Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 16, Issue 1, 2024 p: 46-60

OPEN ACCESS

Research Paper

Genetic Diversity of Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) Genotypes based on Yield and Morpho-Physiological Traits

Leila Fahmideh[1], Amir Rajabi[2], Ali Dehestani[3] and Sarah Khorasaninejad[4]

1- Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Plant Production Faculty, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran,
(Corresponding author: l.fahmideh@gau.ac.ir)
2- Graduated Ph.D. in plant biotechnology and a member of the National Elite Foundation of Iran
3- Assistant Professor, Genetics and Agricultural Biotechnology Institute of Tabarestan, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Sari, Iran
4- Associate Professor, Department of Horticultural Sciences and Green Space Engineering, Plant Production Faculty, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran

Received: 20 June, 2023 Accepted: 9 September, 2023

Extended Abstract

Background: Tomato (*Solanum lycopersicum*) is one of the most important economic and widely used crops in horticulture, as well as a self-fertilizing and diploid plant with 24 pairs of chromosomes (2n = 2x = 24). The life cycle of this plant is one year, and it is cultivated in greenhouses and fields. There are many varieties of tomatoes that differ from each other in terms of plant growth, quality, fruit shape, and other traits. The tomato fruit has a high nutritional value, consisting of minerals, vitamins, fibers, citric acid, β-Carotene, and ascorbic acid. Diversity and selection are the two main pillars of any improvement program, and selection is based on the existence of desirable diversity in the target plants for improvement. To produce varieties of tomatoes with high productivity, quality, and resistance, breeders need the evaluation of genetic diversity, identification, and introduction of new genotypes. In other words, the systematic study and evaluation of germplasm is of great importance for current and future agronomic and genetic improvement of the crop. Different methods are used to estimate genetic diversity and group genotypes, and the evaluation of morphological and physiological traits can be considered the first step in the investigation of genetic diversity. Different genotypes of tomatos differ in terms of morphological and physiological traits, and fruit yield is influenced by some of these traits. Therefore, the selection of criteria with more stability than fruit yield can be considered a selection guide in selecting desirable cultivars. Accordingly, this study aimed to investigate the genetic diversity and grouping of 53 tomato genotypes based on morphological and physiological traits.

Methods: In the present study, 53 genotypes of tomato plants were investigated using a randomized complete block design with three replications under greenhouse conditions at the Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources. The seeds were disinfected and sown in pots, followed by sampling of the seedlings. Morphological traits, such as plant height, stem diameter, fresh and dry weights of the plant, the number of side branches, the number of leaves, root length, shoot fresh and dry weights, fresh and dry weights of roots, fruit number, fruit yield, and physiological traits including proline content, photosynthetic pigments (chlorophylls a and b, total chlorophyll, and carotenoid), and total phenolic and flavonoid compounds, were measured in the samples. The obtained data were subjected to the analysis of variance (ANOVA), mean comparison, correlation coefficient, factor analysis, and cluster analysis using suitable software.

Results: The results of ANOVA showed that the difference of the studied genotypes in all traits, except for proline content, was significant at the probability level of 1%. The estimation of the correlation coefficients between the studied traits indicated significant correlations between most of the studied traits and fruit yield. Further, the results of factor analysis showed that six factors explained more than 77% of the total variance, and the contributions of the first to sixth factors were 24, 18, 14, 9, 7, and 6% of the total changes, respectively. For better interpretation, larger factor coefficients for each factor were considered significant. The factors were named because the largest factor coefficients among the coefficients of each factor indicate the trait(s) that plays the greatest role in those factors. Thus, the first, second, third, fourth, fifth, and sixth factors were named the fruit yield, photosynthesis, phenolic, root weight,

Copyright ©2024 Fahmideh 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.

proline, and stem diameter factors, respectively. Based on the results of the cluster analysis, the genotypes were significantly different in the measured morphological and physiological traits, and they were placed in three different groups, each of which contained 30, 19, and 4 genotypes, respectively. The genotypes in the third group were superior to the other groups in terms of the studied traits.

Conclusion: Based on the analysis, the genotypes were significantly different in terms of the measured traits. This indicates a suitable diversity among the studied genotypes, hence selection is possible based on these traits among the studied genotypes, and the selection can be effective in their improvement programs. Estimating the phenotypic correlation coefficients revealed that the fruit yield trait had the most positive and significant correlation with the number of fruits and the amount of photosynthetic pigments. Therefore, these traits can be considered in genetic improvement programs for tomato fruit yield. The average of most traits studied for the genotypes belonging to the third cluster (13, 15, 45, and 46) was higher than the total average, and the mentioned genotypes were excellent in terms of developmental and physiological parameters compared with the other genotypes. Therefore, the top genotypes identified in this research can be used in future breeding studies on this valuable plant.

Keywords: Cluster Analysis, Fruit Yield, Morphological Characteristics, Phenolic and Flavonoid Compounds, Photosynthetic Pigments, Tomato

How to Cite This Article Fahmideh, L., Rajabi, A., Dehestani, A., & Khorasaninejad, S. (2024). Genetic Diversity of Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) Genotypes based on Yield and Morpho-Physiological Traits. *J Crop Breed*, 16(1), 46-60. DOI: 10.61186/jcb.16.49.46

مقاله پژوهشی

بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گوجه‌فرنگی (*Solanum lycopersicum*) براساس عملکرد و صفات مورفوفیزیولوژیک

لیلا فهمیده[۱]، امیر رجبی[۲]، علی دهستانی[۳] و سارا خراسانی‌نژاد[۴]

۱- دانشیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران، (نویسنده مسوول: l.fahmideh@gau.ac.ir)
۲- دانش‌آموخته دکتری بیوتکنولوژی گیاهی و عضو بنیاد ملی نخبگان
۳- استادیار پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، ساری، ایران
۴- دانشیار، گروه مهندسی علوم باغبانی و فضای سبز، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۳/۳۰ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۶/۱۸
صفحه: ۴۶ تا ۶۰

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: گوجه‌فرنگی (*Solanum lycopersicum*) یکی از محصولات مهم اقتصادی و پرمصرف در باغبانی، گیاهی خودگشن و دیپلوئید بوده و ۲۴ جفت کروموزوم (2n=2x=24) دارد. دوره زندگی این گیاه یک‌ساله بوده و به‌صورت گلخانه‌ای و زراعی کشت می‌شود. گوجه‌فرنگی دارای واریته‌های بسیار زیادی است که از نظر رشد گیاه، کیفیت، شکل میوه و دیگر صفات با یکدیگر متفاوت هستند. میوه گوجه‌فرنگی دارای ارزش غذایی بالا، متشکل از مواد معدنی، ویتامین‌ها، فیبرها، اسیدسیتریک، بتا کاروتن و آسکوربیک اسید است. تنوع و انتخاب دو رکن اصلی هر برنامه اصلاحی است و انجام انتخاب منوط به وجود تنوع مطلوب در مواد اصلاحی مورد بررسی می‌باشد. برای تولید انواع گوجه‌فرنگی با بهره‌وری، کیفیت و مقاومت بالا، پرورش‌دهندگان نیاز به ارزیابی تنوع ژنتیکی، شناسایی و معرفی ژنوتیپ‌های جدید دارند. به‌عبارت دیگر مطالعه و ارزیابی سیستماتیک ژرم‌پلاسم برای بهبود زراعی و ژنتیکی محصول در حال و آینده از اهمیت زیادی برخوردار است. از روش‌های متفاوتی برای تخمین تنوع ژنتیکی و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها استفاده می‌شود که می‌توان ارزیابی ویژگی‌های مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی را اولین گام جهت بررسی تنوع ژنتیکی دانست. ژنوتیپ‌های مختلف گوجه‌فرنگی از لحاظ صفات مورفولوژیک و فیزیولوژیک با هم متفاوتند و عملکرد میوه تحت تأثیر تعدادی از این صفات است. لذا گزینش معیارهای دیگری غیر از عملکرد میوه که دارای ثبات بیشتری نسبت به عملکرد میوه باشند، می‌تواند در انتخاب ارقام مطلوب به‌عنوان راهنمای گزینش در نظر گرفته شود. بر همین اساس این پژوهش با هدف بررسی تنوع ژنتیکی و گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گوجه‌فرنگی (۵۳ ژنوتیپ) براساس صفات مورفولوژیک و فیزیولوژیک انجام شد.

مواد و روش‌ها: در این پژوهش ۵۳ ژنوتیپ گیاه گوجه‌فرنگی بر پایه طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در شرایط گلخانه و در دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان بررسی شدند. پس از ضدعفونی و کشت بذرها در گلدان، نمونه‌برداری از گیاهچه‌ها انجام گرفت و در ادامه برخی صفات مورفولوژیکی نظیر ارتفاع بوته، قطر ساقه، وزن تر و خشک بوته، تعداد شاخه جانبی، تعداد برگ، طول ریشه، وزن تر و خشک اندام هوایی، وزن تر و خشک ریشه، تعداد میوه، میزان عملکرد میوه و همچنین برخی صفات فیزیولوژیکی شامل محتوی پرولین، میزان رنگیزه‌های فتوسنتزی (شامل کلروفیل a، کلروفیل b، کلروفیل کل و کاروتنوئید)، ترکیبات فنل کل و فلاونوئید مورد اندازه‌گیری قرار گرفتند. در ادامه داده‌های حاصله با استفاده از نرم‌افزارهای مناسب مورد تجزیه واریانس، مقایسه میانگین، ضریب همبستگی، تجزیه به عامل‌ها و تجزیه خوشه‌ای قرار گرفتند.

یافته‌ها: پس از تجزیه و تحلیل داده‌ها، نتایج تجزیه واریانس نشان داد که اختلاف ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر تمامی صفات به غیر از صفت پرولین در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود. برآورد ضرایب همبستگی بین صفات مورد مطالعه نشان داد که بین اغلب صفات مورد مطالعه با عملکرد میوه همبستگی معنی‌داری وجود داشت. در ادامه نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد که ۶ عامل بیش از ۷۷ درصد از واریانس کل را توجیه کردند، به‌نحوی که سهم عامل‌های اول تا ششم به‌ترتیب ۲۴، ۱۸، ۱۴، ۹، ۷ و ۶ درصد از تغییرات کل بود. برای تفسیر بهتر، ضرایب عاملی بزرگتر در هر عامل، به‌عنوان ضرایب عاملی معنی‌دار در نظر گرفته شد. از آنجاکه بزرگترین ضرایب عاملی در میان ضرایب هر عامل، نشان دهنده صفت یا صفاتی هستند که بیشترین نقش را در آن عامل‌ها دارند، بر همین اساس عوامل نام‌گذاری شدند. به این ترتیب عامل اول به‌عنوان عامل عملکرد میوه، عامل دوم به‌عنوان عامل فتوسنتز، عامل سوم به‌عنوان عامل فنلی و عامل چهارم به‌عنوان عامل وزن ریشه، عامل پنجم به‌عنوان عامل پرولین و عامل ششم به‌عنوان عامل قطر ساقه نام‌گذاری گردید. براساس نتایج تجزیه خوشه‌ای مشاهده شد که ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی اندازه‌گیری شده به‌طور قابل‌توجهی متفاوت هستند و در ۳ گروه مختلف قرار گرفتند که هرکدام از گروه‌ها به‌ترتیب دارای ۳۰، ۱۹ و ۴ ژنوتیپ بود و ژنوتیپ‌های موجود در گروه سوم از لحاظ صفات مورد مطالعه نسبت به بقیه گروه‌ها برتری داشتند.

نتیجه‌گیری: در مجموع بر اساس تجزیه و تحلیل‌های انجام شده مشخص شد که ژنوتیپ‌ها از نظر صفات اندازه‌گیری شده به‌طور قابل‌توجهی متفاوت بودند. این مطلب بیانگر وجود تنوع مناسب در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بوده و گزینش براساس این صفات در میان ژنوتیپ‌های مورد مطالعه امکان‌پذیر بوده و در برنامه‌های اصلاحی آن‌ها، انتخاب می‌تواند مؤثر باشد. با برآورد ضرایب همبستگی فنوتیپی مشخص شد که صفت عملکرد میوه بیشترین همبستگی مثبت و معنی‌دار را با تعداد میوه و میزان رنگیزه‌های فتوسنتزی داشت، بنابراین این صفات می‌توانند در برنامه‌های بهبود ژنتیکی عملکرد میوه گوجه‌فرنگی مورد توجه قرار گیرند. با توجه به اینکه میانگین اکثر صفات مطالعه شده برای ژنوتیپ‌های متعلق به خوشه سوم (۱۳، ۱۵، ۴۵ و ۴۶) از میانگین کل بیشتر بود و ژنوتیپ‌های مذکور از نظر پارامترهای رشدی و فیزیولوژیکی نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برتر بودند، لذا ژنوتیپ‌های برتر مشخص شده در این پژوهش می‌توانند در مطالعات آتی اصلاحی در این گیاه ارزشمند مورد توجه و استفاده قرار بگیرند.

واژه‌های کلیدی: گوجه‌فرنگی، تجزیه کلاستر، ترکیبات فنل کل، خصوصیات مورفولوژیکی، رنگیزه‌های فتوسنتزی، عملکرد میوه

مقدمه

گوجه‌فرنگی (*Solanum lycopersicum*) یکی از گیاهان مهم زراعی-باغی از خانواده سولاناسه در ایران و سرتاسر جهان است (Tomer and Diwivedi, 2020) که از آمریکای جنوبی منشأ گرفته است (Díez and Nuez, 2008). میوه گوجه‌فرنگی دارای ارزش غذایی بالا و متعادل متشکل از مواد معدنی، ویتامین‌ها، فیبرها، اسیدسیتریک، بتا کاروتن و آسکوربیک اسید است (Shokat *et al.*, 2013). مساحت زیر کشت این گیاه تجاری در کل جهان حدود ۳/۷ میلیون هکتار اعلام گردیده و میزان تولید آن ۱۸۰۷۶۶۳۲۹ تن برآورد شده است (FAO, 2021). استان‌های یزد (۲۲۹ هزار تن)، گلستان (۱۷۶ هزار تن)، مرکزی (۸۸ هزار تن) و

بوشهر (۷۳ هزار تن) به‌ترتیب رتبه‌های اول تا چهارم در تولید گلخانه‌ای گوجه‌فرنگی می‌باشند. پس از ذرت علوفه‌ای و گندم، گوجه‌فرنگی بیشترین میزان تولید محصولات زراعی در سال ۹۸-۱۳۹۷ را در کشور داشته که حدود ۹/۲ درصد از کل تولید زراعی کشور است (Ahmadi *et al.*, 2018).

تنوع و انتخاب دو رکن اصلی هر برنامه اصلاحی بوده و انجام انتخاب منوط به وجود تنوع مطلوب در مواد اصلاحی مورد بررسی می‌باشد (Mwirigi *et al.*, 2009). به‌منظور جلوگیری از فرسایش ژنتیکی (کاهش منابع ژنتیکی)، حفظ ژرم‌پلاسم، مدیریت کلکسیون گیاهی، آگاهی از تنوع ژنتیکی جهت تجزیه ژنتیکی صفات و انتخاب روش اصلاحی استفاده از صفات مرتبط با عملکرد با توارث‌پذیری بالا جهت بهبود عملکرد با توجه به پیچیدگی این صفت، بررسی تنوع ژنتیکی ضروری است (Huh *et al.*, 2011).

انعطاف‌پذیری ژنتیکی جمعیت‌های گیاهی، بروز تنوع در آن‌ها را امکان‌پذیر ساخته است به‌طوری‌که تحت تاثیر نیروی تکامل، در مناطق جغرافیایی مختلف جمعیت‌هایی از یک گونه به‌وجود می‌آیند که از نظر فعالیت‌های نموی، فیزیولوژیکی، شیمیایی، گیاه‌شناسی و در نهایت ژنتیکی متمایزند. بنابراین، در صورت وارد کردن یک ژنوتیپ به صنعت، هر سازوکاری که در نظر گرفته شود اعم از اهلی کردن (در مورد جمعیت‌های وحشی) و یا اصلاح (انواع کشت شده) نیازمند به بررسی ژنتیکی، شناسایی هویت و گروه‌بندی گونه‌های موردنظر است تا مواد اولیه با امنیت، پایداری و کارایی مناسب تأمین شود. برای تولید انواع گوجه‌فرنگی با بهره‌وری بالا، کیفیت خوب و مقاومت عالی، پرورش‌دهندگان نیاز به ارزیابی تنوع ژنتیکی، شناسایی و معرفی ژنوتیپ‌های جدید دارند به‌عبارت دیگر مطالعه و ارزیابی سیستماتیک ژرم‌پلاسم برای بهبود زراعی و ژنتیکی محصول در حال و آینده از اهمیت زیادی برخوردار است (Reddy *et al.*, 2013).

اولین قدم برای شروع هر برنامه به‌نژادی، آگاهی از میزان و وضعیت تنوع گیاه موردنظر است (Richards, 2011). برای شناسایی و تخمین تنوع ژنتیکی گیاهان، می‌توان از روش‌های مختلفی از جمله مارکرهای مورفولوژیکی، فیزیولوژیکی استفاده کرد. از مارکرهای مورفولوژیکی برای مطالعه تنوع ژنتیکی در بسیاری از گونه‌های گیاهی استفاده شده است و از ویژگی‌های تشخیصی مهم برای تمایز ژنوتیپ‌ها هستند و این پارامترها به‌طور گسترده‌ای برای ارزیابی تنوع ژنتیکی، ارزش تولید و پتانسیل عملکرد محصول استفاده شده است (Osei *et al.*, 2014). ویژگی‌های مورفولوژیکی اولین گام برای ارزیابی تنوع ژنتیکی است و همچنین برای نگهداری و حفظ منابع ژنتیکی ضروری است (Figàs et al., 2015).

استفاده از روش‌های تجزیه و تحلیل چند متغیره برای طبقه‌بندی ژرم‌پلاسم و تجزیه و تحلیل روابط ژنتیکی موجود بین مواد اصلاحی امری الزامی می‌باشد (Mohammadi and Prasanna, 2003). از روش‌های چند متغیره اغلب تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مولفه‌های اصلی و تجزیه به عامل‌ها برای برآورد تنوع ژنتیکی استفاده می‌شود (Yazdizadeh *et al.*, 2022). این روش‌ها حداقل در دو مورد می‌تواند به به‌نژادگر کمک نماید. یکی پیدا کردن گروه‌های واقعی افراد براساس تشابه ژنتیکی بین آنها و دیگر کاهش داده‌ها و انتخاب افراد محدودی از هر گروه یا دسته (Jobson, 1992).

ژنوتیپ‌های مختلف گوجه‌فرنگی از لحاظ صفات مورفولوژیک و فیزیولوژیک با هم متفاوتند و عملکرد میوه تحت تأثیر تعدادی از این صفات است (Mazzucato *et al.*, 2008) لذا گزینش معیارهای دیگری غیر از عملکرد میوه که دارای ثبات بیشتری نسبت به عملکرد میوه هستند می‌تواند در انتخاب ارقام مطلوب به‌عنوان راهنمای گزینش در نظر گرفته شود. روش‌های متفاوتی برای تخمین تنوع ژنتیکی (مانند نشانگرهای مولکولی، مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی) و گروه‌بندی به‌کار می‌رود که از جمله مطالعات متعددی که با استفاده از نشانگرهای مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی روی گوجه‌فرنگی انجام شده است می‌توان به موارد زیر اشاره کرد.

در مطالعه‌ای پژوهشگران به بررسی روابط بین عملکرد میوه و اجزای آن در ۱۶ ارقام مختلف گوجه‌فرنگی با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره پرداختند. نتایج آنها مشخص نمود که عملکرد میوه با صفات ارتفاع بوته، تعداد برگ، محتوای کلروفیل و تعداد میوه همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت. همچنین ماتریس تشابه اقلیدوسی با الگوریتم UPGMA ارقام گوجه‌فرنگی را به دو گروه دسته‌بندی کردند (Ghorbanpour *et al.*, 2018).

در تحقیقی که به‌منظور ارزیابی ۱۴ ارقام مختلف گوجه‌فرنگی انجام دادند، گزارش نمودند که ارقام مختلف از لحاظ همه شاخص‌های مورفولوژیک، فیزیولوژیک و آنتی‌اکسیدانی به‌جز صفات وزن تر و ارتفاع بوته دارای اختلاف معنی‌دار بودند (Jahan Tigh Haghighi *et al.*, 2018). در یک بررسی، کراستوا و همکاران (Krasteva *et al.*, 2010) تنوع ژنتیکی بین ۴۹ سویه محلی گوجه‌فرنگی را مورد مطالعه قرار دادند و بر اساس ۱۸ شاخص کمی، سویه‌ها را در پنج گروه طبقه‌بندی نمودند. همچنین هناره و همکاران با بررسی تنوع ژنتیکی روی ۹۷ ژنوتیپ گوجه‌فرنگی، تنوع زیادی را در بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورفولوژیکی گزارش نمودند. همچنین تجزیه و تحلیل کلاستر با استفاده از روش وارد، این ژنوتیپ‌ها را به پنج گروه تفکیک نمود (Henareh *et al.*, 2015).

در پژوهشی تنوع مورفولوژیکی-زراعی برخی از ارقام گوجه‌فرنگی در شهرستان خاش مورد بررسی قرار گرفت. تجزیه کلاستر داده‌ها نیز نشان داد که ۳ رقم در گروه A، ۵ رقم در گروه B و ۲ رقم در گروه C جای گرفتند. این گروه‌بندی نشان داد که تنوع ژنتیکی از الگوی معنی‌داری پیروی می‌کند چرا که ارقامی با عملکرد بهتر و نزدیک به هم در گروه‌های مشابه قرار گرفتند (Saljooghianpour and Rasouli, 2021).

از آنجا که گوجه‌فرنگی یکی از گیاهان مهم زراعی-باغی پرمصرف بازار جهانی محسوب می‌شود، بنابراین بررسی دقیق

ژنوتیپ‌های بومی و وارداتی موجود در کشور و همچنین تهیه شناسنامه برای آن‌ها به‌منظور برنامه‌ریزی برای تحقیقات به‌نژادی و به‌زراعی آتی ضروری به‌نظر می‌رسد. به‌همین دلیل تحقیق حاضر با هدف ارزیابی تنوع ژنتیکی و گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گوجه‌فرنگی با استفاده از صفات مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی انجام گردید.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی

پژوهش حاضر با کشت بذور در گلخانه تحقیقاتی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان در سال ۱۴۰۰-۱۴۰۱ آغاز شد. در این پژوهش، از ۵۳ ژنوتیپ گیاه گوجه‌فرنگی که از ایران، کانادا و اروپا (جدول ۱) توسط پژوهشکده ژنتیک و زیست‌فناوری کشاورزی طبرستان وابسته به دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری جمع‌آوری شده بودند، استفاده شد.

جدول ۱- ژنوتیپ‌های گوجه‌فرنگی مورد استفاده در این پژوهش

Table 1. Tomato genotypes used in this research

شماره کد Code number	نمونه (در بانک ژن) Accession	نام علمی ژنوتیپ Scientific name of the genotype	شماره Number	شماره کد Code number	نمونه (در بانک ژن) Accession	نام علمی ژنوتیپ Scientific name of the genotype	شماره Number
CN 340	V729 Compact	Solanum lycopersicum	28	CN 7682	Nyiszoverzky 51	Solanum lycopersicum	1
CN 328	Veeroma	Solanum lycopersicum	29	CN 18071	Yellow Pygmy	Solanum lycopersicum	2
CN 302	Veebrite	Solanum lycopersicum	30	CN 17678	Molokai	Solanum lycopersicum	3
CN 298	Vancross	Solanum lycopersicum	31	CN 17679	Niihan	Solanum lycopersicum	4
CN 1453	Mini-Rose	Solanum lycopersicum	32	CN 16431	First In the Field	Solanum lycopersicum	5
CN 126	Ferguson	Solanum lycopersicum	33	CN 16421	Dwarf Stone	Solanum lycopersicum	6
CN 117	Fundy	Solanum lycopersicum	34	CN 16434	Garfield Elnok	Solanum lycopersicum	7
CN 1432	Rutgers	Solanum lycopersicum	35	CN 18078	San Marzano	Solanum lycopersicum	8
CN 1438	Sperlskunft	Solanum lycopersicum	36	CN 16446	Heropert	Solanum lycopersicum	9
CN 1450	Urozhainy	Solanum lycopersicum	37	CN 16440	Golden Sphere	Solanum lycopersicum	10
CN 1442	Summer Cherry	Solanum lycopersicum	38	CN 17677	Markis	Solanum lycopersicum	11
CN 634	Adelaide	Solanum lycopersicum	39	CN 17687	Parma	Solanum lycopersicum	12
LYC 2517	Dwarf Red Yellow Red-Streaked	Lycopersicon esculentom Mill	40	CN 1330	Cloche Wonder	Solanum lycopersicum	13
LYC 3807	Dana	Lycopersicon esculentom Mill	41	CN 1316	Bonita	Solanum lycopersicum	14
LYC 3674	Rich in Vitamins	Lycopersicon esculentom Mill	42	CN 552	Puck	Solanum lycopersicum	15
LYC 3672	Spark	Lycopersicun esculentum Mill	43	CN 386	Harkness	Solanum lycopersicum	16
LYC 3661	Dyospyros (Orange)	Lycopersicun esculentum Mill	44	CN 74	Vetomold	Solanum lycopersicum	17
LYC 3660	Moskwitsch	Lycopersicun esculentum Mill	45	CN 83	Viceroy	Solanum lycopersicum	18
LYC 3658	Bushy Chabarovsky	Lycopersicun esculentum Mill	46	CN 87	Meteor	Solanum lycopersicum	19
CN 2006	Viva (Italian)	Solanum lycopersicum	47	CN 89	Morden Yellow	Solanum lycopersicum	20
CN 22353	Chef falat (Iran)	Lycopersicun esculentum Mill	48	CN 108	Quinte	Solanum lycopersicum	21
CN 20454	Tomatto Rice, Karoon (Iran)	Solanum lycopersicum	49	CN 109	Trimson	Solanum lycopersicum	22
CN2402	Super chief (USA)	Lycopersicun esculentum	50	CN 112	Trent	Solanum lycopersicum	23
CN 106	Rio grand (China)	Solanum lycopersicum	51	CN 345	Pocomoke	Solanum lycopersicum	24
CN 81831	Falat CH (Iran)	Lycopersicun esculentum	52	CN 1448	Thessalonki	Solanum lycopersicum	25
LYC193-554	Tomatto Y (Iran)	Lycopersicun esculentum	53	CN 1445	Tangula	Solanum lycopersicum	26
				CN 340	Bruner	Solanum lycopersicum	27

ضدعفونی بذور، کشت و جوانه‌زنی

بذور پس از ضدعفونی به‌مدت دو دقیقه با هیپوکلریت سدیم و شستشو با آب مقطر، در سینی‌های نشاء حاوی خاک کشت شدند. بعد از ۱۵ روز نشاهای گوجه‌فرنگی به گلدان‌های سه کیلوگرمی حاوی خاک مزرعه، ماسه و خاک برگ با نسبت ۲:۱:۱ در عمق ۳ سانتی‌متری از خاک درون گلدان‌ها قرار داده شدند (Lahooti *et al.*, 2010) به‌نحوی‌که در هر گلدان دو بوته نشاء گردید. سپس آبیاری با قارچ‌کش و باکتری‌کش بردوفیکس انجام شد و گلدان‌ها به گلخانه منتقل شدند. شرایط گلخانه در طول آزمایشات با رطوبت نسبی بین ۶۰ تا ۸۰ درصد، دما ۱۸ تا ۲۸ درجه سلسیوس، نسبت طول دوره روشنایی به تاریکی ۱۶ به ۸ ساعت و با شدت نور بیش از ۵۰۰۰ لوکس بود. آبیاری یک روز در میان با آب معمولی انجام شد.

نمونه‌برداری و اندازه‌گیری صفات مورفولوژیک

نمونه‌برداری و اندازه‌گیری صفات مورفولوژیک و فیزیولوژیک، تقریباً ۴۵ روز پس از انتقال نشاءها انجام شد و در این مرحله یک بوته از هر گلدان برای نمونه‌برداری و اندازه‌گیری صفات خارج شد. صفات اندازه‌گیری شده شامل: ارتفاع بوته، طول ریشه، قطر ساقه، تعداد برگ، تعداد شاخه جانبی، وزن بوته، وزن تر و خشک ریشه، وزن تر و خشک اندام هوایی بود. بدین نحو که نمونه‌ها در پاکت‌های مجزا قرار داده شده و پس از خشک کردن نمونه‌ها در آون در دمای ۳۷ درجه سلسیوس به‌مدت ۴۸ ساعت؛ ابتدا وزن خشک ریشه و اندام هوایی اندازه‌گیری گردید. نگهداری بوته‌های باقی‌مانده در گلدان‌ها تا زمان گلدهی و میوه‌دهی ادامه یافت و پس از رسیدن میوه‌ها، نمونه‌برداری از میوه‌های رسیده برای ثبت و اندازه‌گیری تعداد و وزن میوه‌ها انجام گردید.

نمونه‌برداری و بررسی صفات فیزیولوژیک

در این پژوهش پس از ثبت خصوصیات مورفولوژیک هر گیاهچه، برگ نمونه‌ها جدا و به‌منظور بررسی صفات فیزیولوژیک مورد مطالعه در فریزر ۲۰- درجه سلسیوس نگهداری شدند و در ادامه صفاتی چون رنگیزه‌های فتوسنتزی (کلروفیل a، b، کل و کاروتنوئیدها)، محتوی پرولین، میزان ترکیبات فنل کل و فلاونوئید مورد اندازه‌گیری قرار گرفت.

اندازه‌گیری میزان پرولین

ابتدا مقدار ۰/۱ گرم بافت برگی با نیتروژن مایع در داخل هاون آسیاب گردید و به آن ۱۰ میلی‌لیتر اسید سولفوسالیسیلیک ۳/۳ درصد اضافه گردید. این مخلوط از کاغذ صافی واتمن شماره دو عبور داده شد. سپس به ۲ میلی‌لیتر از محلول صاف شده ۲ میلی‌لیتر معرف ناین هیدرین و ۲ میلی‌لیتر اسید استیک گلاسیال خالص اضافه گردید و به‌مدت یک ساعت در بن‌ماری با دمای ۱۰۰ درجه سلسیوس حرارت داده شد. واکنش با گذاشتن داخل یخ متوقف شد. سپس مقدار چهار میلی‌لیتر تولوئن به هرکدام از لوله‌ها اضافه و به‌مدت ۱۵ تا ۲۰ ثانیه ورتکس گردید. پس از تشکیل دو بخش جداگانه، بخش بالایی رنگی (به رنگ زرد متمایل به قرمز)، با دقت جدا و در دستگاه اسپکتروفتومتری (UV-vis spectrophotometer - Jenway 6705) با طول‌موج ۵۲۰ نانومتر اندازه‌گیری شد. میزان پرولین با استفاده منحنی استاندارد و برحسب مایکرومول بر گرم وزن تر محاسبه شد (Bates *et al.*, 1973).

اندازه‌گیری میزان تغییرات رنگیزه‌های فتوسنتزی

برای سنجش میزان کلروفیل‌ها و کاروتنوئیدها از روش لیچتن‌تالر و ولبرن استفاده شد (Lichtenthaler and Wellburn, 1983). ابتدا مقدار ۰/۲ گرم از برگ‌های مشابه در هر تیمار (شاخساره سوم بزرگ‌ترین برگ) در ازت مایع پودر شدند و با مقدار ۱۸۰۰ میکرولیتر متانول خالص مخلوط گردید. پس از ۲۴ ساعت قرار دادن نمونه‌ها در تاریکی سانتریفیوژ شدند. میزان جذب فاز مایع در طول موج‌های ۶۴۶، ۶۶۳ و ۴۷۰ نانومتر ثبت گردید. از معادلات زیر جهت برآورد میزان کلروفیل a، b، کلروفیل کل (a+b) و کاروتنوئید استفاده شد:

معادله (۱) $Chl_a\ (\mu g.ml^{-1}) = 12.21\ A_{663.2} - 2.81\ A_{646.8}$

معادله (۲) $Chl_b\ (\mu g.ml^{-1}) = 20.13\ A_{646.8} - 5.03\ A_{663.2}$

معادله (۳) $ChlT(\mu g.ml^{-1}) = Chl_a + Chl_b$

معادله (۴) $Carotenoid\ (\mu g.ml^{-1}) = [(1000*A_{470}) - (3.27\ chl_a) - (104.96\ chl_b)]/229$

اندازه‌گیری میزان ترکیبات فنل کل و فلاونوئید

اندازه‌گیری ترکیبات فنل کل

محتوای پلی‌فنل کل با روش سولند و لایما اندازه‌گیری شد (Soland and Laima, 1999). ۰/۱ گرم از برگ گیاه در ۵ میلی‌لیتر اتانول ۹۵ درصد ساییده و به‌مدت ۲۴ تا ۷۲ ساعت در تاریکی نگهداری شد. سپس، به یک میلی‌لیتر از محلول رویی ۱ میلی‌لیتر اتانول ۹۵ درصد اضافه شد و با آب مقطر دو بار تقطیر حجم محلول به ۵ میلی‌لیتر رسانده شدند. پس از آن، ۰/۵ میلی‌لیتر معرف فولین ۵۰ درصد و یک میلی‌لیتر کربنات سدیم پنج درصد به آن افزوده شد. مخلوط حاصل به‌مدت یک ساعت در تاریکی نگهداری شد و پس از آن جذب هر نمونه در طول موج ۷۲۵ نانومتر قرائت شد و با منحنی استاندارد اسید گالیک غلظت پلی‌فنل‌های کل بر حسب میلی‌گرم بر گرم وزن تر محاسبه شد.

اندازه‌گیری میزان فلاونوئید

به یک میلی‌لیتر عصاره متانولی یک میلی‌لیتر کلرید آلومینیوم دو درصد افزوده شد و به‌مدت یک ساعت در دمای محیط قرار گرفت. سپس جذب در ۴۲۰ نانومتر قرائت شد. از کوئرستین (صفر تا ۲۰۰ میلی‌گرم، R^2=0.97، Y=0.00227X+0.0175) به‌عنوان استاندارد استفاده شد (Pękal and Pyrzynska, 2014).

تجزیه و تحلیل داده

داده‌های حاصل از اندازه‌گیری صفات مورد بررسی در این تحقیق بر پایه طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار مورد تجزیه واریانس و مقایسه میانگین (روش چند دامنه‌ای دانکن) قرار گرفتند. از ضرایب همبستگی پیرسون برای آگاهی از رابطه بین صفات استفاده شد. همچنین برای اندازه‌گیری فاکتورهای مشترک بین صفات تجزیه به عامل‌ها انجام شد. به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از تجزیه خوشه‌ای (به‌روش وارد و بر مبنای مربع فاصله اقلیدسی به‌عنوان معیار تشابه) استفاده شد. آنالیزهای انجام شده با استفاده از

نرم‌افزارهای Excel، SAS 9.1، SPSS 16، R و NTSYS انجام شد.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس و مقایسه میانگین‌ها

نتایج به‌دست آمده از تجزیه واریانس ۵۳ ژنوتیپ گوجه‌فرنگی بر اساس شاخص‌های مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی مورد مطالعه نشان داد که بین ژنوتیپ‌های مختلف از نظر تمام صفات مورد مطالعه به‌جز میزان پرولین از لحاظ آماری تفاوت معنی‌داری وجود داشت (جدول ۲). این امر بیانگر وجود تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای از لحاظ صفات مورد بررسی در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود، لذا امکان گزینش براساس این صفات در میان ژنوتیپ‌های مورد مطالعه به‌منظور استفاده از آنها در برنامه‌های اصلاحی وجود دارد و انتخاب برای بهبود آن‌ها می‌تواند مؤثر باشد.

مقایسه میانگین بین ژنوتیپ‌های گوجه‌فرنگی برای صفات مورد مطالعه به‌روش چند دامنه‌ای دانکن در سطح احتمال پنج درصد انجام گرفت و نشان داد که ژنوتیپ‌های گوجه‌فرنگی درگروه‌های مختلفی قرار گرفتند که بیانگر تنوع و افزایش شانس انتخاب برای به‌نژادگر است. براساس نتایج مقایسه میانگین صفات مورفولوژیکی مورد مطالعه، بلندترین ارتفاع بوته (۳۹ سانتی‌متر) مربوطه به ژنوتیپ ۳۱ و کوتاه‌ترین آن (۱۳/۱۶۷ سانتی‌متر) مربوط به ژنوتیپ ۴۵ می‌باشد. در این میان بیشترین قطر ساقه (۶/۷۵ میلی‌متر) و کمترین آن (۴/۵۱ میلی‌متر) به‌ترتیب در ژنوتیپ ۱۳ و ۵ مشاهده شد. بیشترین وزن بوته (۱۳ گرم) در ژنوتیپ ۹ و کمترین آن (۴/۹۶) در ژنوتیپ ۴۶ ثبت شد. بیشترین تعداد شاخه جانبی (۸/۳۳ شاخه) مربوط به ژنوتیپ‌های ۷ و ۱۰ بود و کمترین تعداد آن (۵ شاخه) مربوط به ژنوتیپ‌های ۳۶ و ۳۹ می‌باشد. بیشترین و کمترین تعداد برگ (به‌ترتیب ۶۳/۳۳ و ۱۱/۶۶ برگ) در ژنوتیپ‌های ۱۳ و ۴۵ به‌دست آمد. برای صفت طول ریشه، بلندترین (۸/۵۵ سانتی‌متر) در ژنوتیپ ۱۰ و کمترین (۴/۰۶ سانتی‌متر) در ژتونیپ ۵۱ مشاهده شد. برای صفت وزن تر و خشک اندام هوایی، بیشترین وزن تر (۱۱/۶۶ گرم) و وزن خشک اندام هوایی (۳/۳۵ گرم)، و کمترین وزن تر (۲/۷۵ گرم) و وزن خشک اندام هوایی (۰/۸۲ گرم) به‌ترتیب مربوطه به ژنوتیپ‌های ۹ و ۴۵ بود. نتایج نشان داد ژنوتیپ ۸ بیشترین وزن تر و خشک ریشه (به‌ترتیب ۴/۰۶ و ۱/۲۱ گرم) و ژنوتیپ ۲۱ کمترین وزن تر و خشک ریشه (به‌ترتیب ۰/۷ و ۰/۲۱ گرم) را دارا بودند. در این میان بیشترین تعداد میوه در ژنوتیپ‌های ۱۳، ۱۴، ۱۵، ۳۷، ۳۸، ۳۹ و ۴۵ با میانگین (۴/۱۳ تا ۵/۳۳ میوه در بوته) و کمترین تعداد میوه با میانگین (۰/۸۸ میوه در بوته) به ژنوتیپ‌های ۴، ۸، ۲۳، ۲۶ و۳۰ اختصاص داشت که در یک گروه قرار گرفتند. (جدول نتایج مقایسه میانگین ارائه نشده است). بالاترین عملکرد میوه گوجه‌فرنگی مربوط به ژنوتیپ‌های ۴۵، ۱۵، ۱۳، ۳۶، ۱۹ و ۴۱ (به‌ترتیب ۳۶/۳۳، ۳۵/۸۱، ۳۳/۷۴، ۳۳/۶۶، ۳۲/۲ و ۲۹/۶۲ گرم در بوته) و حداقل آن مربوط به ژنوتیپ ۴ (۱/۰۳ گرم در بوته) بود (شکل ۱ و ۲).

همچنین نتایج مقایسه میانگین صفات فیزیولوژیک نشان داد که برای صفت کلروفیل a در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، بیشترین مقدار آن (۱/۹۵ تا ۱/۹۷ میلی‌گرم بر گرم وزن تر)، مربوط به ژنوتیپ‌های ۱، ۱۵، ۳۸، ۴۵، ۴۶ و ۴۸ بود و کمترین مقدار این صفت (۰/۸۱ میلی‌گرم بر گرم وزن تر) مربوط به ژنوتیپ ۲ می‌باشد. بیشترین میزان کلروفیل b (۱/۷۲، ۱/۷ و ۱/۶۹ میلی‌گرم بر گرم وزن تر) به‌ترتیب در ژنوتیپ ۳۸، ۴۵ و ۱۵ ثبت شد و کمترین آن (۰/۵ میلی‌گرم بر گرم وزن تر) در ژنوتیپ ۱۱ مشاهده شد. حداکثر میزان کلروفیل کل (۳/۶۵ تا ۳/۶۷ میلی‌گرم بر گرم وزن تر) در ژنوتیپ‌های ۱۵، ۳۸ و ۴۵ به‌دست آمد و کمترین آن (۱/۳۶ میلی‌گرم بر گرم وزن تر) به ژنوتیپ ۱۱ اختصاص داشت. نتایج نشان داد که بیشترین و کمترین میزان کاروتنوئید (۰/۳۶ و ۰/۲ میلی‌گرم بر گرم وزن تر) به‌ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های ۴۵ و ۵۰ می‌باشد. برای صفت ترکیبات فنل کل و فلاونوئید، ژنوتیپ ۴۶ بیشترین میزان فنل کل (۱۶/۲۸ میلی‌گرم بر گرم وزن تر) و فلاونوئید (۶/۳۸ میلی‌گرم بر گرم وزن تر) را نشان دادند و کمترین میزان فنلی کل (۱۲/۷۳ میلی‌گرم بر گرم وزن تر) و فلاونوئید (۲/۸۳ میلی‌گرم بر گرم وزن تر) مربوطه به ژنوتیپ ۴۸ بود (جدول نتایج مقایسه میانگین ارائه نشده است).

جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس صفات مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی در ۵۳ ژنوتیپ گوجه فرنگی

Table 2. The results of variance analysis of morphological and physiological traits in 53 tomato genotypes

منابع تغییرات SOV	درجه آزادی df	میانگین مربعات Mean square											
		ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)	قطر ساقه (میلی‌متر) Stem diameter (mm)	وزن بوته (گرم) Plant weight (gr)	تعداد شاخه جانبی Number of lateral branches	تعداد برگ Number of leave	طول ریشه (سانتی‌متر) Root length (cm)	وزن تر اندام هوایی (گرم) Shoot fresh weight (gr)	وزن خشک اندام هوایی (گرم) Shoot dry weight (gr)	وزن تر ریشه (گرم) Root fresh weight (gr)	وزن خشک ریشه (گرم) Shoot dry weight (gr)	تعداد میوه Fruit number	عملکرد میوه (گرم) Fruit yield (gr)
بلوک Block	2	0.597 ns	0.004 ns	0.032 ns	0.044 ns	22.6*	0.508*	0.110 ns	0.009 ns	0.19 ns	0.0017 ns	1.05**	22.60**
ژنوتیپ Genotype	52	89.86**	0.614**	8.29**	2.22**	187.62**	3.23**	7.75**	0.69**	1.57**	0.14**	0.49**	5.61**
خطا Eror	104	3.26	0.004	0.056	0.35	3.04	0.13	0.05	0.004	0.090	0.008	0.083	3.04
ضرایب تغییرات (درصد) CV (%)	-	6.13	1.25	2.82	9.10	14.95	5.38	3.58	3.59	10.06	10.08	10.70	11.95

ns، * و ** به‌ترتیب نشان‌دهنده غیر معنی‌دار بودن، معنی‌دار بودن در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪.

ns, * and ** indicate non-significance, significance at 5% and 1% probability levels, respectively.

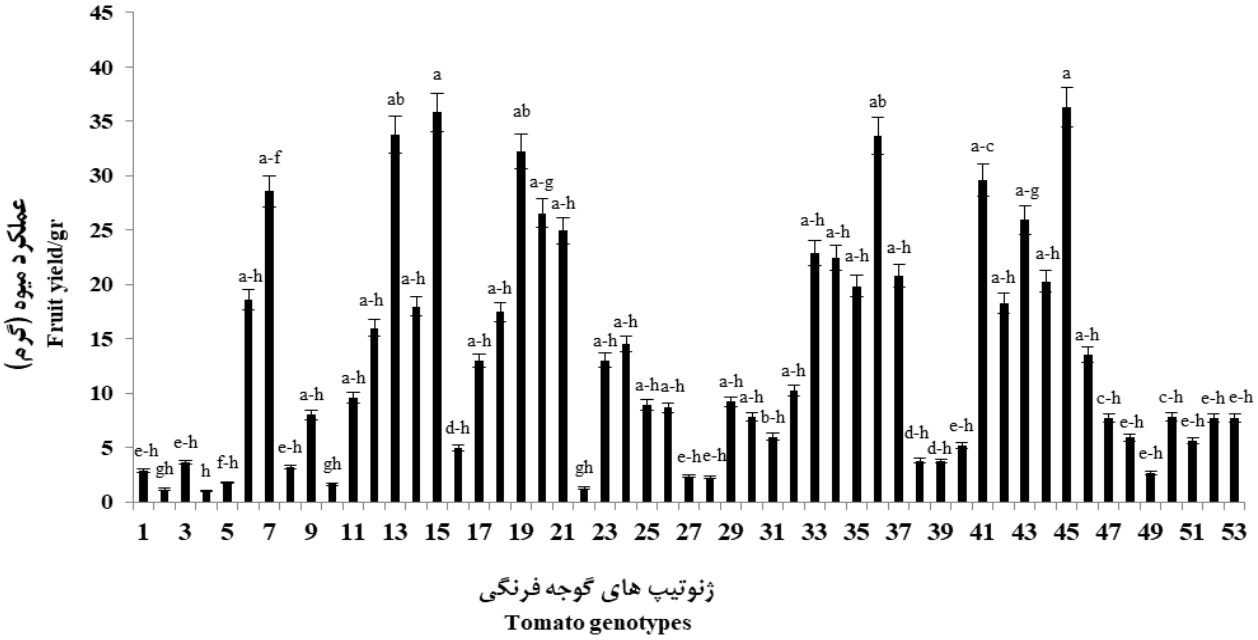
ادامه جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس صفات مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی در ۵۳ ژنوتیپ گوجه‌فرنگی

Continued Table 2. The results of variance analysis of morphological and physiological traits in 53 tomato genotypes

منابع تغییرات SOV	درجه آزادی df	میانگین مربعات Mean square						
		پرولین (مایکرومول بر گرم وزن تر) Proline content (µmol g^{-1} fresh weight)	کلروفیل a (میلی‌گرم بر گرم وزن تر) Chlorophyll-a content (mg/ g fresh wt.)	کلروفیل b (میلی‌گرم بر گرم وزن تر) Chlorophyll-b content (mg/ g fresh wt.)	کلروفیل کل (میلی‌گرم بر گرم وزن تر) Chlorophyll-T content (mg/g fresh wt.)	کاروتنوئید (میلی‌گرم بر گرم وزن تر) Carotenoid contents (mg/g fresh weight)	فنل کل (میلی‌گرم بر گرم وزن تر) Total phenol content (mg/g fresh weight)	فلاونوئید (میلی‌گرم بر گرم وزن تر) flavonoid content (mg/g fresh weight)
بلوک Block	2	11.98**	0.014 ns	1.001**	1.12**	0.006**	1.864**	0.058 ns
ژنوتیپ Genotype	52	0.11 ns	0.232**	0.231**	0.912**	0.002**	1.810**	1.82**
خطا Eror	316	0.13	0.022	0.012	0.012	0.0003	0.039	0.044
ضرایب تغییرات (درصد) CV (%)	-	14.53	9.55	8.42	3.91	7.47	1.43	5.32

ns، * و ** به‌ترتیب نشان‌دهنده غیر معنی‌دار بودن، معنی‌دار بودن در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪.

ns, * and ** indicate non-significance, significance at 5% and 1% probability levels, respectively.



شکل ۱- عملکرد میوه ۵۳ ژنوتیپ گوجه‌فرنگی
Figure 1. Fruit yield of 53 tomato genotypes

شکل ۲- شکل و اندازه میوه گوجه‌فرنگی ژنوتیپ‌ها در تکرار مختلف (R1، R2، R3).
شماره ۱: ژنوتیپ ۴ (حداقل عملکرد)، شماره ۲: ژنوتیپ ۴۵، شماره ۳: ژنوتیپ ۱۵ و شماره ۴: ژنوتیپ ۱۳ (حداکثر عملکرد).
Figure 2. Shape and size of tomato fruit of genotypes in different replicates (R1, R2, and R3).
Number 1: Genotype 4 (Minimum yield), Number 2: Genotype 45, Number 3: Genotype 15 and Number 4: Genotype 13 (Maximum yield).

نتایج تحقیق حاضر با نتایج سایر محققین مانند جهانتیغ حقیقی و همکاران در ارقام مختلف گوجه‌فرنگی مطابقت داشت. آن‌ها در گزارشی عنوان کردند که براساس تجزیه و تحلیل داده‌ها، ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر اکثر صفات اندازه‌گیری شده به‌طور قابل‌توجهی متفاوت بودند (Jahan Tigh Haghighi *et al.*, 2018). همچنین نتایج مطالعه حاضر همسو با نتایج هناره و همکاران (Henareh *et al.*, 2015) است که اظهار کردند که ژنوتیپ‌های گوجه‌فرنگی جمع‌آوری شده از منطقه شرق آناتولی ترکیه و شمال غرب ایران، همراه با سه رقم تجاری از لحاظ صفات طول و عرض برگ، وزن میوه، طول و قطر میوه، ضخامت پوسته میوه از تنوع زیادی برخوردار بودند.

بنابراین با توجه به نتایج ذکر شده در بالا، در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، ژنوتیپ‌های ۱۳، ۱۵، ۴۵ و ۴۶ از نظر مقایسه میانگین شاخص‌های مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی مورد مطالعه به‌عنوان ژنوتیپ برتر بودند. همچنین از لحاظ تعداد و عملکرد میوه نیز ژنوتیپ‌های مذکور نسبت به ژنوتیپ‌های دیگر مورد مطالعه در این پژوهش برتری داشتند.

ضرایب همبستگی بین صفات

نتایج آنالیز همبستگی نشان‌دهنده ارتباط معنی‌دار صفات با یکدیگر بود. ارزیابی همبستگی بین صفات مورد مطالعه نشان داد که بین اغلب صفات مورد مطالعه با عملکرد میوه همبستگی معنی‌داری وجود داشت. در بین صفات مورد مطالعه بالاترین همبستگی مثبت و معنی‌دار بین صفت فنل کل با فلاونوئید (۰/۹۸۹) و همچنین بالاترین همبستگی منفی و معنی‌دار بین صفت فنل کل با ارتفاع (۰/۴۲۹-) مشاهده شد. با مقایسه همبستگی صفات یا عملکرد میوه مشخص شد که بیشترین همبستگی مثبت و معنی‌دار بین عملکرد میوه با تعداد میوه و رنگیزه‌های فتوسنتزی وجود داشت (شکل ۳). افزایش یا کاهش در هر یک از پارامترها به‌طور مستقیم باعث افزایش یا کاهش پارامتر دیگر و در نهایت باعث تغییر میزان عملکرد گوجه‌فرنگی خواهد شد. با توجه به رابطه قوی بین عملکرد گوجه‌فرنگی و تعداد میوه می‌توان گفت افزایش تعداد میوه باعث افزایش عملکرد نهایی می‌شود. همبستگی بالای عملکرد میوه با رنگیزه‌های فتوسنتزی را می‌توان به نقش مؤثر برگ‌ها به‌عنوان جایگاه اصلی فتوسنتز مرتبط است. لذا این نتایج نشان می‌دهد ژنوتیپ‌هایی که پتانسیل ژنتیکی بالا و سازگار به شرایط محیطی منطقه دارند، به‌واسطه جذب نور بیشتر و در نتیجه توان فتوسنتز بالاتر، از رشد بهتر و عملکرد بیشتری برخوردار می‌باشند.

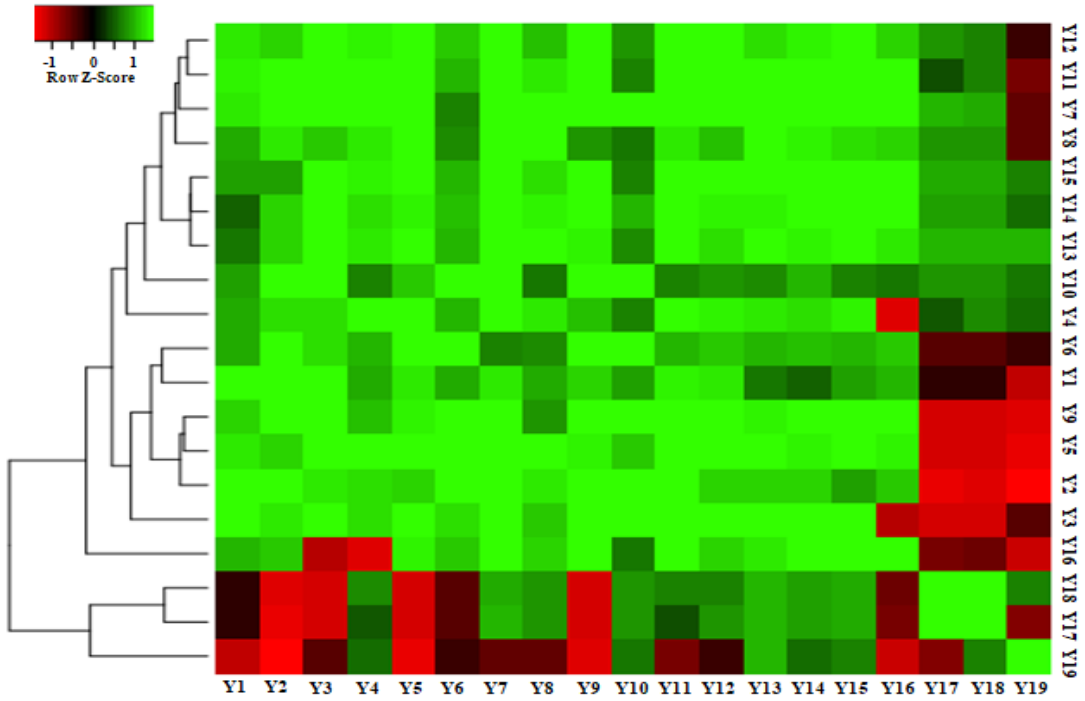
در پژوهشی که روی ۹۷ ژنوتیپ گوجه‌فرنگی جمع‌آوری شده از منطقه شرق آناتولی ترکیه و شمال غرب ایران، همراه با سه رقم تجاری، انجام دادند نشان دادند که عملکرد همبستگی مثبت و معنی‌داری با طول و عرض برگ لپه، طول و عرض برگ، وزن میوه، طول و قطر میوه، ضخامت پوسته میوه و طول دمگل دارد (Henareh *et al.*, 2015). کومار و شارما با تحقیق روی ۱۱ رقم گوجه‌فرنگی، نشان دادند که عملکرد میوه با میانگین وزن میوه، تعداد میوه در هر بوته و ضخامت پریکارپ همبستگی مثبت و معنی‌داری دارد (Kumari and Sharma, 2013). در پژوهش دیگر، محمود با بررسی روی ۶ ژنوتیپ گوجه‌فرنگی نشان داد که وزن میوه در هر بوته همبستگی ژنوتیپی و فنوتیپی مثبت بالایی با تعداد میوه در بوته دارد که نتایج تحقیق حاضر هم‌راستا با نتایج تحقیقات مذکور می‌باشد (Mahmood, 2008).

در پژوهشی سریواستاوا و همکاران با بررسی ۵۲ رقم گوجه‌فرنگی گزارش کردند که عملکرد در هر گیاه با تعداد شاخه اولیه در هر بوته، تعداد میوه در هر خوشه و سپس تعداد میوه در هر بوته همبستگی مثبت و معنی‌داری داشتند که با نتایج این پژوهش مطابقت داشت (Srivastava *et al.*, 2013). در تطابق با نتایج این پژوهش اسلام و همکاران نشان دادند که تعداد میوه در هر گیاه اثر مستقیم مثبت بر عملکرد (۰/۹۸) داشته است (Islam *et al.*, 2010). در مجموع مطالعات مختلفی که روی ارقام گوجه‌فرنگی توسط محققین انجام گرفته نشان می‌دهد که تعداد میوه در بوته صفت مهم در عملکرد می‌باشد (Emami and Eivazi, 2013; Srivastava *et al.*, 2013). با توجه به نتایج حاصله در این تحقیق رابطه قوی بین عملکرد گوجه‌فرنگی و تعداد میوه وجود دارد. بنابراین به‌نظر می‌رسد که از این صفت می‌توان در جهت بهبود عملکرد میوه گوجه‌فرنگی و انجام گزینش برای دستیابی عملکرد بالا استفاده کرد.

تجزیه به عامل‌ها

برای به‌دست آوردن ارتباطی خاص براساس یک مدل فرضی در بین صفات تجزیه به عامل انجام شد. این روش ارائه‌دهنده مجموعه‌ای از متغیرها برحسب تعداد کمتری از متغیرهای فرضی است. براساس مقادیر ویژه بالاتر از یک می‌توان مشاهده کرد که شش عامل این ویژگی را احراز می‌کنند و در مجموع حدود ۷۷ درصد از تغییرات را توجیه کردند. به‌نحوی که سهم عامل‌های اول تا ششم به‌ترتیب ۲۴، ۱۸، ۱۴، ۹، ۷ و ۶ درصد تغییرات کل بود (جدول ۳).

نتایج نشان داد که میزان اشتراک برای اکثر صفات بالا بوده است که این امر نشان‌دهنده مناسب بودن تعداد فاکتورهای انتخابی است و فاکتورهای انتخابی توانسته‌اند تغییرات صفات را به‌نحو مطلوب توجیه کنند. برای تفسیر بهتر، ضرایب عاملی بزرگتر در هر عامل به‌عنوان ضرایب عاملی معنی‌دار در نظر گرفته شد زیرا که بزرگترین ضرایب عاملی در میان ضرایب هر عامل، در حقیقت نشان دهنده صفت یا صفاتی است که بیشترین نقش را در آن عامل‌ها دارد. براساس متغیر مربوط به آن ضرایب عاملی، می‌توان عامل‌ها را نامگذاری کرد. صفاتی‌که با هم در یک عامل قرار می‌گیرند و دارای بار عاملی یکسانی هستند، با هم همبستگی دارند و علامت بار عاملی مثبت و منفی به‌ترتیب نشان دهنده همبستگی مثبت و منفی می‌باشد.



شکل ۳- همبستگی بین صفات مورفو-فیزیولوژیک با عملکرد میوه

ارتفاع بوته (y1)، قطر ساقه (y2)، وزن بوته (y3)، تعداد شاخه جانبی (y4)، تعداد برگ (y5)، طول ریشه (y6)، وزن تر اندام هوایی (y7)، وزن خشک اندام هوایی (y8)، وزن تر ریشه (y9)، وزن خشک ریشه (y10)، تعداد میوه(y11)، عملکرد میوه(y12)، کلروفیل a (y13)، کلروفیل b (y14)، کلروفیل کل (y15)، کاروتنوئید (y16)، فنول کل (y17)، فلاونوئید (y18) و پرولین (y19).

رنگ سبز: وجود همبستگی مثبت، رنگ مشکی: عدم وجود همبستگی، رنگ قرمز: وجود همبستگی منفی

Figure 3. Correlation between morpho-physiological traits and fruit yield.

Plant height (y1), Stem diameter (y2), Plant weight (y3), Number of lateral branches (y4), Number of leaves (y5), Root length (y6), Shoot fresh weight (y7), Shoot dry weight (y8), Root fresh weight (y9), Root dry weight (y10), Fruit number (y11), Fruit yield (y12), Chlorophyll a (y13), Chlorophyll b (y14), Total chlorophyll (y15), Carotenoid (y16), Total phenol (y17), Flavonoid (y18) and Proline (y19).

Green color: Presence of positive correlation, Black color: Absence of correlation, Red color: Presence of negative correlation

براساس مقادیر ویژه بالا، عامل اول ۲۳/۸ درصد از تغییرات متغیرها را توجیه کرد و شامل صفت عملکرد میوه بود. عامل دوم ۱۷/۸ درصد از تغییرات را تبیین کرد و شامل صفات تعداد برگ و رنگیزه های فتوسنتزی بود. عامل سوم با توجیه ۱۳/۹ درصد از واریانس متغیرها شامل صفات میزان فنل و فلاونوئید بود. عامل چهارم با توجیه نه درصد از تغییرات دارای صفت وزن ریشه بود. عامل پنجم با توجیه ۶/۷ درصد از تغییرات شامل صفت پرولین بود و عامل ششم با توجیه ۶/۲ درصد از تغییرات کل شامل صفت قطر ساقه بود. در نهایت از مجموع نتایج می‌توان گزارش نمود که تمام این عوامل روی هم‌رفته ۷۷/۳ درصد از تغییرات و واریانس کل را توجیه کرده‌اند (جدول ۳). خصوصیات تشکیل‌دهنده عامل اول تقریباً دارای همبستگی بالایی با یکدیگر بودند. این عامل به‌دلیل بالا بودن میزان اشتراک صفت تعداد و عملکرد میوه به‌عنوان عامل عملکرد میوه نام‌گذاری گردید. عامل دوم با توجه به ضرایب بالای صفات تعداد برگ و رنگیزه‌های فتوسنتزی به‌عنوان عامل فتوسنتز نام‌گذاری شد. عامل سوم با بالاترین ضرایب عاملی مربوط به صفات فنل و فلاونوئید به‌عنوان عامل فنلی نام‌گذاری شد. به همین ترتیب عامل چهارم به‌عنوان عامل وزن ریشه، عامل پنجم به‌عنوان عامل پرولین و عامل ششم به‌عنوان عامل قطر ساقه نام‌گذاری شدند.

تجزیه عاملی روشی قدرتمند برای استخراج روندها و الگوهای پنهان بین داده‌ها است (Ghanbari and Abbasi, 2022). در مطالعه‌ی در ارقام گوجه‌فرنگی نتایج نشان داد که تفاوت ارقام برای تمامی صفات معنی‌دار بود و بر اساس نتایج تجزیه به عامل‌ها، حدود ۶۹ درصد تغییرات متاثر از عوامل اصلی و شامل صفات عملکرد میوه، مورفولوژی میوه، صفات فیزیولوژیک و فنولوژیک بود (Saljooghianpour and Rasouli, 2021). محققین متعددی از روش تجزیه عاملی برای تحلیل روابط بین اجزای گیاه استفاده نموده و براساس نتایج حاصله عوامل استخراجی را نام‌گذاری کردند (Ghanbari and Abbasi, 2022; Mansouri and Soltani Najafabadi, 2021; Pour-Aboughadareh *et al.*, 2013).

جدول ۳- نتایج تجزیه عاملی، مقادیر ویژه و میزان واریانس روی صفات مورد مطالعه در ۵۳ ژنوتیپ گوجه‌فرنگی
Table 3. Results of factor analysis, eigenvalues and amount of variance on studied traits in 53 tomato genotypes

صفت Adjective	میزان اشتراک Subscription rate	1	2	3	4	5	6
ارتفاع بوته Plant height	0.483	-0.324	0.040	-0.543	0.160	0.139	-0.191
قطر ساقه Stem diameter	0.778	-0.112	0.105	0.495	-0.030	-0.075	0.709
وزن بوته Plant weight	0.959	-0.685	0.390	0.532	0.122	0.155	-0.129
تعداد شاخه جانبی Number of lateral branches	0.299	-0.382	0.072	0.325	-0.033	-0.003	0.202
تعداد برگ Number of leaves	0.552	-0.288	0.632	0.057	-0.206	0.154	-0.027
طول ریشه Root length	0.641	-0.467	0.247	-0.095	0.175	-0.512	0.243
وزن تر اندام هوایی Shoot fresh weight	0.949	-0.647	0.635	0.302	-0.140	0.063	-0.112
وزن خشک اندام هوایی Shoot dry weight	0.949	-0.647	0.635	0.302	-0.140	0.063	-0.112
وزن تر ریشه Root fresh weight	0.978	-0.137	-0.513	0.549	0.589	0.215	-0.048
وزن خشک ریشه Root dry weight	0.978	-0.137	-0.513	0.549	0.589	0.215	-0.048
تعداد میوه Fruit number	0.341	0.427	0.091	0.189	-0.176	0.219	0.189
عملکرد میوه Fruit yield	0.629	0.477	0.336	0.017	-0.030	0.392	0.366
پرولین Proline	0.609	0.549	-0.066	0.020	-0.280	0.401	0.253
کلروفیل a Chlorophyll a	0.969	0.643	0.639	0.047	0.363	-0.040	-0.113
کلروفیل b Chlorophyll b	0.969	0.645	0.645	0.004	0.355	0.035	-0.101
کلروفیل کل Total chlorophyll	0.983	0.649	0.647	0.026	0.362	-0.003	-0.108
کاروتنوئید Carotenoid	0.728	0.412	0.078	0.267	0.167	-0.651	0.172
فنل کل Total phenol	0.949	0.489	-0.151	0.636	-0.409	-0.137	-0.311
فلاونوئید Flavonoid	0.945	0.492	-0.141	0.632	-0.409	-0.149	-0.307
مقدار ویژه special amount	-	4.52	3.37	2.64	1.71	1.26	1.17
واریانس نسبی Relative variance	-	23.79	17.78	13.90	8.99	6.66	6.18
واریانس تجمعی Cumulative variance		23.79	41.57	55.47	64.46	71.12	77.31

تجزیه خوشه‌ای

در این مطالعه به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از تجزیه خوشه‌ای استفاده شد. نمودار درختی حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها، براساس صفات مورد مطالعه در شکل ۴ نشان داده شده است. کلیه ژنوتیپ‌های مورد بررسی براساس دندوگرام حاصله در ۳ خوشه اصلی قرار گرفتند که هرکدام به‌ترتیب دارای ۳۰، ۱۹ و ۴ ژنوتیپ بودند (جدول ۴). بر اساس تجزیه و تحلیل داده‌های فنوتیپی مشخص شد که ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی اندازه‌گیری شده به‌طور قابل‌توجهی متفاوت هستند و در ۳ گروه مختلف قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های موجود در گروه سوم که از لحاظ تمام صفات مورد مطالعه نسبت به بقیه گروه‌ها برتری داشتند شامل ژنوتیپ‌های ۱۳، ۱۵، ۴۵ و ۴۶ بودند و از پارامترهای رشدی و فیزیولوژیکی برتر و قابل توجهی نیز نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برخوردار بودند.

در تحقیق جهانتیغ و همکاران (Jahan Tigh Haghighi *et al.*, 2018) در مجموعه ۱۴ ژنوتیپ گوجه‌فرنگی از مناطق مختلف، ژنوتیپ‌های مربوطه در ۳ خوشه اصلی تقسیم‌بندی شدند. در پژوهشی سلجوقیان‌پور و رسولی با استفاده از تجزیه خوشه‌ای مجموعه ژنوتیپ‌های گوجه‌فرنگی را به سه خوشه دسته‌بندی کردند (Saljooghianpour and Rasouli, 2021). این گروه‌بندی نشان داد که تنوع ژنتیکی از الگوی معنی‌داری پیروی می‌کند چراکه ارقامی با عملکرد بهتر و نزدیک به هم در گروه‌های مشابه قرار گرفتند که مشابه نتایج تحقیق حاضر است.

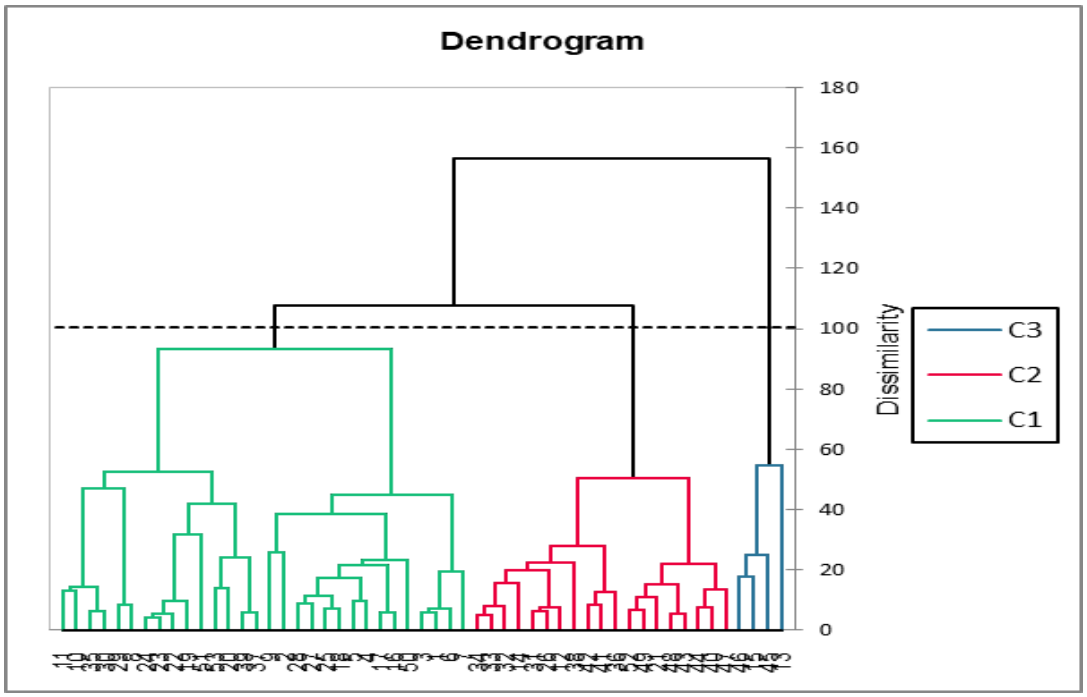
در مطالعه‌ی ارزیابی روابط عملکرد، صفات مرتبط با عملکرد و کیفیت میوه با استفاده از ضرایب همبستگی و تجزیه خوشه‌ای در برخی رگه‌های گوجه‌فرنگی مورد بررسی قرار گرفت. نتایج تجزیه خوشه‌ای نشان داد که رگه‌ها در پنج گروه قرار دارند و برای تمام صفات به‌جز میزان مواد جامد محلول، تفاوت بسیار معنی‌داری بین گروه‌ها وجود داشت (Bojarian *et al.*, 2018). پژوهشگران در پژوهشی ۶۰ نژادگان گوجه‌فرنگی را به ۱۰ گروه تقسیم‌بندی نمودند و نژادگان را براساس ویژگی‌هایی مانند وزن میوه، تعداد میوه، ضخامت پریکارپ و عملکرد نهایی برای اهداف مختلف معرفی نمودند (Sharma *et al.*, 2006). اوجندیس و همکاران نیز دو هیبرید اقتصادی و آزمایشگاهی را به‌همراه چهار واریته گوجه‌فرنگی براساس خصوصیات مورفوفیزولوژیکی، عملکرد و کیفیت، ثبات عملکرد، هتروزیس و توانایی ترکیب پذیری را مورد ارزیابی قرار دادند و در نتیجه با در نظر گرفتن همبستگی کوفنتیک برای رسم دندروگرام هیبریدها و واریته‌ها، دریافتند که قرابت نزدیکی بین هیبرید Iron و Sahara وجود دارد، در صورتی‌که هیبرید Theodora در یک گروه مجزا قرار گرفت (Evgenidis *et al.*, 2011). همچنین هناره و همکاران در ۹۷ ژنوتیپ گوجه‌فرنگی در خصوص گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس تجزیه کلاستر نشان دادند که تعداد خوشه‌های به‌دست آمده چهار خوشه اصلی بود

(Henareh *et al.*, 2015). در پژوهشی دیگر سوسرایی و همکاران در ارزیابی ویژگی‌های مورفوفیزیولوژیکی میوه برخی جمعیت‌های گوجه‌فرنگی موجود در ایران، جهت انجام گروه‌بندی جمعیت‌های گوجه‌فرنگی از روش تجزیه کلاستر استفاده کرد و ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در ۴ گروه قرار گرفتند (sousaraei *et al.*, 2020). اختلاف نتایج تحقیق حاضر در تعداد خوشه اصلی با نتایج پژوهش‌های ذکر شده می‌تواند به‌دلیل تفاوت در نوع و تعداد ژنوتیپ‌های مورد مطالعه باشد.

نتایج این تحقیق اولین مطالعه و گزارش در زمینه استفاده از گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از صفات مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی در این ژنوتیپ‌های مورد مطالعه گوجه‌فرنگی می‌باشد.

نتیجه‌گیری کلی

بر اساس تجزیه و تحلیل داده‌های فنوتیپی مشخص شد که ژنوتیپ‌ها از نظر صفات اندازه‌گیری شده به‌طور قابل‌توجهی متفاوت هستند، این مطلب بیانگر وجود تنوع قابل‌توجهی در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه است. با استفاده از ضرایب همبستگی فنوتیپی مشخص شد صفت عملکرد میوه با تعداد میوه و میزان رنگیزه‌های فتوسنتزی بیشترین همبستگی مثبت و معنی‌دار را دارد، لذا این صفات می‌توانند در برنامه‌های بهبود ژنتیکی عملکرد مورد توجه ویژه قرار گیرند. نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد که ۶ عامل بیش از ۷۷ درصد از واریانس کل را توجیه کرد، به‌نحوی‌که سهم عامل‌های اول تا ششم به‌ترتیب ۲۴، ۱۸، ۱۴، ۹، ۷ و ۶ درصد تغییرات کل بود. از آنجاکه بزرگترین ضرایب عاملی، در حقیقت نشان دهنده صفاتی است که بیشترین نقش را در آن عامل‌ها دارند، لذا بر اساس متغیرهای مربوط به آن می‌توان عامل‌ها را نامگذاری کرد. بر همین اساس عامل اول به‌عنوان عامل عملکرد میوه، عامل دوم به‌عنوان عامل فتوسنتز، عامل سوم به‌عنوان عامل فنلی، عامل چهارم به‌عنوان عامل وزن ریشه، عامل پنجم به‌عنوان عامل پرولین و عامل ششم به‌عنوان عامل قطر ساقه نام‌گذاری شد. از طرفی نتایج تجزیه خوشه‌ای نشان داد، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه گوجه‌فرنگی به سه خوشه اصلی تقسیم شدند و میانگین اکثر صفات در ژنوتیپ‌های متعلق به خوشه سوم (۱۳، ۱۵، ۴۵ و ۴۶) از میانگین کل بیشتر بود و از نظر پارامترهای رشدی و فیزیولوژیکی برتر و قابل‌توجهی نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برخوردار بودند، در جمع‌بندی نهایی بر این نکته تأکید می‌شود که تمایل به استفاده از والدین مشابه و عدم شناخت و استفاده از ارقام جدید در برنامه‌های اصلاح، منجر به کاهش تنوع ژنتیکی می‌شود. این در حالی است که ارقام دورتر با داشتن چند شکلی بیشتر، تفاوت بیشتری از نظر ژنتیکی نشان می‌دهند و از نظر دورگ‌گیری، ارقام با تفاوت بیشتر، امکان ایجاد هتروزیس بیشتر و یا انتقال صفات نادر را به‌دنبال خواهد داشت. لذا ژنوتیپ‌های برتر مشخص شده در این پژوهش می‌توانند در مطالعات آتی اصلاحی در این گیاه ارزشمند مورد توجه و استفاده قرار بگیرند.



شکل ۴- نمودار تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی ۵۳ ژنوتیپ براساس صفات مورفو- فیزیولوژیک.

Figure 4. Cluster analysis diagram for the grouping of 53 genotypes based on morpho-physiological traits.

جدول ۴- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گوجه‌فرنگی

Table 4. Cluster analysis of tomato genotypes

خوشه ۱ Cluster 1	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	16	17	18	19	20	22	23	24	25	27	28	29	30	35	37	39	50	51	53
خوشه ۲ Cluster 2	12	14	21	26	31	32	33	34	36	38	40	41	42	43	44	47	48	49	52											
خوشه ۳ Cluster 3	13	15	45	46																										

تشکر و قدردانی

نویسندگان این پژوهش از حمایت‌های معاونت پژوهشی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان و همچنین از مساعدت‌های پژوهشکده ژنتیک و زیست‌فناوری کشاورزی طبرستان به‌ویژه آقای دکتر مصطفی حق‌پناه در تأمین مواد گیاهی کمال سپاس و تقدیر را دارند.

References

Ahmadi, K., Ebadzadeh, H., Hatami, F., Hosseinpour, R., & Abdshah, H. (2018). Agricultural Statistics. Ministry of Agriculture Jihad Publication, volume 3, garden crops. 233 pp (In Persian).

Bates, L., Waldren, R. a., & Teare, I. (1973). Rapid determination of free proline for water-stress studies. *Plant and soil,* 39, 205-207.

Bojarian, M., Asadi-Gharneh, H. A., & Golabadi, M. (2018). Assessment of yield, yield related traits and quality properties by correlation coefficients and cluster analysis in some tomato lines. *Iranian Journal of Horticultural Science,* 49(3), 801-811 (In Persian).

Díez, M. J., & Nuez, F. (2008). Tomato. Vegetables II: fabaceae, liliaceae, solanaceae, and umbelliferae, 249-323.

Emami, A., & Eivazi, A. R. (2013). Evaluation of genetic variations of tomato genotypes (Solanum lycopersicum L.) with multivariate analysis. *International Journal of Scientific Research in Environmental Sciences,* 1(10), 273.

Evgenidis, G., Traka-Mavrona, E., & Koutsika-Sotiriou, M. (2011). Principal component and cluster analysis as a tool in the assessment of tomato hybrids and cultivars. *International Journal of Agronomy*, *2011*(1), 697879.

FAO, F. (2021). FAOSTAT statistical database. Rome: Food and Agriculture Organisation of the United Nations (https://www.fao.org/).

Figàs, M.R., Prohens, J., Raigón, M.D., Fernández-de-Córdova, P., Fita, A., & Soler, S. (2015). Characterization of a collection of local varieties of tomato (Solanum lycopersicum L.) using conventional descriptors and the high-throughput phenomics tool Tomato Analyzer. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 62(2), 189-204.

Ghanbari, A., & Abbasi, A. R. (2022). Functional Factor Analysis in Safflower. *Journal of Crop Breeding,* 14(41), 163-173 (In Persian).

Ghorbanpour, A., Salimi, A., Tajick Ghanbary, M. A., Pirdashti, H., & Dehestani, A. (2018). Relationship between fruit yield and its components in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.) cultivars using multivariate statistical methods. *Journal of Crop Breeding,* 9(24), 22-29 (In Persian).

Henareh, M., Dursun, A., & Mandoulakani, B. A. (2015). Genetic diversity in tomato landraces collected from Turkey and Iran revealed by morphological characters. *Acta Scientiarum Polonorum Hortorum Cultus,* 14(2), 87-96.

Huh, M.K., Youn, S.J., & Kang, S.C. (2011). Identification and genetic diversity of Korean tomato cultivars by RAPD markers. *Journal of Life Science,* 21(1), 15-21.

Islam, B., Ivy, N., Rasul, M., & Zakaria, M. (2010). Character association and path analysis of exotic tomato (*Solanum lycopersicum* L.) genotypes. *Bangladesh Journal of Plant Breeding and Genetics,* 23(1), 13-18.

Jahan Tigh Haghighi, Z., Fahmideh, L., & Fazeli Nasab, B. (2018). Evaluation and comparison of Leaf antioxidant properties and morphological traits of tomato varieties (*Lycopersicon esculentum* L). *Journal of Iranian Plant Ecophysiological Research,* 13(50), 63-76 (In Persian).

Jobson, J. D. (1992). Categorical and multivariate methods. (No Title).

Krasteva, L., Ivanova, I., & Velcheva, N. (2010). Grouping of determinate local tomato varieties on the basis of cluster analysis. *Agricultural science and technology,* 2(3), 113-115.

Kumari, S., & Sharma, M. K. (2013). Genetic variability studies in tomato (*Solanum lycopersicum* L.). *Vegetable Science,* 40(1), 83-86.

Lahooti, M., Tarahomi, G., & Abbassi, F. (2010). The effects of drought stress on changes of soluble sugars, rate of chlorophyll and potassium in Salvia Leriifolia Benth. *Journal of Biological Sciences,* 3(2), 1-7.

Lichtenthaler, H. K., & Wellburn, A. R. (1983). Determinations of total carotenoids and chlorophylls a and b of leaf extracts in different solvents. In: Portland Press Ltd.

Mahmood, T. (2008). Path coefficient analysis of yield component in tomato (*Lycopersicon esculentum*). *Pak. J. Bot,* 40(2), 627-635.

Mansouri, S., & Soltani Najafabadi, M. (2021). Flexibility in Behavior of Prominent Components of the Yield of Sesame Genotypes under Normal and Water Limiting Condition. *Journal of Crop Breeding*, 13(37), 75-84 (In Persian).

Mazzucato, A., Papa, R., Bitocchi, E., Mosconi, P., Nanni, L., Negri, V., Picarella, M. E., Siligato, F., Soressi, G. P., & Tiranti, B. (2008). Genetic diversity, structure and marker-trait associations in a collection of Italian tomato (*Solanum lycopersicum* L.) landraces. *Theoretical and Applied Genetics*, 116, 657-669.

Mohammadi, S. A., & Prasanna, B. (2003). Analysis of genetic diversity in crop plants—salient statistical tools and considerations. *Crop science*, 43(4), 1235-1248.

Mwirigi, P., Kahangi, E., Nyende, A., & Mamati, E. (2009). Morphological variability within the Kenyan yam (*Dioscorea* spp.). *J. Appl. Biosci*, 16, 894-901.

Osei, MK., Bonsu, KO., Agyeman, A., & Choi, HS. (2014). Genetic diversity of tomato germplasm in Ghana using morphological characters. *International Journal of Plant & Soil Science*, 3(3), 220–231.

Pękal, A., & Pyrzynska, K. (2014). Evaluation of aluminium complexation reaction for flavonoid content assay. Food Analytical Methods, 7, 1776-1782.

Peralta, I., Knapp, S., & Spooner, D. (2007). The taxonomy of tomatoes: a revision of wild tomatoes (Solanum L. section Lycopersicon (Mill.) Wettst.) and their outgroup relatives (Solanum sections Juglandifolium (Rydb.) Child and Lycopersicoides (Child) Peralta). *Systematic Botany Monographs*, 84, 1-186.

Pour-Aboughadareh, A., Amini, E. M., Khalili, M., & Naghavi, M. (2013). Factor analysis of agronomic and morphological traits of safflower genotypes under two stress and non-stress conditions. Proceeding of the Second International Conference on Agriculture and Natural Resources, 665-667 (In Persian).

Reddy, BR., Reddy, MP., Begum, H., & Sunil, N. (2013). Genetic diversity studies in tomato (*Solanum lycopersicum* L.). *Journal of Agriculture and Veterinary Science*, 4(4), 53-55.

Richards, E. J. (2011). Natural epigenetic variation in plant species: a view from the field. *Current opinion in plant biology*, 14(2), 204-209.

Saljooghianpour, M., & Rasouli, M. (2021). Investigation of Morphological–Agronomic Diversity in Some of Tomato Cultivars in Khash Region. *Sustainable Agricultural Research*, 1(1), 16-26 (In Persian).

Sharma, H., Sharma, D., & Thakur, A. (2006). Analysis of genetic divergence in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.). *Journal of Horticultural Sciences*, 1(1), 52-54.

Shokat, S., Azhar, F. M., Iqbal, Q., Nabi, G., Raza, M. M., & Saleem, M. (2013). Heritability studies of fruit related traits in *Solanum lycopersicum* L. germplasm. *Journal of Biology and Life Science*, 4(2), 56-62.

Soland, S., & Laima, S. (1999). Phenolics and cold tolerance of Brassica napus. *Plant Agriculture*, 1, 1-5.

Sousaraei, N., Mashayekhi, K., Mousavizadeh, S. J., & Dadrasi, A. (2020). Evaluation of Morpho physiological Fruit Traits of Some Tomato Populations in Iran Using Correlation Coefficients and Cluster Analysis [Research]. *Iranian Journal of Horticultural Science and Technology*, 21(1), 61-74 (In Persian).

Srivastava, K., Kumari, K., Singh, S., & Kumar, R. (2013). Association studies for yield and its component traits in tomato (*Solanum Lycopersicum* L.). *Plant Archives*, 13(1), 105-112.

Tomer, A., & Diwivedi, S. (2020). A review on Early blight of Tomato menacing disease caused by Alternaria solani. *Eur. J. Mol. Clin. Med.*, 7, 2328-2334.

Yazdizadeh, M., Fahmideh, L., Mohammadi-Nejad, G., Solouki, M., Nakhoda, B., & Ebrahimi, F. (2022). Evaluation of Wide Range of Foxtail Millet (*Setaria italica* L) Germplasms of Based on Yield and Some Agronomic Traits. *Journal of Crop Breeding*, 14(42), 63-75 (In Persian).