دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

"مقاله پژوهشی"

بررسی تنوع ژنتیکی و روابط بین صفات زراعی برخی از ژنوتیپ‌های کتان

زهرا بهزادی[۱]، حمید نجفی زرینی[۲]، غلامعلی رنجبر[۳] و علی پاکدین پاریزی[۳]

۱- دانشجوی دکتری دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
۲- دانشیار دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، (نویسنده مسوول: najafi316@gmail.com)
۳ و ۴- دانشیار و استادیار دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۱۰/۲۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۱۱/۱۷
صفحه: ۷۶ تا ۸۳

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: کتان (*Linum usitatissimum* L.) از تیره Linum و خانواده Linaceae یکی از قدیمی‌ترین محصولات روغنی در جهان است. وجود جمعیت طبیعی با تنوع ژنتیکی کافی برای انتخاب صفات فنوتیپی مطلوب الزامی است، لذا بررسی تنوع ژنتیکی و انتخاب صحیح ابزار مهم و اصلی به‌نژادی گیاهی است. کشاورزی با چالش های زیادی از جمله رشد جمعیت انسانی، تغییرات آب و هوایی، تخریب زمین، سوء تغذیه، فقر، گرسنگی و سایر عوامل تنش‌زا مواجه است. غلبه بر این چالش های دشوار در غیاب بهبود ژنتیکی گیاه برای افزایش بهره‌وری کشاورزی از طریق پرداختن به مشکل کاهش عملکرد و ارتباط آن با مدیریت آفات و تغییرات آب و هوا، دشوارتر خواهد بود. با این حال، کشاورزی باید برای پاسخگویی به تقاضای فزاینده جمعیت جهانی با انتقال رشد کشاورزی به توسعه موثر کشاورزی مدرن تغییر کند. در این راستا، بررسی تنوع جمعیت‌های موجود از اهمیت بسزایی برخوردار است.

مواد و روش‌ها: از تعداد ۱۰۰ ژنوتیپ جدید وارداتی کتان در یک طرح بلوک کامل تصادفی و سه تکرار در مزرعه تحقیقاتی شرکت کشت و توسعه دانه‌های روغنی ساری در سال زراعی ۹۷-۹۶ صفات مورفولوژیکی و عملکرد و اجزای عملکرد مورد مطالعه قرار گرفت.

یافته‌ها: نتایج حاصل از بررسی‌ها نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی که از نواحی مختلف جغرافیایی جمع‌آوری شده برای همه صفات مورد بررسی تنوع مطلوبی داشت. عملکرد بوته از بین صفات مورد بررسی بیشترین همبستگی را با صفات وزن کپسول در بوته، تعداد کپسول در بوته، تعداد ساقه فرعی، تعداد دانه در بوته و عملکرد بیولوژیک در جهت مثبت داشت. نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد که ۴ تا از مولفه‌ها مجموعاً ۸۰ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کند. این عامل‌ها با توجه به نوع صفات، تحت عناوین عملکرد و اجزای عملکرد، صفات مربوط به دانه، رسیدگی و تعداد دانه نام‌گذاری شده بودند. نتایج تجزیه خوشه‌ای برای کلیه صفات مورد ارزیابی آنها را درچهار گروه قرار داد و نشان داد که دسته‌بندی ژنوتیپ‌ها با توزیع جغرافیایی ژنوتیپ‌ها ارتباطی نداشته و اکثر ژنوتیپ‌ها براساس تفاوت‌های مورفولوژیکی گروه‌بندی شدند.

نتیجه‌گیری: تنوع‌ژنتیکی بالا بین ژنوتیپ‌ها پتانسیل ژنتیکی ارزشمندی در جهت بهبود ژنتیکی گیاه کتان فراهم کرده است. با توجه به اینکه جمعیت مورد مطالعه مجموعه‌ای از ژنوتیپ‌هایی از نقاط مختلف دنیا با خصوصیات ظاهری متفاوت یک جمعیت متنوع و با ارزش جهت مطالعات به‌نژادی برای ایجاد ارقام سازگار به شرایط آب و هوایی و تغییرات محیطی کشورمان است. عملکرد بوته از بین صفات مورد بررسی بیشترین همبستگی را با صفات وزن کپسول در بوته، تعداد کپسول در بوته، تعداد ساقه فرعی، تعداد دانه در بوته و عملکرد بیولوژیک در جهت مثبت داشت. می‌توان چنین استباط کرد ژنوتیپ‌های با صفات وزن کپسول در بوته، تعداد کپسول در بوته، تعداد ساقه فرعی، تعداد دانه در بوته و عملکرد بیولوژیک بیشتر دارای عملکرد بالاتر می‌باشند. همچنین این مطالب نشاندهنده این است که این ژنوتیپ‌ها توانستند حداکثر استفاده از منابع را ببرند و در نتیجه صفات وزن کپسول در بوته، تعداد کپسول در بوته، تعداد ساقه فرعی، تعداد دانه در بوته و عملکرد بیولوژیک بیشتری تولید کنند. ژنوتیپ‌های ۱۳۲، ۱۰۸، ۱۷۹ و ۲۷۵ پتانسیل خوبی از نظر عملکرد دانه داشته و از آنها می‌توان در برنامه‌های آتی اصلاحی استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی: بای پلات، تجزیه خوشه‌ای، تنوع، کتان، همبستگی

مقدمه

کتان (*Linum usitatissimum* L.) از تیره Linum و خانواده Linaceae یکی از قدیمی‌ترین محصولات روغنی در جهان است. تعداد کروموزوم های کتان۳۰=2n است. کتان محصول زراعی خودگشن است که در مناطق آب و هوایی معتدل برای تولید فیبر یا روغن کشت می‌شود. روغن بذر کتان غنی از اسید α-لینولنیک (ALA) می‌باشد که به‌عنوان منبع خوبی از ALA برای رژیم غذایی انسان نیز شناخته می‌شود. بذر کتان دارای ۳۳ تا ۴۷ درصد روغن، ۲۹ درصد کربوهیدرات، ۲۰/۳ درصد پروتئین، ۴/۸ درصد فیبر و ۲/۴ درصد خاکستر در ارقام مختلف است. همچنین منبع خوبی از کلسیم و فسفر است. روغن بذر کتان صنایع رنگرزی و مصارف دارویی استفاده می‌شود. کشورهای مهم کشت گیاه کتان هند، کانادا، چین، آمریکا و اتیوپی در جهان هستند (۱۸). کشاورزی و اهلی کردن گیاهان زراعی از ده هزار سال پیش برای دستیابی به تقاضای بیشتر برای غذا از طریق توسعه عملکرد بالاتر، مقاومت در برابر تنش‌های زنده و غیرزیستی و بهبود کیفیت برای دستیابی به پتانسیل ژنتیکی کامل محصولات کشاورزی آغاز شد (۴).

درحالی‌که کشاورزی با چالش‌های زیادی از جمله رشد جمعیت انسانی، تغییرات آب و هوایی، تخریب زمین، سوء تغذیه، فقر، گرسنگی و سایر عوامل تنش‌زا مواجه است. غلبه بر این چالش‌های دشوار نیازمند بهبود ژنتیکی گیاه برای افزایش بهره‌وری کشاورزی از طریق مطالعه عوامل کاهش عملکرد و ارتباط آن با مدیریت آفات و تغییرات آب و هوا، میسر خواهد بود (۱۵). با این حال، کشاورزی باید برای پاسخگویی به تقاضای فزاینده جمعیت جهانی رشد و توسعه موثری داشته باشد. در این راستا، بررسی تنوع جمعیت‌های موجود از اهمیت بسزایی برخوردار است.

وجود جمعیت‌های با تنوع ژنتیکی کافی برای انتخاب صفات فنوتیپی مطلوب الزامی است (۱۷). بسیاری از جمعیت‌های طبیعی گیاهان دارای تنوع قابل توجهی هستند که از توزیع جغرافیایی و الزامات سازگاری جمعیت ناشی می‌شود. تنوع ژنتیکی در یک جمعیت از ترکیبات جدید ژن‌های موجود در

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.52547/jcb.14.43.76]

یک جمعیت، جهش، مهاجرت آلل‌ها بین جمعیت‌ها، انتخاب طبیعی برای سازگاری و رویدادهای تصادفی ناشی می‌شود (۷).
تنوع ژنوتیپی در جمعیت‌ها با مکانیسم‌های ژنتیکی متعدد و قرار گرفتن در معرض محیط‌های متنوع حفظ می‌شود (۱۴). نگهداری از منابع گونه‌های محصولات زراعی و قابل کشت، یک اصل مهم برای کشاورزی آینده است، درست همانند موزه‌ای از آثار فرهنگی و معنوی انسان‌های مختلف در مناطق مختلف برای آیندگان. این امر می‌تواند نقش بسیار مهمی در ارائه ژن های سازگار و مولد داشته باشد، بنابراین منجر به افزایش طولانی‌مدت در بهره‌وری مواد غذایی می‌شود که بیشتر با مضرات زیست‌محیطی همراه است (۵). لذا بررسی تنوع ژنتیکی و انتخاب صحیح ابزار مهم و اصلی در به‌نژادی گیاهی است.
ژنتیک و محیط دو عامل اثرگذار بین صفات هستند و تشخیص آنها در مطالعات ژنتیکی حائز اهمیت است (۶). اندازه‌گیری اجزای عملکرد نسبتاً آسان است (۱۳)، اما عملکرد یک صفت کمی و پیچیده است که با بسیاری از ژن‌ها کنترل می‌شود و عمدتاً تحت تأثیر عوامل محیطی است. به‌دلیل ماهیت بیولوژیکی و برهمکنش منظم اجزای عملکرد، معمولاً انواع همبستگی‌های مثبت و منفی بین عملکرد و اجزای عملکرد رخ می‌دهد (۲،۱۱). تکنیک‌هایی مانند تجزیه واریانس، تجزیه همبستگی ساده و رگرسیون چندگانه معمولاً برای تجزیه و تحلیل مؤلفه عملکرد استفاده می‌شود (۳).
مطالعه رابطه متقابل بین صفات به تدوین طرح کارآمد برای انتخاب چند صفت کمک می‌کند و ابزاری برای انتخاب مستقیم و غیرمستقیم برای صفات پیچیده مانند عملکرد را فراهم می‌نماید زیرا انتخاب مستقیم برای عملکرد مؤثر نیست. بنابراین هدف از این تحقیق بررسی تنوع برخی ژنوتیپ‌های کتان و معرفی پتانسیل های متفاوت در آنها همچنین بررسی روابط بین صفات موثر بر عملکرد دانه و تعیین بهترین معیارهای انتخاب در ژنوتیپ‌های کتان با استفاده از روش‌های همبستگی ساده، تجزیه به عامل‌ها و همچنین دسته بندی ژنوتیپ های مورد مطالعه بر اساس صفات فنوتیپی با استفاده از آنالیز خوشه ای بود.

مواد و روش‌ها

برای بررسی تنوع بین ژنوتیپ‌ها ۱۰۰ ژنوتیپ کتان در مزرعه تحقیقاتی شرکت کشت و توسعه دانه های روغنی ساری (واقع در انارستان) با مختصات "۱۲/۷۸ '۲۴ °۳۶ تا "۱/۷۴ '۲۵ °۳۶ عرض شمالی "۷/۵۲ '۴۲ °۵۲ تا "۳۳/۵۴ ' ۴۳ °۵۲ طول شرقی کشت شدند.
ژنوتیپ‌ها از لحاظ صفات مورفولوژی در طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار مورد بررسی قرار گرفتند. خاستگاه ارقام مورد بررسی کشورهای دانمارک، مصر، استونی، اتیوپی، فرانسه، انگلستان، مجارستان، هند، ایتالیا، ژاپن، هلند، سوئد، اروگوئه، آمریکا، یوگوسلاوی و زیمباوه می‌باشد. ارقام مذکور از شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی تهیه گردید. صفات مورد بررسی به روش زیر اندازه‌گیری شدند:
ارتفاع بوته: چند روز پس از شروع مرحله زایشی و اطمینان از توقف رشد طولی ساقه، صفت ارتفاع به‌وسیله سانتی‌متر از طوقه تا انتهای کپسول در بوته اندازه‌گیری شد.
سایر صفات که مربوط به عملکرد و اجزای عملکرد می باشد پس از برداشت بوته به‌شرح زیر اندازه‌گیری شدند:
وزن کپسول در بوته: تمام کپسول‌های هر بوته جدا شده و به‌وسیله ترازو و بر حسب گرم توزین گردید.
تعداد کپسول در بوته: همه کپسول‌های جدا شده از بوته شمارش شدند.
قطر کپسول: قطر ۳ الی ۵ کپسول از هر بوته بوسیله کولیس اندازه‌گیری شدند و میانگین نمونه‌های مربوط به هر بوته به عنوان قطر کپسول در محاسبات نهایی مورد استفاده قرار گرفت.
عملکرد تک بوته: بذرهای کتان از داخل کپسول‌های هر بوته خارج و وزن آنها بر حسب گرم به‌وسیله ترازو آزمایشگاه با دقت ۰/۰۱ یادداشت شد.
وزن بیوماس (اندام هوایی گیاه): اندام هوایی گیاه جداسازی و وزن خشک کل اندام هوایی گیاه بر حسب گرم محاسبه شد.
تعداد دانه در کپسول، تعداد دانه در بوته، عملکرد بیولوژیک هر بوته و وزن هزاردانه: این صفات بوسیله فرمول‌های زیر بدست آمد.
معادله (۱)

$$\text{تعداد دانه در کپسول} = \frac{\text{وزن کل دانه در هر بوته}}{\text{تعداد کپسول در هر بوته}}$$

معادله (۲)

عملکرد بوته-وزن کل بوته=عملکرد بیولوژیک

تحلیل‌های چند متغیره مانند تجزیه همبستگی، تجزیه به عامل‌ها، تجزیه رگرسیون و تجزیه خوشه‌ای برای میانگین داده با استفاده از ماتریس میانگین انجام شد. تحلیل به عامل‌ها با روش حداکثر درستنمایی (ML) و چرخش واریماکس عوامل انجام شد (۹). در تحلیل رگرسیون، عملکرد دانه به‌عنوان متغیر وابسته و تمامی ۱۴ صفت به‌جز عملکرد به‌عنوان متغیر مستقل در نظر گرفته شدند. تجزیه خوشه‌ای با روش وارد انجام شد. در این روش مجموع مربعات ANOVA بین دو خوشه از همه صفات مورد بررسی به‌عنوان فاصله بین دو خوشه در نظر گرفته شد (۱۹).
مرتب سازی داده‌ها توسط نرم‌افزار Excel و همچنین کلیه محاسبات ازجمله تجزیه واریانس و مقایسه میانگین توسط نرم‌افزار SAS (۱)، تجزیه رگرسیون و همبستگی توسط نرم‌افزار SPSS نسخه ۲۲، تجزیه به عامل‌ها و رسم بای‌پلات توسط نرم‌افزار Minitab و رسم دندروگرام توسط نرم‌افزار Past نسخه ۳ انجام شد.

نتایج و بحث

طبق نتایج تجزیه واریانس (جدول ۱) تمامی ژنوتیپ‌های مورد بررسی از جهت صفات مورفولوژی، عملکرد و اجزای عملکرد با هم تفاوت بسیار معنی‌داری (p=%1)

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.52547/jcb.14.43.76]

داشتند. این موضوع نشاندهنده تنوع مطلوب میان ژنوتیپ‌ها می‌باشد. طبق جدول ۲ ژنوتیپ‌های ۱۴۲، ۱۸۰ و ۲۷۵ بیشترین عملکرد و ۲۸۹، ۱۱۵، ۱۰۳، ۱۵۹، ۲۹۸ و ۳۳۰ کمترین میزان عملکرد را در میان ژنوتیپ‌ها داشتند.

جدول ۱- تجزیه واریانس صفات مورفولوژی و زراعی ژنوتیپ‌های گیاه کتان
Table 1. Analysis of variance of morphological and agronomic traits of flax plant genotypes

		میانگین مربعات														
	درجه آزادی	رسیدگی	گلدهی	ارتفاع	وزن کپسول در بوته	تعداد کپسول در بوته	قطر کپسول	تعداد ساقه فرعی	تعداد دانه در کپسول	تعداد دانه در بوته	عملکرد بیولوژیک	طول دانه	عرض دانه	رنگ دانه	وزن هزار دانه	عملکرد تک بوته
تکرار	۲	۱/۲۳^{ns}	۱۱۳/۲۱**	۹۶/۳۰^{ns}	۱۹/۲۶**	۵۳۶۵/۶۲**	۱/۰۹**	۶/۷۶**	۰/۰۲**	۴۰۳۴۷۹/۰۴**	۵۳/۱۲**	۰/۱۸**	۰/۱۶**	۱۶/۸۵**	۰/۰۱**	۱۰/۵۰**
ژنوتیپ	۹۹	۶/۶۰**	۶۱/۷۰**	۲۱۵/۶۷**	۵/۴۱**	۱۶۲۱/۳۴**	۰/۵۷**	۱/۰۷**	۲/۶۰**	۱۲۱۷۳۹/۸۵**	۲۰/۵۲**	۰/۳۸**	۰/۱۵**	۳/۵۲**	۰/۰۲**	۲/۸۳**
خطا	۱۹۸	۱/۰۲	۱۶/۶۲	۳۶/۸۳	۱/۸۸	۷۳۰/۶۸	۰/۰۴	۰/۴۴	۰/۵۷	۴۸۵۷۹/۲۲	۷/۹۲	۰/۰۳	۰/۰۱	۰/۷۳	۰/۰۰۲	۰/۹۲
C. V.		۱/۰۰	۲/۶۸	۷/۶۷	۴۴/۵۱	۵۰/۷۵	۲/۸۷	۳۵/۰۰	۹/۴۹	۵۱/۱۹	۴۴/۲۱	۳/۴۰	۵/۲۷	۲۱/۱۱	۷/۷۹	۴۳/۹۷

* و **: به‌ترتیب معنی‌داری در سطح احتمال یک و پنج درصد
ns: عدم وجود اختلاف معنی‌دار

جدول ۲- مقایسه میانگین عملکرد در بوته (برحسب گرم) ژنوتیپ‌های گیاه کتان
Table 2. Average Comparison yield per flax plant genotypes

ژنوتیپ	میانگین عملکرد (گرم)	ژنوتیپ	میانگین عملکرد (گرم)	ژنوتیپ	میانگین عملکرد (گرم)	ژنوتیپ	میانگین عملکرد (گرم)	ژنوتیپ	میانگین عملکرد (گرم)	ژنوتیپ	میانگین عملکرد (گرم)	ژنوتیپ	میانگین عملکرد (گرم)	ژنوتیپ	میانگین عملکرد (گرم)
۱۴۲	۵/۹۳^{a}	۱۰۷	۳/۲۱$^{c-m}$	۱۳۱	۲/۵۶$^{e-p}$	۱۸۱	۲/۱۱$^{e-p}$	۳۱۷	۱/۹۲$^{f-p}$	۳۱۶	۱/۶۴$^{i-p}$	۱۵۷	۱/۴۶$^{l-p}$	۳۰۵	۱/۲۳$^{m-p}$
۱۸۰	۵/۵۱^{ab}	۲۱۱	۳/۱۷$^{c-m}$	۱۷۷	۲/۵۴$^{e-p}$	۱۳۴	۲/۱۱$^{e-p}$	۲۶۷	۱/۹۱$^{f-p}$	۱۲۴	۱/۵۹$^{j-p}$	۳۶۶	۱/۴۵$^{l-p}$	۳۰۹	۱/۱۱$^{n-p}$
۲۷۵	۴/۷۷$^{a-c}$	۱۴۴	۳/۱۴$^{c-m}$	۱۴۶	۲/۴۳$^{e-p}$	۱۶۸	۲/۱$^{e-p}$	۱۲۳	۱/۸۸$^{g-p}$	۱۶۶	۱/۵۸$^{j-p}$	۳۱۰	۱/۴۴$^{l-p}$	۳۰۳	۱/۱۱$^{n-p}$
۱۳۲	۴/۶۹$^{a-d}$	۱۰۸	۳/۱۳$^{c-n}$	۱۷۲	۲/۴۱$^{e-p}$	۲۶۳	۲/۱$^{e-p}$	۳۲۸	۱/۸۱$^{g-p}$	۲۸۵	۱/۵۶$^{k-p}$	۳۴۷	۱/۴۳$^{l-p}$	۲۸۹	۱/۰۸^{op}
۱۷۹	۳/۹۸$^{b-e}$	۱۰۴	۳$^{c-o}$	۱۶۲	۲/۳۹$^{e-p}$	۲۷۴	۲/۰۹$^{e-p}$	۱۴۳	۱/۷۸$^{g-p}$	۳۶۴	۱/۵۵$^{k-p}$	۱۲۸	۱/۴۲$^{l-p}$	۱۱۵	۱/۰۸^{op}
۱۰۲	۳/۹$^{b-f}$	۱۲۰	۲/۹۷$^{c-o}$	۱۷۶	۲/۳۸$^{e-p}$	۱۳۵	۲/۰۴$^{e-p}$	۳۶۱	۱/۷۷$^{g-p}$	۱۰۹	۱/۵۴$^{k-p}$	۳۴۹	۱/۳۹$^{m-p}$	۱۰۳	۱/۰۵^{op}
۲۵۹	۳/۷۵$^{b-g}$	۲۶۱	۲/۹۱$^{c-o}$	۳۵۰	۲/۳۲$^{e-p}$	۱۰۵	۲/۰۳$^{e-p}$	۱۲۲	۱/۷۶$^{g-p}$	۲۶۹	۱/۵۲$^{k-p}$	۱۶۳	۱/۳۶$^{m-p}$	۱۵۹	۱/۰۳^{op}
۲۸۷	۳/۶۶$^{c-h}$	۲۰۸	۲/۹$^{c-p}$	۳۰۱	۲/۲۷$^{e-p}$	۲۷۰	۲/۰۳$^{e-p}$	۳۳۷	۱/۷۴$^{h-p}$	۳۴۲	۱/۵$^{k-p}$	۱۶۰	۱/۳۶$^{m-p}$	۲۹۸	۰/۹۸^{op}
۲۶۵	۳/۶$^{c-i}$	۲۶۸	۲/۸۲$^{d-p}$	۱۲۹	۲/۲۶$^{e-p}$	۳۲۴	۲/۰۲$^{e-p}$	۲۶۰	۱/۷۲$^{h-p}$	۲۶۴	۱/۵$^{k-p}$	۳۱۱	۱/۳۶$^{m-p}$	۳۳۰	۰/۸۸^{p}
۲۷۸	۳/۵۸$^{c-j}$	۱۳۰	۲/۷۴$^{e-p}$	۳۰۲	۲/۲۴$^{e-p}$	۱۰۶	۲/۰۲$^{e-p}$	۲۹۵	۱/۶۹$^{h-p}$	۲۸۶	۱/۴۹$^{k-p}$	۲۹۶	۱/۳۵$^{m-p}$		
۱۱۹	۳/۴۸$^{c-k}$	۳۲۵	۲/۷$^{e-p}$	۱۲۷	۲/۲۱$^{e-p}$	۳۵۲	۱/۹۹$^{e-p}$	۳۷۲	۱/۶۷$^{h-p}$	۳۷۰	۱/۴۹$^{k-p}$	۳۱۲	۱/۳۱$^{m-p}$		
۱۶۴	۳/۴۱$^{c-l}$	۳۰۷	۲/۶۷$^{e-p}$	۱۷۵	۲/۲$^{e-p}$	۱۹۳	۱/۹۹$^{e-p}$	۳۴۰	۱/۶۵$^{i-p}$	۲۹۴	۱/۴۸$^{k-p}$	۱۱۰	۱/۳$^{m-p}$		
۱۲۶	۳/۲۳$^{c-m}$	۱۷۸	۲/۶۱$^{e-p}$	۱۷۱	۲/۱۲$^{e-p}$	۲۹۳	۱/۹۷$^{f-p}$	۱۷۴	۱/۶۵$^{i-p}$	۳۶۲	۱/۴۸$^{k-p}$	۳۱۵	۱/۲۳$^{m-p}$		

* و **: به‌ترتیب معنی‌داری در سطح احتمال یک و پنج درصد
ns: عدم وجود اختلاف معنی‌دار

همبستگی

نتایج تجزیه همبستگی در جدول (۳) نشان داد بین صفت وزن کپسول در بوته با تعداد کپسول در بوته، تعداد دانه در بوته، عملکرد بیولوژیک و عملکرد تک بوته و صفت تعداد کپسول در بوته با صفات تعداد دانه در بوته و عملکرد بیولوژیک و عملکرد تک بوته و صفت تعداد دانه در بوته با عملکرد بیولوژیک و عملکرد تک بوته همچنین بین صفات عملکرد بیولوژیک و عملکرد تک بوته و بین صفات طول دانه و وزن هزاردانه مقدار همبستگی قابل توجهی وجود داشت. همبستگی‌های بالای بین صفات ممکن است ناشی از هم مکانی QTLهای کنترل کننده آنها باشد (۱۲).

عملکرد بوته از بین صفات مورد بررسی بیشترین همبستگی را با صفات وزن کپسول در بوته، تعداد کپسول در بوته، تعداد ساقه فرعی، تعداد دانه در بوته و عملکرد بیولوژیک در جهت مثبت داشت. صفات تعداد روز تا رسیدگی و تعداد روز تا گلدهی همبستگی مثبتی داشتند این در حالی است که این

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.52547/jcb.14.43.76]

صفات با ارتفاع بوته همبستگی نسبی در جهت منفی داشتند. این موضع نشاندهنده این است که بوته‌های پاکوتاه زودرس‌تر از بوته های پابلند که تولید مواد فیبری دارند، می‌باشند.

رگرسیون

با توجه به سطح معنی داری (جدول ۴) ملاحظه شد مدل رگرسیونی مورد نظر در سطح یک درصد معنی‌دار است.

جدول ۳- همبستگی صفات مورفولوژی و زراعی ژنوتیپ‌های گیاه کتان
Table 3. Correlation of morphological and agronomic traits of flax plant genotype

	رسیدگی	گلدهی	ارتفاع	وزن کپسول در بوته	تعداد کپسول در بوته	قطر کپسول	تعداد ساقه فرعی	تعداد دانه در کپسول	تعداد دانه در بوته	عملکرد بیولوژیک	طول دانه	عرض دانه	رنگ دانه	وزن هزار دانه	عملکرد تک بوته
رسیدگی	۱														
گلدهی	۰/۵۱**	۱													
ارتفاع	-۰/۳۸**	-۰/۳۱**	۱												
وزن کپسول در بوته	۰/۱۹	۰/۱۳	۰/۰۴۷	۱											
تعداد کپسول در بوته	۰/۱۹	۰/۲۰*	۰/۰۲۳	۰/۸۶**	۱										
قطر کپسول	۰/۱۴	-۰/۱۱	-۰/۲۰*	-۰/۱۴	-۰/۳۳**	۱									
تعداد ساقه فرعی	۰/۱۷	۰/۱۴	-۰/۰۷	۰/۵۹**	۰/۷۰**	-۰/۱۲	۱								
تعداد دانه در کپسول	-۰/۱۲	۰/۰۵۳	۰/۳۰**	۰/۳۱**	۰/۱۳	-۰/۴۵**	-۰/۱۱	۱							
تعداد دانه در بوته	۰/۱۳	۰/۱۹	۰/۱۲	۰/۸۹**	۰/۹۰**	-۰/۳۹**	۰/۶۰**	۰/۴۷**	۱						
عملکرد بیولوژیک	۰/۱۴	۰/۱۱	۰/۱۸	۰/۹۶**	۰/۸۹**	-۰/۲۱*	۰/۶۲**	۰/۳۰**	۰/۹۱**	۱					
طول دانه	۰/۱۹	-۰/۰۸	-۰/۲۲*	۰/۰۱	-۰/۲۵*	۰/۷۰**	-۰/۰۵۶	-۰/۴۰**	-۰/۳۰**	-۰/۰۶	۱				
عرض دانه	۰/۲۸**	۰۰/۰۹	-۰/۲۹**	۰/۱۰	-۰/۱۱	۰/۴۹**	۰/۰۲۸	-۰/۲۴*	-۰/۱۳	۰/۰۱	۰/۷۳**	۱			
رنگ دانه	۰/۴۳**	۰/۳۹**	-۰/۲۵*	۰/۲۱*	۰/۲۸**	-۰/۲۸**	۰/۱۲۸۱۲۳	۰/۱۵	۰/۳۰**	۰/۱۶	-۰/۰۹	۰/۱۰	۱		
وزن هزار دانه	۰/۰۳۷	-۰/۱۹	-۰/۲۱*	۰/۰۳۶	-۰/۲۷**	۰/۷۲**	-۰/۱۳	-۰/۳۱**	-۰/۳۱**	-۰/۰۶	۰/۸۵**	۰/۶۴**	-۰/۲۶**	۱	
عملکرد تک بوته	۰/۱۶	۰/۱۶	۰/۰۵	۰/۹۷**	۰/۸۱**	-۰/۱۳	۰/۵۳**	۰/۳۸**	۰/۸۹**	۰/۹۴**	۰/۰۴	۰/۱۲	۰/۲۳*	۰۰/۰۷	۱

* و **: به‌ترتیب معنی‌داری در سطح احتمال یک و پنج درصد
ns: عدم وجود اختلاف معنی‌دار

جدول ۴- نکویی برازش مدل رگرسیونی صفات مورفولوژی و زراعی ژنوتیپ‌های گیاه کتان
Table 4. The goodness of fitting a regression model of morphological and agronomic traits of flax plant genotypes

	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	F	سطح معنی‌داری
رگرسیون	۶	۹۰/۱۳۶	۱۵/۰۲۳**	۴۴۶/۲۲۲	۰/۰۰۰
باقی‌مانده	۹۳	۳/۱۳۱	۰/۰۳۴		
کل	۹۹	۹۳/۲۶۷			

* و **: به‌ترتیب معنی‌داری در سطح احتمال یک و پنج درصد
ns: عدم وجود اختلاف معنی‌دار

معادله رگرسیونی به صورت زیر به‌دست آمد:
معادله رگرسیونی (۵)

$$Y= a + b_1X_1 + b_2X_2 + b_3X_3 + b_4X_4 + b_5X_5 + b_6X_6 + b_7X_7 + b_8X_8 + b_9X_9 + b_{10}X_{10} + b_{11}X_{11} + b_{12}X_{12} + b_{13}X_{13} + b_{14}X_{14}$$

$$Y= -۳/۶۲ + ۰/۳۸X_1 + ۰/۱۱X_2 + ۰/۰۰۱X_3 + ۲/۱۳X_4 + ۰/۰۱۱X_5 + ۰/۰۶X_6$$

x1: وزن کپسول در بوته، x2: تعداد کپسول در بوته، x3: تعداد دانه در بوته، x4: وزن هزاردانه، x5: تاریخ گلدهی و x6: عملکرد بیولوژیک

$$R^2 = ۰/۹۷$$

بدین ترتیب در شرایط مشابه می‌توان عملکرد گیاه کتان را بوسیله مدل رگرسیونی فوق پیش بینی نمود. ضریب تبیین ۰/۹۷ برآورد شد. این امر نشان می‌دهد که ۹۷ درصد از تغییرات عملکرد دانه توسط صفات مورد بررسی قابل توجیه است.

تجزیه به عامل‌ها

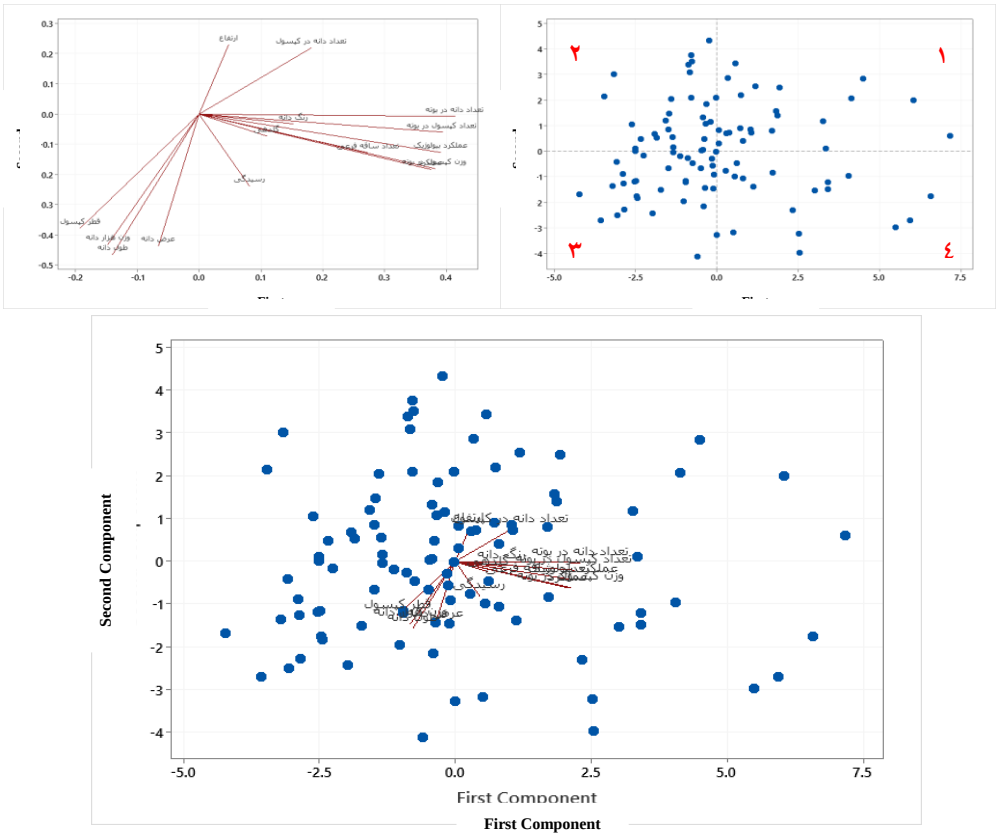
باتوجه به نتیجه تجزیه به عامل‌ها (جدول ۵) چهار عامل اول ۸۰ درصد تغییرات را توجیه کردند. عامل اول ۳۷ درصد از تغییرات را توجیه می‌کند و به نام عامل عملکرد، عامل دوم ۲۲ درصد از تغییرات و به نام هزاردانه، عامل سوم ۱۳ درصد عامل رسیدگی و عامل چهارم ۷ درصد عامل تعداد دانه نام گرفتند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.52547/jcb.14.43.76]

جدول ۵- تجزیه به عامل‌ها برای صفات مورفولوژی و زراعی گیاه کتان در شرایط مزرعه
Table 5. Analysis of components for morphological and agronomic traits of flax plant under field conditions

صفات	عامل ۱	عامل ۲	عامل ۳	عامل ۴
رسیدگی	۰/۱۳۰	۰/۱۸۷	۰/۷۷۷	-۰/۱۰۷
گلدهی	۰/۰۸۹	-۰/۱۰۶	۰/۷۷۰	۰/۰۱۵
ارتفاع	۰/۱۰۸	-۰/۲۲۷	-۰/۵۹۴	۰/۳۷۷
وزن کپسول در بوته	۰/۹۶۳	۰/۰۹۰	۰/۰۸۰	۰/۱۴۴
تعداد کپسول در بوته	۰/۹۱۹	-۰/۲۳۷	۰/۱۴۲	-۰/۱۲۹
قطر کپسول	-۰/۱۷۸	۰/۷۸۸	-۰/۰۸۱	-۰/۲۵۵
تعداد ساقه فرعی	۰/۷۲۳	-۰/۱۱۵	۰/۰۸۳	-۰/۴۹۲
تعداد دانه در کپسول	۰/۲۳۶	-۰/۲۹۵	-۰/۰۱۴	۰/۸۴۶
تعداد دانه در بوته	۰/۹۱۸	-۰/۲۵۰	۰/۱۲۲	۰/۱۹۹
عملکرد بیولوژیک	۰/۹۷۵	-۰/۰۱۰	۰/۰۰۱	۰/۱۰۹
طول دانه	-۰/۰۴۴	۰/۹۳۱	۰/۰۳۲	-۰/۱۰۳
عرض دانه	۰/۰۴۱	۰/۸۰۷	۰/۲۶۴	۰/۰۰۹
رنگ دانه	۰/۱۵۷	-۰/۱۵۱	۰/۷۳۷	۰/۲۰۵
وزن هزار دانه	-۰/۰۳۹	۰/۹۳۰	-۰/۱۴۱	-۰/۰۴۵
عملکرد	۰/۹۴۰	۰/۱۲۳	۰/۰۹۴	۰/۲۳۶
مقدار ویژه	۵/۵۵	۳/۳۷	۲/۰۶	۱/۱۴
واریانس	۳۷/۰۲	۲۲/۴۷	۱۳/۷۱	۷/۵۹
واریانس تجمعی	۳۷/۰۲	۵۹/۴۹	۷۳/۲۰	۸۰/۷۹

بای‌پلات براساس دو عامل اول حاصل از تجزیه به عامل‌های رسم شد (شکل ۱). بای‌پلات نشان داد که ژنوتیپ‌ها از پراکندگی خوبی برخوردارند همچنین باتوجه به موقعیت بردارهای رسیدگی و ارتفاع نتیجه همبستگی منفی این دو صفت به‌صورت شماتیک قابل ملاحظه است ژنوتیپ‌هایی که بیشترین میزان عملکرد را دارند در موقعیت سمت راست نمودار واقع شده‌اند. ژنوتیپ‌های زودرس‌تر و پاکوتاه و دارای عملکرد بالا و تعداد دانه بیشتر در ناحیه یک نمودار واقع شدند این ارقام از تیپ روغنی کتان می باشند. این در حالی است که ژنوتیپ‌های با عملکرد پایین و پابلند و دیررس‌تر در ناحیه ۲ و ۳ نمودار قرار دارند. این ارقام تیپ فیبری کتان می‌باشند.



شکل ۱- نمودار بای پلات ژنوتیپ در صفت ژنوتیپ‌های کتان بر اساس مؤلفه‌های اول و دوم
Figure 1. Bi-plot graph of flax genotypes under first and second components

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.52547/jcb.14.43.76]

تجزیه خوشه‌ای

با توجه به نتایج حاصل از خوشه‌بندی و تجزیه همبستگی، می‌توان ارقام مناسب را انتخاب کرد. تجزیه خوشه‌ای برای شناسایی متغیرهایی استفاده شود که می‌توانند بر اساس شباهت و عدم‌تشابه به گروه‌ها و زیرگروه‌های اصلی طبقه‌بندی شوند (۱۰). این تکنیک برای انتخاب والدین در برنامه‌های اصلاحی (۱۶) و مدل‌سازی محصول (۸) مفید است.

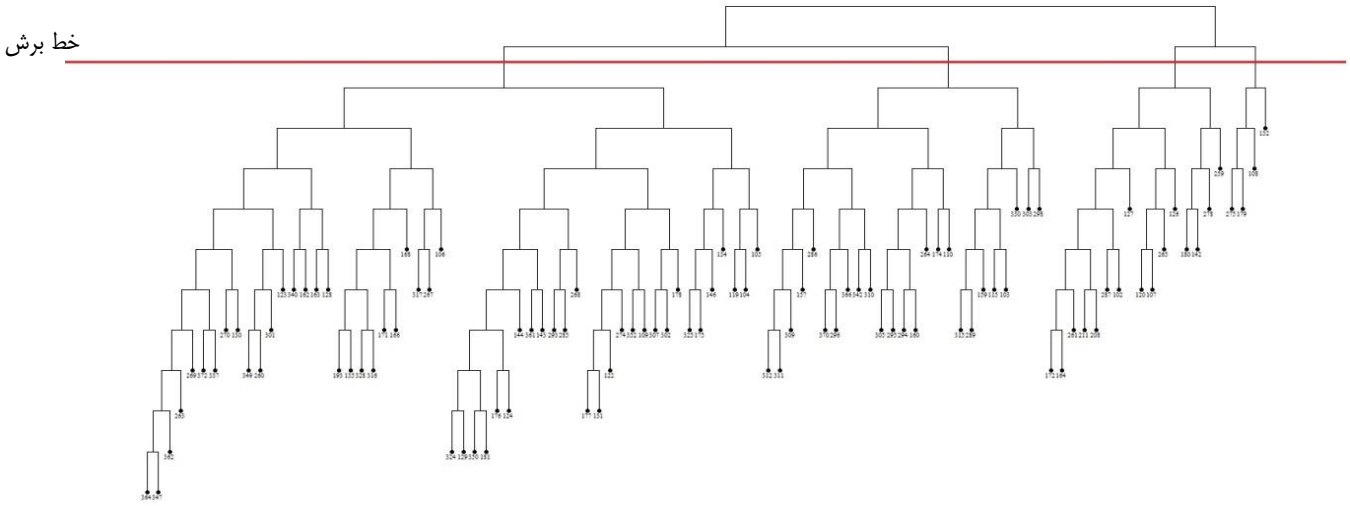
براساس تجزیه خوشه‌ای با استفاده از ۱۵ صفت مورفولوژی و زراعی ۱۰۰ ژنوتیپ کتان به چهار گروه تقسیم شدند. جدول تجزیه واریانس (جدول ۷) در جهت تایید خوشه‌بندی فوق نشان می‌دهد که بین ۴ گروه حاصل از تجزیه خوشه‌ای در سطح یک درصد اختلاف معنی‌دار وجود دارد.

نتایج تجزیه خوشه‌ای نشان داد که دسته‌بندی ژنوتیپ‌ها با توزیع جغرافیایی ژنوتیپ‌ها ارتباطی نداشته و اکثر ژنوتیپ‌ها براساس تفاوت‌های مورفولوژیکی گروه‌بندی شدند. به‌طور خلاصه ژنوتیپ‌های ۱۳۲، ۱۰۸، ۱۷۹ و ۲۷۵ پتانسیل خوبی برای افزایش عملکرد دانه داشته و از آنها می‌توان در برنامه‌های آتی اصلاحی استفاده نمود.

به‌طور کلی تنوع ژنتیکی بالا بین ژنوتیپ‌ها پتانسیل ژنتیکی ارزشمندی در جهت بهبود ژنتیکی گیاه کتان فراهم کرده است. با توجه به اینکه جمعیت مورد مطالعه مجموعه‌ای از ژنوتیپ‌هایی از نقاط مختلف دنیا با خصوصیات ظاهری متفاوت یک جمعیت متنوع و باارزش جهت مطالعات به‌نژادی برای ایجاد ارقام سازگار به شرایط آب و هوایی و تغییرات محیطی کشورمان است.

عملکرد بوته از بین صفات مورد بررسی بیشترین همبستگی را با صفات وزن کپسول در بوته، تعداد کپسول در بوته، تعداد ساقه فرعی، تعداد دانه در بوته و عملکرد بیولوژیک در جهت مثبت داشت. می‌توان چنین استباط کرد ژنوتیپ‌های با صفات وزن کپسول در بوته، تعداد کپسول در بوته، تعداد ساقه فرعی، تعداد دانه در بوته و عملکرد بیولوژیک بیشتر دارای عملکرد بالاتر می‌باشند. همچنین این مطالب نشاندهنده این است که این ژنوتیپ‌ها توانستند حداکثر استفاده از منابع را ببرند و در نتیجه صفات وزن کپسول در بوته، تعداد کپسول در بوته، تعداد ساقه فرعی، تعداد دانه در بوته و عملکرد بیولوژیک بیشتری تولید کنند.

این مطالعه نشان داد که طبق مدل رگرسیونی برای بهبود عملکرد دانه کتان از طریق انتخاب برای صفات وزن کپسول در بوته، تعداد کپسول در بوته، تاریخ گلدهی، تعداد دانه در بوته، وزن هزاردانه و عملکرد بیولوژیک حاصل می‌گردد.



شکل ۲- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۱۰۰ ژنوتیپ کتان بر اساس ۱۵ صفت مورد مطالعه
Figure 2. The dendrogram of cluster analysis of 100 flax genotypes basis on 15 studied traits

جدول ۷- تجزیه واریانس گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۱۰۰ ژنوتیپ کتان بر اساس ۱۵ صفت مورد مطالعه
Table 7. Analysis of variance between groups obtained from cluster analysis of 100 flax genotypes based on 15 studied traits

	درجه آزادی	رسیدگی	گلدهی	ارتفاع	وزن کپسول در بوته	تعداد کپسول در بوته	قطر کپسول	تعداد ساقه فرعی	تعداد دانه در کپسول	تعداد دانه در بوته	عملکرد بیولوژیک	طول دانه	عرض دانه	رنگ دانه	وزن هزار دانه	عملکرد تک بوته
ژنوتیپ	۳	۳/۲۷^{ns}	۸۰/۳۶**	۱۷۵/۴۶^{ns}	۴۶/۵۶**	۱۳۵۶۹/۶۳**	۱/۲۵**	۳/۷۶**	۶/۹۴**	۱۲۲۲۱۷۵/۹۷**	۱۸۳/۲۵**	۰/۵۳**	۰/۰۶^{ns}	۳/۵۹*	۰/۰۳**	۲۳/۶۱**
خطا	۱۶	۲/۱۸	۱۸/۸۸	۶۸/۶۵	۰/۴۱	۱۳۲/۳۱	۰/۱۶	۰/۲۵	۰/۶۰	۳۶۴۸/۳۳	۱/۳۳	۰/۱۱	۰/۰۵	۱/۰۹	۰/۰۱	۰/۲۳

* و **: به‌ترتیب معنی‌داری در سطح احتمال یک و پنج درصد
ns: عدم وجود اختلاف معنی‌دار

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.52547/jcb.14.43.76]

منابع

1. Cary, N.C. 2004. SAS Institute. The SAS system for windows. Release 9.1. Cary, SAS Institute, p 654.
2. El-Deeb, A.A. and N.A. Mohamed. 1999. Factor and cluster analysis for some quantitative characters in sesame (*Sesamum indicum* L.). The annual conference ISSR, Cairo University, 34(2): 4-6.
3. Fraser, J., G.W. Eaton. 1983. Application of yield component analysis to crop research. Field Crop, 39:787-797.
4. Gepts, P. 2004. Domestication as a long-term selection experiment. Plant Breeding Reviews, 24:1-44.
5. Govindaraj, M., M. Vetriventhan and M. Srinivasan. 2015. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: An overview of its analytical perspectives. Genetics Research International, https://doi.org/10.1155/2015/431487
6. Hailu, A., S. Alamerew, M. Nigussie and E. Assefa. 2016. Correlation and path coefficient analysis of yield and yield associated traits in barley (*Hordeum vulgare* L.) germplasm. Advances in Crop Science and Technology, 4: 216. https://doi.org/10.4172/2329-8863.1000216
7. Innan, H. and Y. Kim. 2004. Pattern of polymorphism after strong artificial selection in a domestication event. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 101: 10667-10672.
8. Jaynes, D.B., T.C. Kaspar, T.S. Colvin and D.E. James. 2003. Cluster analysis of spatial temporal corn yield pattern in an Iowa field. Agronomy Journal, 95(3): 574-586.
9. Jolliffe, I. 2005. Principal Component Analysis. Encyclopedia of Statistics in Behavioral Science, doi:10.1002/0470013192.bsa501
10. Leilah, A.A. and S.A. Al-Khateeb. 2005. Statistical analysis of wheat yield under drought conditions. Journal of Arid Environments, 61:483-496.
11. Mansouri, S.A. and M. Solati Njafabadi. 2004. Study and systemic analysis on yield and yield components association for sesame (*Sesame indicum* L.) breeding. Seed And Plant Improvement Journal, 20(2): 149-165 (In Persian).
12. Ramazani, S.H.R. and M. Abdipour. 2018. Statistical analysis of grain yield in iranian cultivars of barley (*Hordeum vulgare*). Agricultural Research, doi:10.1007/s40003-018-0360-4
13. Sadras, V.O. and G.A. Slafer. 2012. Environmental modulation of yield components in cereals: heritability's reveal a hierarchy of phenotypic plasticity's. Field Crops Research, 127: 215-224.
14. Sang, T. 2009. Genes and mutations underlying domestication transitions in grasses. Plant Physiology, (149): 63-70.
15. Searchinger, T., R. Heimlich, R.A.F. HoughtonDong, A. Elobeid, J. Fabiosa, S. Tokgoz, D. Hayes and T.H. Yu. 2008. Use of US croplands for biofuels increases greenhouse gases through emissions from land-use change. Science, 319(5867): 1238-1240.
16. Seyed Aghamiri, S., K. Mostafavi and A. Mohammadi. 2012. Investigation of the relationship between grain yield and yield components in barley varieties and new hybrids using multivariate statistical methods. Iranian Journal of Field Crops Research, 10(2): 421-427 (In Persian).
17. Temesgen, B. 2020. Importance and impact of ecological approaches to crop domestication. Journal of Biology, Agriculture and Healthcare, https://doi.org/10.7176/jbah/10-8-04
18. Yadav, G.K., S.V. Patel, D. Kumar, N. Maurya, D. Sah, A.K. Chaube, A. Kumar, A. Kumar and P.K. Singh. 2021. Alternaria blight of linseed (*Linum usitatissimum* L.) and its chemical management: A comprehensive review. International Journal of Chemical Studies, 596.
19. Zeng. L., M.C. Shannon and C.M. Grieve. 2002. Evaluation of salt tolerance in rice genotypes by multiple agronomic parameters. Euphytica, 127(2): 235-245.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.76]

Investigation of Genetic Diversity and Relationships Among Agronomic Traits of Some Flax Genotypes

Zahra Behzadi[1], Hamid Najafi Zarini[2], Gholam Ali Ranjbar[3] and Ali Pakdin Parizi[3]

1- PhD Student of Sari University of Agricultural Sciences and Natural Resources
2- Associate Professor of Sari University of Agricultural Sciences and Natural Resources,
(Corresponding Author: najafi316@gmail.com)
3 and 4- Associate Professor and Assistant Professor, Sari University of Agricultural Sciences and Natural Resources
Received: 16 Januasry, 2022 Accepted: 6 February, 2022

Extended Abstract

Introduction and Objective: Flax (*Linum usitatissimum* L.) from the Linum genus and Linaceae family is one of the oldest oil products in the world. A natural population with sufficient genetic diversity is necessary to select the desired phenotypic traits, so the study of genetic diversity and the correct selection of essential tools is the main breed of plant. Agriculture faces many challenges, including human population growth, climate change, land degradation, malnutrition, poverty, hunger and other stressors. Overcoming these difficult challenges will be more difficult in the absence of plant genetic improvement to increase agricultural productivity by addressing the problem of reduced yields and its relationship to pest management and climate change. However, agriculture must change to meet the growing demand of the global population by shifting agricultural growth to the effective development of modern agriculture. In this regard, the study of the diversity of existing populations is of great importance.

Material and Methods: 100 new imported flax genotypes in a randomized complete block design with three replications in the research farm of ORDC (Oilseeds Research and Development Company) in the 96-97 crop year, morphological traits, yield and yield components were studied.

Results: The results showed that the studied genotypes collected from different geographical areas had a good diversity for all studied traits. Plant yield among the studied traits had the highest correlation with capsule weight per plant, number of capsules per plant, number of sub-stems, number of seeds per plant and biological yield in a positive direction. The factor analysis results showed that 4 of the factors together explain 80% of the data changes. According to the type of traits, these factors were listed under the headings of yield and yield components, traits related to grain, ripeness and number of grains. The cluster analysis results for all traits evaluated them into four groups and showed that the classification of genotypes was not related to the geographical distribution of genotypes, and most genotypes were grouped based on morphological differences.

Conclusion: High genetic diversity among genotypes has provided the valuable genetic potential for the genetic improvement of flax. Considering that the study population is a collection of genotypes from different parts of the world with different appearance characteristics, it is a diverse and valuable population for breeding studies to create cultivars adapted to the climatic conditions and environmental changes of our country. Plant yield among the studied traits had the highest correlation with capsule weight per plant, number of capsules per plant, number of sub-stems, number of seeds per plant and biological yield in a positive direction. It can be concluded that genotypes with higher capsule weight per plant, number of capsules per plant, number of sub-stems, number of seeds per plant and higher biological yield have higher yields. This also indicates that these genotypes were able to maximize resource utilization and thus produce more capsule weight per plant, number of capsules per plant, number of sub-stems, number of seeds per plant and more biological yield. Genotypes 132, 108, 179 and 275 have good potential in terms of grain yield and can be used in future breeding programs.

Keywords: Bi-plot, Cluster analysis, Correlation, Flax, Variety

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.76]