Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 15, No 47, Autumn 2023 p: 134-140

"Research Paper"

Selection of Superior Cotton Cultivars (*Gossypiume hirsutum* L.) using GTBiplot Model

Mitra Vanda[1], Mohammad Hasan Hekmat[2] and Omran Alishah[3]

1- Assistant Professor, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran,
(Corresponding author: mivanda_2005@yahoo.com)
2- Researcher, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran.
3- Associate Professor, Cotton Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran.
Received: 18 January, 2023 Accepted: 12 March, 2023

Extended Abstract

Introduction and Objective: Cotton has special economic and agricultural importance and it is considered the most important fiber used in the world's textile industry. Identification of germplasms based on important quantitative and qualitative characteristics is necessary for the transfer of traits in crossbreeding programs and the improvement of superior cultivars. This research was carried out to evaluate cotton several genotypes of cotton based on measured quantitative and qualitative characteristics.

Materials and Methods: To evaluate genotypes of cotton using GTBiplot graphical analysis and selection of the best genotypes, an experiment including nine genotypes along with two commercial cultivars as reference checks (Bakhtegan and Golestan) carried out in the form of a randomized complete block design with 4 replications at the Darab Agricultural Research Station in 2017-2018. In this experiment, the traits of plant height, sympodial length, sympodial number, number of bolls per plant, boll weight, earliness percentage, yield, fiber length, uniformity percentage, fiber *micronaire*, fiber strength, fiber elongation, and lint percentage were investigated.

Results: The results of principal components analysis showed that the three PCAs explained 80.4% of the total agronomical variability residing in tested cotton genotypes. The first two PCAs accounted for 44.6% and 22.3% of the total variation, respectively. In the first component, respectively, the traits of the yield and the number of bolls had the largest contribution in justifying the variance between the data. In the second component, earliness percentage and fiber length in the positive direction and sympodial length in the negative direction had the largest contribution in justifying the variance between the data.

In GTbiplot analysis, the polygonal diagram obtained from the analysis showed that the genotypes GTbiplot arising Bakhtegan, A-NB414, A-NBK, VA-1, VA-2, and 96-A3, which were located at the vertices of the polygon, were the superior genotypes. The results showed that A-NB414 and A-NBK genotypes were superior to other genotypes in terms of yield, plant height, boll number, uniformity, lint percentage, and earliness. The highest diversity was justified by from A-NB414, A-NBK, Bakhtegan, and Golestan genotypes. In this research, the A-NB414 and A-NBK genotypes were identified as superior in terms of measured quantitative and qualitative traits and compared with VA-1, VA-2, A3-96, 48-92, 90-92 10481, A-SKG, and 34-92 had a negative correlation.

Conclusion: In conclusion, the genotypes A-NB414 and A-BNK were superior to other genotypes in many quantitative and qualitative traits and they were not correlated with Bakhtegan variety which had good *micronaire* and boll weight. These genotypes can be used in breeding programs to achieve maximum diversity and obtain hybrids with favorable yield, early variety, with high boll weight and number, high uniformity percentage, high lint percentage, and suitable *micronaire* of fibers for use in the textile industry.

Keywords: Cotton, Fiber quality, GTBiplot graphical analysis, Yield

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

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.134]

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

"مقاله پژوهشی"

گزینش ژنوتیپ‌های برتر پنبه (*Gossypiume hirsutum* L.) با استفاده از مدل GTBiplot

میترا وندا[۱]، محمدحسن حکمت[۲]و عمران عالیشاه[۳]

۱- استادیار مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران،
(نویسنده مسوول: mivanda_2005@yahoo.com)
۲- محقق مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران
۳- دانشیار بخش به‌نژادی تحقیقات پنبه کشور، موسسه تحقیقات پنبه کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران
تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۱۰/۲۸ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۲/۲۱
صفحه: ۱۳۴ تا ۱۴۰

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: پنبه دارای اهمیت خاص اقتصادی و کشاورزی می‌باشد و مهم‌ترین الیاف مورد استفاده در صنعت نساجی جهان محسوب می‌گردد. شناسایی ژرم‌پلاسم‌ها بر اساس ویژگی‌های مهم کمی و کیفی، جهت انتقال صفات مطلوب در برنامه‌های دورگ‌گیری و اصلاح ارقام برتر ضروری است. این تحقیق جهت ارزیابی ژنوتیپ‌های پنبه بر پایه صفات کمی و کیفی اندازه‌گیری شده در پنبه، انجام شد.

مواد و روش‌ها: به‌منظور ارزیابی ژنوتیپ‌های پنبه با استفاده از تجزیه گرافیکی GTBiplot و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر، آزمایشی شامل ۹ ژنوتیپ همراه با ۲ رقم تجاری استان فارس (بختگان و گلستان) به‌عنوان شاهد، در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با ۴ تکرار، در ایستگاه تحقیقات کشاورزی داراب طی سال‌های زراعی ۱۳۹۷ و ۱۳۹۸ اجرا شد. در این آزمایش صفات ارتفاع بوته، طول شاخه زایا، تعداد شاخه زایا، تعداد غوزه، وزن غوزه، درصد زودرسی، عملکرد وش، طول الیاف، درصد یکنواختی، ظرافت الیاف، استحکام الیاف، کشش الیاف و درصد کیل مورد بررسی قرار گرفتند.

یافته‌ها: نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که سه مؤلفه‌ی اول در مجموع ۸۰/۴ درصد از کل تنوع زراعی موجود بین داده‌ها را توجیه کردند. مؤلفه اصلی اول ۴۴/۶ درصد و مؤلفه اصلی دوم ۲۲/۳ درصد از واریانس موجود بین داده‌ها را توجیه کردند. در مؤلفه اول، به‌ترتیب صفات عملکرد وش و تعداد غوزه بیشترین سهم را در توجیه واریانس بین داده‌ها داشتند. در مؤلفه دوم صفات زودرسی و طول الیاف در جهت مثبت و طول شاخه زایا در جهت منفی بیشترین سهم را در توجیه واریانس موجود بین داده‌ها داشتند. نمودار چندضلعی حاصل از تجزیه GTBiplot، نشان داد که ژنوتیپ‌های بختگان، A-NB414، A-NBK، VA-1، VA-2 و A3-96 که در رئوس چندضلعی قرار داشتند، ژنوتیپ‌های برتر بودند. نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های A-NB414 و A-NBK در صفات عملکرد وش، ارتفاع بوته، تعداد غوزه، یکنواختی، درصد کیل و درصد زودرسی از سایر ژنوتیپ‌ها برتر بودند. بیشترین تنوع توجیه‌شده توسط GTBiplot ناشی از ژنوتیپ‌های A-NB414، A-NBK، بختگان و گلستان بود. در این تحقیق ژنوتیپ‌های A-NB414 و A-NBK در بسیاری از صفات کمی و کیفی از سایر ژنوتیپ‌ها برتر بودند و با ژنوتیپ VA-1، VA-2، A3-96، 92-48، 90-10481، A-SKG و 92-34 همبستگی منفی داشتند.

نتیجه‌گیری: با توجه به اینکه ژنوتیپ‌های A-NB414 و A-BNK در بسیاری از صفات کمی و کیفی از سایر ژنوتیپ‌ها برتر بودند و با رقم بختگان که ظرافت الیاف و وزن غوزه مطلوبی داشت، همبستگی ندارند، می‌توان در برنامه‌های اصلاحی جهت نیل به حداکثر تنوع و بدست آوردن هیبریدهایی با عملکرد مطلوب، زودرس، دارای وزن و تعداد غوزه بالا، درصد یکنواختی بالا، درصد کیل بالا و ظرافت الیاف مطلوب جهت استفاده در صنعت نساجی، از این ژنوتیپ‌ها استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی: پنبه، تجزیه گرافیکی GTBiplot، عملکرد، کیفیت الیاف

مقدمه

پنبه (*Gossypium hirsutum* L.) یکی از گیاهان مهم زارعی است که محصول آن از اهمیت ویژه‌ای در بخش صنعت و اقتصاد برخوردار می‌باشد. علاوه بر الیاف و دانه که مهم‌ترین اجزای محصول پنبه را تشکیل می‌دهند، بیش از هفتاد فرآورده اصلی و فرعی از گیاه پنبه قابل استحصال است که در صنایع مختلف اعم از نساجی، غذایی، سلولزی، شیمیایی و نظامی کاربرد دارد (Zeng & Wu, 2012). با توجه به افزایش روزافزون جمعیت، پنبه به دلیل داشتن روغن، پروتئین، کنجاله و الیاف نقش مهمی در تأمین نیازهای غذایی و پوشاکی انسان و غذای دام خواهد داشت (Talat et al., 2018).

یکی از اساسی‌ترین برنامه‌های اصلاح نباتات، شناخت تنوع ژنتیکی جهت ارزیابی اولیه توده‌های گیاهی، انتخاب ژنوتیپ‌های مناسب و استفاده از آنها در برنامه‌های اصلاحی می‌باشد (Basbag & Gencer, 2007). تجزیه بای‌پلات یکی از روش‌های آماری است که ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایدار را به صورت ترسیمی مورد بررسی قرار می‌دهد (Yan et al., 2007). هدف نمودار بای‌پلات نشان دادن اهمیت و سهم هر یک از متغیرها در مؤلفه‌های اصلی و نیز نشان دادن قابلیت تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در متمایز کردن افراد و گروه‌ها از یکدیگر است. همچنین این امکان را می‌دهد که دو اثر ژنوتیپ و ژنوتیپ×محیط همزمان مورد بررسی قرار گیرند (Yan & Tinker, 2005). بای‌پلات GT یک کاربرد از تکنیک GGE بای‌پلات است و در مطالعه داده‌های ژنوتیپ × صفت (GT) استفاده می‌شود. بای‌پلات GT یک ابزار موثر برای بررسی داده‌های چندصفتی است (Peixoto et al., 2022; Sedigh et al., 2016). نمودار دووجهی ژنوتیپ× صفت نمی‌تواند همه تنوع موجود در داده‌ها را توجیه کند، اما به انتخاب ژنوتیپ‌ها بر پایه چندین صفت کمک می‌کند. در این نمودار، یک بردار از مبدأ نمودار دووجهی تا موقعیت هر صفت رسم می‌شود تا ارتباطات درونی بین دو یا چند صفت نشان داده شود. با استفاده از چندضلعی نمودار دووجهی ژنوتیپ×صفت مقایسه ژنوتیپ‌ها برپایه چندین صفت انجام می‌گردد و ژنوتیپ‌هایی که از لحاظ بعضی صفات خاص برتر هستند، شناسایی می‌شوند (Yan & Rajcan, 2002). صدیق و همکاران (2016) به منظور شناسایی ارقام برتر پنبه در شرایط آبیاری نرمال و تنش از تجزیه گرافیکی GGBiplot و

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.61186/jcb.15.47.134]

GTBiplot استفاده نمودند و ژنوتیپ دلتاپاین ۲۵ را بعنوان ژنوتیپ ایده‌آل معرفی نمودند. محمدی (2019) از روش جدید بای‌پلات ژنوتیپ بر اساس عملکرد×صفت (GYTbiplot)، برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در گندم دوروم استفاده نمود. بای پلات GYT، ژنوتیپ‌ها را بر اساس سطوح آنها در ترکیب عملکرد با سایر صفات کلیدی رتبه‌بندی کرد. هدف از این آزمایش، بررسی همبستگی میان صفات مختلف با استفاده از نمودار دووجهی ژنوتیپ×صفت، بررسی همبستگی بین ژنوتیپ‌ها با استفاده از نمودار دووجهی ژنوتیپ×صفت، ارزیابی ژنوتیپ‌ها در بین صفات با استفاده ازچندضلعی ژنوتیپ×صفت و مقایسه ژنوتیپ‌ها بر پایه صفات اندازه‌گیری شده بود. بدیهی است که ژنوتیپ‌های دورتر در دورگ‌گیری‌ها، هتروزیس بیشتر و نتایج بهتری را نشان خواهند داد و این احتمال وجود دارد که بتوان در طی برنامه‌های آتی اصلاح پنبه، نتایج مفیدی را از تلاقی دسته‌های مختلف به‌دست آورد.

مواد و روش

در این پروژه ۹ ژنوتیپ همراه با ۲ رقم تجاری استان فارس (بختگان و گلستان) به‌عنوان شاهد (جدول ۱)، در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با ۴ تکرار، در ایستگاه تحقیقات کشاورزی حسن‌آباد داراب طی سال‌های زراعی ۱۳۹۷ و ۱۳۹۸ مورد ارزیابی قرار گرفتند. ارتفاع منطقه مورد آزمایش از سطح دریا ۱۱۰۷ متر با اقلیم گرم و خشک و متوسط بارندگی ۲۴۸ میلی‌متر و دارای زمستان‌های معتدل می‌باشد. مشخصات جغرافیایی آن به‌ترتیب ۵۴ درجه و ۳۰ دقیقه طول شرقی و ۵۰ درجه و ۲۸ دقیقه عرض شمالی است. در این آزمایش صفات ارتفاع (سانتی‌متر)، طول شاخه زایا (سانتی‌متر)، تعداد شاخه زایا، تعداد غوزه، وزن غوزه (گرم)، درصد زودرسی (نسبت محصول چین یک به عملکرد کل (درصد)، عملکرد وش (چین یک، چین دو و عملکرد کل (کیلوگرم در هکتار)، طول الیاف (میلی‌متر)، یکنواختی (درصد)، ظرافت الیاف (میکروگرم بر اینچ)، استحکام (گرم بر تکس)، کشش الیاف (درصد) و کیل (درصد) مورد بررسی قرار گرفتند. کاشت آزمایش به صورت دستی در ۴ خط ۶ متری با الگوی ۲۰×۷۵ سانتی‌متر انجام شد. جهت اطمینان از سطح سبز در زمان کاشت در هر چاله ۵-۳ بذر کاشته و پس از ۲۵ روز با عمل تنک‌کاری در هر چاله یک بوته قوی و سالم نگهداری گردید. کنترل آفات و بیماری و علف‌های هرز و هم‌چنین تغذیه و آبیاری آزمایش مطابق دستورالعمل و توصیه زراعی منطقه انجام گردید. محصول در دو چین برداشت شد و درصد زودرسی از نسبت محصول چین یک به عملکرد کل (مجموع عملکرد چین یک و چین دو) محاسبه شد.

روش GTBiplot برای مطالعه داده‌های ژنوتیپ-صفت (GT) استفاده می‌شود (Yan & Rajcan, 2002). GTBiplot یک روش موثر برای بررسی روابط بین صفات، ارزیابی ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات متعدد و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در صفات خاص می‌باشد. نمودار گرافیکی GTBiplot امکان بررسی همبستگی ژنتیکی بین صفات را فراهم می‌سازد (Yan, 2001). در این تحقیق، برای انجام تجزیه مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای از نرم افزار SPSS و برای برای انجام تجزیه گرافیکی GTBiplot از نرم‌افزار GGEbiplot استفاده گردید.

جدول ۱- اسامی ژنوتیپ‌های پنبه

Tabel 1. Name of cotton genotypes

Cotton Genotypes ژنوتیپ‌های پنبه	Cotton Genotypes ژنوتیپ‌های پنبه
SKG	Va1
ANB-K	Va2
ANB-414	92-34
Golestan	92-48
Bakhtegan	90-10480
	96-A3

نتایج و بحث

در جدول ۲ نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و سهم هر یک از مؤلفه‌ها در واریانس کل نشان داده شده است. بر اساس نتایج حاصله سه مؤلفه دارای ریشه مشخصه بالاتر از یک (۵/۸۰، ۲/۹۰ و ۱/۷۴) بودند. سه مؤلفه‌ی اول در مجموع ۸۰/۴ درصد از کل واریانس بین داده‌ها را توجیه کردند. مؤلفه اول، بیشترین (۴۴/۶ درصد) واریانس موجود بین صفات را توجیه کرد. در این مؤلفه به‌ترتیب صفات عملکرد و تعداد غوزه بیشترین سهم را در توجیه تغییرات داشتند (جدول ۳). بنابراین می‌توان گفت گزینش بر اساس مؤلفه‌ی اول می‌تواند، منجر به گزینش ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا و تعداد غوزه زیاد شود. در مؤلفه دوم صفات زودرسی و طول الیاف در جهت مثبت و صفت طول شاخه زایا در جهت منفی بیشترین سهم را در توجیه واریانس بین صفات داشتند (جدول ۳). بنابراین با توجه به این مؤلفه می‌توان ارقام زورس با طول الیاف بالا را تفکیک نمود. در مؤلفه سوم صفات وزن غوزه و ظرافت الیاف بیشترین سهم را در توجیه واریانس موجود بین صفات بر عهده داشتند و انتخاب ارقام با این مؤلفه می‌تواند، ارقامی با وزن غوزه بالا را تفکیک کند (جدول ۳). طلعت و همکاران (2018) با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بهترین متغیرها با ارزش بالا برای دو مؤلفه‌ی اصلی را تعیین کرد که در هر دو مؤلفه تعداد غوزه در بوته (۰/۳۱۴) و (۰/۳۵) حضور داشتند.

دو مؤلفه اصلی اول و دوم در مجموع ۶۶/۹ درصد (PC1=۴۴/۶٪ و PC2=۲۲/۳٪) از تغییرات را توجیه نمودند (شکل ۱). در بررسی نمودارهای حاصل از تجزیه بای‌پلات نمودار چندضلعی (Polygon) به منظور تعیین ژنوتیپ‌های برتر در صفات مختلف اندازه‌گیری شده نشان داد که ژنوتیپ های A-NB414، A-NBK، بختگان، VA-1، VA-2 و 96-A3 که در رئوس چندضلعی قرار داشتند، ژنوتیپ‌های برتر بودند.

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

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.134]

جدول ۲- نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) و سهم هر یک از مؤلفه‌ها در واریانس کل
Table 2. The results of principal components analysis (PCA) and the contribution of each component in the total variance

Component مؤلفه	Eigen value ریشه‌های بردار	% Total of variance درصد واریانس	Cumulative variance % واریانس تجمعی (٪)
1	5.80	44.6	44.6
2	2.90	22.3	66.9
3	1.74	13.4	80.4
4	0.80	6.2	86.4
5	0.61	4.7	91.2
6	0.52	4	95.2
7	0.40	3.1	98.3
8	0.16	1.2	99.5
9	0.06	0.4	99.9
10	0.01	0.1	100

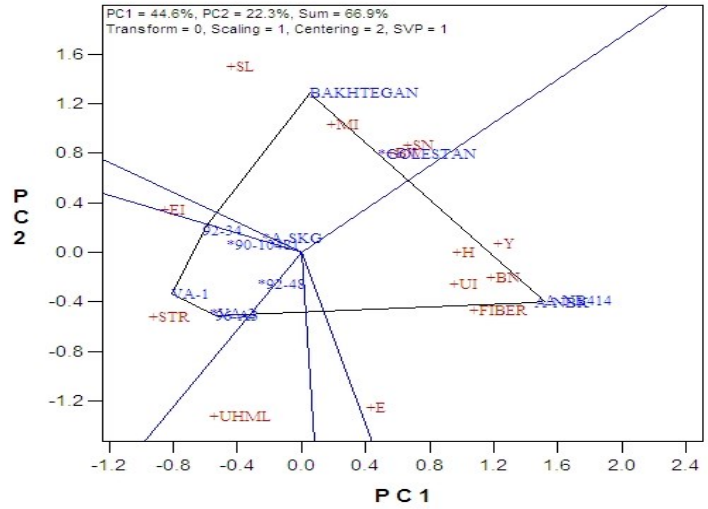
جدول ۳- نتایج تجزیه مؤلفه‌های اصلی برای صفات مختلف کمی و کیفی در ارقام امید بخش پنبه
Table 3. The results of principal components analysis (PCA) for different quantitative and qualitative traits in promising cotton cultivars

PC5 مؤلفه اصلی پنجم	PC4 مؤلفه اصلی چهارم	PC3 مؤلفه اصلی سوم	PC2 مؤلفه اصلی دوم	PC1 مؤلفه اصلی اول	Traits	صفات
-0.42	0.39	-0.13	0	0.32	Plant Height (cm)	ارتفاع بوته
-0.12	-0.03	0.04	-0.51	-0.16	Sympodial Length (cm)	طول شاخه زایا
-0.04	0.35	0.39	-0.29	0.22	Sympodial Number	تعداد شاخه زایا
0.21	-0.14	0.07	0.07	0.39	Boll Number	تعداد غوزه
0.09	0.26	-0.54	-0.27	0.18	Boll Weight (gr)	وزن غوزه
0.39	0.40	-0.02	0.42	0.14	Earliness (%)	زودرسی
0.10	0.09	0	-0.02	0.41	Yield (Kg ha^{-1})	عملکرد
0.03	-0.15	-0.20	0.45	-0.19	UHML (mm)	طول الیاف
-0.17	0.04	-0.38	0.09	0.31	Uniformity (%)	یکنواختی
-0.26	0.23	-0.34	0.18	-0.32	Strength (gr/tex)	استحکام
0.56	0.46	0.05	-0.11	-0.30	Elongation (%)	کشش
0.40	-0.32	-0.46	-0.35	0.06	Micronaire	ظرافت
0.15	-0.29	0.13	0.16	0.36	Lint (%)	درصد کیل

ژنوتیپ‌های A-NB414 و A-NBK در صفات عملکرد وش، ارتفاع، تعداد غوزه، یکنواختی، درصد کیل و درصد زودرسی از سایر ژنوتیپ‌ها برتر بودند. رقم بختگان در صفات طول شاخه زایا، ظرافت الیاف، تعداد شاخه زایا و وزن غوزه از سایر ژنوتیپ‌ها برتر بود، همچنین رقم گلستان که در داخل بخش مربوط به رقم بختگان و در نزدیکی آن قرار گرفته است، بسیار مشابه آن عمل کرده است. ژنوتیپ VA-1 در صفت استحکام الیاف از سایر ژنوتیپ‌ها برتر بود. همچنین ژنوتیپ‌های VA-2، A3-96، 48-92، 10481-90 و 34-92 که در داخل بخش مربوط به این ژنوتیپ و در نزدیکی آن قرار گرفته است، بسیار مشابه آن عمل کرده است. کمالی و همکاران (2015) با استفاده از نمودارهای حاصل از تجزیه بای‌پلات ارقام ورامین، بختگان، مهر و ساحل را به‌عنوان ارقام پایدار پنبه با میانگین عملکرد بالا در شرایط تنش خشکی معرفی و صفات تعداد شاخه زایا و تعداد غوزه در بوته را به‌عنوان صفات متمایزکننده و صفت وزن وش را به‌عنوان نماینده صفات شناسایی نمودند. صدیق و همکاران (2016) در ارزیابی چندضلعی GGEbiplot بیان نمودند که ژنوتیپ دلتاپاین ۲۵ از سایر ارقام بهتر است و این ژنوتیپ را بعنوان ژنوتیپ ایده‌آل معرفی نمودند. آگوادو و همکاران (2003) با استفاده از تجزیه بای‌پلات در صفات عملکرد و درصد الیاف، ارقام Sure-Grow 96 و Delta Opal، در زودرسی رقم DP 5111 و در یکنواختی و طول الیاف رقم Stv Kc 311 را بعنوان ارقام برتر معرفی نمودند. شکل ۲ نمودار بای‌پلات ژنوتیپ×صفت (GTBiplot) می‌باشد، که میزان شباهت و تفاوت ارقام را نشان می‌دهد. طول بردار بیشتر بیانگر نقش بیشتر ژنوتیپ در توجیه تنوع کل می‌باشد. لذا بیشترین تنوع توجیه شده توسط بای‌پلات ناشی از ژنوتیپ‌های A-NB414، A-NBK، بختگان و گلستان می‌باشد و در این ژنوتیپ‌ها تنوع بیشتری وجود دارد. با توجه به اینکه موفقیت در یک برنامه به‌نژادی و برنامه‌های انتخاب بستگی به دو عامل وجود تنوع ژنتیکی و انتخاب موثر ژنوتیپ‌های مطلوب دارد، لذا این ژنوتیپ‌ها جهت بهبود ژنتیکی صفات دارای اهمیت می‌باشد. بیش از ۵۰ درصد (۶۶/۹ درصد) از واریانس توسط بای‌پلات توجیه شد، لذا ضریب همبستگی بین دو ژنوتیپ می‌تواند با توجه به کسینوس زاویه بین بردارها تقریب زده شود. به طوری که زاویه بیشتر از ۹۰ درجه نشان‌دهنده همبستگی منفی، زاویه کمتر از ۹۰ درجه نشان‌دهنده همبستگی مثبت و زاویه ۹۰ درجه نشان‌دهنده همبستگی صفر بین ژنوتیپ‌ها می‌باشد. بررسی همبستگی بین ژنوتیپ‌ها نشان داد ژنوتیپ‌های A-NB414، A-NBK همبستگی مثبت بالایی دارند که این همبستگی بالا بیانگر این است که این دو ژنوتیپ زمینه ژنتیکی یکسانی دارند. ژنوتیپ‌های A-NB414 و A-NBK با ژنوتیپ گلستان همبستگی مثبت و VA-1، VA-2، A3-96، 48-92، 10481-90، A-SKG و 34-92 همبستگی منفی دارند. این دو ژنوتیپ با ژنوتیپ بختگان زاویه‌ای در حدود ۹۰ درجه تشکیل داده‌اند و همبستگی حدود صفر دارند. بنابراین ژنوتیپ‌های A-NB414 و A-NBK با بختگان زمینه ژنتیکی متفاوتی دارند که باعث اختلاف آنها شده است. لذا چنانچه بین این ژنوتیپ‌ها، تلاقی صورت گیرد امکان مشاهده ژنوتیپ‌های برتر و مناسب وجود خواهد داشت (Yan & Frégeau-Reid, 2018).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.61186/jcb.15.47.134]

بختگان با یکدیگر و ژنوتیپ‌های VA-1، VA-2، A3-96، 92-48، 90-10481، A-SKG و 92-34 نیز با هم همبستگی مثبت دارند. نتایج نشان داد که GT-biplot می‌تواند به‌عنوان ابزاری قدرتمند برای بررسی رابطه بین صفات، بر اساس همبستگی، ارائه نمایش گرافیکی ژنوتیپ‌ها و صفات مورد تجزیه و تحلیل در نظر گرفته شود. صدیق و همکاران (2016) در ارزیابی ژنوتیپ‌ها در بین صفات با استفاده از GTBiplot بیان نمودند که ژنوتیپ دلتاپاین ۲۵ در بسیاری از صفات خصوصاً صفات عملکرد و اجزای آن بهتر از سایر ژنوتیپ‌ها بوده است و ژنوتیپ‌های بختگان و SB35 که در داخل بخش مربوط به ژنوتیپ دلتاپاین ۲۵ و در نزدیکی آن قرار گرفته‌اند بسیار مشابه آن بودند.

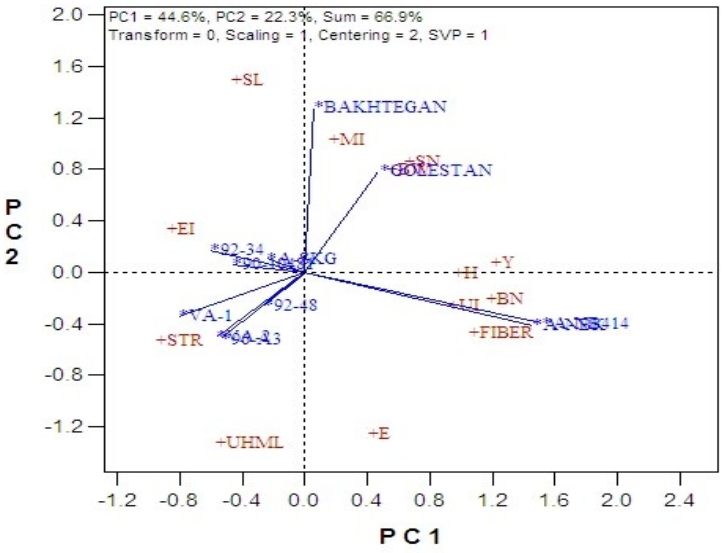


شکل ۱- چندضلعی GTBiplot برای تعیین ژنوتیپ برتر

H (ارتفاع بوته)، SI (طول شاخه زایا)، Sn (تعداد شاخه زایا)، Bn (تعداد غوزه)، Bw (وزن غوزه)، E (زودرسی)، Y (عملکرد)، UHML (طول الیاف)، UI (یکنواختی)، STR (استحکام)، EI (کشش)، MI (ظرافت)، Fiber (درصد کیل)

Figure 1. Evaluation genotypes with GTBiplot

Plant height (H), Sympodial length (SI), sympodial number (Sn), Number of bolls (Bn), Boll weight (Bw), Earliness (E), Yield (Y), Fiber length (UHML), Uniformity (UI), Strength (STR), Elongation (EI), Micronaire (MI), Lint (Fiber)



شکل ۲- بای‌پلات همبستگی بین ژنوتیپ‌ها با GTBiplot در صفات مورد بررسی

H (ارتفاع بوته)، SI (طول شاخه زایا)، Sn (تعداد شاخه زایا)، Bn (تعداد غوزه)، Bw (وزن غوزه)، E (زودرسی)، Y (عملکرد)، UHML (طول الیاف)، UI (یکنواختی)، STR (استحکام)، EI (کشش)، MI (ظرافت)، Fiber (درصد کیل)

Figure 2. The relationship between genotypes in the investigated traits with GTBiplot

Plant height (H), Sympodial length (SI), sympodial number (Sn), Number of bolls (Bn), Boll weight (Bw), Earliness (E), Yield (Y), Fiber length (UHML), Uniformity (UI), Strength (STR), Elongation (EI), Micronaire (MI), Lint (Fiber)

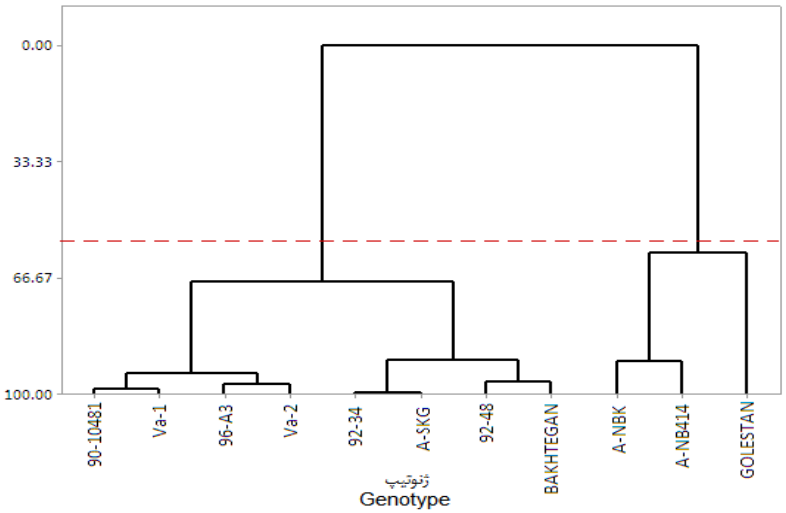
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.134]

اندازه‌گیری و تعیین فواصل ژنتیکی در مواد اصلاحی با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره نظیر دسته‌بندی خوشه‌ای امکان‌پذیر می‌باشد (Alishah, 2001). نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای بر اساس سیزده صفت، تعداد یازده ژنوتیپ را در ۲ گروه طبقه‌بندی نمود (شکل ۳). که این موضوع انتخاب و استفاده از آنها در برنامه‌ها و اهداف مختلف به‌نژادی را تسهیل می‌کند. عالیشاه (2020) ۴۰ ژنوتیپ پنبه را بر اساس تجزیه خوشه‌ای، در سه گروه متمایز طبقه‌بندی نمود. بر اساس گزارش سیرینر و همکاران (2006) هر چه فاصله گروه‌ها از یکدیگر دورتر باشد، هتروزیس بیشتری را در مراحل هیبریداسیون به نمایش خواهند گذاشت و می‌توان از آنها در برنامه‌های تولید هیبرید استفاده کرد.

در گروه اول ژنوتیپ‌های A-NB414، A-NBK و گلستان قرار گرفتند که از ارتفاع بوته، تعداد شاخه زایا، تعداد غوزه، وزن غوزه، عملکرد، درصد زودرسی، درصد یکنواختی الیاف، ظرافت الیاف و درصد کیل مطلوبی برخوردار بودند (جدول ۴). گروه دوم شامل ۸ ژنوتیپ (Va1، Va2، 92-34، 92-48، 90-10480، 96-A3، A-SKG و بختگان) که دارای طول شاخه زایا، طول الیاف، استحکام و کشش الیاف بیشتری نسبت به گروه اول بودند (جدول ۴). سید معصومی و همکاران (2022) با استفاده از تجزیه خوشه‌ای بر اساس درصد زودرسی و عملکرد، تعداد ۳۵ رقم را در سه خوشه مختلف دسته‌بندی نمودند. در این بررسی ارقام خوشه اول از نظر عملکرد چین اول، عملکرد چین دوم و عملکرد کل و ارقام خوشه دوم از نظر درصد زودرسی بهترین بودند.

با توجه به اینکه ژنوتیپ‌های A-NB414 و A-BNK در صفات عملکرد وش، ارتفاع بوته، تعداد غوزه، یکنواختی، درصد کیل و درصد زودرسی از سایر ژنوتیپ‌ها برتر بودند و با رقم بختگان که ظرافت الیاف و وزن غوزه مطلوبی داشت، همبستگی ندارند، می‌توان در برنامه‌های اصلاحی جهت نیل به حداکثر تنوع و بدست آوردن هیبریدهایی با صفات مطلوب از این ژنوتیپ‌ها استفاده نمود.



شکل ۳- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های امیدبخش پنبه
Figure 3. Dendrogram resulting from cluster analysis of promising cotton genotype

جدول ۴- گروه‌بندی ارقام امیدبخش پنبه براساس شاخص SIIG و میانگین صفات کمی و کیفی در هر گروه
Table 4. Grouping of promising cotton cultivars based on SIIG index and the average of quantitative and qualitative traits in each group

Groups گروه‌ها	تعداد ارقام No. of genotypes	Plant Height (cm) ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	Sympodial Length (cm) طول شاخه زایا (سانتی‌متر)	Sympodial Number تعداد شاخه زایا	Boll Number تعداد غوزه	Boll Weight (gr) وزن غوزه (گرم)	Earliness (%) زودرسی (٪)	Yield (Kg ha^{-1}) عملکرد (کیلوگرم در هکتار)
		Mean میانگین						
1st cluster گروه اول	3	82.27	11.60	15.16	18.63	4.82	75.67	4927.08
2nd cluster گروه دوم	8	73.60	14.40	13.26	11.73	4.66	68.36	2793.45

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.61186/jcb.15.47.134]

ادامه جدول ۴- گروه‌بندی ارقام امیدبخش پنبه براساس میانگین صفات کمی و کیفی در هر گروه
Continued Table 4. Grouping of promising cotton cultivars based on the average of quantitative and qualitative traits in each group

Groups گروه‌ها	تعداد ارقام No. of genotypes	میانگین mean					
		UHML (mm) طول الیاف (میلی متر)	Uniformity (%) یکنواختی (٪)	Strength (gr/tex) استحکام (گرم بر تکس)	Elongation (%) کشش الیاف (٪)	Micronaire ظرافت (میکروگرم بر اینچ)	Lint (%) کیل (٪)
1st cluster گروه اول	3	30	84.83	28.52	6.32	4.60	0.41
2nd cluster گروه دوم	8	30.70	84.04	30.58	6.55	4.49	0.36

منابع

Aguado, o., Flores, F., LÛpez, J., Braojos. E., & Rossi. J. (2003). Genotype traits, biplot analysis of cotton in Spain, World Cotton Research Conference, 3. 250-257 pp., Cape Town, South Africa.

Alishah, E. (2001). Study of morphological traits and genetic variation in different genotypes of upland cotton (Gossypium hirsutum) in Iran. Seed and Plant Journal, 17(1), 44-60.

Alishah, O. (2021). Assessment of genetic variability, heritability and association of plant attributes with lint yield and fiber quality in advanced lines of cotton (Gossypium hirsutum L.). Iranian Journal of Crop Sciences, 22(4), 350-364.

Basbag, S., & Gencer, O. (2007). Investigation of some yield and fibre quality characteristics of interspecific hybrid (Gossypium hirsutum L.× G. barbadense L.) cotton varieties. Hereditas, 144(1), 33-42.

Kamali, A., Fakheri, B. A., & Zabet, M. (2015). The study of drought stress effects on yield and yield components of cotton using biplot analysis. Iranian Journal of Cotton Researches, 3(1), 33-47.

Mohammadi, R. (2019). Genotype by yield* trait biplot for genotype evaluation and trait profiles in durum wheat. Cereal Research Communications, 47(3), 541-551.

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

Peixoto, M. A., Evangelista, J. S. P. C., Coelho, I. F., Carvalho, L. P., Farias, F. J. C., Teodoro, P. E., & Bhering, L. L. (2022). Genotype selection based on multiple traits in cotton crops: The application of genotype by yield* trait biplot. Acta Scientiarum. Agronomy, 44, e54136.

Sedigh, S., Zabet, M., Ghaderi, M., & Samadzadeh, A. (2016). Identification of superior varieties of Cotton (Gossypium hirsutum L.) under drought stress and normal conditions using GGEBiplot and GTBiplotmethod in Birjand. Journal of Crop Breeding, 8(19), 134-144(In Persian).

Seyed Masoumi, S. Y., Sofalian, O., Asghari, A., Sedghi, M., & Zangi, M. (2022). Selection and introduction of high yield and early cotton cultivars from advanced cultivars in Ardabil province. Iranian Journal of Cotton Researches, 9(2), 165-177.

Sezener, V., Kabakci, Y., Yavas, I., & Unay, A. (2006). A clustering study on selection of parents in cotton breeding. Asian Journal of Plant Sciences.

Talat, F., Badri Anarjan, M., & Setoodehmaram, K. (2018). Multivariate analyses of quantitative and qualitative characteristics of hopeful cotton varieties under cold weather conditions. Iranian Journal of Field Crop Science, 49(1), 189-195.

Yan, W. (2001). GGEbiplot—A Windows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types of two-way data. Agronomy journal, 93(5), 1111-1118.

Yan, W., & Frégeau-Reid, J. (2018). Genotype by yield* trait (GYT) biplot: a novel approach for genotype selection based on multiple traits. Scientific reports, 8(1), 8242.

Yan, W., Kang, M. S., Ma, B., Woods, S., & Cornelius, P. L. (2007). GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. Crop science, 47(2), 643-653.

Yan, W., & Rajcan, I. (2002). Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. Crop science, 42(1), 11-20.

Yan, W., & Tinker, N. A. (2005). An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting, and exploring genotype× environment interaction. Crop science, 45(3), 1004-1016.

Zeng, L., & Wu, J. (2012). Germplasm for genetic improvement of lint yield in Upland cotton: genetic analysis of lint yield with yield components. Euphytica, 187, 247-261.

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

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.134]