Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 17, Issue 4, 2025 p: 132-143

OPEN ACCESS

Research Paper

Evaluation of the Genetic Diversity of Safflower Genotypes in Terms of Morphological and Agronomic Traits

Parisa Tahbaz [1], Alireza Pourmohammad[2], Mehdi Jamshid Moghadam[3], and Ali Asghar Aliloo[4]

1- M.Sc., Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, University of Maragheh, Maragheh, Iran, (Corresponding author: parisa8782@gmail.com)
2- Associate Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, University of Maragheh, Maragheh, Iran
3- Assistant Professor, Dryland Agricultural Research Institute, Kermanshah, Iran
4- Associate Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, University of Maragheh, Maragheh, Iran

Received: 18 April, 2025 Revised: 20 July, 2025 Accepted: 25 August, 2025

Extended Abstract

Background: Today, oilseeds are considered one of the most important agricultural products in the world, and safflower is one of the most important oilseed plants. The consumption of vegetable oils is increasing due to the daily population increase and changes in people's dietary patterns. Oilseeds are produced to extract oil from their seeds, but they are also considered a valuable source of protein, and the product residues after oil extraction are used for this purpose. Safflower is one of the most important oilseed plants due to its numerous advantages, including resistance to drought and salinity stresses. Knowledge of the genetic diversity existing between safflower genotypes allows their use in breeding programs aiming to produce hybrids with desirable quantitative and qualitative yields. This study aimed to determine the genetic diversity of the studied safflower genotypes in terms of some morphological and agronomic traits for use in safflower breeding programs, as well as to identify the relationships between morphological and agronomic traits and grouping of the studied genotypes.

Methods: For this purpose, 64 safflower samples were obtained from the National Agricultural Research Institute, along with five cultivars of Sina, Faraman, Omid, Goldasht, and one local cultivar of Islamabad, which were studied in an augmented design experiment with four replications at the research farm of the Department of Plant Genetics and Production Engineering, Maragheh University. After land preparation, the seeds were sown in four replications (blocks) of 16 lines with the above-mentioned cultivars. The seeds of each genotype were sown in rows in plots with a length of 150 cm and a width of 85 cm, each plot having three rows of 150 cm with a distance of 40 cm. In addition to the usual agronomic care, some morphological and agronomic traits were measured at the end of the growth and development period. These traits included plant height, the number of side branches, the number of bolls per plant, the number of seeds per boll, 1000-seed weight, plant type, and yield. Before variance analysis, the normality of the data distribution was examined using the Kolmogorov-Smirnov method. The data related to the cultivars were analyzed by variance analysis and, accordingly, the line means were compared using the LSD test. The correlation coefficients between the traits were calculated to examine the relationships between traits. The correlation between the yield component trait and its related traits should be calculated, and the effect of the yield components on it is determined according to the genotype and the environment, which are effective factors in creating diversity. Morphological traits can be measured accurately and easily, and some of them have relatively high heritability. Thus, selection based on these traits may be a suitable way to screen plant communities and improve grain yield. Cluster analysis of genotypes was performed using the Ward method and the square of Euclidean distance based on the studied traits. In cluster analysis, individuals within a cluster have the greatest similarity and uniformity, and there is maximum difference between clusters. Therefore, if the grouping is successful, individuals within the cluster are genetically closer to each other, and distant clusters will be more different. The cut point of the dendrogram was determined using discriminant function analysis, and the state in which the difference between the grouping levels was maximum was considered as the cut point. The

Copyright ©2025. Tahbaz et al. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution-Non-Commercial 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.

average of each cluster for each trait and its percentage deviation from the total mean were calculated to determine the characteristics of each group resulting from cluster analysis in terms of the studied traits. Principal component analysis was performed to reduce the volume of data and better interpret them. The data were analyzed using SPSS software.
Results: For most of the studied traits, the safflower lines showed statistically significant differences with each other and with the control varieties. The correlation results showed that the single plant grain yield had a significant positive correlation with the traits of thousand-grain weight, boll diameter, and the number of seeds per boll. Cluster analysis using the Ward method, the Euclidean distance criterion based on the data of 12 traits, and the resulting dendrogram cut classified 69 safflower genotypes into four clusters. The cut point of the resulting dendrograms based on morphological and physiological traits was determined using discriminant function analysis, and the state in which the difference between the grouping levels was maximum was considered as the cut point. Dendrogram cutting was performed based on multivariate analysis of variance and provided the highest amount of between-group variance in a group with four clusters. In principal component analysis based on the average of 12 traits in 69 safflower genotypes, the first three principal components explained a total of 65.13% of the trait variation. Values of 19.66% and 12.63% were obtained for the second and third components, respectively.
Conclusion: The second cluster was identified as the best cluster, and the genotypes of this cluster can be used to improve grain yield. According to the principal component analysis, the first component was named the grain yield component. This component can be used in selection for safflower genotypes. Based on the results obtained, the Goldasht variety was considered the superior variety.

Keywords: Cluster analysis, Grain yield, Oil percentage, Principal component analysis

How to Cite This Article: Tahbaz, P., Pourmohammad, A., Jamshid Moghadam, M., & Aliloo, A. A. (2025). Evaluation of the Genetic Diversity of Safflower Genotypes in Terms of Morphological and Agronomic Traits. *J Crop Breed,* 17(4), 132-143. DOI: 10.61882/jcb.2025.1609

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

مقاله پژوهشی

ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گلرنگ از لحاظ صفات مورفولوژیکی و زراعی

پریسا طهباز [۱]، علیرضا پورمحمد [۲]، مهدی جمشید مقدم [۳] و علی اصغر علیلو [۴]

۱- کارشناس ارشد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مراغه، مراغه، ایران، (نویسنده مسوول: parisa8782@gmail.com)
۲- دانشیار، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مراغه، مراغه، ایران
۳- استادیار، موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، کرمانشاه، ایران
۴- دانشیار، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مراغه، مراغه، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۱/۲۹ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۴/۰۴/۲۹ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۶/۰۳
صفحه ۱۳۲ تا ۱۴۳

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: امروزه دانه‌های روغنی به‌عنوان یکی از مهم‌ترین محصولات کشاورزی دنیا به‌شمار می‌روند و گلرنگ نیز یکی از مهم‌ترین گیاهان دانه‌روغنی محسوب می‌شود. با توجه به افزایش روزانه جمعیت و تغییر الگوی غذایی مردم، مصرف روغن‌های گیاهی نیز در حال افزایش است. دانه‌های روغنی به‌منظور استخراج روغن از دانه آن‌ها تولید می‌شوند، ولی یک منبع با ارزش پروتئین نیز به‌حساب می‌آیند و بقایای محصول بعد از روغن‌کشی به این منظور به‌کار می‌رود. گلرنگ به‌خاطر مزایای متعدد از جمله مقاومت به تنش‌های خشکی و شوری، از مهم‌ترین گیاهان روغنی است. آگاهی از تنوع ژنتیکی موجود بین ژنوتیپ‌های گلرنگ امکان استفاده از آن‌ها را در برنامه‌های به‌نژادی با هدف تولید هیبریدهای با عملکرد کمی و کیفی مطلوب فراهم می‌کند. هدف از این بررسی، تعیین میزان تنوع ژنتیکی موجود در ژنوتیپ‌های تحت بررسی گلرنگ از نظر برخی صفات مورفولوژیکی و زراعی جهت بهره‌برداری در برنامه‌های اصلاحی گلرنگ، تشخیص روابط بین صفات مورفولوژیکی و زراعی و نیز گروه‌بندی ژنوتیپ‌های تحت بررسی بود.

مواد و روش‌ها: به این منظور، ۶۴ نمونه گلرنگ همراه با پنج رقم سینا، فرامان، امید، گلدشت و یک رقم محلی اسلام‌آباد از موسسه تحقیقات دیم کشاورزی کشور تهیه شدند و در یک آزمایش به‌صورت طرح آگمنت با چهار تکرار در مزرعه‌ی پژوهشی گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی دانشگاه مراغه مورد مطالعه قرارگرفتند. پس از عملیات آماده‌سازی زمین، بذرها به‌صورت چهار تکرار (بلوک) ۱۶ لاینی همراه با ارقام فوق کشت شدند. بذرهای مربوط به هر ژنوتیپ به‌صورت ردیفی در کرت‌های با طول ۱۵۰ سانتی‌متر و عرض ۸۵ سانتی‌متر کشت شدند که هر کرت دارای سه ردیف ۱۵۰ سانتی‌متری با فاصله‌ی ۴۰ سانتی‌متر بود. در پایان دوره رشد و نمو، علاوه‌بر مراقبت‌های معمولی زراعی، برخی صفات مورفولوژیکی و زراعی از جمله ارتفاع بوته، تعداد شاخه فرعی، تعداد غوزه در بوته، تعداد دانه در غوزه، وزن هزار دانه، تیپ بوته، و عملکرد اندازه‌گیری شدند. قبل از تجزیه واریانس، نرمال‌بودن توزیع داده‌ها با روش کولموگروف–اسمیرنوف مورد بررسی قرار گرفت. داده‌های مربوط به ارقام مورد تجزیه واریانس قرار گرفتند و با توجه به آن‌ها، مقایسه میانگین لاین‌ها به روش آزمون حداقل تفاوت معنی‌دار LSD انجام گرفت. به منظور بررسی روابط بین صفات، ضرایب همبستگی بین صفات محاسبه شدند. همبستگی بین صفت اجزای عملکرد و صفات مرتبط با آن باید محاسبه شود و با توجه به ژنوتیپ و محیط که عوامل موثر در ایجاد تنوع هستند، میزان تأثیر اجزای عملکرد برآن تعیین می‌شود. صفات مورفولوژیک با دقت و به سادگی قابل اندازه‌گیری هستند؛ همچنین، برخی از آن‌ها از وراثت‌پذیری نسبتا بالایی برخوردارند، بنا بر این گزینش بر اساس این صفات ممکن است یک راه مناسب برای غربال کردن جوامع گیاهی و بهبود عملکرد دانه باشد. تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها نیز با استفاده از روش وارد و مربع فاصله اقلیدسی بر اساس صفات مورد مطالعه انجام شد. در تجزیه کلاستر، افرادی که داخل یک کلاستر هستند بیشترین شباهت و یکنواختی را دارند و بین کلاسترها حداکثر تفاوت وجود دارد. بنا بر این، اگر گروه‌بندی موفقیت‌آمیز باشد، افراد داخل کلاستر از لحاظ ژنتیکی به هم نزدیک‌ترند و کلاسترهای دورتر متفاوت‌تر خواهند بود. نقطه‌برش دندروگرام با استفاده از تجزیه تابع تشخیص تعیین گردید و حالتی که در آن اختلاف بین سطوح گروه‌بندی در حداکثر بود، به‌عنوان محل برش درنظر گرفته شد. برای تعیین خصوصیات هر گروه حاصل از تجزیه خوشه‌ای از نظر صفات مورد مطالعه، میانگین هر خوشه برای هر صفت و درصد انحراف آن از میانگین کل محاسبه شد. تجزیه به مولفه‌های اصلی برای کاهش حجم داده‌ها و تفسیر بهتر آن‌ها اجرا گردید. داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار SPSS مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند.

یافته‌ها: از نظر اکثر صفات مورد مطالعه، لاین‌های گلرنگ اختلاف آماری معنی‌داری با هم و نیز با ارقام شاهد داشتند. نتایج همبستگی نشان دادند که عملکرد دانه تک‌بوته با صفات وزن هزار دانه، قطر غوزه و تعداد دانه در غوزه دارای همبستگی مثبت معنی‌دار بود. تجزیه خوشه‌ای به روش وارد، معیار فاصله اقلیدسی بر اساس داده‌های ۱۲ صفت و برش دندروگرام حاصل، ۶۹ ژنوتیپ گلرنگ را به چهار خوشه طبقه‌بندی کردند. برای تعیین نقطه برش دندروگرام‌های حاصل بر اساس صفات مورفولوژیک و فیزیولوژیک، از تجزیه تابع تشخیص استفاده شد و حالتی که در آن اختلاف بین سطوح گروه‌بندی در حداکثر بود، به‌عنوان محل برش در نظر گرفته شد. برش دندروگرام بر اساس تجزیه واریانس چندمتغیره انجام شد و بیشترین مقدار واریانس بین‌گروهی به درون‌گروهی را با چهار خوشه فراهم کرد. در تجزیه به مولفه‌های اصلی بر اساس میانگین ۱۲ صفت در ۶۹ ژنوتیپ گلرنگ، سه مؤلفه اصلی اول مجموعاً ۶۵/۱۳ درصد از تنوع صفات را توجیه کردند. این مقدار برای مؤلفه‌های دوم و سوم به‌ترتیب ۱۹/۶۶ و ۱۲/۶۳ درصد بود.

نتیجه‌گیری: خوشه دوم به‌عنوان بهترین خوشه شناخته شد و ژنوتیپ‌های این خوشه را می‌توان برای بهبود عملکرد دانه مورد استفاده قرار داد. با توجه به تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، مؤلفه اول مؤلفه عملکرد دانه نام‌گذاری شد. از این مولفه می‌توان در گزینش برای ژنوتیپ‌های گلرنگ استفاده کرد. بر اساس نتایج به‌دست‌آمده، رقم گلدشت، رقم برتر محسوب شد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مولفه‌های اصلی، درصد روغن، عملکرد دانه

مقدمه

در دنیای امروز، دانه‌های روغنی جزو فرآورده‌های مهم کشاورزی محسوب می‌شوند. با توجه به این که جمعیت در حال افزایش است و الگوی غذایی مردم نیز در حال تغییر است، مصرف روغن‌های گیاهی نیز بیشتر مورد توجه قرار گرفته است. دانه‌های روغنی علاوه بر این‌که یک منبع استخراج روغن هستند، یک منبع با ارزش پروتئین نیز محسوب می‌شوند (Azari & Niko, 2025). همچنین، دانه‌های روغنی نقش مهمی در تامین انرژی و کالری مورد نیاز در تغذیه انسان و دام ایفا می‌کنند. پس از غلات، گیاهان دانه‌روغنی دارای اهمیت بسیار بالایی هستند. گیاه گلرنگ با نام علمی (*Carthamus tinctorius L.*) متعلق به خانواده مرکبان یا آستراسه (*Asteraceae*) است. گلرنگ یک گیاه زراعی یک‌ساله

محسوب می‌شود و می‌تواند در ردیف کلزا، سویا، پنبه و آفتابگردان قرار گیرد. گلرنگ گیاهی خودگشن است که گزارشات متعددی از میزان دگرگشنی در گونه‌ها و ژنوتیپ‌های مختلف این گیاه در دست است (Singh & Nimbkar, 2007). این گیاه از لحاظ ویتامین A و عناصر آهن، فسفر و کلسیم غنی است (Sujatha & Parabakaran, 2006). از این گیاه می‌توان در زمینه‌های طبی، صنعتی و غذایی استفاده کرد و لازم به‌ذکر است که روغن آن کیفیت بالایی دارد چون دارای اسیدهای چرب غیراشباع و ضروری است. اسید اولئیک در روغن دانه‌ی ارقام مختلف گلرنگ حدود ۷۵ تا ۸۰ درصد گزارش شده است. این نوع روغن قابل مقایسه با روغن زیتون است و در برابر حرارت نیز پایداری بسیار خوبی از خود نشان می‌دهد (Moradi telawat & Siadat, 2018). تحقیقات نشان داده‌اند که ژن‌های مقاومت به تنش‌های زیستی و غیر زیستی در گونه‌های مختلف گلرنگ وجود دارند (Saeedpour et al, 2014). گلرنگ جزو قدیمی‌ترین محصولات زراعی جهان به‌شمار می‌رود و با توجه به ویژگی‌های زراعی این گیاه و مقاومت بالای آن به تنش خشکی قابلیت کشت در مناطق دیم وخشک را نیز دارد (Moradi telawat & Siadat, 2018). روغن گلرنگ یک روغن خشک شونده (دارای ضریب یدی بالا) محسوب می‌شود (Mundel & Bergman, 2009). روغن گلرنگ پایداری بسیار بالایی دارد و دماهای کم و زیاد باعث کاهش کیفیت آن نمی‌شوند. در سال‌های اخیر، در مهندسی ژنتیک از گلرنگ به‌عنوان یک گیاه میزبان برای تولید پروتئین‌های نوترکیب و انتقال ژن‌های مفید نیز استفاده شده است (Sujatha, 2008; Mayerhofer *et al*., 2008). منابع ژنتیکی دارای نقش مهمی در افزایش پتانسیل عملکرد هستند و کاهش تنوع ژنتیکی با مشکلات متعددی در یافتن ژن‌های جدید برای بهبود عملکرد و مقاومت به تنش‌های زیستی و غیر زیستی همراه است. مطالعه تنوع ژنتیکی علاوه بر سازماندهی و حفظ مواد گیاهی، برای پدیده هتروزیس و نیز تولید بذور هیبرید اهمیت دارد (Gepts, 2006). بررسی تنوع ژنتیکی در گیاهان نقش بسیار مهمی در برنامه‌های اصلاحی و همچنین حفاظت از منابع ژنتیکی با ارزش دارد. همچنین، آگاهی از تنوع ژنتیکی موجود بین ژنوتیپ‌های گلرنگ امکان استفاده از آن‌ها را در برنامه‌های به‌نژادی فراهم می‌کند (Baluchzadeh & Kiani, 2013). وجود تنوع ژنتیکی بالا در ژرم‌پلاسم گلرنگ، تاثیر بسیار زیادی بر برنامه‌های اصلاحی گلرنگ داشته است (Mousavi ojaq *et al*., 2019). تعیین همبستگی میان صفات مختلف، این امکان را برای به‌نژادگران فراهم می‌آورد تا با گزینش بهترین اجزاء تشکیل‌دهنده به عملکرد قابل‌توجهی دست پیدا کنند (Baluchzadeh & Kiani, 2013). صفوی و همکاران (Safavi *et al*., 2010) در بررسی ۱۷ ژنوتیپ ایرانی و سه ژنوتیپ از پاکستان، هند و فرانسه از نظر ۱۷ صفت مورفولوژیک گزارش کردند که تنوع قابل‌توجهی در بین ژنوتیپ‌های گلرنگ ملاحظه گردید. نتایج آزمایش عباسعلی و همکاران (Abbasali & Zahravi, 2016) نشان‌دهنده این بود که در بین ۱۱ ژنوتیپ گلرنگ تنوع بالایی وجود داشت و می‌توان از این تنوع برای اهداف مختلف اصلاحی استفاده کرد.

همچنین، همبستگی تعداد غوزه در بوته با عملکرد دانه مثبت و با شاخص برداشت منفی بود. یکی از روش‌های مهم برای طبقه‌بندی ژرم‌پلاسم و ارزیابی روابط ژنتیکی بین مواد مورد مطالعه استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره است. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای از مهم‌ترین این روش‌ها هستند (Mohammadi & Prasanna, 2003). در بررسی تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در ۲۵ لاین و ژنوتیپ گلرنگ، بیان شد که دو مؤلفه اول و دوم مجموعاً ۹۹ درصد تغییرات را توجیه کردند و صفات مورفولوژیک و فنولوژیک دارای مقادیر بالای بردارهای ویژه بودند (Abdipour *et al.,* 2019). در بررسی تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، ۱۲۲ ژنوتیپ گلرنگ گزارش شد که صفات اندازه طبق، تعداد طبق در بوته، تعداد دانه در طبق، ارتفاع بوته و تعدا روز تا گل‌دهی سبب تنوع در ژرم‌پلاسم گلرنگ شدند (Shinwari *et al*., 2014). جباری و همکاران (Jabbari *et al*., 2024) طی بررسی تنوع ژنتیکی در ۱۵۸ ژنوتیپ خارجی و شش ژنوتیپ ایرانی گلرنگ گزارش کردند که در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، مؤلفه اول عملکرد دانه و ماده خشک و مؤلفه دوم فنولوژی نام گرفتند. بررسی تنوع ژنتیکی ۱۲۹ ژنوتیپ گلرنگ در شرایط نیمه‌خشک با استفاده از تجزیه خوشه‌ای نشان داد که براساس ترسیم نمودار بای‌پلات، ژنوتیپ‌ها در چهار کلاستر طبقه‌بندی شدند که ژنوتیپ‌های موجود در گروه‌های اول و دوم از نظر عملکرد دانه برتر محسوب شدند (Pourdad & Jamshid Moghadam, 2014). کشت گیاه روغنی گلرنگ در سال‌های اخیر در کشور ما رو به افزایش بوده است و در راستای آن، تحقیقات گلرنگ نیز برای دستیابی به ارقام پرمحصول، پرروغن، بی‌خار و متحمل به سرما در حال گسترش هستند.

هدف از انجام این آزمایش تعیین میزان تنوع ژنتیکی موجود در ژنوتیپ‌های تحت بررسی گلرنگ از نظر برخی صفات مورفولوژیکی و زراعی جهت بهره‌برداری در برنامه‌های اصلاحی گلرنگ، شناسایی و تشخیص روابط داخلی بین صفات مورفولوژیکی و زراعی گلرنگ و نیز گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه گلرنگ بود. ژنوتیپ‌های گلرنگ مورد استفاده در این آزمایش از موسسه تحقیقات دیم کشور تهیه گردیدند. از آنجایی که ارقام داخلی گلرنگ محتوی روغن کمتر از ۳۰ درصد است و همچنین دیررس هستند، بنا بر این از اهداف مهم اصلاحی گلرنگ ارزیابی لاین‌های PI وارداتی در جهت شناسایی لاین‌هایی با محتوی روغن‌دانه بالا و زودرس‌تر است. لازمه هر کار اصلاحی، اطلاع از وجود تنوع ژنتیکی در بین مواد گیاهی است، لذا این پژوهش به منظور آگاهی از تنوع ژنتیکی و استفاده از آن در برنامه‌های به‌نژادی طراحی و اجرا گردید.

مواد و روش‌ها

این آزمایش در سال زراعی ۱۴۰۲ در مزرعه‌ی پژوهشی گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی دانشکده کشاورزی دانشگاه مراغه انجام گردید. در این پژوهش، تعداد ۶۴ لاین گلرنگ به‌همراه پنج رقم شاهد سینا، فرامان، امید ، گلدشت و لاین محلی اسلام‌آباد (جمعاً ۶۹ ژنوتیپ) در قالب طرح آگمنت اجرا گردید. از آن‌جایی که تعداد زیاد لاین‌ها امکان استفاده از بلوک کامل و مقدار کم بذر امکان داشتن تکرار را منتفی

می‌ساخت، در این آزمایش از طرح آگمنت استفاده شد، به این‌صورت که در هر بلوک تمام شاهدها و فقط تعدادی از لاین‌ها وجود داشتند. کشت بذرها در ۱۸ فروردین ماه صورت گرفت. تعداد پنج رقم شاهد همراه با ۶۴ لاین مورد نظر در قطعه زمینی با چهار بلوک کشت شدند. در هر بلوک تمام شاهدها حضور داشتند که به‌همراه ۱۶ لاین کشت شدند.

بذرهای مربوط به هر ژنوتیپ به‌صورت ردیفی در کرت‌های با طول ۱۵۰ سانتی‌متر و عرض ۸۵ سانتی‌متر کشت شدند که هر کرت دارای سه ردیف ۱۵۰ سانتی‌متری با فاصله‌ی ۴۰ سانتی‌متر بود. آبیاری بذرها به‌صورت قطره‌ای (نواری) در فواصل منظم انجام شد. جدول ۱ مشخصات ژنوتیپ‌های مورد استفاده در این آزمایش را نشان می‌دهد.

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های گلرنگ مورد استفاده در آزمایش

Table 1. Characteristics of saffron genotypes used in the experiment

شماره Number	ژنوتیپ Genotype	منشا Origin	تیپ Type	شماره Number	ژنوتیپ Genotype	منشا Origin	تیپ Type	شماره Number	ژنوتیپ Genotype	منشا Origin	تیپ Type
1	رقم محلی اسلام آباد Eslam Abad	ایران Iran	بی‌خار spineless	24	pl401588	هند India	خاردار spiny	47	pl537704(r)	اروزینا Arizona	بی‌خار spineless
2	امید Omid	ایران Iran	خاردار spiny	25	pl401589	هند India	خاردار spiny	48	pl537705	اریزونا Arizona	بی‌خار spineless
3	سینا Sina	ایران Iran	خاردار spiny	26	pl401591	هند India	خاردار spiny	49	pl537710	اریزونا Arizona	خاردار spiny
4	فرامان Faraman	ایران Iran	بی‌خار spineless	27	pl405995	ایران Iran	بی‌خار spineless	50	pl500161	زامبیا Zambia	خاردار spiny
5	گلدشت Goldasht	ایران Iran	بی‌خار spineless	28	pl537196	ایتالیا Italy	خاردار spiny	51	pl560161(o)	کالیفورنیا California	بی‌خار spineless
6	pl251264(b)	اردن Jordan	بی‌خار spineless	29	pl537614	آریزونا Arizona	خاردار spiny	52	pl560170(r)	ایداهو Idaho	بی‌خار spineless
7	pl262442(b)	اسپانیا Spain	بی‌خار spineless	30	pl537616	آریزونا Arizona	خاردار spiny	53	pl560167	آیداهو Idaho	بی‌خار spineless
8	pl283772(y)	هند India	خاردار spiny	31	pl537632	اریزونا Arizona	خاردار spiny	54	pl560167(r)	ایداهو Idaho	بی‌خار spineless
9	pl283774	هند India	خاردار spiny	32	pl537643(r)	اریزونا Arizona	بی‌خار spineless	55	pl560473	افریقا جنوبی South Africa	بی‌خار spineless
10	pl283777	هند India	خاردار spiny	33	pl537654	اریزونا Arizona	خاردار spiny	56	pl562639(b)	هند India	خاردار spiny
11	pl305181(b)	هند India	بی‌خار spineless	34	pl537655(y)	اریزونا Arizona	خاردار spiny	57	pl576981	چین China	خاردار spiny
12	pl306945	هند India	خاردار spiny	35	pl537657	اریزونا Arizona	خاردار spiny	58	pl599253(r)	کالیفورنیا California	بی‌خار spineless
13	pl307133	هند India	خاردار spiny	36	pl537660(w)	اریزونا Arizona	خاردار spiny	59	pl599254(b)	کالیفورنیا California	بی‌خار spineless
14	pl401470	بنگلادش Bangladesh	خاردار spiny	37	pl537661	اریزونا Arizona	بی‌خار spiny	60	pl613408	واشنگتن Washington	بی‌خار spineless
15	pl401472	بنگلادش Bangladesh	بی‌خار spineless	38	Pl537662	اریزونا Arizona	خاردار spiny	61	pl613432	واشنگتن Washington	خاردار spiny
16	pl401476(r)	بنگلادش Bangladesh	بی‌خار spineless	39	pl537663(o)	اریزونا Arizona	بی‌خار spineless	62	pl613443	واشنگتن Washington	بی‌خار spineless
17	pl401478	بنگلادش Bangladesh	خاردار spiny	40	pl537666	اریزونا Arizona	خاردار spiny	63	pl653218	چین China	خاردار spiny
18	pl401480	بنگلادش Bangladesh	بی‌خار spineless	41	pl537668	اریزونا Arizona	خاردار spiny	64	Balci		خاردار spiny
19	pl401480(r)	بنگلادش Bangladesh	خاردار spiny	42	pl537670	اریزونا Arizona	خاردار spiny	65	Negel		بی‌خار spineless
20	pl401575	هند India	خاردار spiny	43	pl537701	اریزونا Arizona	خاردار spiny	66	LRV51/30	ایران Iran	بی‌خار spineless
21	pl401578	هند India	خاردار spiny	44	pl537702	اریزونا Arizona	خاردار spiny	67	Darab 4	ایران Iran	بی‌خار spineless
22	pl401585	هند India	خاردار spiny	45	pl537703	اریزونا Arizona	خاردار spiny	68	Lana	ایران Iran	بی‌خار spineless
23	pl401587	هند India	خاردار spiny	46	pl537704(r)	اریزونا Arizona	بی‌خار spineless	69	Yona		خاردار spiny

در شروع فصل رشد با قهوه‌ای شدن براکته‌های اطراف غوزه از هر ژنوتیپ در هر کرت سه بوته به‌صورت تصادفی انتخاب و صفات ارتفاع بوته، تعداد شاخه فرعی، تعداد غوزه در بوته، تعداد برگ در بوته، بیوماس تک‌بوته، قطر غوزه، قطر شاخه اصلی، تعداد دانه در غوزه، وزن هزاردانه، درصد روغن و عملکرد دانه تک‌بوته اندازه گیری شدند. برای تعیین محتوی روغن دانه لاین‌ها، یک نمونه تصادفی (۲۰ گرمی) از محصول هر کرت با استفاده از دستگاه NMR (Nuclear magnetic resonance) در آزمایشگاه بخش دانه‌های روغنی معاونت موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کرمانشاه استفاده شد.

تجزیه‌های آماری

قبل از تجزیه واریانس، نرمال‌بودن توزیع داده‌ها با روش کولموگروف–اسمیرنوف مورد بررسی قرار گرفت. داده‌های مربوط به ارقام مورد تجزیه واریانس قرار گرفتند و با توجه به آن، مقایسه میانگین لاین‌ها به روش آزمون حداقل تفاوت معنی‌دار (LSD) انجام گرفت. به‌منظور بررسی روابط بین صفات، ضرایب همبستگی بین صفات محاسبه شدند. تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها با استفاده از روش وارد براساس صفات مورد مطالعه انجام شد. نقطه برش دندروگرام با استفاده از تجزیه تابع‌تشخیص تعیین گردید و حالتی که در آن اختلاف بین سطوح گروه‌بندی در حداکثر بود، به‌عنوان محل برش در نظر گرفته شد. برای تعیین خصوصیات هر گروه حاصل از تجزیه خوشه‌ای از نظر صفات مورد مطالعه، میانگین هر خوشه برای هر صفت و درصد انحراف آن از میانگین کل محاسبه شد(yazdi samadi, 1997). تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای کاهش حجم داده‌ها و تفسیر بهتر آن‌ها اجرا گردید. داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار SPSS مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس و مقایسه میانگین صفات مورد مطالعه: تجزیه واریانس ارقام شاهد برای بررسی یکنواختی زمین آزمایش انجام شد و اختلاف معنی‌داری بین بلوک‌ها برای صفات مورد مطالعه مشاهده نشد. به‌عبارت بهتر، نتایج تجزیه واریانس ارقام شاهد، تفاوت معنی‌داری بین بلوک‌های طرح آگمنت نشان نداد که به معنی عدم لزوم به تصحیح مقادیر اندازه‌گیری شده در ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی بود. بنا بر این، داده‌ها بدون هیچ‌گونه تغییر مورد مقایسه قرار گرفتند و براساس مدل طرح آگمنت تجزیه واریانس توسط چهار شاهد مورد استفاده انجام شد. برای انجام مقایسه میانگین، به خطای استاندارد نیاز است که با توجه به میانگین مربعات خطا در تجزیه آماری ارقام شاهد برآورد گردید. به‌خاطر سهولت در محاسبات، یک میانگین مربعات خطای متوسط محاسبه و از آن در تمامی مقایسات اعم از ارقام و لاین‌ها استفاده گردید.

همان طور که در جدول ۲ مشاهده می‌شود، لاین دارای بیشترین تعداد شاخه (لاین ۳) اختلاف آماری معنی‌داری با ارقام شاهد داشت. اختلاف لاین دارای بیشترین تعداد غوزه (لاین ۴۲) با ارقام اسلام‌آباد، فرامان، امید و سینا معنی‌دار بود. اختلاف لاین دارای بالاترین بیوماس (لاین ۵۵) با ارقام اسلام‌آباد، امید و سینا معنی‌دار بود. اختلاف لاین دارای بالاترین وزن هزار دانه (لاین ۲۷) با رقم سینا معنی‌دار بود و همچنین لاین دارای بالاترین عملکرد دانه تک‌بوته (لاین ۱) اختلاف معنی‌داری با رقم سینا داشت.

قربان‌زاده نقاب و افضل (Ghorbanzadeh Niqab & Afzal, 2015) در ارزیابی تنوع ژنتیکی گلرنگ با استفاده از صفات مورفولوژیکی بیان کردند که تنوع بالایی برای صفات مورفولوژیک در ژنوتیپ‌های گلرنگ مورد بررسی وجود داشت. پورداد و جمشید مقدم (Pourdad & jamshidmoghadam, 2013) به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی کلکسیون گلرنگ در کشت پاییزه و شرایط دیم تعداد ۱۰۰ ژنوتیپ را مورد ارزیابی قرار دادند و بیان کردند که تنوع نسبی برای ارتفاع بوته و تنوع بالایی برای عملکرد دانه و روغن مشاهده گردید.

همبستگی صفات مورد مطالعه

نتایج همبستگی بین صفات در جدول ۳ نشان داده شده‌اند. همان طور که ملاحظه می‌شود، عملکرد دانه تک‌بوته با صفات وزن هزار دانه، قطر غوزه و تعداد دانه در غوزه دارای همبستگی مثبت و معنی‌دار بود. نظری و همکاران (Nazari *et al*., 2022) در بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گلرنگ، تعداد ۲۷۰ ژنوتیپ گلرنگ را مورد آزمایش قراردادند و نتایج همبستگی داده‌ها نشان دادند که بین تعداد شاخه با قطر غوزه و عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی‌داری وجود داشت. در بررسی غلامی و همکاران (Gholami *et al*., 2018) روی تعداد ۴۴ ژنوتیپ گلرنگ، همبستگی بین صفات نشان داد که ارتفاع بوته با تعداد غوزه در بوته و تعداد دانه در غوزه همبستگی مثبت و معنی داری داشت. موسوی اجاق و همکاران (Musavi Ojaq *et al*., 2019) در بررسی تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم گلرنگ بیان کردند که همبستگی مثبت و معنی‌داری بین عملکرد دانه و ارتفاع بوته وجود داشت.

تجزیه خوشه‌ای (کلاستر) ژنوتیپ‌های گلرنگ

تجزیه خوشه‌ای به روش وارد و معیار فاصله اقلیدسی بر اساس داده‌های ۱۲ صفت و برش دندروگرام حاصل، ۶۹ ژنوتیپ گلرنگ را به چهار خوشه طبقه‌بندی کرد (شکل۱). زمانی که برش دندروگرام با چهار خوشه صورت گرفت، سطح احتمال معنی‌دارشدن به حداقل رسید. به‌عبارت دیگر، حداکثر اختلاف بین گروه‌ها مشاهده شد. در تجزیه کلاستر، افرادی که داخل یک کلاستر هستند بیشترین شباهت و یکنواختی را دارند و بین کلاسترها حداکثر تفاوت وجود دارد. بنا بر این، اگر گروه‌بندی موفقیت‌آمیز باشد، افراد داخل کلاستر از لحاظ ژنتیکی به هم نزدیک‌ترند و کلاسترهای دورتر متفاوت‌تر خواهند بود (Musavi Ojagh *et al*., 2019). برای تعیین نقطه برش دندروگرام‌های حاصل بر اساس صفات مورفولوژیک و فیزیولوژیک، از تجزیه تابع تشخیص استفاده شد و حالتی که در آن اختلاف بین سطوح گروه‌بندی در حداکثر بود، به‌عنوان محل برش در نظر گرفته شد. برش دندروگرام براساس تجزیه واریانس چندمتغیره انجام شد و بیشترین مقدار واریانس بین گروهی به درون‌گروهی را با چهار خوشه فراهم کرد. بر این اساس، لاین‌ها به چهار گروه تقسیم شدند. البته، تعیین نقطه برش دندروگرام، در نقطه‌ای از دندروگرام انجام شد که مقدار تفاوت بین گروه‌های ایجاد شده نسبت به تفاوت داخل گروه‌ها بیشتر بود.

جدول۲- داده‌های حاصل از صفات ارزیابی شده در ۶۹ ژنوتیپ گلرنگ مورد مطالعه

Table 2. Data from traits evaluated in 69 studied safflower genotypes

ژنوتیپ Gen	ارتفاع بوته Plant height (cm)	تعدادشاخه فرعی Number of sub-branches	تعدادغوزه در بوته Number of bolls per plant	تعدادبرگ در بوته Number of leaves per plant	بیوماس تک بوته Single-plant biomass (gr)	قطر غوزه Boll diameter (mm)	قطر شاخه اصلی Diameter of the main branch(mm)	تعداد دانه در غوزه Number of seeds in the pod	وزن هزار دانه TGW(gr)	درصد روغن Oil percentage	عملکرد دانه تک‌بوته (گرم) Single-plant seed yield(gr)
1	54.63	7.80	12.03	43.48	26.56	19.05	7.4325	62.5	46.065	28.902	8.637
2	58.58	8.13	10.95	45.75	22.13	24.565	7.3325	88.75	35.182	30.505	9.367
3	52.05	6.98	10.55	38.68	16.83	22.475	6.475	81.75	30.405	31.342	7.456
4	60.28	7.13	11.38	50.73	31.54	24.375	8.15	86.75	41.867	28.74	10.89
5	57.63	8.70	13.25	53.88	36.29	23.012	7.275	83.5	45.455	26.527	11.38
6	61.30	8.60	18.30	63.00	45.75	25.93	8.6	114	42.19	26.06	14.42
7	51.00	8.40	10.00	40.00	27.76	27.7	7.1	82	32.56	30.42	8.009
8	51.00	21.00	12.00	37.00	17.60	9.1	2.4	45	33.33	32.58	4.499
9	53.30	7.30	12.30	34.00	24.74	25.43	7.1	63	25.07	29.18	4.738
10	59.30	8.00	14.60	45.00	30.17	19.6	7.9	56	36.07	33.93	6.059
11	59.00	5.00	9.60	44.30	37.18	23.48	4.4	88	28.06	32.58	7.407
12	51.30	12.00	20.30	67.30	43.66	23.23	8.2	40	39	32.51	4.68
13	51.00	6.00	8.60	42.60	13.90	21.1	6.1	67	34.77	29.93	6.988
14	48.30	8.30	17.00	42.60	30.76	27.7	8.3	70	36.85	31.01	7.738
15	55.30	8.00	11.60	52.60	24.62	26.1	7.6	119	29.07	31.27	10.37
16	43.60	6.30	6.60	39.30	14.22	23.5	5.1	60	35	27.9	6.3
17	56.00	11.00	25.00	45.00	36.96	21.6	6.9	53	37.35	30.13	5.938
18	47.60	7.60	10.00	58.00	15.30	21.7	5.6	72	40.41	31.19	8.728
19	59.60	11.30	15.00	63.00	24.12	23.2	7.7	69	36.52	30.23	7.559
20	54.60	6.00	9.00	47.60	17.78	21.9	6.3	84	37.14	30.09	9.359
21	60.00	15.30	15.60	66.00	32.44	23.3	7.5	104	25.28	25.3	7.887
22	55.00	12.00	13.00	35.00	28.40	23.5	7.4	80	23.87	31	5.728
23	46.60	7.60	9.00	31.30	17.50	33.3	7.3	75	42.6	38.25	9.585
24	49.30	8.60	12.00	61.60	17.60	20.8	7.1	80	26.5	29.5	6.36
25	57.30	5.60	6.60	27.60	15.74	27.3	6.6	105	31.9	31.13	10.04
26	47.60	7.00	12.60	30.00	19.16	22.7	6.6	67	27.76	26.78	5.579
27	58.00	8.30	8.60	45.60	24.37	25	7	87	40.34	30.21	10.52
28	58.60	7.60	12.30	47.30	22.47	25.3	7.6	85	25.88	30.39	6.599
29	39.60	14.00	15.00	26.60	10.60	25.7	5.2	82	28.04	30.01	6.897
30	65.30	6.60	13.00	36.00	24.21	24	7.5	80	36.5	31.97	8.76
31	48.00	7.60	12.60	53.60	25.10	21.7	6.9	78	39.87	34.19	9.329
32	54.30	8.20	10.00	36.00	22.51	26.2	6.9	61	57.7	29.32	10.55
33	52.30	6.60	9.60	53.60	18.99	24.7	7.3	100	30	33.04	9
34	57.30	6.30	10.00	46.00	18.32	25.1	6.6	70	33.71	34.1	7.079
35	47.60	10.00	14.00	55.60	23.06	21.5	7.4	61	25.24	38.8	4.618
36	48.00	6.60	8.30	25.30	15.90	21.3	6.4	64	43.93	36.96	8.434
37	44.30	6.30	8.60	39.00	14.93	19.9	5	61	42.13	29.98	7.709
38	50.60	6.30	10.60	24.60	17.82	18.5	6.7	63	44.6	28.85	8.429
39	56.30	11.60	23.00	55.00	42.80	21.9	7.6	96	32.18	33.25	9.267
40	48.00	7.60	11.00	53.00	20.95	23	3.7	56	36.96	37.29	6.209
41	51.30	10.60	13.60	54.60	28.16	25.3	7.4	80	43.5	27.1	10.44
42	52.00	6.00	8.30	37.60	16.76	20.9	6.03	104	35.38	35.15	11.03
43	45.60	8.00	8.60	40.30	9.80	21.4	6.9	70	23.42	37.75	4.918
44	57.30	8.00	14.30	57.30	27.77	20.8	7.3	82	34.14	31.18	8.398
45	52.00	9.00	14.00	43.00	27.51	21.9	4	73	41.23	34.23	9.029
46	63.00	6.00	9.00	41.00	54.00	12.3	7.2	96	27.29	31.92	7.859
47	56.30	13.60	27.30	80.60	51.84	26.4	8.6	96	31.66	16.38	9.118
48	47.60	7.60	15.60	72.60	21.22	23.8	6.9	45	25.77	30.47	3.478
49	46.60	4.60	6.30	31.00	9.50	19.5	5.06	56	24.64	33.08	4.139
50	59.30	7.30	7.60	46.00	14.90	22.33	6.7	60	32.5	30.23	5.85
51	57.60	6.00	10.60	51.60	22.50	23.2	7.1	95	35.89	30.87	10.22
52	57.00	8.30	14.60	37.60	32.19	25.8	8.2	69	53.47	29.02	11.06
53	50.00	6.30	7.30	37.60	17.37	24.1	6.03	68	53.52	33.01	10.91
54	50.30	6.30	7.30	29.60	17.50	24.3	7.1	90	39.22	30.77	10.58
55	59.30	8.60	13.60	58.30	30.87	25.1	8	73	51.23	28.63	11.21
56	54.60	10.30	12.00	45.60	21.12	22.5	7.2	85	45.29	31.34	11.54
57	49.00	11.30	24.60	72.60	41.70	19.9	7.9	62	44.03	34.35	8.189
58	63.00	15.00	27.00	57.00	60.30	22.7	7.8	93	44.94	31.09	12.53
59	50.00	11.60	26.60	47.30	30.60	18.3	7.5	97	21.85	29.75	6.358
60	59.00	8.60	11.30	49.00	26.35	22.8	7.7	93	34.62	30.65	9.658
61	54.00	7.00	14.00	49.50	31.74	16.7	4.7	41	32.92	28.63	4.049
62	65.00	8.00	9.30	44.00	25.18	24.8	8.1	82	24.87	31.97	6.118
63	52.00	6.30	12.00	28.60	21.46	10.9	5	42	41.42	31.05	5.218
64	43.00	4.30	4.60	21.00	9.80	21.2	4.6	73	34.79	35.94	7.619
65	52.00	6.60	8.00	39.00	12.39	15.4	3.5	61	54.91	27.44	10.04
66	61.60	7.00	18.30	78.30	38.45	23.3	6.6	70	51.85	25.67	10.88
67	57.00	7.00	9.00	49.30	28.18	19.5	5.5	91	44.72	28.99	12.20
68	57.60	6.30	8.00	35.00	15.83	20.5	7.5	67	43.28	20.17	8.699
69	51.60	9.00	16.00	46.00	16.60	14	3.2	48	29.16	28.93	4.199
میانگین مربعات خطا Mean squared error	28.54	4.55	20.89	210.83	97.35	24.66	2.31	510.7	68.54	6.56	3.84
خطای معیار Standard error	7.92	3.16	6.78	21.54	14.63	7.37	2.25	33.52	12.28	3.82	2.91
LSD (%5)	17.27	6.89	14.77	46.93	31.89	16.05	4.91	73.04	26.76	12.28	6.33

جدول ۳- همبستگی صفات مورد مطالعه

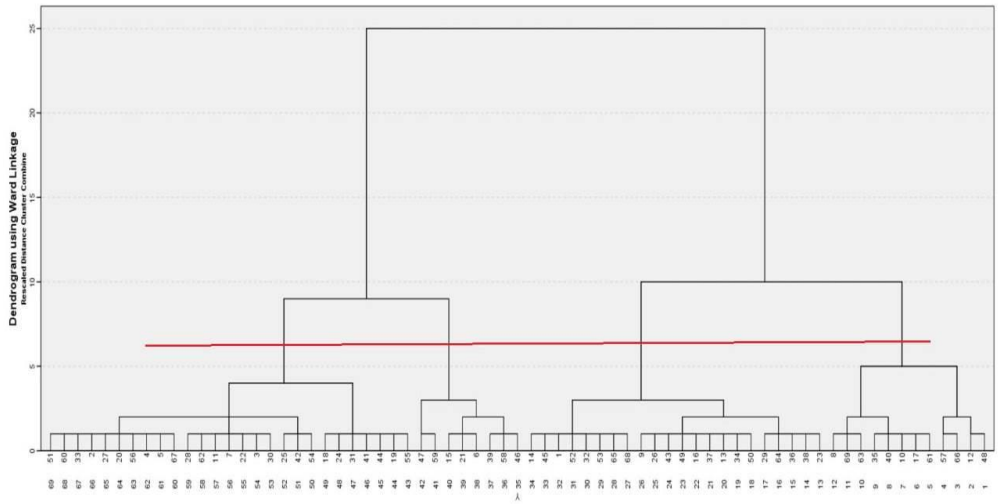
Table 3. Correlations of the studied traits

	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7	V8	V9	V10	V11
V1	1										
V2	0.51	1									
V3	0.185	0.627**	1								
V4	0.306*	0.343**	0.589**	1							
V5	0.546**	0.383**	0.724**	0.566**	1						
V6	0.63	-0.107	0.005	0.114	0. 46	1					
V7	0.429**	0.082	0.364**	0.358**	0.467**	0.534**	1				
V8	0.378**	0.007	0.034	0.133	0.257*	0.395**	0.416**	1			
V9	0.106	-0.109	-0.032	0.007	0.105	0.047	0.001	-0.161	1		
V10	-0.317**	-0.145	-0.253*	-0.283*	-0.269*	-0.023	-0.201	-0.139	-0.152	1	
V11	0.373**	-0.086	-0.003	0.123	0.280*	0.355**	0.318**	0.635**	0.646**	-0.217	1

**معنی‌دار در سطح ۱ درصد، * معنی‌دار در سطح ۵ درصد، ** Significant at 1%, * Significant at 5%

V1: ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، V2: تعداد شاخه فرعی، V3: تعداد غوزه، V4: تعداد برگ، V5: بیوماس تک بوته، V6: قطر غوزه، V7: قطر شاخه، V8: تعداد دانه در غوزه، V9: وزن هزار دانه، V10: درصد روغن، V11: عملکرد دانه تک‌بوته.

V1: Plant height (cm), V2: Number of sub-branches, V3: Number of bolls per plant, V4: Number of leaves per plant, V5: Single plant biomass (g), V6: Boll diameter(mm), V7: diameter of the main branch(mm), V8: Number of seeds in the pod, V9: TGW (gr), V10: Oil percentage, V11: Single-plant seed yield.



شکل ۱- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های گلرنگ براساس روش وارد

Figure 1. The dendrogram of cluster analysis for safflower genotypes based on the Ward method

از نظر انتخاب والدین در هر خوشه، خوشه‌ای ارزش دارد که میانگین بالاتری را نسبت به میانگین کل نشان دهد. بنا بر این، برای تعیین خصوصیات هر خوشه از نظر صفات مورد مطالعه، میانگین هر خوشه برای هر صفت و درصد انحراف آن از میانگین کل محاسبه و در جدول ۴ نشان داده شده است. خوشه اول که شامل ۲۷ ژنوتیپ بود از نظر ارتفاع بوته، تعداد برگ، بیوماس تک بوته، قطر غوزه، تعداد دانه در غوزه و عملکرد دانه تک‌بوته از ارزش بالاتر از میانگین کل برخوردار بود. خوشه دوم که شامل هشت ژنوتیپ بود از نظر ارتفاع بوته، تعداد شاخه، تعداد غوزه در بوته، تعداد برگ، بیوماس تک‌بوته، قطر شاخه، تعداد دانه در غوزه و عملکرد دانه تک‌بوته از ارزش بالاتر از میانگین برخوردار بود ولی از نظر بقیه صفات دارای میانگین پایین‌تر از میانگین کل بود. خوشه سوم نیز شامل ۲۲ ژنوتیپ بود که از نظر اکثریت صفات دارای میانگین پایین‌تر از میانگین کل بود ولی از نظر قطر غوزه، وزن هزار دانه و درصد روغن از ارزش بالاتر از میانگین برخوردار بود. خوشه چهارم نیز شامل ۱۲ ژنوتیپ بود که از نظر قطر شاخه، قطر غوزه، تعدادبرگ، بیوماس تک‌بوته و درصد روغن از ارزش بالاتر از میانگین برخوردار بود ولی از نظر بقیه صفات دارای میانگین پایین‌تر از میانگین کل بود. بنا بر این، ژنوتیپ‌های خوشه دوم را می‌توان برای بهبود عملکرد دانه مورد استفاده قرار داد. پس، برای بهبود عملکرد می‌توان این خوشه والدینی با عملکرد بالا را انتخاب و در دورگ‌گیری از آن‌ها استفاده کرد. موسوی اجاق و همکاران (Mousavi Ojaq *et al*., 2019) گزارش کردند که براساس ترسیم نمودار بای‌پلات، ژنوتیپ‌های گلرنگ در چهار گروه طبقه‌بندی شدند که ژنوتیپ‌های موجود در گروه‌های اول و دوم از نظر عملکرد دانه برتر بودند. پورداد و جمشید مقدم (Pourdad & Jamshidmoghadam, 2013) بیان کردند که گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گلرنگ از طریق تجزیه کلاستر، ژنوتیپ‌ها را به چهار خوشه تقسیم نمود. خوشه دوم دارای کمترین میانگین عملکردهای دانه و روغن و ارتفاع بوته و خوشه چهارم دارای بیشترین میانگین عملکردهای دانه و روغن بودند.

جدول ۴- میانگین و درصد انحراف از میانگین کل چهار کلاستر حاصل از تجزیه خوشه‌ای برای صفات مورد ارزیابی در ۶۹ ژنوتیپ گلرنگ
Table 4. Mean and percentage deviation from the total mean of four clusters resulting from cluster analysis for the evaluated traits in 69 safflower genotypes

V11	V10	V9	V8	V7	V6	V5	V4	V3	V2	V1	کلاستر Cluster
8/95	30.6	35.52	83.77	6.91	23.26	24.47	7.52	11.06	7.71	55.81	میانگین Average
9.34	-0.35	-2.71	11.11	3.75	4.25	-2.54	2.99	-12.50	-7.88	3.96	درصد انحراف Deviation percentage
9.37	28.1	31.81	101.8	7.80	22.12	42.79	57.81	19.80	11.21	58.15	میانگین Average
14.4	-8.49	-12.87	35.13	17.11	-0.85	0.704	25.29	56.64	33.93	8.327	درصد انحراف Deviation percentage
7.77	31.0	39.09	66.48	6.24	22.80	18.01	35.97	9.98	7.21	50.10	میانگین Average
-5.07	0.84	7.066	-11.8	-6.30	2.196	-28.2	-22.04	-21.04	-13.85	-6.66	درصد انحراف Deviation percentage
5.71	32.2	36.09	51.58	5.90	18.89	28.63	54.21	16.45	9.82	52.42	میانگین Average
-30.2	4.19	-1.15	-31.5	-11.4	-15.3	14.01	17.49	30.14	17.32	-2.34	درصد انحراف Deviation percentage

V1: ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، V2: تعدادشاخه فرعی، V3: تعداد غوزه، V4: تعداد برگ، V5: بیوماس تک‌بوته، V6: قطر غوزه، V7: قطر شاخه، V8: تعداد دانه در غوزه، V9: وزن هزار دانه، V10: درصد روغن، V11: عملکرد دانه تک‌بوته.
V1: Plant height (cm), V2: Number of sub-branches, V3: Number of bolls per plant, V4: Number of leaves per plant, V5: Single-plant biomass (g), V6: Boll diameter(mm), V7: diameter of the main branch(mm), V8: Number of seeds in the pod, V9: TGW (gr), V10: Oil percentage, V11: Single-plant seed yield.

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس صفات مورد مطالعه

در تجزیه به مولفه‌های اصلی بر اساس میانگین ۱۲ صفت در ۶۹ ژنوتیپ گلرنگ، سه مولفه اصلی اول مجموعاً ۶۵/۱۳ درصد از تنوع صفات را توجیه کردند (جدول ۵). مولفه اول ۳۲/۸۳ درصد از تنوع کل را تبیین کرد. این مقدار برای مولفه‌های دوم و سوم به‌ترتیب ۱۹/۶۶ و ۱۲/۶۳ درصد بود. برای مولفه اول صفات ارتفاع بوته (۰/۶۵۰)، تعداد غوزه در بوته (۰/۶۷۰)، تعداد برگ (۰/۶۷۴)، بیوماس تک‌بوته (۰/۸۲۴)، قطر شاخه (۰/۷۱۱) و عملکرد دانه تک‌بوته (۰/۵۴۴) دارای ضرایب مثبت بزرگ بودند. برای مولفه دوم، صفت عملکرد دانه تک‌بوته دارای ضریب مثبت بزرگ و صفات تعداد شاخه فرعی (۰/۶۳۴-) وتعداد غوزه در بوته (۰/۶۰۵-) دارای ضریب منفی بزرگ بودند. برای مولفه سوم، صفت وزن هزار دانه (۰/۸۱۴-) دارای ضریب منفی بود (جدول ۶). در مجموع، می‌توان مولفه اول را مولفه عملکرد دانه نام‌گذاری نمود و از آن در امر گزینش برای ژنوتیپ‌های گلرنگ استفاده کرد. موسوی اجاق و همکاران (Mousavi Ojaq *et al*., 2019) بیان کردند که با استفاده از تجزیه به مولفه‌های اصلی، صفات مورد مطالعه گلرنگ به دو مولفه با واریانس تجمعی ۵۶/۷ درصد کاهش یافتند و مولفه اول زمان گل‌دهی و مولفه دوم عملکرد نام گرفتند. جباری و همکاران (Jabbari *et al*., 2024) گزارش کردند که در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی ژنوتیپ‌های گلرنگ، مؤلفه اول عملکرد دانه و ماده‌خشک و مؤلفه دوم فنولوژی نام گرفتند. عباسعلی و زهراوی (Abbasali & Zahravi, 2016) در بررسی‌های خود در مورد تنوع ژنتیکی در ژرم‌پلاسم گلرنگ بیان کردند که در تجزیه به مولفه‌های اصلی، ۵۶/۱۳ درصد از تغییرات توسط سه مولفه اول توجیه شد. مولفه‌های اول و دوم به‌ترتیب بیانگر اجزا عملکرد و اجزا رویشی بودند.

جدول ۵- نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی برای ۶۹ ژنوتیپ گلرنگ
Table 5. Results of principal component analysis for 69 safflower genotypes

مولفه Component	مقادیر ویژه اولیه Initial eigenvalues		
	کل Total	درصد واریانس % of variance	درصد تجمعی Cumulative %
1	3.612	32.835	32.835
2	2.163	19.660	52.494
3	1.390	12.639	65.134

جدول ۶- ضرایب صفات مورد بررسی در مولفه‌های حاصل از تجزیه به مولفه‌های اصلی

Table 6. Coefficients of the studied traits in the components resulting from principal component analysis

صفت Adjective	مولفه component		
	1	2	3
ارتفاع بوته Plant height	0.650	0.164	-0.092
تعداد شاخه فرعی Number of sub-branches	0.392	-0.634	-0.014
تعداد غوزه در بوته Number of bolls per plant	0.670	-0.605	-0.021
تعداد برگ در بوته Number of leaves per plant	0.674	-0.350	-0.007
بیوماس تک بوته Single plant biomass	0.824	-0.275	-0.105
قطر غوزه Boll diameter	0.352	0.504	0.463
قطر شاخه اصلی Diameter of the main branch	0.711	0.199	0.368
تعداد دانه در غوزه Number of seeds in the pod	0.532	0.492	0.392
وزن هزار دانه TGW	0.172	0.396	-0.814
درصد روغن Oil percentage	0.465	0.031	0.313
عملکرد دانه تک‌بوته Single-plant seed yield	0.544	0.690	-0.325

_____ نشانگر مقادیر بالاتر از ۰/۵ _____Indicates values higher than 0.5

جدول ۷- ضرایب ژنوتیپ‌های مورد بررسی در مولفه‌های حاصل از تجزیه به مولفه‌های اصلی

Table7. Coefficients of the studied genotypes in the components resulting from principal component analysis

ژنوتیپ Genotype	مولفه Component			ژنوتیپ Genotype	مولفه Component		
	1	2	3		35	-1.291	1.545
1	0.049	0.074	-1.169	36	-1.230	0.712	-0.310
2	0.358	0.706	0.468	37	-1.243	0.135	-0.944
3	-0.539	0.284	0.701	38	-0.787	0.459	-1.106
4	0.956	0.995	-0.227	39	1.345	-0.828	0.625
5	1.088	0.546	-1.014	40	-1.189	-0.580	-0.158
6	2.429	1.091	-0.248	41	0.763	0.256	-0.462
7	0.018	0.480	0.946	42	-0.478	1.283	0.389
8	-1.432	-3.139	-1.709	43	-1.393	-0.391	1.760
9	-0.437	-0.371	1.202	44	0.476	-0.158	0.201
10	0.031	-0.645	0.030	45	-0.435	-0.160	-0.786
11	-0.195	0.271	0.507	46	0.502	-0.241	0.026
12	0.728	-2.019	-0.051	47	2.987	-1.463	0.116
13	-0.853	0.193	-0.028	48	-0.343	-1.595	0.957
14	0.344	-0.013	0.746	49	-0.026	-0.290	0.730
15	0.755	1.027	1.523	50	-0.536	-0.004	0.261
16	-1.308	0.100	-0.112	51	0.354	0.970	0.310
17	0.579	-1.465	-0.404	52	0.798	0.944	-1.154
18	-0.516	0.116	-0.461	53	-0.604	1.369	-1.264
19	0.713	-0.598	0.118	54	-0.386	1.478	0.193
20	-0.220	0.758	-0.108	55	1.117	0.720	-1.098
21	1.521	-0.957	1.004	56	0.391	0.712	-0.610
22	0.045	-0.697	1.401	57	1.059	-1.612	-0.591
23	-0.547	1.507	1.126	58	2.618	-0.819	-0.877
24	-0.153	-0.619	0.922	59	0.688	-1.704	1.247
25	-0.239	1.841	1.107	60	0.595	0.553	0.437
26	-0.753	-0.303	0.626	61	-0.720	-1.595	-0.942
27	0.367	1.030	-0.078	62	0.288	0.214	1.559
28	0.222	0.108	1.423	63	-1.465	-0.020	-1.803
29	-0.918	-0.659	1.027	64	-2.063	0.891	0.244
30	0.348	0.761	0.281	65	-1.081	0.477	-2.964
31	-0.097	0.163	-0.026	66	1.567	0.034	-1.864
32	0.046	1.163	-1.610	67	0.285	0.971	-1.333
33	0.045	0.792	1.307	68	-0.030	0.789	-1.225
34	-0.394	0.393	0.671	69	-1.270	-1.957	-0.968

همان طور که در جدول ۷ مشاهده می‌شود، در مولفه اول ژنوتیپ‌های شماره ۵ (۱/۰۸۸)، ۶ (۲/۴۲۹)، ۲۱ (۱/۵۲۱)، ۳۹ (۱/۳۴۵)، ۴۷ (۲/۹۸۷)، ۵۵ (۱/۱۱۷)، ۵۷ (۱/۰۵۹)، ۵۸ (۲/۶۱۸) و ۶۶ (۱/۵۶۷) دارای ضرایب مثبت بزرگ بودند و ژنوتیپ برتر محسوب شدند. در مولفه دوم، ژنوتیپ‌های شماره ۶ (۱/۰۹۱)، ۱۵ (۱/۰۲۷)، ۲۳ (۱/۵۰۷)، ۲۵ (۱/۴۸۱)، ۲۷ (۱/۰۳۰)، ۳۲ (۱/۱۶۳)، ۴۲ (۱/۲۸۳)، ۵۳ (۱/۳۶۹) و ۵۴ (۱/۴۷۸) دارای ضرایب مثبت بزرگ و ژنوتیپ‌های برتر بودند.

در مولفه سوم، ژنوتیپ‌های شماره ۹ (۱/۲۰۲)، ۱۵ (۱/۵۲۳)، ۲۱ (۱/۰۰۴)، ۲۲ (۱/۴۰۱)، ۲۳ (۱/۱۲۶)، ۲۵ (۱/۱۰۷)، ۲۸ (۱/۴۲۳)، ۲۹ (۱/۰۲۷)، ۳۳ (۱/۳۰۷)، ۳۵ (۱/۵۴۵)، ۴۳ (۱/۷۶۰)، ۵۹ (۱/۲۴۷) و ۶۲ (۱/۵۵۹) دارای ضرایب مثبت بزرگ بودند و ژنوتیپ برتر محسوب شدند.

نتیجه‌گیری کلی

از نظر اکثر صفات مورد مطالعه، لاین‌های گلرنگ با هم و نیز با ارقام شاهد اختلافات آماری معنی‌داری داشتند. نتایج همبستگی نشان دادند که عملکرد دانه تک‌بوته با صفات وزن هزار دانه، قطر غوزه و تعداد دانه در غوزه دارای همبستگی مثبت معنی‌دار بود. تجزیه خوشه‌ای، ۶۹ ژنوتیپ گلرنگ را به چهار کلاستر یا خوشه طبقه‌بندی کرد که خوشه دوم به‌عنوان بهترین خوشه شناخته شد و ژنوتیپ‌های این خوشه را می‌توان برای بهبود عملکرد دانه مورد استفاده قرارداد. با توجه به تجزیه به مولفه‌های اصلی، سه مولفه اصلی اول مجموعاً ۶۵/۱۳ درصد از تنوع صفات را توجیه کردند که مولفه اول، مولفه عملکرد دانه نام‌گذاری شد. از این مولفه می‌توان در امر گزینش برای ژنوتیپ‌های گلرنگ استفاده کرد. همچنین، لاین‌های برتر شناسایی شدند و رقم گلدشت نیز به‌عنوان رقم برتر شناخته شد.

References

Abbasali, M., & Zahravi, M. (2016). Genetic diversity in safflower germplasm of the National Plant Gene Bank of Iran. *Journal of Plant Breeding*, 32(4), 527-543. [In Persian]

Abdipour, M., Younessi-Hmazekhanlub, M., Ramazani, S. H. R., & Omidi, A. H. (2019). Artificial neural networks and multiple linear regression as potential methods for modeling seed yield of safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *Industrial Crops and Products*, 127, 185-194. http://doi.org/10.1016/j.indcrop.2018.10.050 [In Persian]

Azari, Z., & Niko, A. (2025). A review of the use of oilseed meal in the enrichment of food product, third international conference on Agriculturm environment and food security, Jiroft. https://civilica.com/doc/2346946

Balouchzaehi, A., & Kiani, Gh. (2013). Determine selection criteria for improving rice yield through path analysis. *Journal of Crop Breeding,* 5, 75-84. http://www.magiran.com/p1224680 [In Persian]

Ghorbanzadeh Niqab, M., & Afzal, R. (2015). Evaluation of genetic diversity of Iranian populations and foreign genotypes of safflower using morphological traits and RAPD molecular markers. *Journal of Molecular Cell Research Iranian Biology*, 28(1), 106-94. https://cell.ijbio.ir/article_616_en.html?lang=fa [In Persian]

Gholami, M., Sabbaghnia, N., Nourayin, M., Shekari, F., & Janmohammadi, M. (2018). Cluster analysis of some safflower genotypes using a number of agronomic traits. *Journal of Crop Breeding,* 10(25), 159-166. https://sid.ir/paper/181004/en [In Persian]

Gepts, P. (2006). Plant genetic resources conservation and utilization: The accomplishments and future of a societal insurance policy. *Crop Science*, 46, 2278-2292. https://doi.org/10.2135/cropsci2006.03.0169gas

Jabbari, H., Fanaei, H. R., Shariati, F., Sadeghi Garmarudi, H., Abbasali, M., & Omidi, A. H. (2024). Comparison of genetic diversity of Iranian and foreign safflower genotypes using multivariate statistical methods. *Journal of Agricultural Knowledge and Sustainable Production*, 33(4), 131-148. Doi:10.22034/SAPS.2023.50121.2821 [In Persian]

Mayerhofer, R., Bowles, V., Mayerhofer, M., & Good, A. (2008). Genetic linkage maps of carthamus species based on SSR and RFLP marker. DepartmentOf Biological Sciences, University of Alberta. 7th International Safflower Conference, WaggaWagga, New South Wales, *Australia*, https://s3.wp.wsu.edu/uploads/sites/2171/2017/11/Biotech-Good-oral-paper.pdf, 158-201.

Mousavi Ojaq, M., Mozaffari, H., Jabbari, H., & Sani, B. (2019). Study of genetic diversity of safflower germplasm in terms of earliness and seed performance using multivariate statistical methods. *Journal of Crop Breeding*, 11 (30), 47-57. Doi:10.29252/jcb.11.30.47 [In Persian]

Mohammadi, S. A., & Prasanna B. M. (2003). Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, 43, 1235-1248. https://doi.org/10.2135/cropsci2003.1235

Moradi Telawat, M. R., Siadat, S. A. (2018). Introduction and production of oilseed plants. Tehran: *Agricultural Education and Extension Publications.* [In Persian]

Nazari, M. R., Shariati, F, Sadeghi Garmarudi, H., &. Jabbari, H. (2022). Evaluation of genetic diversity in 273 safflower genotypes collected from different regions of the world.j crop Breed.14(44), 174-180. Doi: 10.52547/jcb.sanru.ac.ir/article-1-1344-en.html [In Persian]

Pourdad, S.S., & Jamshid Moghadam, M. (2013). Study of genetic diversity in safflower (*Carthamus tinctorius* L.) collection under rainfed conditions. *Iranian Journal of Rainfed Agriculture*, 1(3), 1-16. https://doi.org/10.22092/idaj.2013.100160 [In Persian]

Saeedpour, A., kavousi, H., Mohammadinejad, Gh,. Khosravi, S. (2014). Study of NHXgene expression in safflower plant under salt stress. Journal of Agricultural Biotechnology, 6(4), 91-100. Doi: 10.22103/job.2015.1342

Singh, V., & Nimbkar. N. (2007). Genetic resources, chromosome engineering, and crop improvement series Safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *CRC Press*, London. 167-194. Doi:10.1201/9780203489260

Sujatha, M., & Prabakaran. A. J. (2006). Ploidy manipulation and introgression of resistance to Alternaria helianthi from wild hexaploid Helianthus species to cultivated sunflower H. annuus L aided by another culture. *Euphytica*, 152, 201-215. https://doi.org/10.1007/s10681-006-9202-8

Sujatha, M. (2008). Biotechnological interventions for genetic improvement of safflower. Directorate of Oil seed Research, Rajandra Nagar, Hyderabad 500 030, India .7th International Safflower Conference, WaggaWagga, New South Wales, *Australia*, 223-264. https://s3.wp.wsu.edu/uploads/sites/2171/2017/11/keynote-sujatha-paper.pdf

Safavi, S.A., Pourdad, S.S., Taeb, M., & Khosroshahli, M. (2010). Assessment of genetic variation among safflower (*Carthamus tinctorius* L.) accessions using agro-morphological traits and molecular markers. *Journal of Food, Agriculture & Environment,* 8(3&4), 616-625. http://www.isfae.org/scientificjournal.php [In Persian]

Shinwari, Z. K., Rehman, H., & Ashict Rabbani, M. (2014). Morphological traits based genetic diversity in safflower. *Pakistan Jurnal of Botany*, 49(4), 1389-1395. https://www.researchgate.net

Yazdi Samadi, B., Rezaei, A., & Valizadeh, M. (1997). Statistical designs in agricultural research. Tehran University Press. First edition 1997, 764 p. [In Persian]