دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

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 مسوول: 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: ۷۸ تا ۹۱

چکیده

موفقیت 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. به‌منظور 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 به‌همراه 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 تک‌بوته، تعداد شاخه فرعی و تعداد کل کپسول در تک‌بوته 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 عناوین خصوصیات عملکرد و اجزای آن، خصوصیات کپسول، خصوصیات فنولوژیکی، خصوصیات مغز بذر یا کیفیت، عامل ارتفاع و عامل قدرت جوانه‌زنی نام‌گذاری شد. براساس تجزیه خوشه‌ای برای کلیه صفات مورد ارزیابی پنج گروه تشخیص داده شد. نتایج تجزیه خوشه‌ای نشان داد که دسته‌بندی ژنوتیپ‌ها باتوزیع جغرافیایی ژنوتیپ‌ها ارتباطی نداشته و اکثر ژنوتیپ‌ها براساس تفاوت‌های مورفولوژیکی گروه‌بندی شدند. صحت گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای توسط تابع تشخیص کانونی به‌روش خطی فیشر ۹۵/۷ درصدتایید شد. چهار تابع حدوداً ۱۰۰ درصد از واریانس بین ژنوتیپ‌ها را تبیین کرد. به‌طور 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، Bukbak، Black chil sung، Q21115 (shattering selection) و Jungkyung 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

کنجد (*Sesamumindicum*L.) یکی از گیاهان بومی ایران از تیره Pedaliaceae است که از زمان‌های قدیم در ایران کشت می‌شده و عمدتاً خودگشن بوده و به‌دلیل سهولت استخراج و پایداری روغن و تحمل به خشکی بالا، به‌عنوان 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 اصلاح‌شده می‌تواند موجب افزایش تولید و کیفیت محصولات زراعی از جمله افزایش کمی و کیفی روغن در گیاه کنجد گردد و از این رو موفقیت 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 و استفاده از این تنوع جهت بهبود ژنتیکی صفات دارای اهمیت می‌باشد. تنوع موجود در جوامع گیاهی برای صفات کمی از عوامل محیطی نیز بسیار تاثیرپذیر است و این تنوع تشخیص تفاوت‌های ژنتیکی و انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب را دشوار می‌کند. تنوع زیادی برای صفات مورفولوژیک در کلکسیون‌های مختلف کنجد توسط محققان مختلف گزارش شده است (۵،۷،۱۰). چندین بررسی برپایه نشانگرهای مورفولوژیک، تنوع ژنتیکی بالایی را در جمعیت‌های کنجد بیان داشته‌اند (۵،۷،۱). 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 بررسی‌ها 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 بررسی قرار دادند بیشترین و کمترین ضریب تنوع ژنتیکی و فنوتیپی را به‌ترتیب برای صفت تعداد شاخه فرعی در بوته و تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی 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 تک‌بوته، تعداد کپسول در

گیاه، ارتفاع گیاه و تعداد گره در گیاه دارای بیشترین میزان ضریب تنوع ژنتیکی در کنجد هستند (۲۲،۱۴،۳،۱۳). همچنین سیوا پرساد و همکاران (۲۲) در بررسی خود گزارش کرده‌اند 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 یول 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 جانبی و تعداد کپسول در گیاه صفات مهمی در عملکرد کنجد هستند.

بیابانی و پاک‌نیت (۶) با بررسی ۱۴ ژنوتیپ کنجد از نظر ۱۵ صفت زراعی با استفاده از تجزیه به عامل‌ها، پنج عامل شناسایی نمودند که ۸۱ درصد از تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها 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 جانبی و شاخص برداشت با ضرایب منفی بود. عامل سوم شامل صفت درصد روغن با ضریب مثبت و عملکرد بیولوژیک با ضریب 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 صددانه، طول میان‌گره، تعداد گره‌های عقیم، تعداد گره‌های بارور و عملکرد دانه، در عامل دوم صفات تعداد کپسول در شاخه اصلی، وزن صددانه، طول کپسول، تعداد دانه در کپسول و عملکرد دانه، در عامل سوم صفات روز تا رسیدن اولین کپسول و طول قسمت بارده ساقه اصلی، در فاکتور چهارم نیز صفت طول میانگره 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 صددانه 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 میانگره دارای بالاترین ضرایب بودند.

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

ناوال و همکاران (۱۸) ۵۰ ژنوتیپ 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 جغرافیایی 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، به‌طوری که ارقامی با کپسول چهار برچه‌ای 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 ژنوتیپ کنجد از نظر ۳۰ صفت مورفولوژیک و زراعی از جمله روز تا گلدهی، ارتفاع بوته، تعداد انشعاب 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 (۲۴) با بررسی ۵۰ ژنوتیپ 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 ژنوتیپ‌های مطلوب از لحاظ این صفات در بین ژنوتیپ‌های کنجد جدید وارداتی و سپس گروه‌بندی آنها به‌منظور استفاده در برنامه‌های به‌نژادی به‌عنوان والدین در تلاقی‌ها بوده است.

مواد و روش‌ها

این آزمایش در سال ۹۵-۱۳۹۴ در موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج انجام گرفت. آزمایش به‌صورت طرح آگمنت با ۹۱ ژنوتیپ جدید وارداتی کنجد (دریافت‌شده از بانک‌های ژن گیاهی کشورهای آلمان، کانادا و استرالیا) با سه شاهد (ناز

تک شاخه، اولتان و یلووایت) و در شش بلوک اجرا شد (جدول ۳). هر ژنوتیپ روی یک خط دو متری با فاصله ردیف ۶۰ سانتی‌متر و فاصله بین دو بوته ۱۰- ۷ سانتی‌متر کاشته شد. این ژنوتیپ‌ها از لحاظ منشا شامل هشت ژنوتیپ چینی، یک ژنوتیپ مصری، دو ژنوتیپ مربوط به شوروی سابق، یک ژنوتیپ مربوط به گواتمالا، یک ژنوتیپ مربوط به عراق، شش ژنوتیپ مربوط به ژاپن، ۴۴ ژنوتیپ مربوط به کره جنوبی، یک ژنوتیپ مربوط به میانمار، دو ژنوتیپ مربوط به ترکیه، یک ژنوتیپ مربوط به آمریکا، یک ژنوتیپ مربوط به یمن و مابقی ژنوتیپ‌ها دارای منشاء نامشخص بودند (جدول ۳). در طول دوره رشد، سه بار وجین دستی انجام شد. اندازه‌گیری صفات با استفاده از پنج بوته تصادفی از وسط هر کرت با حذف حاشیه انجام پذیرفت. صفاتی که در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفتند عبارت از تعداد روز تا شروع گلدهی و رسیدگی، ارتفاع اولین کپسول از سطح زمین (با خط کش بر حسب سانتی‌متر)، ارتفاع بوته (با خط‌کش بر حسب سانتی‌متر)، تعداد شاخه فرعی (با شمارش برحسب تعداد)، تعدادکپسول در شاخه‌های فرعی و شاخه اصلی و کل بوته (با شمارش برحسب تعداد)، تعداد دانه درکپسول (میانگین بذر تعداد ۱۰ کپسول از ناحیه وسط بوته در پنج بوته بر حسب گرم)، وزن دانه یک کپسول (میانگین وزن دانه ۱۰ کپسول از ناحیه وسط بوته در پنج بوته بر حسب گرم)، وزن صد دانه (با ترازو بر حسب گرم)، وزن کپسول (میانگین وزن ۱۰ کپسول از ناحیه وسط بوته در پنج بوته با ترازو بر حسب گرم)، طول کپسول (میانگین طول ۱۰ کپسول از ناحیه وسط بوته در ۵ بوته با خط‌کش بر حسب سانتی‌متر)، قطرکپسول (میانگین قطر ۱۰ کپسول از ناحیه وسط بوته در پنج بوته با کولیس بر حسب میلی‌متر)، درصد روغن (با دستگاه NMR بر حسب درصد)، عملکرد بیولوژیک (با ترازو برحسب گرم) و عملکرد دانه (با ترازو بر حسب گرم) بودند.

بعد از تجزیه واریانس شاهدها، آماره‌های توصیفی (پارامترهای جامعه) اندازه‌گیری شد. تجزیه به عامل‌ها با استفاده از تکنیک تجزیه به مولفه‌های اصلی و چرخش وریماکس انجام شد. سپس به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد بررسی، تجزیه خوشه‌ای مبتنی‌بر روش وارد (Ward) مورد استفاده قرار گرفت. برای حفظ و استفاده مناسب از گروه‌بندی ارقام توسط تجزیه خوشه‌ای، توابع تشخیص مربوط به آن با توجه به گروه‌بندی انجام‌شده به‌دست آمدند. توابع تشخیص به‌دست آمده از نوع توابع خطی فیشر بودند. کلیه 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 ژنوتیپ‌های مورد بررسی برای اکثر صفات تنوع مطلوبی نشان می‌دهند که البته دور از انتظار نبود زیرا ژنوتیپ‌ها 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 تک‌بوته (۸۶/۴)، تعداد شاخه فرعی (۸۶/۱۶) و تعداد کل کپسول در تک‌بوته (۷۴/۸۵) و کمترین ضریب تنوع فنوتیپی مربوط به درصد روغن (۵/۵۶)، تعداد روز تا رسیدگی کامل (۱۰/۶۲) 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 به‌صورت چشمگیری در برنامه‌های به‌نژادی کنجد به‌کار گرفته شود. برخی از خصوصیات زراعی ژنوتیپ‌های کنجد مورد بررسی به‌همراه مقایسه میانگین عملکرد دانه این ژنوتیپ‌ها در جدول ۳ آورده شده است. برخی از لاین‌ها تنوع قابل‌ملاحظه‌ای برای صفات مختلف نشان دادند، به‌عنوان مثال از نظر عملکرد دانه تک‌بوته، پنج ژنوتیپ Margo، Bukbak، Black chil sung، Q21115 (shattering selection) و Jungkyung، از نظر وزن صد دانه، پنج ژنوتیپ Japanese golden، Bukbak، Hybrid 25، VNIIMK 1651 و JILJILAN، از نظر تعداد کل کپسول‌ها در بوته، پنج ژنوتیپ Black c-2-c، Bukbak، Margo، Black chil sung و Songhak و از نظر طول کپسول پنج ژنوتیپ Beech 173، Lao hongzhi ma، Jinan 2، Zongzai 7 و Q21115 (shattering selection) دارای میانگین بالاتری برای صفات ذکر شده بودند که می‌توانند به‌عنوان والدین ارزشمندی در برنامه‌های دورگ‌گیری برای نیل به آن صفت خاص مورد استفاده قرار گیرند.

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 دانه تک بوته	عملکرد بیولوژیک تک بوته
بلوک	۵	۳۰/۴۹^{ns}	۸۱/۹۵^{ns}
ژنوتیپ	۲	۸۲۹/۲۹**	۲۳۸۶۱/۳۴**
خطا	۱۰	۲۴/۳۲	۱۳۱/۱۴

جدول ۲- مقادیر پارامترهای آماری صفات مختلف در ژنوتیپ‌های 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	۱۵/۳۴
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	۰/۸۳۳	۰/۵۲۲	۱۷/۶۷
وزن یک کپسول (گرم)	۰/۱۵	۰/۵۹۴	۰/۳۵۶	۲۵/۹۵
تعداد دانه در یک کپسول	۱۲/۳۳	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	۱۲۳/۸	۶۱/۰۶
عملکرد تک‌بوته (گرم)	۰/۳۷۶	۸۲	۱۹/۰۶	۸۶/۴
درصد روغن	۴۴/۹۵	۵۶/۶۱	۵۰/۴۵	۵/۵۶

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

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 تا رسیدگی	درصد روغن	گروه کلاستر
Margo	آمریکا	۸۲	۰/۳۴	۱۱۳	۱۱۶	۵۴/۶۵	۴
Bukbak	نامشخص	۷۴/۸۴	۰/۵۳	۱۱۲	۱۰۸	۵۰/۶۸	۴
Black chil sung	نامشخص	۶۲/۱	۰/۳۶	۱۰۸/۵	۱۱۰	۵۰/۵۹	۲
Q21115 (shattering selection)	نامشخص	۵۸/۲۷	۰/۳۲	۱۱۴	۱۰۰	۵۲/۳۳	۲
Jungkyung	نامشخص	۵۴/۸۹	۰/۲۶	۱۱۴/۱۷	۱۰۵	۵۴/۲۸	۲
Songhak	کره جنوبی	۵۱/۰۱	۰/۲۸	۱۰۹/۵	۱۱۲	۵۱/۶۵	۲
Black c-2-c	نامشخص	۴۶/۲۴	۰/۲۸	۱۰۴/۵	۱۳۰	۴۷/۰۸	۴
Rodopi	نامشخص	۴۱/۱۸	۰/۳۸	۱۳۰	۱۰۰	۵۵/۹۱	۲
White sesami 2-2	کره جنوبی	۴۰/۰۴	۰/۲۶	۱۰۸	۱۰۰	۵۱	۲
Dulce 101/87	نامشخص	۳۹/۳۴	۰/۳۵	۱۱۱	۱۲۶	۵۱/۷۸	۲
BIAN GAN	نامشخص	۳۵/۴۶	۰/۳۲	۹۹/۲۵	۱۱۰	۵۲/۴۳	۲
اولتان	ایران	۳۴/۱۷	۰/۲۹	۱۲۲/۳۵	۱۲۰	۵۳/۶	۲
VNIIMK 1651	اتحاد جماهیر شوروی سابق	۳۳/۴۳	۰/۴۲	۱۰۴	۱۲۸	۵۲/۵۲	۲
LSI 5%=۱۱/۷۳							

ادامه جدول ۳- خصوصیات زراعی ژنوتیپ‌های 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

نام ژنوتیپ	منشاء	عملکرد دانه (گرم)	وزن صد دانه	ارتفاع	روز تا رسیدگی	درصد روغن	گروه کلاستر
Lao hongzhi ma	چین	۳۲/۶۴	۰/۲۶	۱۴۶/۵	۱۰۸	۴۵/۸	۳
Amaliada	نامشخص	۳۲/۲۳	۰/۳۵	۹۷	۱۱۰	۵۶/۶۱	۲
Local 123	مصر	۳۰/۳۹	۰/۲۴	۱۱۱/۳۳	۱۰۰	۵۴/۰۳	۲
Backsan 2-2	کره جنوبی	۲۹/۸۹	۰/۳۲	۹۵	۱۱۰	۵۳/۲۱	۲
White c323-2	نامشخص	۲۹/۸۳	۰/۳۱	۸۳	۱۲۶	۵۱/۴۶	۴
Pachequero	نامشخص	۲۹/۵۵	۰/۳۶	۱۲۴/۶۷	۱۰۹	۵۳/۳	۲
Simchun 2	کره جنوبی	۲۷/۹۷	۰/۲۳	۱۰۹	۱۱۲	۴۷/۱۲	۳
Miss white	میانمار	۲۵	۰/۲۱	۳۶	۱۱۵	۴۷/۶	۱
Akyang	کره جنوبی	۲۴/۷۴	۰/۲۹	۱۲۹	۱۰۰	۵۰/۴۵	۲
Sunhua 1	کره جنوبی	۲۴/۰۴	۰/۲۵	۱۱۴	۱۰۸	۵۱/۱۱	۲
Tainan white 1-1	نامشخص	۲۳/۳۸	۰/۳۲	۹۶	۱۰۸	۵۳/۶۶	۱
Chunyang	کره جنوبی	۲۳/۲۵	۰/۲۶	۱۱۴	۱۴۴	۴۶/۷۲	۳
Native Caption	نامشخص	۲۳	۰/۲۵	۱۱۴	۱۱۲	۴۸/۲	۵
Pacande	ژاپن	۲۲/۹	۰/۲	۱۵۶	۱۱۲	۴۸	۵
Hoechon 2	کره جنوبی	۲۲/۵۱	۰/۲۷	۱۰۰/۶۷	۱۰۸	۵۱/۲۴	۱
Hwoing sung	کره جنوبی	۲۲/۲۸	۰/۲۷	۱۲۱/۵	۱۰۰	۴۵/۱۳	۱
Jumbo	گواتمالا	۲۲	۰/۲۵	۱۱۰	۱۱۴	۴۹/۵	۵
Anthalya-1	ترکیه	۲۱/۶۱	۰/۲۴	۱۱۲/۶۷	۱۰۰	۵۳/۹۶	۱
Yongan	کره جنوبی	۲۱/۵۴	۰/۲۷	۸۴	۱۰۰	۵۱/۴۶	۲
Kubarez 55	ترکیه	۲۰/۹۹	۰/۳۲	۱۱۴/۳۳	۱۰۰	۵۴/۴۶	۱
Venezuela	کره جنوبی	۲۰/۶۱	۰/۲۶	۱۰۷	۱۳۸	۴۹/۹۶	۳
Hongsan	کره جنوبی	۲۰	۰/۳۴	۷۳	۱۰۰	۴۸/۲	۱
JILJILAN	یمن	۲۰	۰/۴۱	۱۳۴/۵	۱۱۴	۴۸/۵	۵
Beech 173	نامشخص	۱۹/۶۱	۰/۲۶	۱۷۰	۱۱۲	۵۰/۵	۳
Unsu 1	کره جنوبی	۱۹/۴۹	۰/۳۶	۱۳۰/۵	۱۰۳	۵۰/۲۳	۲
Wasegoma 2	ژاپن	۱۹/۲۲	۰/۳۳	۱۱۴	۱۰۵	۴۸/۹۸	۳
ناز تک‌شاخه	ایران	۱۷/۶۴	۰/۲۸	۹۷/۲۷	۱۲۸	۵۲/۳	۲
LSI 5%=۱۱/۷۳							

ادامه جدول ۳- خصوصیات زراعی ژنوتیپ‌های 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

نام ژنوتیپ	منشاء	عملکرد دانه (گرم)	وزن صد دانه	ارتفاع	روز تا رسیدگی	درصد روغن	گروه کلاستر
Noeun	کره جنوبی	۱۶/۱۷	۰/۲۲	۸۶	۱۱۰	۴۶/۸۶	۱
Godae	کره جنوبی	۱۵/۶۲	۰/۲۷	۹۵/۶۷	۱۰۸	۵۴/۶۸	۱
Dongeuy	کره جنوبی	۱۵/۰۹	۰/۳۲	۱۰۴	۱۰۰	۴۸/۴۳	۱
Hanyim 2	کره جنوبی	۱۴/۴۳	۰/۱۹	۹۶	۱۰۰	۵۱/۴۶	۱
Beech 901	نامشخص	۱۳/۳۸	۰/۲۶	۹۳/۶۷	۱۱۲	۴۹/۲۶	۳
Hail 2	کره جنوبی	۱۲/۷۹	۰/۲۴	۱۰۶	۱۰۰	۴۶/۷۶	۱
Jinan 2	کره جنوبی	۱۲/۷۴	۰/۳	۷۸	۱۰۶	۵۲/۸	۳
یلووایت	ایران	۱۲/۲۸	۰/۳۵	۹۸/۵۶	۱۳۴	۵۴/۶	۳
Boryung	کره جنوبی	۱۲/۲۳	۰/۳	۱۲۰	۱۲۶	۴۵/۱۱	۳
White mukseog 2-b	نامشخص	۱۲/۱۳	۰/۳۴	۸۰/۶۷	۱۲۶	۵۰/۳۱	۳
SC 4520-2-1	نامشخص	۱۲	۰/۳۲	۶۵	۱۳۸	۴۶/۹۲	۳
Turen	ژاپن	۱۱/۷۱	۰/۲۴	۱۲۰	۱۱۲	۵۰/۵۷	۳
Hwasung	کره جنوبی	۱۱/۵۳	۰/۲۸	۷۳	۱۰۰	۴۹/۶	۱
Dunae	کره جنوبی	۱۱/۳۶	۰/۳۱	۱۰۱	۱۱۲	۵۰/۰۵	۳
White pogo 1	کره جنوبی	۱۱/۳۱	۰/۲۸	۸۷	۱۱۲	۵۲/۲۷	۳
Hanyim 1	کره جنوبی	۱۱/۲	۰/۲۸	۷۸	۱۰۰	۵۰/۷۸	۱
Hybrid 25	کره جنوبی	۱۱/۱۵	۰/۵	۱۰۹	۱۰۵	۴۹/۸۵	۱
Lao hongzhuanzhulian	چین	۱۱/۰۹	۰/۱۹	۹۹/۶۷	۱۰۰	۴۴/۹۵	۱
Backsan 2-1	کره جنوبی	۱۰/۹۹	۰/۲۸	۹۷/۶۷	۱۱۲	۴۶/۲۳	۳
Japanese white	ژاپن	۱۰/۹۴	۰/۱۸	۷۸	۱۳۰	۴۷/۹۹	۱
Q21115 (non-shattering selection)	نامشخص	۱۰/۷۳	۰/۲۹	۱۰۰/۷۵	۱۰۰	۵۴/۵۲	۳
Gyum 1 1	کره جنوبی	۱۰/۲۹	۰/۲۵	۱۱۹	۱۱۰	۵۱/۰۳	۳
Aceitera	اتحاد جماهیر شوروی سابق	۹/۶۵	۰/۱۸	۷۷	۱۰۰	۴۸/۳	۱
Ba fang tuo	چین	۹/۵۴	۰/۲۴	۱۱۳	۱۲۶	۴۸/۷۸	۳
Haibuk	کره جنوبی	۹/۳۶	۰/۲۷	۱۰۸/۱۷	۱۰۰	۵۰/۰۶	۱
Sagok	کره جنوبی	۹/۰۲	۰/۱۹	۶۹	۱۱۰	۵۴/۶	۱
Tainan black 1	چین	۸/۶۹	۰/۳	۱۰۴	۱۰۹	۴۹/۵۵	۳
Daeyang	کره جنوبی	۸/۴۹	۰/۳۲	۹۴	۱۲۶	۵۱/۲۳	۳
Japanese golden	ژاپن	۸	۰/۶۸	۴۱	۱۳۰	۵۰/۳	۱
Sudan super white	نامشخص	۸	۰/۲۵	۷۰	۱۱۰	۴۷/۲۹	۳
Dongbu	کره جنوبی	۷/۸۷	۰/۳۲	۸۹/۵	۱۰۸	۵۱/۰۵	۱
Haeree	کره جنوبی	۷/۵۸	۰/۳۸	۹۷/۸۳	۱۰۳	۵۰/۵۹	۱
Keumyu	کره جنوبی	۷/۳۷	۰/۳۶	۸۰	۱۱۲	۵۰/۰۷	۱
Songok	کره جنوبی	۷/۲۶	۰/۲۵	۸۶	۱۰۰	۴۸/۹۹	۳
Haiduk 2	کره جنوبی	۶/۸۹	۰/۱۴	۸۲/۵	۱۰۰	۴۷/۶۴	۱
Zongzai 7	چین	۶/۸۸	۰/۱۹	۱۱۶	۱۳۰	۴۶/۳۲	۳
E zhi 1	چین	۶/۸۴	۰/۱۷	۹۶/۳۳	۱۱۲	۴۶/۸۷	۳
Tainan black 2	چین	۶/۴۳	۰/۲۹	۸۳/۳۳	۱۱۲	۴۹/۶۵	۳
Bufal 1-2	کره جنوبی	۶/۲۹	۰/۲۵	۶۸	۱۰۰	۴۷/۹۶	۱
Jochiwon	کره جنوبی	۶/۱۴	۰/۳	۸۳	۱۰۶	۴۷/۲۹	۳
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

گروه کلاستر	درصد روغن	روز تا رسیدگی	ارتفاع	وزن صد دانه	عملکرد دانه (گرم)	منشاء	نام ژنوتیپ
۱	۴۸/۵۲	۱۱۴	۶۶	۰/۲۴	۶	کره جنوبی	White pogo 5
۱	۴۷/۸۹	۱۰۰	۷۵/۵	۰/۳	۵/۵۳	کره جنوبی	Yeosu
۱	۵۱/۶۹	۱۴۵	۵۵/۵	۰/۲	۵/۱۱	عراق	Simsim (REP 2)
۱	۵۰/۳۱	۱۰۰	۸۰	۰/۲۳	۴/۵۵	نامشخص	Yori 77
۱	۵۳/۱۱	۱۰۰	۵۵	۰/۲۳	۴/۵۵	ژاپن	Younggang 5-bc
۳	۴۹/۳	۱۱۲	۱۰۱	۰/۲۹	۴/۵۲	کره جنوبی	Handing
۱	۵۲/۲۵	۱۱۲	۷۷	۰/۲۸	۴/۴۵	کره جنوبی	Gogun
۳	۴۸/۶۹	۱۱۰	۹۳/۶۷	۰/۱۸	۴/۱	کره جنوبی	Hadong
۳	۴۸/۲۸	۱۱۰	۱۲۰/۳۳	۰/۲۶	۳/۲۷	نامشخص	Instituto 81
۱	۵۱/۸۸	۱۰۰	۷۶	۰/۴	۲/۴۸	نامشخص	White Sindos 381 (early)
۱	۵۳/۳۶	۱۱۰	۱۱۰	۰/۳	۲/۳۶	کره جنوبی	Mijo
۱	۵۱/۲	۱۰۰	۵۳	۰/۲۱	۱/۸۶	نامشخص	Long capsule 5-b
۱	۵۰/۲۳	۱۲۶	۶۶	۰/۳۱	۱/۴۱	کره جنوبی	Wuje
۱	۵۲/۶۱	۱۰۰	۵۵	۰/۳	۰/۳۸	چین	Yi yang bai
LSI 5%=۱۱/۷۳							

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. نتایجتجزیه به عامل‌ها در جدول ۴ نشان داده شده است. در این جدول میزان واریانس هر عامل که نشان‌دهنده اهمیت آن عامل در نشان‌دادن بخشی از واریانس کل صفات مورد بررسی است به‌صورت درصد بیان شده است. میزان اشتراک بخشی از واریانس Xi (متغیر iام) 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 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 فنولوژیکی نام‌گذاری گردید. در عامل اول شناسایی شده توسط منصوری و همکاران (۱۵) 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 قطرکپسول و درصدروغن می‌باشد. با توجه به ضریب بزرگی که این عامل برای صفت درصد روغن 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 ارتفاعبوته 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) و بیابانی و پاک نیت (۶) نیز صفات ارتفاع بوته و ارتفاع اولین کپسول از سطح زمین دارای ضرایب بالایی بودند و در یک عامل قرار گرفتند.

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
عملکرد بیولوژیک	۰/۶۹*	۰/۱۴	۰/۲۴	۰/۳۴	۰/۰۲	-۰/۰۴
عملکرد دانه	۰/۹*	۰/۱۹	-۰/۲۷	-۰/۰۶	۰/۰۸	۰/۰۴
تعداد دانه در یک کپسول	۰/۰	۰/۸۶*	-۰/۰۲	۰/۰۵	۰/۰۳	-۰/۳۹
وزن دانه یک کپسول	-۰/۰۱	۰/۸۸*	-۰/۰۴	۰/۰۱	-۰/۱۰	۰/۲۸
وزن صد دانه	-۰/۰۳	۰/۰۹	-۰/۰۶	۰/۰	-۰/۱۷	۰/۹۶*
وزن یک کپسول	۰/۲۱	۰/۸۵*	۰/۰۵	۰/۳۴	۰/۱۰	۰/۱۴
طول کپسول	۰/۲۵	۰/۶۱*	۰/۲۲	-۰/۱۹	۰/۱۹	۰/۰۱
قطر کپسول	۰/۱۸	۰/۴۵	-۰/۳۶	۰/۵۹*	۰/۱۱	۰/۰۲
ارتفاع بوته	۰/۳۲	۰/۲۹	-۰/۴۴	۰/۳۹	۰/۵۴*	-۰/۰۷
ارتفاع اولین کپسول از سطح زمین	۰/۱۱	۰/۰۹	-۰/۰۵	۰/۱۵	۰/۸۶*	-۰/۱۸
تعداد شاخه فرعی	۰/۷۴*	۰/۰	۰/۳۲	-۰/۲۸	۰/۲۶	۰/۰۵
تعداد کپسول در شاخه‌های فرعی	۰/۹۴*	۰/۰۶	۰/۰۲	۰/۰۱	۰/۱۰	-۰/۰۲
تعداد کپسول در شاخه اصلی	۰/۴۷	۰/۱۲	-۰/۵۵*	۰/۳۴	-۰/۳۸	-۰/۲۲
تعداد کپسول‌های یک بوته	۰/۹۵*	۰/۰۸	-۰/۱۵	۰/۱۱	-۰/۰۹	-۰/۰۵
درصد روغن	۰/۰۶	۰/۰۵	-۰/۲۷	-۰/۸۴*	-۰/۱۳	۰/۰۱
روز تا شروع گلدهی	-۰/۰۴	۰/۰۴	۰/۹۱*	۰/۱۱	۰/۰	-۰/۱۲
روز تا شروع رسیدگی	۰/۲۴	۰/۲۴	۰/۶۸*	۰/۱۹	-۰/۳۸	۰/۰۱
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

عامل ششم ۶/۲ درصد از تغییرات صفات را توضیح می‌دهد و بزرگ‌ترین ضرایب عاملی آن متعلق به صفت وزنصددانه 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 مشخص‌شدن اندازه هر یک از 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). بدین‌ترتیب هر جا که قدر مطلق میانگین صفت در یک گروه از میانگین کل جامعه در آن صفت بالاتر باشند، آن گروه ارزش بیش‌تری از نظر انتخاب والدین دارد (۱۶). نهایتاً دو گروهی که بیش‌ترین فاصله را از هم داشته باشند، ژنوتیپ‌های آن گروه‌ها می‌توانند برای دستیابی به هتروزیس بیش‌تر به‌عنوان والدین تلاقی‌ها مدنظر قرار گیرند. خوشه یک شامل ۳۷ ژنوتیپ 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 ژنوتیپ 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 روغن نسبت به میانگین این صفات در سایر خوشه‌ها بیش‌تر بود.

خوشه سوم شامل ۳۰ ژنوتیپ 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 صددانه کم‌ترین مقدار را نسبت به میانگین این صفات در سایر خوشه‌ها به خود اختصاص داده بود.

خوشه چهارم شامل چهار ژنوتیپ بود که از لحاظ روز تا رسیدگی، تعداد کپسول در شاخه‌های فرعی، تعداد کپسول در بوته، وزن صددانه و عملکرد دانه تک‌بوته بیش‌ترین مقدار را به خود اختصاص داده بود و ازلحاظ ارتفاع اولین کپسول از سطح زمین کم‌ترین مقدار را به خود اختصاص داده بود.

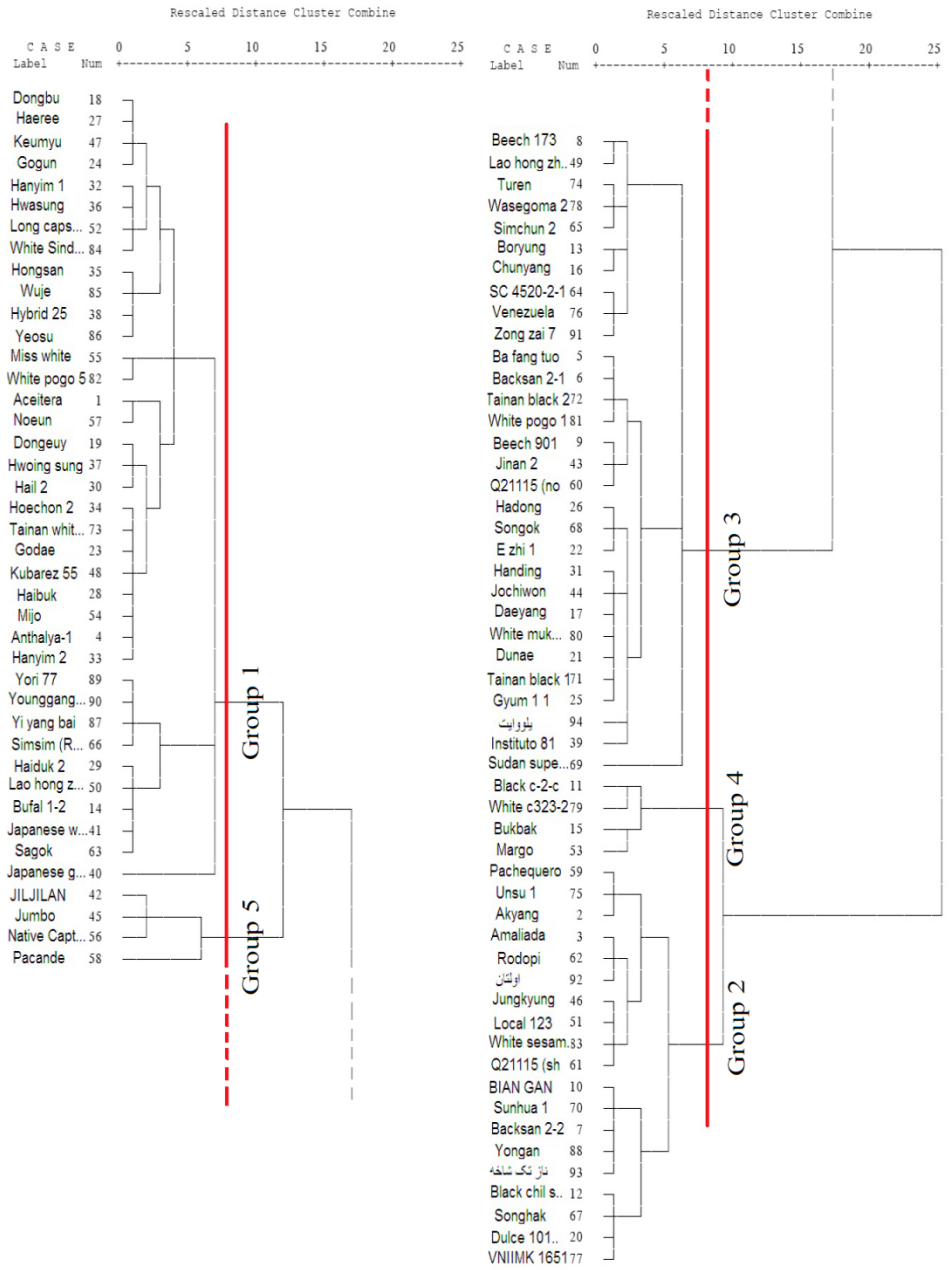
خوشه پنجم شامل چهار ژنوتیپ بود که از لحاظ ارتفاع بوته، ارتفاع اولین کپسول از سطح زمین، تعداد شاخه‌های فرعی در بوته و وزن یک بوته بیش‌ترین مقدار را به خود اختصاص داده بود و ازلحاظ روز تا شروع گلدهی، تعداد کپسول در شاخه اصلی، طول کپسول، عرض کپسول، وزن یک کپسول، تعداد دانه در کپسول، وزن دانه یک کپسول و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

نتایج تجزیه خوشه‌ای نشان داد که دسته‌بندی ژنوتیپ‌ها با توزیع جغرافیایی ژنوتیپ‌ها ارتباطی نداشتند و ارقام اکثراً براساس تفاوت‌های مورفولوژیکی گروه‌بندی شدند. هشت ژنوتیپ چینی در خوشه یک و سه، یک ژنوتیپ مصری در خوشه دو، دو ژنوتیپ مربوط به شوروی سابق در خوشه یک و دو، یک ژنوتیپ مربوط به گواتمالا در خوشه پنج، یک ژنوتیپ مربوط به عراق در خوشه یک، شش ژنوتیپ مربوط به ژاپن

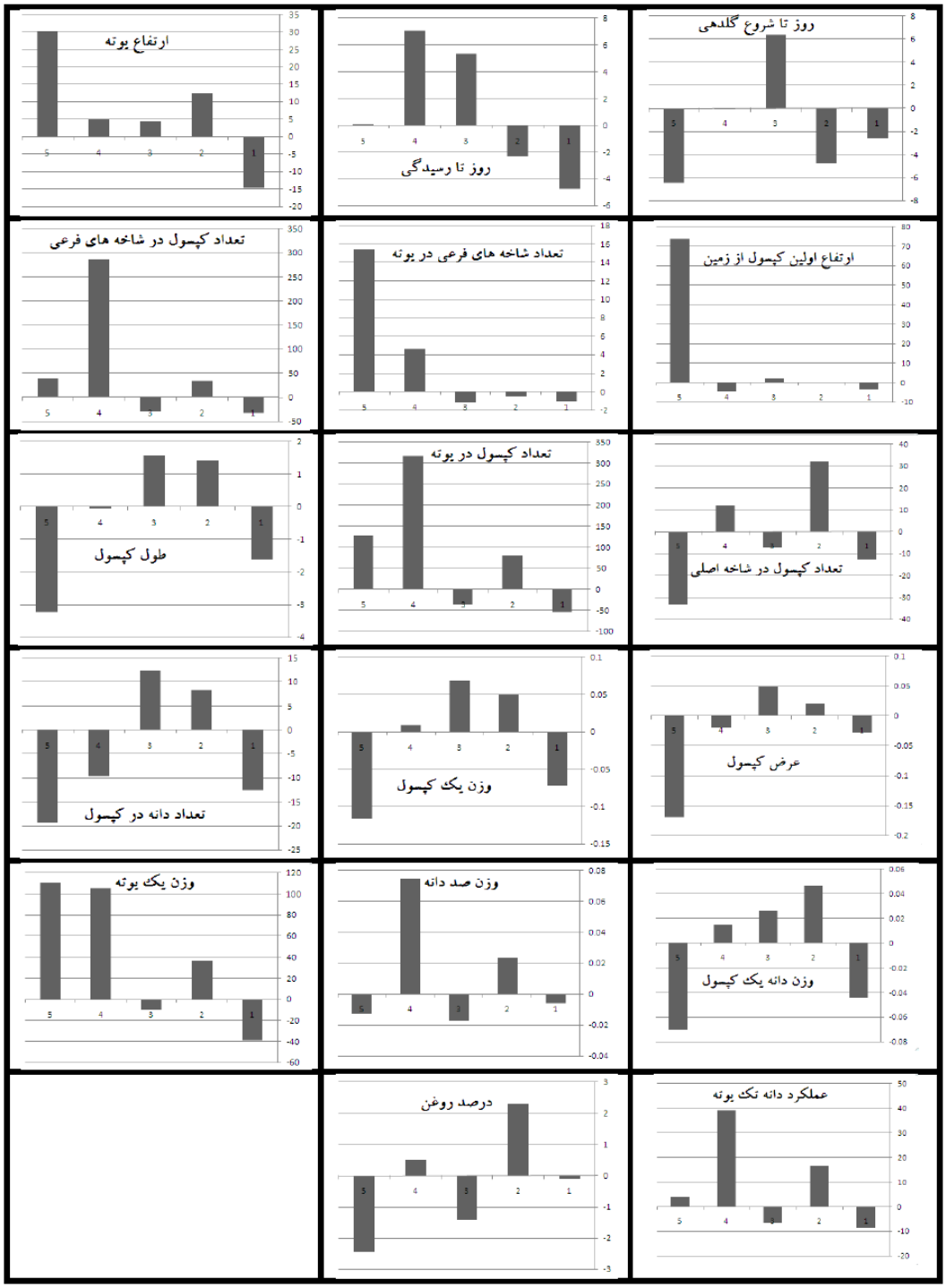
در خوشه‌های یک، سه و پنج، ۴۴ ژنوتیپ مربوط به کره جنوبی در خوشه‌های یک، دو و سه، یک ژنوتیپ مربوط به میانمار در خوشه یک، دو ژنوتیپ مربوط به ترکیه در خوشه یک، یک ژنوتیپ مربوط به آمریکا در خوشه چهار، در نهایت یک ژنوتیپ مربوط به یمن در خوشه پنج قرار گرفتند. اکبر و همکاران (۲) نیز با تجزیه خوشه ۱۰۵ ژنوتیپ 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 به‌میزان ۱۰۰ درصد از واریانس کلی را توضیح می‌دهند. از این رو می‌توان ارقام جدید را به گروه‌های مربوطه منتسب کرد. با استفاده از ضرایب ارائه‌شده 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 منتسب کرد که کم‌ترین فاصله را با آن داشته باشد. با توجه به ضرایب صفات در هر تابع می‌توان به اهمیت نسبی هر صفت در تمایز بین گروه‌ها پی برد، به‌عنوان 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 به‌روش خطی فیشر ۹۵/۷ درصد برآورد شد که نشان می‌دهد تابع تشخیص، تقسیم ژنوتیپ‌ها در پنج گروه به‌وسیله تجزیه خوشه‌ای را تایید می‌کند (جدول ۶ و شکل ۳). شفیعی خورشیدی و همکاران (۲۰) با بررسی ۴۹ ژنوتیپ لوبیای 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 به‌طور صحیحی گروه‌بندی شدند و میزان موفقیت 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 گروه دسته‌بندی نمودند و نتایج تابع تشخیص نیز حاکی از این مطلب بود که ۱۰۰ درصد ژنوتیپ‌ها به گروه خود تعلق داشتند.



شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای 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

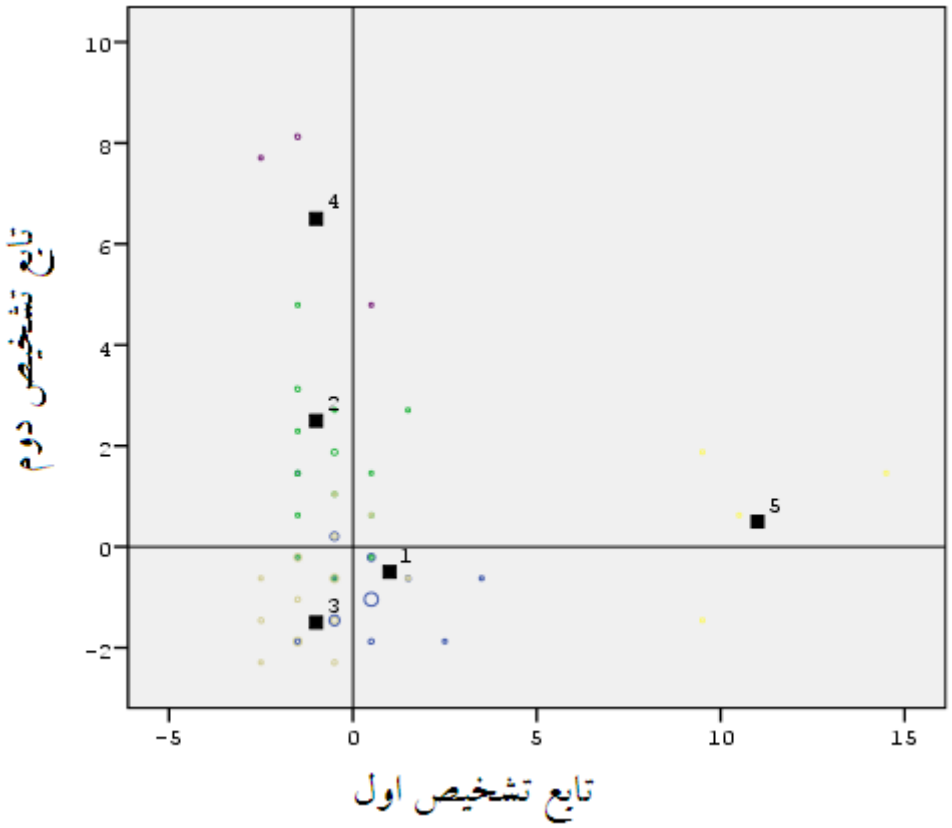
Table 5. Standardized discriminate function coefficients of traits along with eigen value and percentage of variance determination

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	۰/۳۵	-۰/۰۴	۰/۵۱	۰/۷۴
تعداد کپسول‌های یک بوته	-۰/۴۵	۰/۵۵	-۰/۱۷	-۰/۶۸
درصد روغن	۰/۰۴	۰/۲۶	۰/۱۷	۰/۴۰
روز تا شروع گلدهی	-۰/۳۲	۰/۰۱	۰/۴۶	-۰/۳۵
روز تا شروع رسیدگی	۰/۲۲	۰/۰۴	۰/۱۴	-۰/۱۸
مقدار ویژه	۵/۹۹	۳/۳۶	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	
اصلی	مجموع	۱	۳۶	۱	۰	۰	۰	۳۷
		۲	۰	۱۸	۱	۰	۰	۱۹
		۳	۱	۱	۲۸	۰	۰	۳۰
		۴	۰	۰	۰	۴	۰	۴
		۵	۰	۰	۰	۰	۴	۴
	درصد	۱	۹۷/۳۰	۲/۷۰	۰	۰	۰	۱۰۰
		۲	۰	۹۴/۷۴	۵/۲۶	۰	۰	۱۰۰
		۳	۳/۳۳	۳/۳۳	۹۳/۳۳	۰	۰	۱۰۰
		۴	۰	۰	۰	۱۰۰	۰	۱۰۰
		۵	۰	۰	۰	۰	۱۰۰	۱۰۰



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

به‌طور کلی در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر اکثر صفات مورد بررسی تفاوت قابل‌ملاحظه‌ای وجود داشت که این خود نشان از کارایی مطلوب ژنوتیپ‌های 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 به‌منظور شناسایی تلاقی‌های و بدست آوردن نوترکیبی‌های مطلوب در نسل‌های در حال تفرق بسیار با اهمیت است. اهمیت و جایگاه این‌گونه بررسی‌ها که پایه و اساس برنامه‌های بعدیاصلاح‌نبات می‌باشد از آن جهت است که برای اصلاح‌گر مشخص می‌کند که آیا در بانک ژن خود ژنوتیپ مطلوبی برای صفت مدنظر خود دارد یا خیر. پاسخ به این سوال مشخص‌کننده این است که بایستی از تکنیک تلاقی استفاده شود یا اگر محقق دسترسی به منابع ژنی مطلوب ندارد به‌دنبال تکنیک‌های دیگر مثل موتاسیون بایستی برود. اجمالاً ژنوتیپ‌های Margo، Bukbak، Black chil sung، Q21115 (shattering 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 به‌خاطر تامین هزینه‌های این پروژه (طرح پژوهشی ۹۵۱۲۷-۰۳-۰۳-۲) صمیمانه تشکر و قدردانی می‌گردد.

منابع

1. 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.
2. Akbar, F., M.A. Rabbani, Z.K. Shinwari and S.J. Khan. 2011. Genetic divergence in sesame (*Sesamumindicum* L.) landraces based on qualitative and quantitative traits. Pakistan Journal of Botany, 43(6): 2737-2744 (In Persian).
3. 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 (*Sesamumindicum* L.). Journal of oilseed research. Oil seed Res, 18: 173-175.
4. Bedigian D. and R. Harlan. 1986. Evdience for the cultivation of sesame in the ancient world. Economic Botany, 40: 137-154.
5. Bedigian, D., C. Smyth and J. Harlan. 1986. Patterns of morphological variation in sesame. Economic Botany, 40: 353-365.
6. Biabani, A.R. and H. Pakniyat. 2008. Evaluation of Seed Yield-Related Characters in Sesame (*Sesamumindicum* L.) Using Factor and Path Analysis. Pakistan Journal of Biological Sciences, 11: 1157-1160 (In Persian).
7. Bisht, I.S., R.K. Mahajan, T.R. Lokuathan 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.
8. Falconer, D.S. and T.F.C. Mackey. 1996. Introduction to quantitative genetics. Longman Group Ltd. Harlow, UK, 187-246.
9. FAO. 2014. FAOSTAT. Food and agricultural commodities production. Available athttp: // faostat. fao. Org/ site/ 339/ default. aspx. FAO.
10. Furat, S. and B. Uzun. 2010. The use of agro-morphological characters for the assessment of genetic diversity in sesame (*Sesamumindicum* L.). Plant Omics Journal, 3: 85-91.
11. Geleta, M., T. Bryngelsson and E. Bekel. 2008. Assessment of genetic diversity of Guizotiaabyssinica (L.f.) Cass. (Asteraceae) from Ethiopia using amplified fragment length polymorphism. Plant Genetic Resources Characterization Utilization, 6: 41-51.
12. 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.
13. Krishnaiah, G., K.R. Reddy and M.R. Sekhar. 2002. Variability studies in sesame. Crop Research, 24: 501-504.
14. 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 (*Sesamumindicum* L.). Sesame and safflower Newsletter, 17: 36-39.
15. 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).
16. 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 Improvment Journal, 24(3): 413-427 (In Persian).
17. Mkamilo, G.S. and D. Bedigian. 2007. *Sesamumindicum* L. In H.A.M. van der Vossen and G.S. Mkamilo, eds. Vegetable Oils. Plant Resources of Tropical Africa [PROTA], 14: 153-158.
18. Navale, P.A., C.A. Nimbalkar and H.T. Gandhi. 2001. Genetic divergence in sesame. Journal of Maharashtra Agricultural Universities, 26: 144-146.
19. 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).
20. 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.
21. Sharma, B.D. and D.K. Hore. 1993. Multivariate analysis of divergence in upland rice. Journal of Agricultural Science, 63: 515-517.
22. 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.
23. 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 (*Sesamumindicum* L.). International Journal of Applied Agricultural Sciences, 2: 311-314.
24. Trehan, K.B., A.V. Rao, S.K. Mehta, H. Chand, H.N. Sharma and S.K. Baijal. 1974. Genetic divergence in sesame. InternationalJournal of Applied Agricultural Sciences, 44: 208-212.
25. 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 Masoudi[1] **and Mehrzad Ahmadi**[2]

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