ | ۱۱۵ | ۳۶ | .۰/۲۱ | ۲۵ | میانمار | Miss white |
| ۲ | ۵۴/۴۵ | ۱۰۰ | ۱۲۹ | .۰/۱۹ | ۳۴/۷/۴ | کره جنوبی | Akyang |
| ۲ | ۵۱/۱۱ | ۱۰-۸ | ۱۱۴ | .۰/۲۵ | ۲۴/۱۰ | کره جنوبی | Sunhua 1 |
| ۱ | ۵۳/۶۶ | ۱۰-۸ | ۹۶ | .۰/۲۲ | ۳۳/۷/۸ | نامشخص | Tainan white 1-1 |
| ۳ | ۴۶/۷۲ | ۱۴۴ | ۱۱۴ | .۰/۱۶ | ۳۴/۷/۵ | کره جنوبی | Chunyang |
| ۵ | ۴۸/۲ | ۱۱۲ | ۱۱۴ | .۰/۲۵ | ۲۳ | نامشخص | Native Caption |
| ۵ | ۴۸ | ۱۱۲ | ۱۰۵ | .۰/۲ | ۲۲/۹ | ژاپن | Pacande |
| ۱ | ۵۱/۲۴ | ۱۰-۸ | ۱۱۲ | .۰/۲۷ | ۳۷/۵/۱ | کره جنوبی | Hoechon 2 |
| ۱ | ۴۵/۱۳ | ۱۰-۰ | ۱۲۷ | .۰/۲۷ | ۳۴/۷/۸ | کره جنوبی | Hwoing sung |
| ۵ | ۴۹/۵ | ۱۱۴ | ۱۰-۰ | .۰/۲۷ | ۳۲ | گواتمالا | Jumbo |
| ۱ | ۵۳/۹۶ | ۱۰۰ | ۱۱۲/۶۷ | .۰/۲۴ | ۲۱/۶۱ | ترکیه | Anthalya-1 |
| ۲ | ۵۱/۴۶ | ۱۰۰ | ۸۴ | .۰/۲۷ | ۳۱/۰/۴ | کره جنوبی | Yongan |
| ۱ | ۵۴/۴۶ | ۱۰-۰ | ۱۱۴/۱۳ | .۰/۲۲ | ۲۰/۰/۹ | ترکیه | Kubarez 55 |
| ۳ | ۴۹/۲۶ | ۱۱۲ | ۱۰-۷ | .۰/۱۶ | ۲/۰/۱ | کره جنوبی | Venezuela |
| ۳ | ۴۸/۶ | ۱۳۸ | ۱۰-۷ | .۰/۱۶ | ۲۰ | کره جنوبی | Hongsan |
| ۵ | ۴۸/۵ | ۱۱۴ | ۱۰-۰ | .۰/۲۴ | ۲۰ | پن | JILJILAN |
| ۳ | ۵۰/۰ | ۱۱۲ | ۱۰-۰ | .۰/۲۴ | ۱۹/۵/۱ | نامشخص | Beech 173 |
| ۲ | ۵۰/۱۳ | ۱۰-۰ | ۱۳۰/۰ | .۰/۲۶ | ۱۹/۱۰/۹ | کره جنوبی | Unst 1 |
| ۳ | ۴۸/۹۸ | ۱۰-۵ | ۹۷/۲۷ | .۰/۲۳ | ۱۹/۱۲ | ژاپن | Wasegoma 2 |
| ۲ | ۵۲/۳ | ۱۲۸ | ۹۷/۲۷ | .۰/۲۸ | ۱۷/۵/۴ | ایران | نژار تکشاخه |

LSI 5% = ۱۱/۷۳

ادامه جدول ۳- خصوصیات زراعی ژنتیپ‌های کنجد مورد بررسی به همراه مقایسه میانگین برای عملکرد دانه
Continue of Table 3. Agronomic characteristics of studied sesame genotypes with mean comparison of seed yield

| گروه کلاستر | درصد رونمایش | روز تاریخی | ارتفاع | وزن حد دانه | عملکرد دانه (گرم) | منشاء | نام ژنتیپ |
|-------------|--------------|------------|----------|-------------|-------------------|-------------------------|-----------------------------------|
| ۱ | ۴۶/۴۵ | ۱۱۰ | ۸۶ | .۰/۲۲ | ۱۶/۱۷ | کره جنوبی | Noen |
| ۱ | ۵۴/۶۸ | ۱۰-۸ | ۹۵/۶۷ | .۰/۲۷ | ۱۵/۶۲ | کره جنوبی | Godae |
| ۱ | ۴۸/۹۳ | ۱۰۰ | ۱۴ | .۰/۲۲ | ۱۶/۱۹ | کره جنوبی | Dongeuy |
| ۱ | ۵۱/۴۶ | ۱۰۰ | ۹۶ | .۰/۱۹ | ۱۴/۴۳ | کره جنوبی | Hanyim 2 |
| ۳ | ۴۹/۲۶ | ۱۱۲ | ۹۰/۶۷ | .۰/۲۶ | ۱۳/۲۸ | نامشخص | Beech 901 |
| ۱ | ۴۹/۱۶ | ۱۰-۰ | ۱۲۰ | .۰/۲۴ | ۱۷/۹/۹ | کره جنوبی | Hail 2 |
| ۳ | ۵۲/۸ | ۱۰-۶ | ۷۸ | .۰/۲۴ | ۱۷/۷/۴ | کره جنوبی | Jinan 2 |
| ۳ | ۵۲/۸ | ۱۰-۶ | ۹۸/۵۶ | .۰/۲۵ | ۱۷/۸/۸ | ایران | Bulowait |
| ۳ | ۴۵/۱۱ | ۱۲۶ | ۱۰-۰ | .۰/۲۳ | ۱۷/۷/۳ | کره جنوبی | Boryung |
| ۳ | ۴۵/۱۲ | ۱۲۶ | ۸۰/۶۷ | .۰/۲۴ | ۱۲/۱۳ | نامشخص | White mukseog 2-b |
| ۳ | ۴۵/۹۲ | ۱۱۸ | ۶۵ | .۰/۲۲ | ۱۲ | نامشخص | SC 4520-2-1 |
| ۳ | ۵۰/۰۷ | ۱۱۲ | ۱۲۰ | .۰/۲۴ | ۱۱/۷/۱ | ژاپن | Turen |
| ۱ | ۴۹/۶ | ۱۰۰ | ۷۳ | .۰/۲۸ | ۱۱/۵/۳ | کره جنوبی | Hwasung |
| ۳ | ۵۰/-۰۵ | ۱۱۲ | ۱۰-۱ | .۰/۲۱ | ۱۱/۱۳ | کره جنوبی | Dunae |
| ۳ | ۵۲/۲۷ | ۱۱۲ | ۸۷ | .۰/۲۸ | ۱۱/۱۳/۱ | کره جنوبی | White pogo 1 |
| ۱ | ۵۰/۰۸ | ۱۰۰ | ۷۸ | .۰/۲۸ | ۱۱/۱/۲ | کره جنوبی | Hanyim 1 |
| ۱ | ۴۹/۸۵ | ۱۰-۰ | ۱۰-۹ | .۰/۱۵ | ۱۱/۱۵ | کره جنوبی | Hybrid 25 |
| ۱ | ۴۴/۹۵ | ۱۰۰ | ۹۹/۶۷ | .۰/۱۹ | ۱۱/۱۰/۹ | چین | Lao hongzhanzhulian |
| ۳ | ۴۶/۱۲ | ۱۱۲ | ۱۰-۱ | .۰/۲۸ | ۱۰/۱/۹ | کره جنوبی | Backsan 2-1 |
| ۱ | ۴۷/۹۹ | ۱۳۰ | ۷۸ | .۰/۱۸ | ۱۰/۰/۹۴ | ژاپن | Japanese white |
| ۳ | ۴۷/۰۲ | ۱۰۰ | ۱۰-۰/۱۷۵ | .۰/۱۹ | ۱/۰/۳ | نامشخص | Q21115 (non-shattering selection) |
| ۳ | ۵۱/۰۳ | ۱۱۰ | ۱۱۹ | .۰/۲۵ | ۱/۰/۹ | کره جنوبی | Gyum 1 1 |
| ۱ | ۴۸/۳ | ۱۰۰ | ۷۷ | .۰/۱۸ | ۹/۶/۵ | اتحاد جماهیر شوروی سابق | Aceitera |
| ۳ | ۴۸/۷۸ | ۱۱۶ | ۱۱۳ | .۰/۲۴ | ۹/۰/۴ | چین | Ba fang tuo |
| ۱ | ۵۰/۰۶ | ۱۰۰ | ۱۰-۸/۱۷ | .۰/۲۷ | ۹/۳/۶ | کره جنوبی | Haibuk |
| ۱ | ۵۰/۰۶ | ۱۱۰ | ۶۹ | .۰/۱۹ | ۹/۰/۲ | کره جنوبی | Sagok |
| ۳ | ۴۹/۰۵ | ۱۱۰ | ۱۰-۴ | .۰/۲۳ | ۸/۶/۹ | چین | Tainan black 1 |
| ۳ | ۵۱/۲۳ | ۱۲۶ | ۹۴ | .۰/۲۲ | ۸/۴/۹ | کره جنوبی | Daeyang |
| ۱ | ۵۰/۰۳ | ۱۱۰ | ۴۱ | .۰/۶۸ | ۸/۰ | ژاپن | Japanese golden |
| ۳ | ۴۷/۲۹ | ۱۱۰ | ۷۰ | .۰/۲۵ | ۸/۰ | نامشخص | Sudan super white |
| ۱ | ۵۱/۰۵ | ۱۰-۸ | ۸۹/۵ | .۰/۲۲ | ۷/۸/۸ | کره جنوبی | Dongbu |
| ۱ | ۵۰/۰۹ | ۱۰-۰ | ۸۰ | .۰/۲۸ | ۷/۵/۸ | کره جنوبی | Haeree |
| ۱ | ۵۰/۰۷ | ۱۱۲ | ۸۰ | .۰/۳۶ | ۷/۰/۱۷ | کره جنوبی | Keumyu |
| ۳ | ۴۸/۹۹ | ۱۰۰ | ۸۶ | .۰/۲۵ | ۷/۱/۲۶ | کره جنوبی | Songok |
| ۱ | ۴۷/۶۴ | ۱۰۰ | ۸۲/۰ | .۰/۱۶ | ۶/۱/۸۹ | کره جنوبی | Haiduk 2 |
| ۳ | ۴۶/۳۲ | ۱۱۰ | ۱۱۶ | .۰/۱۹ | ۶/۱/۸۸ | چین | Zongzai 7 |
| ۳ | ۴۶/۱۷ | ۱۱۲ | ۹۶/۱۳ | .۰/۱۷ | ۶/۰/۱۴ | چین | E zhi 1 |
| ۳ | ۴۹/۶۵ | ۱۱۲ | ۸۳ | .۰/۲۹ | ۶/۰/۴۳ | چین | Tainan black 2 |
| ۱ | ۴۷/۹۶ | ۱۰۰ | ۶۸ | .۰/۲۵ | ۶/۰/۴۹ | کره جنوبی | Bufal 1-2 |
| ۳ | ۴۷/۲۹ | ۱۰-۶ | ۸۳ | .۰/۳ | ۶/۰/۱۴ | کره جنوبی | Jochiwon |

LSI 5% = ۱۱/۷۳

ادامه جدول ۳- خصوصیات زراعی ژنوتیپ‌های کنجد مورد بررسی به همراه مقایسه میانگین برای عملکرد دانه
Continueof Table 3. Agronomic characteristics of studied sesame genotypes with mean comparison of seed yield

| نام ژنوتیپ | منشاء | عملکرد دانه (گرم) | وزن صد دانه | ارتفاع | روز تاریخی | درصد روند | درصد کلاستر روغن | گروه کلاستر |
|--------------------------|-----------|-------------------|-------------|--------|------------|-----------|------------------|-------------|
| White pogo 5 | کره جنوبی | ۶ | .۰/۲۴ | ۶۶ | ۱۱۴ | ۴۸/۵۲ | | ۱ |
| Yeosu | کره جنوبی | ۵/۵۳ | .۰/۳ | ۷۵/۵ | ۱۰۰ | ۴۷/۸۹ | | ۱ |
| Simsim (REP 2) | عراق | ۵/۱۱ | .۰/۲ | ۵۵/۵ | ۱۴۵ | ۵۱/۶۹ | | ۱ |
| Yori 77 | نامشخص | ۴/۵۵ | .۰/۳۳ | ۸۰ | ۱۰۰ | ۵۰/۴۱ | | ۱ |
| Younggang 5-bc | ژاپن | ۴/۵۵ | .۰/۳۳ | ۵۵ | ۱۰۰ | ۵۳/۱۱ | | ۱ |
| Handing | کره جنوبی | ۴/۵۲ | .۰/۲۹ | ۱۰۱ | ۱۱۲ | ۴۹/۳ | | ۳ |
| Gogun | کره جنوبی | ۴/۴۵ | .۰/۲۸ | ۷۷ | ۱۱۲ | ۵۲/۲۵ | | ۱ |
| Hadong | کره جنوبی | ۴/۱ | .۰/۱۸ | ۹۳/۶۷ | ۱۱۰ | ۴۸/۶۹ | | ۳ |
| Instituto 81 | نامشخص | ۳/۷۷ | .۰/۲۶ | ۱۲۰/۳۳ | ۱۱۰ | ۴۸/۲۸ | | ۳ |
| White Sindos 381 (early) | نامشخص | ۲/۴۸ | .۰/۴ | ۷۶ | ۱۰۰ | ۵۱/۸۸ | | ۱ |
| Mijo | کره جنوبی | ۲/۳۶ | .۰/۳ | ۱۱۰ | ۱۰۰ | ۵۳/۳۶ | | ۱ |
| Long capsule 5-b | نامشخص | ۱/۸۶ | .۰/۲۱ | ۵۳ | ۱۰۰ | ۵۱/۲ | | ۱ |
| Wuje | کره جنوبی | ۱/۴۱ | .۰/۳۱ | ۶۶ | ۱۲۶ | ۵۰/۲۳ | | ۱ |
| Yi yang bai | چین | .۰/۳۸ | .۰/۳ | ۵۵ | ۱۰۰ | ۵۲/۶۱ | | ۱ |

LSI ۵% = ۱۱/۷۳

صفات مرتبط با کپسول داشت، این عامل تحت نام

خصوصیات کپسول نام‌گذاری شد.

عامل سوم ۱۳/۵۹ درصد از تغییرات صفات را توضیح می‌دهد و بزرگ‌ترین ضرایب عاملی آن متعلق به تعداد کپسول در شاخه اصلی، روز تا شروع گلدهی و روز تا شروع رسیدگی می‌باشد. با توجه به ضرایب بزرگی که این عامل برای صفات روز تا مراحل مختلف دارد، این عامل تحت عنوان خصوصیات فولوژیکی نام‌گذاری گردید. در عامل اول شناسایی شده توسط منصوری و همکاران (۲۵) نیز صفات تعداد روز تا گلدهی و تعداد روز تا رسیدگی اولین کپسول دارای ضرایب بالایی بودند و در یک عامل قرار گرفتند.

عامل چهارم ۹/۹۹ درصد از تغییرات صفات را توضیح می‌دهد و بزرگ‌ترین ضرایب عاملی آن متعلق به قطر کپسول و درصد روند می‌باشد. با توجه به ضرایب بزرگی که این عامل برای صفت درصد روند دارا می‌باشد، این عامل تحت عنوان عامل خصوصیات مغز بذر یا کیفیت نام‌گذاری گردید.

عامل پنجم ۷/۹۹ درصد از تغییرات صفات را توضیح می‌دهد و بزرگ‌ترین ضرایب عاملی آن متعلق به ارتفاعوته و ارتفاع اولین کپسول از سطح زمین می‌باشد. با توجه به ضرایب بزرگ عوامل مرتبط به ارتفاع در این عامل، این عامل تحت عنوان عامل ارتفاع نام‌گذاری گردید. در عامل دوم شناسایی شده توسط یول و همکاران (۲۵) نیز صفات تعداد کپسول در شاخه فرعی و عملکرد دانه دارای ضرایب بالایی بودند و در یک عامل قرار گرفتند.

تجزیه به عامل‌ها

نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد که شش عامل مشترک که دارای ریشه مشخصه بزرگ‌تر از یک بودند در مجموع ۸۲/۷۷ درصد از کل واریانس متغیرها را توجیه می‌کنند. نتایج تجزیه به عامل‌ها در جدول ۴ نشان داده شده است. در این جدول میزان واریانس هر عامل که نشان‌دهنده اهمیت آن عامل در نشان دادن بخشی از واریانس کل صفات مورد بررسی است به صورت درصد بیان شده است. میزان اشتراک بخشی از واریانس X_i (متغیر i ام) است که به عامل‌های مشترک مربوط می‌شود. عامل اول ۲۹/۹ درصد از تغییرات صفات‌ها را توضیح می‌دهد و بزرگ‌ترین ضرایب عاملی مثبت آن متعلق به عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه، تعداد شاخه فرعی، تعداد کپسول در شاخه‌های فرعی و تعداد کپسول‌هایی کبوته می‌باشد. با توجه به ضرایب بزرگی که این عامل برای عملکرد و اجزای آن داشت تحت عامل خصوصیات عملکرد و اجزای آن نام‌گذاری شد. در عامل سوم شناسایی شده توسط یول و همکاران (۲۵) نیز صفات تعداد کپسول در گیاه، تعداد شاخه فرعی و عملکرد دانه دارای ضرایب بالایی بودند و در یک عامل قرار گرفتند.

عامل دوم ۱۵ درصد از تغییرات صفات را توضیح می‌دهد و بزرگ‌ترین ضرایب عاملی آن متعلق به تعداد دانه در یک کپسول، وزن دانه یک کپسول، وزن یک کپسول و طول کپسول می‌باشد. با توجه به ضرایب بزرگی که این عامل برای

جدول ۴- نتایج تجزیه به عامل‌ها برای کلیه صفات مورد اندازه‌گیری

Table 4. Factor analysis results for all measured traits

| صفات | عامل اول | عامل دوم | عامل سوم | عامل چهارم | عامل پنجم | عامل ششم | عامل هفتم |
|--------------------------------|----------|----------|----------|------------|-----------|----------|-----------|
| عملکرد بیولوژیک | .۶۹* | .۱۴ | .۲۴ | .۲۳ | .۰۲ | -.۰۴ | |
| عملکرد دانه | .۹* | .۱۹ | -.۰۷ | -.۰۶ | .۰۸ | .۰۴ | |
| تعداد دانه در یک کپسول | .۰ | .۸۶* | -.۰۲ | .۰۵ | .۰۳ | -.۰۳۹ | |
| وزن دانه یک کپسول | -.۰۱ | .۸۸* | -.۰۴ | .۰۱ | -.۱۰ | .۰۲۸ | |
| وزن صد دانه | -.۰۳ | .۰۹ | -.۰۶ | .۰ | -.۱۷ | .۰۹۶* | |
| وزن یک کپسول | .۲۱ | .۸۵* | .۰۵ | .۳۴ | .۱۰ | .۱۴ | |
| طول کپسول | .۲۵ | .۶۱* | .۲۲ | -.۰۹ | .۱۹ | .۰۱ | |
| قطر کپسول | .۱۸ | .۴۵ | -.۰۳۶ | .۰۵۹* | .۱۱ | .۰۰۲ | |
| ارتفاع بوته | .۳۲ | .۲۹ | -.۰۴۴ | .۳۹ | .۵۴* | -.۰۰۷ | |
| ارتفاع اولین کپسول از سطح زمین | .۱۱ | .۰۹ | -.۰۰۵ | .۱۵ | .۸۶* | -.۰۱۸ | |
| تعداد شاخه فرعی | .۷۴* | .۰ | .۰۲ | -.۰۲۸ | .۲۶ | .۰۰۵ | |
| تعداد کپسول در شاخه‌های فرعی | .۹۴* | .۰۶ | .۰۲ | .۰۱ | .۱۰ | -.۰۰۲ | |
| تعداد کپسول در شاخه اصلی | .۴۷ | .۱۲ | -.۰۵۵* | .۳۴ | -.۰۳۸ | -.۰۲۲ | |
| تعداد کپسول‌های یک بوته | .۹۵* | .۰۸ | -.۰۱۵ | .۱۱ | -.۰۰۹ | -.۰۰۵ | |
| درصد رونگ | .۰۶ | .۰۵ | -.۰۲۷ | -.۰۸۴* | .۱۳ | .۰۰۱ | |
| روز تا شروع گلدهی | -.۰۰۴ | .۰۴ | .۰۱* | .۱۱ | .۰ | -.۰۱۲ | |
| روز تا شروع رسیدگی | .۲۴ | .۲۴ | .۰۶۸* | .۱۹ | -.۰۳۸ | .۰۱ | |
| مقدار ویژه | ۵/۰۸ | ۲/۵۷ | ۲/۳۱ | ۱/۷۰ | ۱/۳۶ | ۱/۰۵ | |
| درصد واریانس | ۲۹/۹۰ | ۱۵/۱۰ | ۱۳/۵۹ | ۹/۹۹ | ۷/۹۹ | ۶/۲۰ | |
| درصد تجمعی واریانس | ۲۹/۹۰ | ۴۵/۰ | ۵۸/۵۹ | ۶۸/۵۸ | ۷۶/۵۷ | ۸۲/۷۷ | |

خوشه سوم شامل ۳۰ ژنتیک بود که رقم یلووایت نیز در این گروه قرار گرفت که از لحاظ روز تا شروع گلدهی، طول کپسول، عرض کپسول، وزن یک کپسول و تعداد دانه در کپسول بیشترین مقدار را نسبت به میانگین این صفات در سایر خوشه‌ها به خود اختصاص داده بود. همچنین این خوشه از نظر تعداد شاخه‌های فرعی در بوته و وزن صد دانه کمترین مقدار را نسبت به میانگین این صفات در سایر خوشه‌ها به خود اختصاص داده بود.

خوشه چهارم شامل چهار ژنتیک بود که از لحاظ روز تا رسیدگی، تعداد کپسول در شاخه‌های فرعی، تعداد کپسول در بوته، وزن صد دانه و عملکرد دانه تک بوته بیشترین مقدار را به خود اختصاص داده بود و از لحاظ ارتفاع اولین کپسول از سطح زمین کمترین مقدار را به خود اختصاص داده بود. خوشه پنجم شامل چهار ژنتیک بود که از لحاظ ارتفاع بوته، ارتفاع اولین کپسول از سطح زمین، تعداد شاخه‌های فرعی در بوته و وزن یک بوته بیشترین مقدار را به خود اختصاص داده بود و از لحاظ روز تا شروع گلدهی، تعداد کپسول در شاخه اصلی، طول کپسول، عرض کپسول، وزن یک کپسول، تعداد دانه در کپسول، وزن دانه یک کپسول و درصد رونگ کمترین مقدار را به خود اختصاص داده بود.

نتایج تجزیه خوشه‌ای نشان داد که دسته‌بندی ژنتیک‌ها با توزیع جغرافیایی ژنتیک‌ها ارتباطی نداشتند و ارقام اکثراً براساس تقاضات‌های مورفوЛОژیکی گروه‌بندی شدند. هشت ژنتیک چینی در خوشه یک و سه، یک ژنتیک مصری در خوشه دو، دو ژنتیک مریبوط به شوروی سابق در خوشه یک و دو، یک ژنتیک مریبوط به گواتمالا در خوشه پنج، یک ژنتیک مریبوط به عراق در خوشه یک، شش ژنتیک مریبوط به ژاپن

عامل ششم ۶/۲ درصد از تغییرات صفات را توضیح می‌دهد و بزرگ‌ترین ضرایب عاملی آن متعلق به صفت وزن‌صد دانه می‌باشد و از آنجا که هر چقدر وزن دانه بیشتر باشد، دانه درشت‌تر و دارای قدرت جوانه‌زنی بیشتری خواهد بود از این رو این عامل تحت نام عامل قدرت جوانه‌زنی نام‌گذاری شد.

تجزیه خوشه‌ای

تجزیه خوشه‌ای براساس کلیه صفات با استفاده از روش وارد انجام شد و نهایتاً پنج گروه بر اساس دندروگرام حاصله انتخاب شدند (شکل ۱). برای مشخص شدن اندازه یک کپسول در صفات مورد بررسی در هر یک از گروه‌ها، میانگین هر گروه برای هر صفت و مقدار اختلاف آن از میانگین جامعه اصلی در همان صفت محاسبه شد (شکل ۲). بدین ترتیب هر جا که قدر مطلق میانگین صفت در یک گروه از میانگین کل جامعه در آن صفت بالاتر باشد، آن گروه ارزش بیشتری از نظر انتخاب والدین دارد (۱۶). نهایتاً دو گروهی که بیشترین فاصله را از هم داشته باشند، ژنتیک‌های آن گروه‌ها می‌توانند برای دستیابی به هتروزیس بیشتر بعنوان والدین تلاقي‌ها مدنظر قرار گیرند. خوشه یک شامل ۳۷ ژنتیک می‌شد. این خوشه از نظر روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، تعداد کپسول در شاخه فرعی، تعداد کپسول در بوته، وزن یک بوته و عملکرد دانه تک بوته کمترین مقدار را در بین خوشه‌ها به خود اختصاص داده بود (شکل ۲).

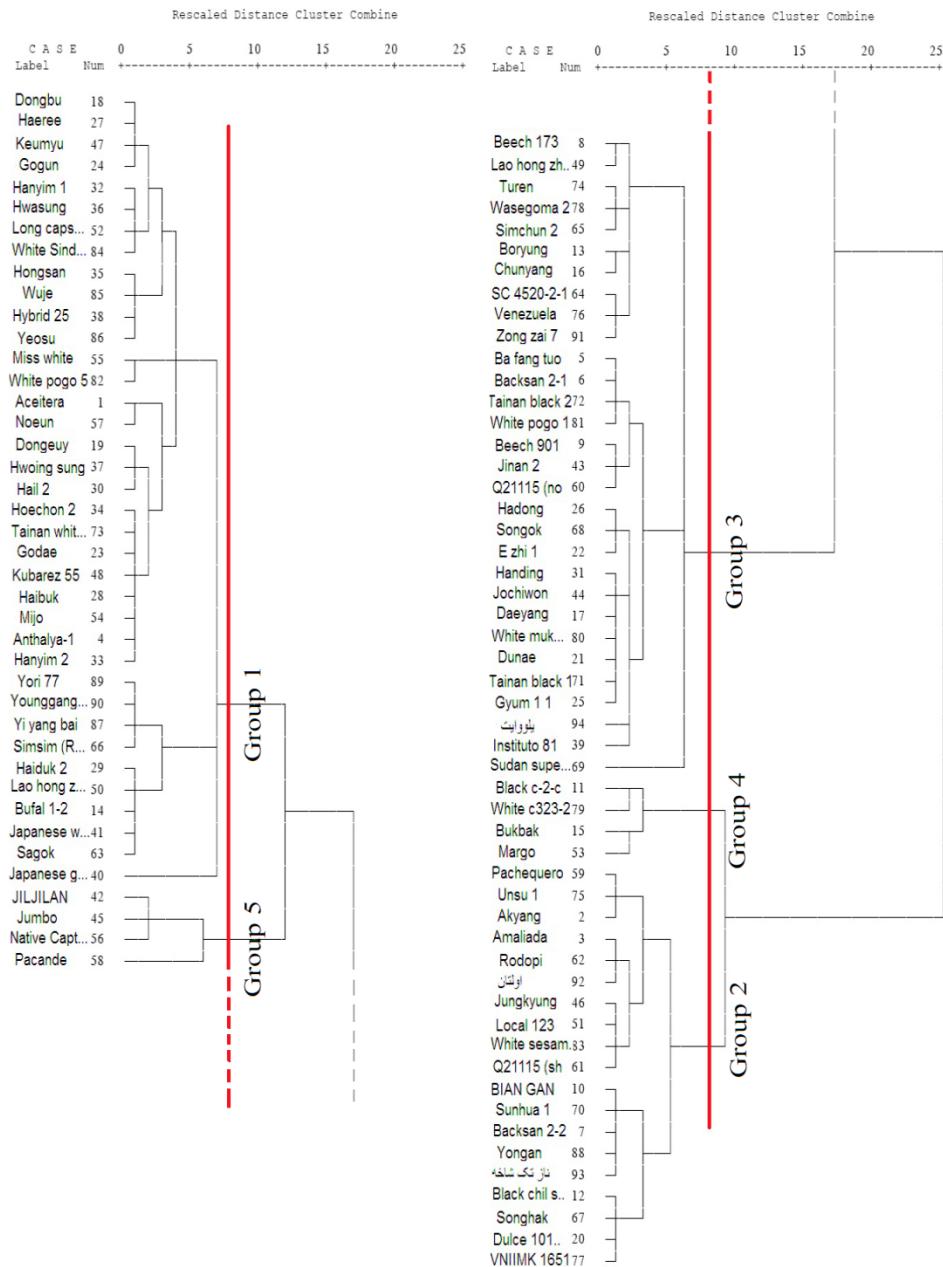
خوشه دوم شامل ۱۹ ژنتیک می‌شد که ارقام اولتان و ناز تک شاخه در این خوشه قرار گرفتند. این خوشه از لحاظ تعداد کپسول در شاخه اصلی و وزن دانه یک کپسول و درصد رونگ نسبت به میانگین این صفات در سایر خوشه‌ها بیشتر بود.

صفات در هر تابع می‌توان به اهمیت نسبی هر صفت در تمايز بین گروه‌ها پی برد، به عنوان مثال عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه، تعداد شاخه فرعی و تعداد کپسول در شاخه اصلی و شاخه‌های فرعی در این توابع بیشترین تاثیر را داشتند. صحت گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوش‌های توسط تابع تشخیص کانونی به روش خطی فیشر ۹۵/۷ درصد برآورد شد که نشان می‌دهد تابع تشخیص، تقسیم ژنوتیپ‌ها در پنج گروه به وسیله تجزیه خوش‌های را تایید می‌کند (جدول ۶ و شکل ۳). شفیعی خوش‌بندی و همکاران (۲۰) با بررسی ۴۹ ژنوتیپ لوپیای معمولی از نظر ۱۴ صفت، این ژنوتیپ‌ها را توسط تجزیه خوش‌های در ۴ گروه دسته‌بندی نمودند و با تابع تشخیص نشان دادند که تمامی ژنوتیپ‌های مورد بررسی به طور صحیحی گروه‌بندی شدند و میزان موققیت تابع تشخیص برای تمام گروه‌ها ۱۰۰ درصد بود. خدارحم پورومعتمدی (۱۲) با بررسی ۲۰ ژنوتیپ یونجه از لحاظ صفات مورفولوژیک و زراعی، توسط تجزیه خوش‌های آنها را درسه مطلب بود که ۱۰۰ درصد ژنوتیپ‌ها به گروه خود تعلق داشتند.

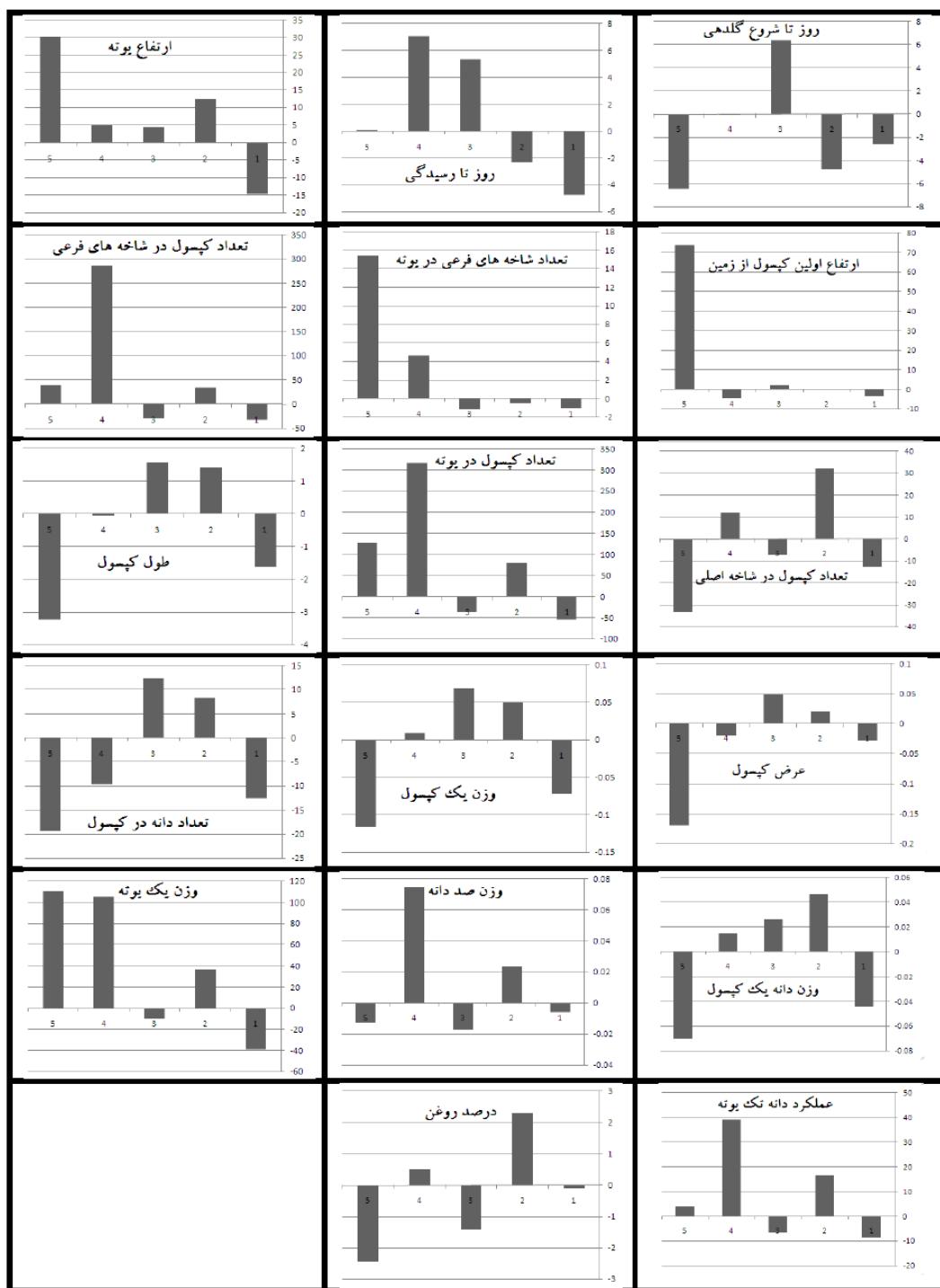
در خوش‌های یک، سه و پنج، ۴۴ ژنوتیپ مربوط به کره جنوبی در خوش‌های یک، دو و سه، یک ژنوتیپ مربوط به میانمار در خوشیه یک، دو ژنوتیپ مربوط به ترکیه در خوشیه یک، یک ژنوتیپ مربوط به آمریکا در خوشیه چهار، در نهایت یک ژنوتیپ مربوط به یمن در خوشیه پنج قرار گرفتند. اکبر و همکاران (۲) نیز با تجزیه خوشیه ۱۰۵ ژنوتیپ کنجد نتیجه‌گیری نمودند که دسته‌ها با توزیع جغرافیایی ژنوتیپ‌ها ارتباطی نداشتند.

تجزیه تابع تشخیص

در تجزیه خوش‌های برای کلیه صفات پنج گروه انتخاب شدند که توابع تشخیص برای گروه‌های بدست آمده در جدول ۵ ارائه شده است. همان‌گونه که در این جدول مشاهده می‌شود چهار تابع تشخیص حدوداً به میزان ۱۰۰ درصد از واریانس کلی را توضیح می‌دهند. از این رو می‌توان ارقام جدید را به گروه‌های مربوطه منتنسب کرد. با استفاده از ضرایب ارائه شده در این جدول می‌توان مقدار عددی را برای هر ژنوتیپ با توجه به صفات مربوطه به آن به دست آورد. از مقایسه این مقدار با مقادیر ارائه شده برای هر گروه و تابع تشخیص، می‌توان ژنوتیپ مذکور را به گروهی منتنسب کرد که کمترین فاصله را با آن داشته باشد. با توجه به ضرایب



شکل ۱ - دندروگرام حاصل از تجزیه خوشای ۹۴ ژنوتیپ کنجد
Figure 1. The dendrogram of cluster analysis of 94 sesame genotypes



شکل ۲- انحراف استاندارد هر خوشه از میانگین کل برای صفات مختلف

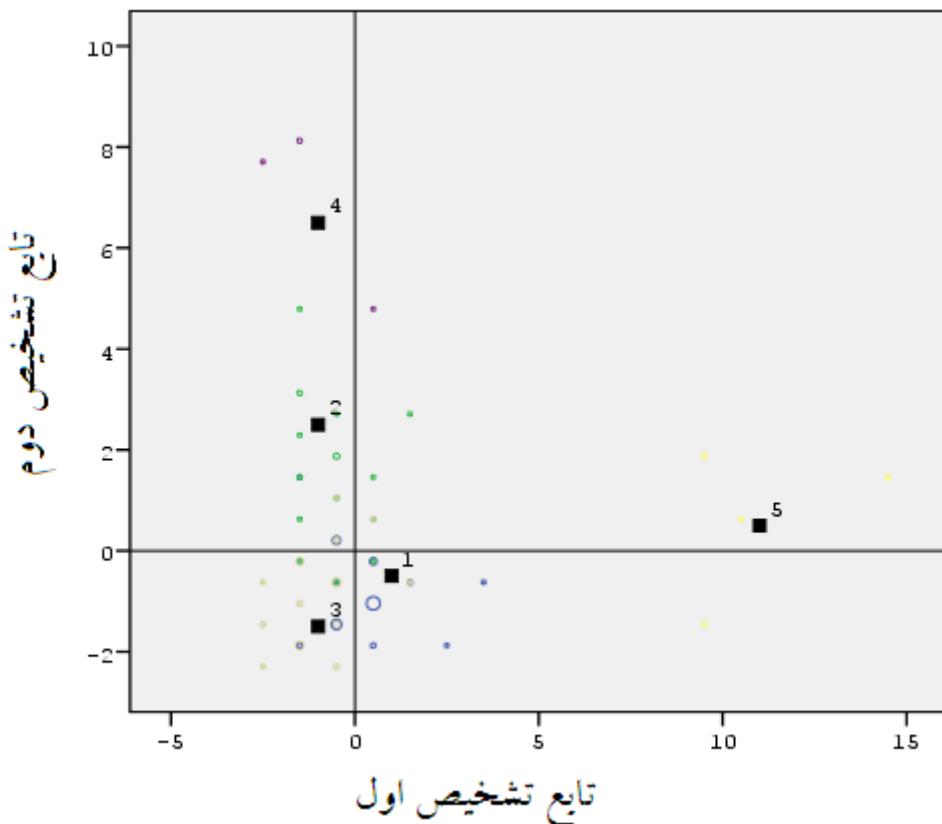
Figure 2. Standardized deviation of each group's mean from total mean

جدول ۵- ضرایب استاندارد شده صفات در توابع تشخیص به همراه مقادیر ویژه و درصد تبیین واریانس
Table 5. Standardized discriminant function coefficients of traits along with eigen value and percentage of variance determination

| صفات | تابع اول | تابع دوم | تابع سوم | تابع چهارم |
|--------------------------------|----------|----------|----------|------------|
| عملکرد بیولوژیک | .۰/۳۴ | -.۰/۱۵ | .۰/۲۳ | .۰/۶۵ |
| عملکرد دانه | -.۰/۰۶ | .۰/۳۱ | .۰/۴۳ | .۰/۱۸ |
| تعداد دانه در یک کپسول | .۰/۱۱ | -.۰/۲۲ | .۰/۴۶ | -.۰/۱۸ |
| وزن دانه یک کپسول | -.۰/۱۲ | .۰/۱۲ | .۰/۲۶ | .۰/۴۶ |
| وزن صد دانه | .۰/۴۳ | .۰/۱۲ | .۰/۲۲ | -.۰/۲۳ |
| وزن یک کپسول | -.۰/۵۱ | .۰/۱۴ | .۰/۱۵ | -.۰/۶۶ |
| طول کپسول | -.۰/۳۱ | -.۰/۲۵ | -.۰/۰۸ | .۰/۲۹ |
| قطر کپسول | .۰/۲۲ | .۰/۰۸ | .۰/۱۹ | -.۰/۱۵ |
| ارتفاع بوته | .۰/۳۷ | -.۰/۲۰ | .۰/۳۱ | -.۰/۲۳ |
| ارتفاع اولین کپسول از سطح زمین | -.۰/۰۶ | -.۰/۱۲ | .۰/۲۰ | .۰/۳۷ |
| تعداد شاخه فرعی | ۱/۲۸ | .۰/۲۰ | .۰/۳۳ | -.۰/۲۸ |
| تعداد کپسول در شاخه‌های فرعی | -.۰/۴۱ | .۰/۳۹ | -.۰/۷۵ | .۰/۰۴ |
| تعداد کپسول در شاخه اصلی | .۰/۲۵ | -.۰/۰۴ | .۰/۵۱ | .۰/۷۴ |
| تعداد کپسول‌های یک بوته | -.۰/۴۵ | .۰/۵۵ | -.۰/۱۷ | -.۰/۶۸ |
| درصد رون | .۰/۰۴ | .۰/۲۶ | .۰/۱۷ | .۰/۴۰ |
| روز تا شروع گلدهی | -.۰/۳۳ | .۰/۰۱ | .۰/۴۶ | -.۰/۳۵ |
| روز تا شروع رسیدگی | .۰/۲۲ | .۰/۰۴ | .۰/۱۴ | -.۰/۱۸ |
| مقدار ویژه | ۵/۹۹ | ۳/۲۶ | ۱/۹۳ | .۰/۸۴ |
| درصد واریانس | ۴۹/۴۳ | ۲۷/۷۲ | ۱۵/۹۳ | ۶/۹۲ |
| درصد تجمعی واریانس | ۴۹/۴۳ | ۷۷/۱۴ | ۹۳/۰۸ | ۱۰۰ |

جدول ۶- نتایج تابع تشخیص برای صحت گروه‌بندی ژنوتیپ‌های کنجد
Table 6. Discriminate function results for the accuracy of grouping of sesame genotypes

| گروه‌بندی | اعضای گروه | | | | | جمع کل |
|-----------|------------|-------|-------|-------|-----|--------|
| | ۱ | ۲ | ۳ | ۴ | ۵ | |
| مجموع | ۱ | ۳۶ | ۱ | ۰ | ۰ | ۳۷ |
| | ۲ | ۰ | ۱۸ | ۱ | ۰ | ۱۹ |
| | ۳ | ۱ | ۱ | ۲۸ | ۰ | ۳۰ |
| | ۴ | ۰ | ۰ | ۴ | ۰ | ۴ |
| | ۵ | ۰ | ۰ | ۰ | ۴ | ۴ |
| اصلی | ۱ | ۹۷/۳۰ | ۲/۷۰ | ۰ | ۰ | ۱۰۰ |
| | ۲ | ۰ | ۹۴/۷۴ | ۵/۲۶ | ۰ | ۱۰۰ |
| | ۳ | ۳/۲۳ | ۳/۳۳ | ۹۳/۳۳ | ۰ | ۱۰۰ |
| | ۴ | ۰ | ۰ | ۱۰۰ | ۰ | ۱۰۰ |
| | ۵ | ۰ | ۰ | ۰ | ۱۰۰ | ۱۰۰ |
| درصد | ۱ | ۹۷/۳۰ | ۲/۷۰ | ۰ | ۰ | ۱۰۰ |
| | ۲ | ۰ | ۹۴/۷۴ | ۵/۲۶ | ۰ | ۱۰۰ |
| | ۳ | ۳/۲۳ | ۳/۳۳ | ۹۳/۳۳ | ۰ | ۱۰۰ |
| | ۴ | ۰ | ۰ | ۱۰۰ | ۰ | ۱۰۰ |
| | ۵ | ۰ | ۰ | ۰ | ۱۰۰ | ۱۰۰ |



شکل ۳- گروه‌بندی ژنتیپ‌های مختلف بر اساس تابع تشخیص
Figure 3. Grouping different genotypes based on discriminant function

که باستی از تکنیک تلاقی استفاده شود یا اگر محقق دسترسی به منابع ژنی مطلوب ندارد به دنبال تکنیک‌های دیگر مثل موتاسیون باشی بود. اجمالاً ژنتیپ‌های Margo، Q21115 (shattering Black chil sung Bukbak selection) و Jungkyung پتانسیل خوبی برای افزایش عملکرد دانه داشته و از آنها می‌توان در برنامه‌های آتی اصلاحی استفاده نمود.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله از موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر به خاطر تامین هزینه‌های این پژوهه (طرح پژوهشی ۹۵۱۲۷-۰۳-۰۴-۰۲) صمیمانه تشکر و قدردانی می‌گردد.

به طور کلی در بین ژنتیپ‌های مورد بررسی از نظر اکثر صفات مورد بررسی تفاوت قابل ملاحظه‌ای وجود داشت که این خود نشان از کارایی مطلوب ژنتیپ‌های مورد مطالعه از نظر اهداف اصلاحی می‌باشد که می‌توان از این پتانسیل برای اصلاح عملکرد دانه کنجد استفاده نمود. تنوع ژنتیکی در انتخاب والدین برای برنامه‌های تلاقی به منظور شناسایی تلاقی‌های و بدست آوردن نوادری‌های مطلوب در نسل‌های در حال تفرق بسیار با اهمیت است. اهمیت و جایگاه این گونه بررسی‌ها که پایه و اساس برنامه‌های بعدی اصلاح نبات می‌باشد از آن جهت است که برای اصلاح گر مشخص می‌کند که آیا در بانک ژن خود ژنتیپ مطلوبی برای صفت مدنظر خود دارد یا خیر. پاسخ به این سوال مشخص کننده این است

منابع

- Arriel, N.H.C., A.O.D. Mauro, E.F. Arriel, S.H.U. Trevisoli, M.M. Costa, I.M. Barbaro and F.R.S. Muniz. 2007. Genetic divergence in sesame based on morphological and agronomic trait. *Crop breeding and applied biotechnology*, 7: 253-261.
- Akbar, F., M.A. Rabbani, Z.K. Shinwari and S.J. Khan. 2011. Genetic divergence in sesame (*Sesamum indicum* L.) landraces based on qualitative and quantitative traits. *Pakistan Journal of Botany*, 43(6): 2737-2744 (In Persian).
- Ashoka, V.R.P., S.M. Reddy, A.R.G. Ranganath and A. Dhanraj. 2001. Genetic variability and heritability for seed yield and its components in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Journal of oilseed research*. Oil seed Res, 18: 173-175.
- Bedigian D. and R. Harlan. 1986. Evidence for the cultivation of sesame in the ancient world. *Economic Botany*, 40: 137-154.
- Bedigian, D., C. Smyth and J. Harlan. 1986. Patterns of morphological variation in sesame. *Economic Botany*, 40: 353-365.
- Biabani, A.R. and H. Pakniyat. 2008. Evaluation of Seed Yield-Related Characters in Sesame (*Sesamum indicum* L.) Using Factor and Path Analysis. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 11: 1157-1160 (In Persian).
- Bisht, I.S., R.K. Mahajan, T.R. Lokuthan and R.C. Agrawal. 1998. Diversity in Indian sesame collection and stratification of germplasm accessions in different diversity groups. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 5: 325-335.
- Falconer, D.S. and T.F.C. Mackey. 1996. Introduction to quantitative genetics. Longman Group Ltd. Harlow, UK, 187-246.
- FAO. 2014. FAOSTAT. Food and agricultural commodities production. Available at <http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx>. FAO.
- Furat, S. and B. Uzun. 2010. The use of agro-morphological characters for the assessment of genetic diversity in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Plant Omics Journal*, 3: 85-91.
- Geleta, M., T. Bryngelsson and E. Bekel. 2008. Assessment of genetic diversity of *Guizotia abyssinica* (L.f.) Cass. (Asteraceae) from Ethiopia using amplified fragment length polymorphism. *Plant Genetic Resources Characterization Utilization*, 6: 41-51.
- Khodarahmpour, Z. and M. Motamedi. 2016. Study of Genetic Diversity of Alfalfa (*Medicago sativa* L.) Genotypes Via Multivariate Analysis. *Journal of Crop Breeding*, 19: 163-169.
- Krishnaiah, G., K.R. Reddy and M.R. Sekhar. 2002. Variability studies in sesame. *Crop Research*, 24: 501-504.
- Kumar, P.S., R. Sundararajan, P. Thangavel, P. Karuppiah and J. Ganeshan. 2002. Variability studies in the second generation of inter varietal crosses in Sesame (*Sesamum indicum* L.). *Sesame and safflower Newsletter*, 17: 36-39.
- Mansouri, S., M.S. Najafabadi, M. Esmailov and M. Aghaee. 2014. Functional Factor Analysis In Sesame Under Water-Limiting Stress: New Concept On an Old Method. *Plant Breeding and Seed Science*, 70(1): 91-104 (In Persian).
- Masoudi, B., M. Bihamta, H. Babaei and S. Peyghambari. 2008. Evaluation of Genetic Diversity for Agronomic, Morphological and Phenological Traits in Soybean. *Seed and Plant Improvement Journal*, 24(3): 413-427 (In Persian).
- Mkamilo, G.S. and D. Bedigian. 2007. *Sesamum indicum* L. In H.A.M. van der Vosse and G.S. Mkamilo, eds. *Vegetable Oils*. Plant Resources of Tropical Africa [PROTA], 14: 153-158.
- Navale, P.A., C.A. Nimbalkar and H.T. Gandhi. 2001. Genetic divergence in sesame. *Journal of Maharashtra Agricultural Universities*, 26: 144-146.
- Salehi, M. and G. Saeidi. 2012. Genetic Variation of Some Agronomic Traits and Yield Component in Breeding Lines of Sesame. *Jcb*, 4(9): 77-92 (In Persian).
- ShafieeKhorshidi, 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*, 10:1-17.
- Sharma, B.D. and D.K. Hore. 1993. Multivariate analysis of divergence in upland rice. *Journal of Agricultural Science*, 63: 515-517.
- Siva Prasad, Y.V.N., M.S.R. Krishna and V. Yadavalli. 2013. Correlation, path analysis and genetic variability for economical characteristics in F2 and F3 generations of the cross AVT 3× TC 25 in Sesame (*Sesamum indicum* L.). *Journal of Environmental and Applied Bioresearch*, 1(2): 14-18.
- Sivaprasad, Y.V.N. and V. Yadavalli. 2012. Correlation, path analysis and genetic variability in F2 and F3 generations of cross Padma × JLSV 4 in sesame (*Sesamum indicum* L.). *International Journal of Applied Agricultural Sciences*, 2: 311-314.
- Trehan, K.B., A.V. Rao, S.K. Mehta, H. Chand, H.N. Sharma and S.K. Baijal. 1974. Genetic divergence in sesame. *International Journal of Applied Agricultural Sciences*, 44: 208-212.
- Yol, E., E. Karaman, S. Furat and B. Uzun. 2010. Assessment of selection criteria in sesame by using correlation coefficients, path and factor analyses. *Australian Journal of Crop Science*, 4(8): 598.

Evaluation of Genetic Diversity of Agronomic and Morphological Traits of Sesame Genotypes

Bahram Masoudi¹ and Mehrzad Ahmadi²

1- Assistant Professor and expert, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran, (Corresponding Author: bmasoudi@gmail.com)

2- Expert, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

Received: June 20, 2018

Accepted: June 26, 2019

Abstract

Success in a breeding program and selection programs depends on two factors of genetic diversity and effective selection of desirable genotypes. Therefore, studying the genetic diversity for traits and the use of this diversity is important for genetic improvement of the traits. In order to study the genetic diversity of yield and its components and some of the morphological and phonological traits, and to identify the important factors affecting yield, 91 new imported sesame genotypes with 3 checks (Naztakshakhe, Oltan and Yellow-white) were studied in an augmented design and six blocks in Seed and Plant Improvement Research Institute, Karaj, Iran, in 2016. The studied genotypes showed good diversity for most of the traits, because the studied genotypes were from different geographic regions. Traits of number of capsules per branch, seed yield per plant, number of branches and total number of capsules per plant had the highest phenotypic variation coefficient. The results of factor analysis showed that six factors explained 82.7% of the data variation. These factors were named according to the traits that were included under the titles of performance characteristics and its components, capsule characteristics, phonological properties, seed quality characteristics, height factor and germination strength factor. The evaluated genotypes were classified into five groups based on cluster analysis for all evaluated traits. The results of cluster analysis showed that the grouping of genotypes were not related to geographical distribution of genotypes and most genotypes were grouped based on morphological differences. Canonical Discriminate Function via Fisher's linear method was able to confirm 95.7 percent of the validity of clustering analysis result. The four functions explained about 100% of variances among genotypes. In general, it can be concluded that new imported genotypes of sesame have a good variation for most traits and this variety can be used in breeding programs. In summary, Margo, Bukbak, Black chil sung, Q21115 (shattering selection) and Jungkyung genotypes have a good potential for increasing grain yield and can be used in future breeding programs.

Keywords: Cluster analysis, Discriminate function analysis, Diversity, Factor analysis, Sesame