



Analysis of diversity and traits affecting yield in cotton landraces of Iran

Majid Taherian¹, Fatemeh Saeidnia^{1*} , Hassan Najjar², Mohammad Reza Zangi³

¹ Assistant Professor of Agricultural and Horticultural Science Research Department, Khorasan Razavi Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Mashhad, Iran

² Researcher of Agricultural and Horticultural Science Research Department, Khorasan Razavi Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Mashhad, Iran

³ Assistant Professor of Plant Breeding Department, Cotton Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Gorgan, Iran

* Corresponding author; Email: f.saeidnia@areeo.ac.ir

Article Info

Article type:
Research Full Paper

Article history:
Received: 9-4-2024
Accepted: 15-8-2024

Keywords:
Biplot
Agronomic traits
Clustering
Factor analysis

ABSTRACT

Background and objectives: Diverse plant genetic materials are potential treasures that are considered valuable support for plant breeding programs, because the plant breeding research is based on wide genetic diversity, and basically, without diversity, breeding and selection will have no meaning. This study was conducted to evaluate the diversity of different cotton landraces and identify the traits affecting their yield.

Materials and methods: In this study, 44 landraces of cotton were cultivated in the agricultural research station of Kashmir during the two years of 2018 and 2019. The traits of the number of open and closed bolls, crown diameter, crop yield, boll weight, number of monopodial and sympodial branches, plant height, and crop maturity were measured. Descriptive statistics, trait \times genotype (GT) biplot analysis, factor analysis, and cluster analysis were used to investigate the objectives of this research. Statistical analyzes were performed based on the average of two-year data. In analyzing of descriptive statistics, JUMP software was used, SPSS 21 software was used for factor analysis and cluster analysis, and GEA-R software was used for GT biplot analysis.

Results: Based on the average of two-year data, the range of boll weight and the number of closed bolls were high, which indicates the diversity of the investigated genotypes for the mentioned traits. Comparison between genotypes based on multiple traits made it possible to distinguish different genotypic groups. Cluster analysis of studied traits classified the genotypes into four main groups. The first group obtained from cluster analysis was earlier, but had the lowest average plant height, the number of monopodial and sympodial branches, the number of open bolls, and crown diameter. On the other hand, the second and third groups had the lowest amount of earliness. The genotypes of the second group had the lowest boll weight, the number of shoot branches, and the crown diameter, and the third

group had the highest plant height, the number of branches, and the number of open bolls. The genotypes of the fourth group had the highest earliness and the number of closed bolls. In order to increase earliness and reduce the plant height, the selection of genotypes from the first group for breeding programs can be helpful in obtaining cultivars with greater tolerance to environmental stresses, including drought. It is also possible to use the genotypes of the third group with the highest number of open bolls to cross with the genotypes of the first group in order to create quality and early cultivars.

Conclusions: There was considerable genetic diversity among the studied landraces in terms of most of the evaluated traits, indicating high potential for improving these traits through targeted selection in the breeding programs. The boll weight was the most important factor affecting the yield of cotton, and the fiber component had a greater effect on the boll weight of some studied genotypes than the seed component.

Cite this article: Taherian, M., Saeidnia, F., Najjar, H., Zangi, M.R. (2023). Analysis of diversity and traits affecting yield in cotton landraces of Iran. *Iranian Journal Cotton Researches*, 11 (2), 67-82.



© The Author(s).

DOI: 10.22092/ijcr.2024.365722.1214

Publisher: Cotton Research Institute of Iran



تحلیل تنوع و صفات مؤثر بر عملکرد وش در توده‌های بومی پنبه ایران

مجید طاهریان^۱، فاطمه سعیدنیا*^۱، حسن نجار^۲، محمدرضا زنگی^۳

^۱ استادیار بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مشهد، ایران. رایانامه: f.sacidnia@areeo.ac.ir

^۲ محقق بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مشهد، ایران.

^۳ استادیار بخش تحقیقات به نژادی، مؤسسه تحقیقات پنبه کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران.

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله: مقاله کامل علمی- پژوهشی	سابقه و هدف: مواد ژنتیکی متنوع گیاهی گنجینه‌های بالقوه‌ای هستند که پشتوانه‌ای ارزشمند برای برنامه‌های اصلاح نباتات محسوب می‌شوند، زیرا اساس تحقیقات به‌نژادی گیاهان بر پایه تنوع ژنتیکی وسیع استوار است و اصولاً بدون وجود تنوع، به‌نژادی و انتخاب مفهومی نخواهد داشت. این مطالعه به‌منظور ارزیابی تنوع موجود در توده‌های مختلف پنبه و همچنین شناسایی صفات مؤثر بر عملکرد وش انجام شد.
تاریخ دریافت: 1403/1/21 تاریخ پذیرش: 1403/5/25	مواد و روش‌ها: در این مطالعه تعداد ۴۴ توده بومی پنبه طی دو سال ۱۳۹۸ و ۱۳۹۹ در مزرعه ایستگاه تحقیقات کشاورزی کاشمر کشت شدند. صفات تعداد غوزه باز و بسته، قطر طوقه، عملکرد وش، وزن غوزه، تعداد شاخه‌های رویا و زایا، ارتفاع بوته و زودرسی محصول اندازه‌گیری شدند. از آماره‌های توصیفی، تجزیه بای‌پلات صفت × ژنوتیپ (GT)، تجزیه به عامل‌ها و تجزیه خوشه‌ای جهت بررسی اهداف این پژوهش استفاده شد. تجزیه و تحلیل‌های آماری بر مبنای میانگین داده‌های دو ساله انجام شد. به‌منظور بررسی آماره‌های توصیفی از نرم‌افزار JUMP، برای تجزیه به عامل‌ها و تجزیه خوشه‌ای از نرم‌افزار SPSS 21 و برای تجزیه GT بای‌پلات از نرم‌افزار GEA-R استفاده شد.
واژه‌های کلیدی: بای‌پلات صفات زراعی گروه‌بندی تجزیه به عامل‌ها	یافته‌ها: دامنه تغییرات وزن غوزه و تعداد غوزه بسته براساس میانگین داده‌های دو ساله بالا بود که حاکی از تنوع ژنوتیپ‌های مورد بررسی برای صفات مذکور می‌باشد. مقایسه ژنوتیپ‌ها براساس صفات چندگانه احتمال تشخیص گروه‌های ژنوتیپی مختلف را ممکن ساخت. تجزیه خوشه‌ای از لحاظ صفات مورد مطالعه، ژنوتیپ‌ها را در چهار گروه اصلی قرار داد. گروه اول حاصل از تجزیه خوشه‌ای زودرس‌تر بود اما کمترین میانگین ارتفاع بوته، تعداد شاخه رویا و زایا، تعداد غوزه باز و قطر طوقه را به خود اختصاص داد. از طرفی گروه دوم و سوم کمترین میزان زودرسی را دارا بودند. ژنوتیپ‌های گروه دوم کمترین وزن غوزه، تعداد شاخه رویا و قطر طوقه را داشتند و گروه سوم بیشترین ارتفاع بوته، تعداد شاخه رویا و تعداد غوزه باز را به خود اختصاص داد. ژنوتیپ‌های گروه چهارم زودرسی و تعداد غوزه بسته بیشتری داشتند. انتخاب ژنوتیپ‌های گروه اول برای برنامه‌های به‌نژادی به‌منظور افزایش زودرسی به همراه کاهش ارتفاع بوته می‌تواند در جهت دستیابی به ارقام با تحمل بیشتر به تنش‌های محیطی از جمله خشکی مفید باشد. همچنین می‌توان از ژنوتیپ‌های گروه سوم که بیشترین تعداد غوزه باز را داشتند برای تلاقی با ژنوتیپ‌های گروه اول به‌منظور ایجاد ارقام با کیفیت و زودرس استفاده کرد.

نتیجه‌گیری: تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای بین توده‌های بومی مورد مطالعه از نظر اکثر صفات مورد بررسی وجود داشت که نشان‌دهنده پتانسیل بالا برای بهبود این صفات از طریق انتخاب هدفمند در برنامه‌های اصلاحی می‌باشد. وزن غوزه مهم‌ترین جزء تأثیرگذار بر عملکرد وش بود و جزء الیاف نسبت به جزء دانه تأثیر بیشتری در وزن غوزه برخی ژنوتیپ‌های مورد بررسی داشت.

استناد: طاهریان، مجید؛ سعیدنیا، فاطمه؛ نجار، حسن؛ زنگی، محمدرضا. (۱۴۰۲). تحلیل تنوع و صفات مؤثر بر عملکرد وش در توده‌های بومی پنبه ایران. *مجله پژوهش‌های پنبه ایران*، ۱۱ (۲)، ۶۷-۸۲.

DOI: 10.22092/ijcr.2024.365722.1214



© نویسندگان.

ناشر: موسسه تحقیقات پنبه کشور

مقدمه

پنبه (*Gossypium spp.*) از مهمترین محصولات استراتژیک کشاورزی در جهان به شمار می‌آید و از جمله گیاهان زراعی است که ارتباط بین دو بخش کشاورزی و صنعت را فراهم نموده و نقش بسیار با ارزشی در اقتصاد کشورها ایفا می‌نماید. این محصول که تحت شرایط بسیار متفاوت اقلیمی در نقاط مختلف دنیا کشت و تولید می‌گردد، به‌عنوان یک کالای حیاتی مورد نیاز تمام افراد بشر بوده و آن را به‌طور روزمره به کار می‌برند، تا جایی که به آن نام طلای سفید داده‌اند. پنبه نه تنها تأمین کننده الیاف برای صنعت نساجی است بلکه به‌عنوان یک دانه روغنی، از اهمیت خاصی برخوردار است و از نظر میزان تولید روغن بین دانه‌های روغنی در مقام سوم اهمیت قرار دارد (عالیشاه، ۲۰۱۳).

سطح زیر کشت پنبه در ایران در سال زراعی ۱۴۰۱، حدود ۱۱۰ هزار هکتار برآورد شده است که میزان تولید آن در اراضی کشت آبی ۲۷۰۰ کیلوگرم در هکتار بوده است (آمارنامه کشاورزی، ۲۰۲۲) و به‌عنوان محصول با ارزش افزوده بالا محسوب می‌شود. خراسان رضوی بالاترین سطح زیر کشت پنبه در کشور را داراست. در مناطق زیادی از پنبه‌کاری این استان هنوز هم به‌واسطه آب و خاک شور و شرایط خاص منطقه پنبه‌های بومی ایران یا همان دیپلوئیدها (*G. herbaceum*) کشت می‌شوند (سعیدنیا و نجار، ۲۰۲۴). پنبه‌های بومی ذخایر ژنتیکی منحصر بفردی هستند که خاستگاه آن‌ها ایران می‌باشد و به‌دلیل سازگاری خوب آن با شرایط اقلیمی نواحی مختلف ایران از سالیان قبل در بخش‌های مختلف کشور کشت می‌شده است. با ورود پنبه‌های آمریکایی و مصری به کشور، این گونه با ارزش به دست فراموشی سپرده شد و در حال حاضر بخش ناچیزی از سطح زیر کشت پنبه ایران را شامل می‌شوند. مشکل عمده پنبه‌های بومی دیررسی و عملکرد پایین آنها می‌باشد. اما نباید فراموش کرد که پنبه‌های بومی نسبت به بیماری‌هایی نظیر ورتیسلیوم و فوزاریوم و آفات مقاوم‌تر هستند. علاوه بر این توده‌های بومی در برابر برخی تنش‌های

محیطی مانند خشکی، شوری، گرما، بادهای گرم و خشک، طوفان، تگرگ، و ریزش مقاوم هستند (طباطبایی و همکاران، ۲۰۱۳؛ عالیشاه، ۲۰۱۶؛ اسکندری تریقان، ۲۰۲۰).

در برنامه‌های به‌نژادی انتخاب بر اساس تعداد زیادی صفت صورت می‌گیرد. با افزایش اندازه‌ی نمونه‌های ژنتیکی، نمونه‌های ژرم‌پلاسم و تعداد نشانگرهای مورد استفاده در مطالعه، بررسی شباهت‌ها و تفاوت‌های ژنتیکی بین افراد مشکل‌تر می‌شود. لذا روش‌های تجزیه و تحلیلی که بتوانند بدون از بین رفتن مقدار زیادی از اطلاعات مفید، تعداد صفات مؤثر در عملکرد را کاهش دهند، برای محققین ارزشمند و پرکاربرد هستند و به‌طور گسترده‌ای برای تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی داده‌های مختلف مورفولوژیک، بیوشیمیایی یا نشانگرهای مولکولی مورد استفاده قرار می‌گیرند. تنوع ژنتیکی اساس بیشتر برنامه‌های اصلاحی بوده و اصولاً بدون وجود تنوع، به‌نژادی و انتخاب مفهومی نخواهد داشت (میرلوحی و همکاران، ۲۰۱۳). تنوع ژنتیکی از تکامل طبیعی ناشی شده و از اجزاء مهم پایداری نظام‌های بیولوژیک محسوب می‌شود. تجزیه و تحلیل و تفسیر دقیق تنوع ژنتیکی در ژرم‌پلاسم موجود از مهمترین مراحل در برنامه‌های اصلاحی است که امکان طبقه‌بندی و توصیف دقیق نمونه‌ها را فراهم آورده و اصلاح‌گر را در شناسایی زیر مجموعه‌ها و نمونه‌هایی که امکان استفاده مؤثر از آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی آتی وجود دارد، یاری می‌کند و علاوه بر حصول برآورد دقیق از میزان تنوع موجود در ژرم‌پلاسم، والدین متنوع برای ایجاد نتاج متفرق که دارای حداکثر تنوع برای انتخاب‌های بعدی و استفاده در دیگر برنامه‌های اصلاحی می‌باشند، نیز قابل شناسایی هستند (محمدی و پراسانا، ۲۰۰۳). هدف اصلی مطالعه تنوع ژنتیکی و ارتباط میان کلکسیون‌های ژرم‌پلاسم، در نهایت استفاده از این اطلاعات برای تولید و توسعه ارقام دارای بهره‌وری بهتر در گونه‌های کشت شده می‌باشد. کسب اطلاع از فاصله ژنتیکی در بین افراد یا جمعیت‌ها و آگاهی از روابط خویشاوندی گونه‌های مورد نظر در برنامه‌های

مجزا را مشخص کردند. گروه اول نه ژنوتیپ و گروه دوم پنج ژنوتیپ را در بر گرفت. سکلوکا و همکاران (۲۰۱۸) با استفاده از تجزیه کلاستر، ۱۶ ژنوتیپ پنبه مورد مطالعه را به سه گروه مجزا تقسیم کردند به طوری که ژنوتیپ‌های زودرس، با ارتفاع کوتاه و طول شاخه زایای کم در گروه اول قرار گرفتند. آنها با استفاده از تابع تشخیص، گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای را بررسی کرده و صحت گروه‌بندی را ۹۳/۵۷ درصد گزارش کردند. در مطالعات مختلف در ایران (مرزبان، ۲۰۲۲؛ نجار، ۲۰۲۳)، بیش از ۴۰ اکوتیپ مختلف از پنبه‌های بومی توسط پژوهشگران جمع‌آوری شده و براساس محل رویش و سازگاری آنها نام‌گذاری شده‌اند. اما تاکنون مطالعه‌ای بر روی تنوع ژنتیکی توده‌های بومی پنبه انجام نشده است. این پژوهش به منظور بررسی تنوع صفات زراعی و مورفولوژیک، تشخیص صفات مؤثر بر عملکرد و ش و در نهایت گروه‌بندی توده‌های بومی پنبه کشور بر روی ۴۴ توده بومی در ایستگاه تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی کاشمر اجرا شد.

مواد و روش‌ها

آزمایش طی دو سال ۱۳۹۸ و ۱۳۹۹ در ایستگاه تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی کاشمر در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار اجرا شد. مشخصات خاک محل آزمایش در جدول ۱ آورده شده است. به منظور اجرای آزمایش طی یک برنامه دوساله تعداد ۴۴ توده بومی پنبه جمع‌آوری و خالص‌سازی شدند. اسامی توده‌ها در جدول ۲ ارائه شده‌اند. هر یک از توده‌های مورد مطالعه در سه خط ۶ متری و با الگوی کاشت ۷۰ × ۲۰ (۷۰ سانتی‌متر فاصله بین خطوط و ۲۰ سانتی‌متر بین بوته‌های روی هر خط) کشت شدند. به منظور اندازه‌گیری صفات در هر کرت، ۵ بوته به طور تصادفی انتخاب و علامت‌گذاری شدند و تمامی یادداشت‌برداری‌ها روی بوته‌های انتخابی انجام پذیرفت.

اصلاحی، امکان سازمان‌دهی ژرم‌پلاسما و نمونه‌گیری مؤثر از ژنوتیپ‌ها را فراهم می‌سازد (سعیدنیا و همکاران، ۲۰۲۳).

علاء‌الدین و همکاران (۲۰۲۱) در بررسی همبستگی عملکرد پنبه دانه با برخی از اجزای عملکرد و ش مشاهده کردند که عملکرد پنبه دانه با تعداد شاخه رویا همبستگی مثبت و معنی‌دار دارد. همچنین آنها مشاهده کردند تعداد شاخه رویا، تعداد غوزه در بوته، وزن الیاف و شاخص الیاف با عملکرد پنبه در بوته در همه ژنوتیپ‌ها همبستگی مثبت داشت. فاروق و همکاران (۲۰۱۴) نیز گزارش کردند عملکرد پنبه دانه همبستگی مثبت و معنی‌داری با ویژگی‌های تعداد غوزه در بوته، ارتفاع بوته و وزن غوزه داشت. شاخص زودرسی، ارتفاع بوته، وزن غوزه و تعداد شاخه رویا بیشترین اثر مستقیم مثبت را بر عملکرد داشتند. آنها همچنین گزارش کردند که ویژگی‌هایی مانند شاخص زودرسی و وزن غوزه با داشتن همبستگی مثبت، وراثت‌پذیری بالا و اثر مستقیم مثبت بر عملکرد ممکن است شاخص انتخاب مناسبی برای افزایش عملکرد باشند. علاء‌الدین و همکاران (۲۰۲۱) نیز مشاهده کردند که در ژنوتیپ‌های پنبه ویژگی‌های تعداد شاخه رویا، ارتفاع بوته، تعداد غوزه در بوته، شاخص زودرسی، میانگین وزن غوزه، عملکرد الیاف در بوته و شاخص فیبر کوتاه با ویژگی وزن پنبه دانه در بوته همبستگی مثبت و معنی‌دار داشتند.

در تجزیه به عامل‌ها نیز مشخص شد که ویژگی‌های ارتفاع بوته، تعداد شاخه رویا، طول شاخه رویا، طول شاخه زایا و شاخص زودرسی بیشترین ضرایب عاملی را داشتند (عالیشاه و همکاران، ۲۰۰۸). کمالی (۲۰۱۳) در پژوهشی بر روی ارقام مختلف پنبه با استفاده از تجزیه به عامل‌ها در دو شرایط آبیاری دریافتند که در هر دو شرایط عملکرد و ش و اجزای آن بیشترین ضریب عاملی را دارند و به عنوان عامل اصلی معرفی شدند. جابوتو و همکاران (۲۰۱۷) با مطالعه ۱۴ ژنوتیپ پنبه و با استفاده از تجزیه خوشه‌ای، دو گروه

جدول ۱- مشخصات فیزیکی- شیمیایی خاک محل اجرای آزمایش

عمق	هدایت الکتریکی	اسیدیته pH	ارزش خنثی‌سازی خاصیت اسیدی (%)	کربن آلی (%)	ازت کل (%)	فسفر		پتاسیم				
						قابل جذب	قابل جذب	آهن	منگنز	روی	مس	رس (%)
-۳۰	۲/۳۵	۷/۷	۲۱/۳	۰/۴۴	۰/۰۶	۱۱	۲۰۱	۱/۹	۳/۹	۰/۶۵	۰/۷۶	۲۷

جدول ۲ - فهرست توده‌های بومی پنبه مورد استفاده در این پژوهش

شماره	توده بومی	شماره	توده بومی
۱	انار رفسنجان	۲۳	مروست مهریز کرکدار
۲	هاشم آباد	۲۴	نیشابور
۳	قم غوزه قرمز برگ سبز	۲۵	هرات مهریز
۴	کاشان	۲۶	اردکان
۵	بنفش کرمان	۲۷	انار رفسنجان- غوزه قرمز ریز
۶	الیاف رنگی	۲۸	گودکوی مهریز
۷	دامغان	۲۹	لاسجرد
۸	گز نیریز	۳۰	گودکوی مهریز غوزه سبز درشت
۹	ورزنه جوزق	۳۱	اردکان-۲
۱۰	قم	۳۲	گرمسار
۱۱	غوزه قرمز کاشمر	۳۳	کرمان
۱۲	محلات	۳۴	کاشمر
۱۳	کرمان غوزه قرمز درشت	۳۵	سفید قم
۱۴	رود خور نیریز	۳۶	آریا
۱۵	جیرفت	۳۷	محله شهرضا
۱۶	آجیه اصفهان	۳۸	قم - غوزه قرمز برگ قرمز
۱۷	سبزوار ۱ - ۶۰	۳۹	سرخه سمنان
۱۸	انار رفسنجان غوزه قرمز	۴۰	گمرک بندر عباس
۱۹	اردکان ۲	۴۱	سبزوار
۲۰	گودکوی مهریز-غوزه قرمز	۴۲	شوشتر
۲۱	سبزوار ۲ - ۶۰	۴۳	بهاران مهریز
۲۲	مروست مهریز غوزه قرمز	۴۴	شاهرود

کاشت آزمایش توسط کارگر با الگوی ۷۰×۲۰ سانتیمتر انجام گرفته و در طی فصل رشد جهت تأمین سطح سبز کافی عملیات واکاری و تنک، انجام شد. علف‌های هرز توسط علف‌کش تریفلورالین، وجین و کولتیواتور کنترل شدند.

در نهایت صفات تعداد غوزه باز و بسته، قطر طوقه، عملکرد چین اول، عملکرد چین دوم (عملکرد ژنوتیپ در کرت بعد از ۲۰ روز از چین اول) و عملکرد کل (مجموع عملکرد چین اول و دوم)، وزن غوزه، تعداد شاخه‌های رویا و زایا، ارتفاع بوته و زودرسی محصول

آماده‌سازی زمین طبق روال معمول ایستگاه و دستورالعمل‌های مربوط انجام شد. شخم‌های زمستانه و بهاره جهت تهیه بستر مناسب کاشت در زمان مناسب انجام پذیرفت. در فصل بهار، زمین مربوطه با گاوآهن برگرداندار شخم و پس از دیسک با لولر تسطیح گردید. کودهای اوره، فسفات آمونیوم و سولفات پتاسیم بر اساس آنالیز خاک مصرف شدند. پس از دیسک زنی دوم، علفکش ترفلان به میزان ۲/۵ لیتر در هکتار توزیع و در نهایت عملیات فارو کشی و کشت آزمایش در نیمه دوم اردیبهشت ماه انجام شد.

تغییرات را به خود اختصاص دادند که نشان‌دهنده تنوع فنوتیپی این صفات در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود. نجار و همکاران (۲۰۲۲) با مطالعه ۴۰ ژنوتیپ تتراپلوئید پنبه با استفاده از آمار توصیفی بیان کردند که صفات تعداد غوزه باز و بسته، عملکرد و ش، زودرسی و وزن غوزه بیشترین دامنه و ضریب تغییرات را به خود اختصاص دادند که نشان‌دهنده تنوع فنوتیپی این صفات در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود.

چولگی و کشیدگی داده‌ها دو آزمون آماری برای ارزیابی میزان پراکندگی فراوانی داده‌ها بوده و برای بررسی نرمال بودن توزیع داده‌های مربوط به هر صفت استفاده می‌شوند. در علم آمار چولگی یا Skewness معیاری از تقارن یا عدم تقارن تابع توزیع می‌باشد. برای یک توزیع کاملاً متقارن چولگی صفر و برای یک توزیع نامتقارن با کشیدگی به سمت مقادیر بالاتر چولگی مثبت و برای توزیع نامتقارن با کشیدگی به سمت مقادیر کوچکتر مقدار چولگی منفی است. کشیدگی یا Kurtosis نشان دهنده ارتفاع یک توزیع است. به عبارت دیگر کشیدگی معیاری از بلندی منحنی در نقطه ماکزیمم است و مقدار کشیدگی برای توزیع نرمال برابر ۳ می‌باشد. کشیدگی مثبت یعنی قله توزیع مورد نظر از توزیع نرمال بالاتر و کشیدگی منفی نشانه پایین تر بودن قله از توزیع نرمال است.

(نسبت محصول چین اول به عملکرد کل ضرب در صد) اندازه‌گیری شد. برای اندازه‌گیری وزن غوزه، تمامی غوزه‌های هر بوته انتخابی به‌طور جداگانه برداشت شده و توزین شد. و ش‌های هر رقم به‌طور جداگانه جین زده شدند. تجزیه و تحلیل‌های آماری بر مبنای میانگین داده‌های دو ساله انجام شد. به‌منظور بررسی آماره‌های توصیفی از نرم‌افزار JUMP Ver. 11 (۲۰۱۳)، برای تجزیه به‌عامل‌ها و تجزیه خوشه‌ای از نرم‌افزار SPSS 21 و برای تجزیه GT بای‌پلات از نرم‌افزار GEA-R (پاچکو و همکاران، ۲۰۱۵) استفاده شد.

نتایج و بحث

آماره‌های توصیفی و تجزیه واریانس: آماره‌های توصیفی صفات مورد ارزیابی در ۴۴ توده پنبه در جدول ۳ ارائه شده است. لازم به ذکر است که تمامی تجزیه و تحلیل‌های آماری در این مطالعه بر مبنای میانگین داده‌های دو سال انجام شده است. دامنه تغییرات وزن غوزه و تعداد غوزه بسته بالا بود که حاکی از تنوع ژنوتیپ‌های مورد بررسی برای صفات مذکور می‌باشد. بیشترین درصد ضریب تغییرات مربوط به صفت تعداد غوزه بسته بود. بعد از آن صفات تعداد شاخه رویا و وزن غوزه به‌ترتیب بیشترین ضریب

جدول ۳ - آماره‌های توصیفی صفات مورد بررسی در توده‌های بومی پنبه

صفات	حداقل	حداکثر	میانگین	انحراف معیار	درصد ضریب تغییرات	چولگی	کشیدگی
وزن غوزه (گرم)	۲/۴۸	۴/۱۶	۳/۲۹	۰/۳۸	۱۱/۶۵	۰/۰۷	۰/۲۳
درصد کیل (/)	۲۷	۳۲/۵۰	۲۹/۶۲	۱/۱۹	۴/۰۴	-۰/۱۲	۰/۳۴
عملکرد و ش (تن در هکتار)	۰/۹۷	۴/۶۲	۱/۲۱	۰/۱۰۷	۸/۸۷	۴/۵۳	۰/۸۹
زودرسی (درصد)	۴۶/۹۵	۸۰/۹۲	۵۵/۵۹	۲/۸۱	۵/۰۶	۱/۱۳	-۰/۶۳
قطر طوقه (سانتی‌متر)	۱/۵۱	۲/۸۳	۱/۶۷	۰/۰۶	۳/۷۶	۰/۶۱	-۰/۰۱
ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	۱۲۰/۵۰	۱۴۷/۳۳	۱۳۳/۵۶	۶/۷۴	۵/۰۵	-۰/۶۷	۰/۱۴
تعداد شاخه رویا	۱/۹۷	۵/۴۳	۲/۷۷	۰/۳۶	۱۳/۱۴	-۰/۲۱	-۰/۰۶
تعداد شاخه زایا	۱۸/۸۳	۳۲/۱۳	۲۰/۷۴	۰/۷۲	۳/۴۸	۰/۱۴	-۰/۴۵
تعداد غوزه باز	۲۰/۰۳	۳۷/۱۰	۲۳/۸۲	۱/۷۸	۷/۴۸	-۰/۶۹	۰/۱۵
تعداد غوزه بسته	۲/۵۷	۸/۹۳	۳/۷۱	۰/۶۹	۱۸/۷۷	۰/۷۳	۰/۵۳

متقابل بسیار معنی‌دار ژنوتیپ × سال برای صفات عملکرد وش، زودرسی، قطر طوقه و ارتفاع بوته نشان داد که واکنش ژنوتیپ‌ها در دو سال متفاوت بوده است. سایر صفات مورد بررسی اثر متقابل معنی‌داری نشان ندادند که بیانگر واکنش یکسان ژنوتیپ‌ها در دو سال است (جدول ۴).

نتایج تجزیه واریانس صفات ارزیابی شده در توده‌های بومی پنبه نشان داد که بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر کلیه صفات (به جز وزن غوزه و تعداد غوزه بسته) تفاوت معنی‌داری وجود داشت، که بیانگر تنوع ژنتیکی بالا در بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد مطالعه می‌باشد و می‌تواند در بهبود انتخاب در برنامه‌های اصلاحی مؤثر باشد (جدول ۴). اثرات

جدول ۴- نتایج تجزیه واریانس مرکب صفات اندازه‌گیری شده در توده‌های بومی پنبه ارزیابی شده طی دو سال در منطقه کاشمر

منابع تغییر	درجه آزادی	وزن غوزه	درصدکیل	عملکرد وش	زودرسی	میانگین مربعات			تعداد شاخه رویا	تعداد شاخه رویا	تعداد بوته	قطر طوقه
						تعداد شاخه‌زایا	ارتفاع بوته	ارتفاع بوته				
سال	۱	۳۰/۵۸ ^{**}	۸/۳۷ [*]	۵/۰۸ ^{**}	۲۲۸/۸۵ [*]	۰/۰۱ ^{ns}	۱/۷۰ [*]	۰/۰۱ ^{ns}	۰/۱۳ ^{ns}	۰/۰۱ ^{ns}	۰/۰۹ ^{ns}	۰/۰۹ ^{ns}
بلوک (سال)	۳	۰/۴۷	۵/۷۶	۰/۸۴	۴۱۶/۶۴	۰/۰۷	۴۴۳/۲۲	۰/۰۷	۸۵/۹۹	۸/۴۱	۲۷۵/۰۴	۴۰/۴۳
ژنوتیپ	۴۳	۰/۸۸ ^{ns}	۱۸/۵۹ ^{**}	۱۰/۰۷ ^{**}	۱۴۷/۲۵ ^{**}	۲/۰۲ ^{**}	۲۶۵/۲۹ [*]	۲/۷۸ ^{**}	۱۳/۰۷ ^{**}	۲/۷۸ ^{**}	۲۹/۸۳ ^{**}	۲/۷۲ ^{ns}
سال × ژنوتیپ	۴۳	۰/۳۹ ^{ns}	۷/۵۰ ^{ns}	۱/۰۶ ^{**}	۸۹/۱۴ [*]	۰/۰۵ [*]	۳۸۲/۶۳ [*]	۱/۱۳ ^{ns}	۳/۶۵ ^{ns}	۳۸۲/۶۳ [*]	۱۶/۸۸ ^{ns}	۲/۶۶ ^{ns}
خطا	۱۷۲	۰/۷۱	۶/۸۲	۰/۰۷	۵۵/۲۰	۰/۰۲	۱۸۵/۱۱	۰/۸۸	۳/۳۸	۱۸۵/۱۱	۱۴/۰۶	۳/۰۵

ns غیر معنی‌دار، * و ** به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

مشاهده شد که گویای این است که این صفات در رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها مشابه هم عمل کردند (شکل ۱). این نتیجه بیانگر این است که اولاً وزن غوزه مهم‌ترین جزء تأثیرگذار بر عملکرد وش در توده‌های بومی است و ثانیاً جزء الیاف نسبت به جزء دانه تاثیر بیشتری در وزن غوزه برخی ژنوتیپ‌های مورد بررسی داشته است. در مطالعه نجار و همکاران (۲۰۲۲) بر اساس نتایج تابع تشخیص کانونیک مهمترین صفات تأثیرگذار بر عملکرد وش ژنوتیپ‌های پنبه، شامل درصد زودرسی، تعداد غوزه بسته و وزن غوزه بودند. نقش اجزای عملکرد ممکن است در محیط‌های مختلف تغییر کند و بدین مفهوم است که گیاه با اولویت ایجاد اجزایی از عملکرد با هزینه کم (دسترسی به منابع شامل آب، مواد غذایی و کربن با حداقل هزینه، ذخیره آن‌ها و استفاده در هنگامی که شرایط برای رشد گیاه مطلوب‌تر است) سازگاری می‌یابد (رمضانی و عبدی پور، ۲۰۱۸). همبستگی بسیار قوی و مثبتی میان صفات تعداد شاخه رویا، تعداد شاخه زایا، تعداد غوزه باز و ارتفاع بوته وجود داشت. این نشان می‌دهد که توده‌های با ارتفاع بیشتر تعداد بیشتری شاخه رویا و زایا و به تبع

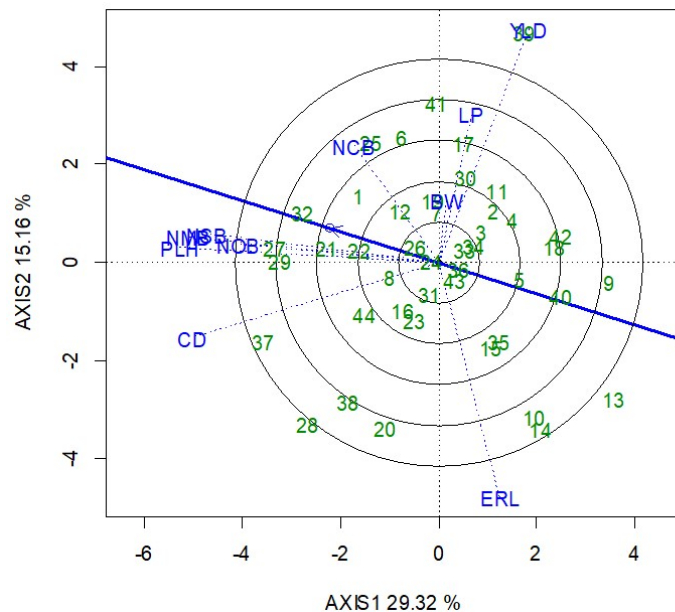
تحلیل گرافیکی رابطه بین صفات: دو مؤلفه اول بای‌پلات ژنوتیپ × صفت (GT biplot) حدود ۴۴/۴۸ درصد از تنوع کل را توجیه کرد (شکل ۱). این واریانس نسبتاً متوسط، بیان‌گر پیچیدگی روابط بین صفات بود و با نتایج صدیق و همکاران (۲۰۱۶) در بررسی ۱۴ ژنوتیپ پنبه با استفاده از ۱۲ صفت مطابقت داشت. در GT بای‌پلات، یک بردار از مرکز بای‌پلات به نقطه مختصات هر صفت رسم شده و تجسم و تصویرسازی روابط میان صفات را تسهیل می‌کند. طول بردار صفات، توانایی صفات در تمایز بین ژنوتیپ‌ها را نشان می‌دهد. صفات با طول بردار بلندتر قدرت تفکیک بالاتری دارند و صفات با طول بردار کوتاه‌تر تفکیک پایین‌تری دارند. بر این اساس نمایش برداری بای‌پلات GT نشان داد که بیشترین تنوع توجیه شده ناشی از زودرسی و عملکرد وش بود. صفت وزن غوزه کمترین نقش در ایجاد تنوع را به خود اختصاص داد (شکل ۱). در نمودار بای‌پلات ضریب همبستگی بین دو صفت از طریق کسینوس زاویه بین بردارهای آن دو صفت برآورد می‌شود. همبستگی قوی و مثبتی بین عملکرد وش، درصد کیل و وزن غوزه

(۲۰۱۵) با بررسی ۱۴ رقم پنبه با استفاده از بای پلات ژنوتیپ «صفات گزارش کردند که زاویه بین بردارهای صفات تعداد شاخه‌زایا، تعداد غوزه در بوته و ارتفاع بسیار تند بوده و در نتیجه همبستگی مثبت و بالایی بین این صفات وجود داشت. نتایج آنها نشان داد که صفات تعداد شاخه زایا و تعداد غوزه در بوته که دارای بیشترین طول بردار بودند، صفات متمایز کننده می‌باشند.

این پژوهش بر ارزیابی ۴۴ توده بومی پنبه بر اساس صفات چندگانه متمرکز بود. نتایج نشان داد که سطح متوسطی از تنوع در میان ژنوتیپ‌ها، صفات و اثر متقابل بین آن‌ها وجود داشت و مشخصه‌یابی ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات چندگانه مورد تأیید و امکان‌پذیر بود. همچنین GT بای پلات می‌تواند جهت تفکیک و تمایز ژنوتیپ‌ها بر اساس هر صفت به‌کار رود (یان و راجکان، ۲۰۰۲). به‌عنوان مثال بیشترین عملکرد وش مربوط به ژنوتیپ ۳۹ (توده سرخه سمنان) بود که وزن غوزه بالایی داشت و دیررس بود. در حالی که ژنوتیپ ۱۵ (توده بومی جیرفت) زودرس‌ترین توده با عملکرد کمتر از متوسط بود (شکل ۱).

آن تعداد غوزه بیشتری تولید کردند. راحمی و عالی‌شاه (۲۰۲۳) نیز نتایج مشابه با نتایج این مطالعه گزارش کردند.

زاویه ۹۰ درجه بین بردار صفات نشان‌دهنده عدم همبستگی بین آنها می‌باشد. لذا بین عملکرد وش، درصد کیل و وزن غوزه با صفات تعداد شاخه رویا، تعداد شاخه زایا، تعداد غوزه باز و ارتفاع بوته همبستگی مشاهده نشد. همبستگی بین عملکرد وش، وزن غوزه و درصد کیل با صفت زودرسی منفی و قوی بود و بدین مفهوم است که توده‌های بومی دیررس‌تر از عملکرد وش، وزن غوزه و درصد کیل بیشتری در شرایط آبیاری مطلوب برخوردار بودند. توده‌های دیررس زمان کافی برای رشد و نمو داشته و از عملکرد بالاتری برخوردارند ولی توده‌های زودرس قبل از مواجه با تنش‌های محیطی مثل خشکی، دمای بالا و ... مراحل حساس نموی خود را پشت سر گذاشته و زودتر به مرحله رسیدگی نهایی رسیده و عملکرد پایین‌تری خواهند داشت. زودرسی در زمانی که محدودیت آب وجود داشته باشد می‌تواند یک مزیت محسوب شود در حالی که در شرایط ایده‌آل ارقام دیررس‌تر می‌توانند مفیدتر باشند. کمالی و همکاران



شکل ۱- نمایش بای پلات روابط بین صفات و توده‌های بومی پنبه

BW: وزن غوزه، LP: درصد کیل، ERL: زودرسی، NCB: تعداد غوزه بسته، NOB: تعداد غوزه باز، NMB: تعداد شاخه رویا، NSB: تعداد شاخه زایا، CD: قطر طوقه، YLD: عملکرد وش.

ضریب مثبت و معنی‌داری برای صفت وزن غوزه بود. این عامل را می‌توان به‌عنوان جزء مؤثر بر عملکرد وش نام‌گذاری نمود. عامل چهارم که به همراه سه عامل قبلی حدود ۶۶/۹۴۵ درصد از واریانس کل را توجیه کردند، دارای ضریب مثبت و معنی‌دار برای صفت درصد کیل بود. این عامل را می‌توان به‌نام عملکرد الیاف نام‌گذاری کرد (جدول ۵).

در یک مطالعه با استفاده از تجزیه به عامل‌ها مشخص شد چهار عامل اول در مجموع ۸۳/۵۸ درصد از واریانس کل را توجیه نمودند. فاکتور اول با ۳۹ درصد بیشترین تنوع را توجیه کرد که ویژگی‌های ارتفاع بوته، تعداد شاخه رویا، طول شاخه رویا، طول شاخه زایا و شاخص زودرسی بیشترین ضرایب عاملی را داشتند (عالیشاه و همکاران، ۲۰۰۸). کمالی (۲۰۱۳) در پژوهشی بر روی ارقام مختلف پنبه با استفاده از تجزیه به عامل‌ها در دو شرایط آبیاری دریافت که در شرایط نرمال چهار عامل اول ۸۳/۶۳ درصد از تغییرات کل را توجیه نمودند و در شرایط تنش سه عامل اول در مجموع ۷۱ درصد از کل تغییرات را توجیه کردند. در هر دو شرایط عملکرد وش و اجزای آن به‌عنوان عامل اصلی معرفی شدند.

تجزیه به عامل‌ها: تجزیه به عامل‌ها به‌منظور دسته‌بندی صفات، تعیین میزان اهمیت و ارتباط هر یک از آنها در ایجاد تغییرات کل داده‌ها و همچنین تعیین اهمیت متغیرهایی که در گروه‌ها نقش دارند، انجام شد. با توجه به اینکه مقدار KMO برابر ۰/۶۳۹ به‌دست آمد، لذا همبستگی‌های موجود بین داده‌ها برای تحلیل عاملی مناسب می‌باشد و همچنین آزمون کرویت بارتلت نیز بسیار معنی‌دار بود $X^2=۸۹/۰۴۵$ که وجود همبستگی کافی بین متغیرها را نشان داد. در این تجزیه چهار عامل اول، مجموعاً ۶۶/۹۵ درصد از واریانس بین ژنوتیپ‌ها را توجیه نمودند (جدول ۵). عامل اول ۲۹/۳۱۵ درصد از تغییرات را توجیه نمود. صفات مهم در این عامل شامل صفات ارتفاع بوته، تعداد شاخه رویا، تعداد شاخه زایا، قطر طوقه و تعداد غوزه باز بود. با توجه به صفات مذکور عامل اول را می‌توان عامل صفات مؤثر بر تعداد غوزه نام‌گذاری کرد. عامل دوم توانست به‌تنهایی ۱۵/۱۶ درصد از تغییرات کل را توجیه کند. صفات عملکرد وش و زودرسی به خوبی علت این تنوع را توجیه کردند. لذا این عامل را می‌توان خصوصیت عملکرد نامید. عامل سوم با توجیه ۱۱/۹۷ درصد از واریانس کل، دارای

جدول ۵- تجزیه به عامل‌ها با دوران وریماکس برای توده‌های بومی پنبه

صفات	عامل اول	عامل دوم	عامل سوم	عامل چهارم	میزان اشتراک
وزن غوزه	-۰/۰۹۲	۰/۰۳۳	۰/۷۶۵	-۰/۱۸۵	۰/۶۳۰
درصد کیل	-۰/۰۵۶	۰/۰۹۹	۰/۰۲۳	۰/۹۳۰	۰/۸۷۹
عملکرد وش	۰/۲۹۶	۰/۸۱۶	۰/۱۵۳	۰/۰۴۴	۰/۷۶۱
زودرسی	-۰/۲۴۱	-۰/۸۰۵	۰/۱۰۸	-۰/۱۶۱	۰/۷۴۴
قطر طوقه	۰/۷۵۷	-۰/۲۳۱	-۰/۰۳۷	۰/۱۰۹	۰/۶۳۹
ارتفاع بوته	۰/۸۶۴	-۰/۰۷۲	-۰/۰۸۳	-۰/۰۹۳	۰/۶۵۸
تعداد شاخه رویا	۰/۷۶۰	۰/۱۵۰	۰/۱۴۵	-۰/۲۹۷	۰/۷۰۹
تعداد شاخه زایا	۰/۷۴۰	۰/۰۸۰	-۰/۱۳۰	۰/۱۰۳	۰/۵۸۲
تعداد غوزه باز	۰/۶۲۶	۰/۰۰۴	۰/۰۳۳	۰/۰۶۲	۰/۳۹۶
تعداد غوزه بسته	۰/۲۱۹	۰/۰۰۳	۰/۷۴۹	۰/۲۹۶	۰/۶۹۶
مقادیر ویژه	۲/۹۳۲	۱/۵۱۶	۱/۱۹۷	۱/۰۵۰	
واریانس تجمعی	۲۹/۳۱۵	۴۴/۴۷۵	۵۶/۴۴۰	۶۶/۹۴۵	

در این پژوهش نتایج حاصل از تجزیه به عامل‌ها که به نوعی روابط بین صفات را تفسیر می‌کند، تأیید کننده نتایج روابط میان صفات حاصل از GT بای‌پلات می‌باشد. با توجه به این که عامل‌های شناسایی شده از یکدیگر مستقل بوده و هر کدام جنبه‌های متفاوتی از داده‌ها را اندازه‌گیری می‌کنند، مسیرهای اصلاحی متفاوتی را پیش روی به‌نژادگران پنبه قرار می‌دهند. با توجه به اهمیت هر کدام از این عوامل که به‌صورت درصد تغییرات داده‌ها بیان شد، توجه به‌نژادگران به ویژگی‌هایی که در حوزه عامل اول قرار دارند تأثیر جدی‌تری بر افزایش عملکرد و پنبه خواهد داشت. این روش بهبود ژنتیکی عوامل را با کمک گزینش برای صفات مرتبط با آن‌ها امکان‌پذیر می‌سازد (علاء‌الدین و همکاران، ۲۰۲۱). با توجه به ضرایب متنوع و بردارهای ویژه می‌توان با گزینش ترکیبات متفاوتی از این صفات امکان بهبود عملکرد و پنبه را فراهم آورد.

بررسی ارتباط بین توده‌های مورد بررسی:
به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر مبنای صفات مورد بررسی، تجزیه خوشه‌ای به روش Ward و با استفاده از مربع فاصله اقلیدسی انجام شد. تجزیه خوشه‌ای از لحاظ صفات مورد مطالعه، ژنوتیپ‌ها را در چهار گروه اصلی قرار داد (شکل ۲). به‌منظور بررسی بهتر گروه‌ها، برای تک تک صفات مورد بررسی به‌صورت جداگانه تجزیه واریانس یک طرفه براساس طرح کاملاً تصادفی نامتعادل انجام شد (جدول ۶). همان‌طور که مشاهده می‌شود، بین گروه‌ها از نظر صفات زودرسی، قطر طوقه، ارتفاع بوته، تعداد شاخه رویا و تعداد شاخه زایا اختلاف معنی‌دار وجود دارد (جدول ۶). در گروه اول ۱۰ ژنوتیپ قرار گرفتند. این گروه کمترین میانگین ارتفاع بوته، تعداد شاخه زایا و تعداد غوزه باز را به خود اختصاص داد و به همراه گروه ۲ دارای کمترین میانگین تعداد شاخه رویا و قطر طوقه نیز بود. همچنین ژنوتیپ‌های این گروه به همراه گروه ۴ دارای بیشترین میانگین زودرسی بودند (جدول ۷). از طرفی گروه دوم و سوم که به ترتیب ۱۷ و ۴ ژنوتیپ را شامل

شدند، کمترین میانگین زودرسی را دارا بودند و گروه سوم بیشترین ارتفاع بوته، تعداد شاخه رویا و تعداد غوزه باز را به خود اختصاص داد. در پژوهش‌های مختلف بر ارتفاع کمتر ساقه در ارقام زودرس پنبه تأکید شده است (دماوندی کمالی و همکاران، ۲۰۰۹؛ وفاپی تبار و طلعت، ۲۰۰۹). انتخاب ژنوتیپ‌های گروه اول برای برنامه‌های به‌نژادی به‌منظور افزایش زودرسی به همراه کاهش ارتفاع بوته می‌تواند در جهت دستیابی به ارقام با تحمل بیشتر به تنش‌های محیطی از جمله خشکی مفید باشد. همچنین می‌توان از ژنوتیپ‌های گروه سوم که بیشترین تعداد غوزه باز را داشتند برای تلاقی با ژنوتیپ‌های گروه اول به‌منظور ایجاد ارقام با کیفیت و زودرس استفاده کرد. جابوتو و همکاران (۲۰۱۷) با مطالعه ۱۴ ژنوتیپ پنبه و با استفاده از تجزیه خوشه‌ای، دو گروه مجزا را مشخص کردند. گروه اول نه ژنوتیپ و گروه دوم پنج ژنوتیپ را در بر گرفت. در مطالعه نجار و همکاران (۲۰۲۲) تجزیه خوشه‌ای از لحاظ صفات مورد مطالعه، ژنوتیپ‌ها را در سه گروه اصلی قرار داد. ژنوتیپ‌های گروه ۱ که شامل ۲۸ ژنوتیپ بود، کمترین میانگین ارتفاع بوته را به خود اختصاص داد و به همراه گروه ۲ دارای کمترین میانگین تعداد غوزه بسته نیز بود. همچنین ژنوتیپ‌های گروه اول و گروه دوم دارای بیشترین میانگین عملکرد و زودرسی بودند. از طرفی گروه دوم که ۵ ژنوتیپ را در بر می‌گرفت، کمترین میانگین صفات وزن غوزه و درصد کیل را دارا بود. عالیشاه (۲۰۲۰) ۴۰ ژنوتیپ پنبه را به مدت دو سال در گرگان بررسی نمود. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های پنبه در سه گروه متمایز طبقه‌بندی شدند که این موضوع انتخاب و استفاده از آنها در برنامه‌ها و اهداف مختلف به‌نژادی را تسهیل کرد. ضرایب تغییرات فنوتیپی صفات تعداد شاخه رویشی و زایشی و عملکرد و زایشی، بیشترین مقادیر را دارا بودند. صفات درصد کیل، لیاف، وزن غوزه و تعداد شاخه زایشی همبستگی مثبت و معنی‌دار با عملکرد و زایشی داشتند.

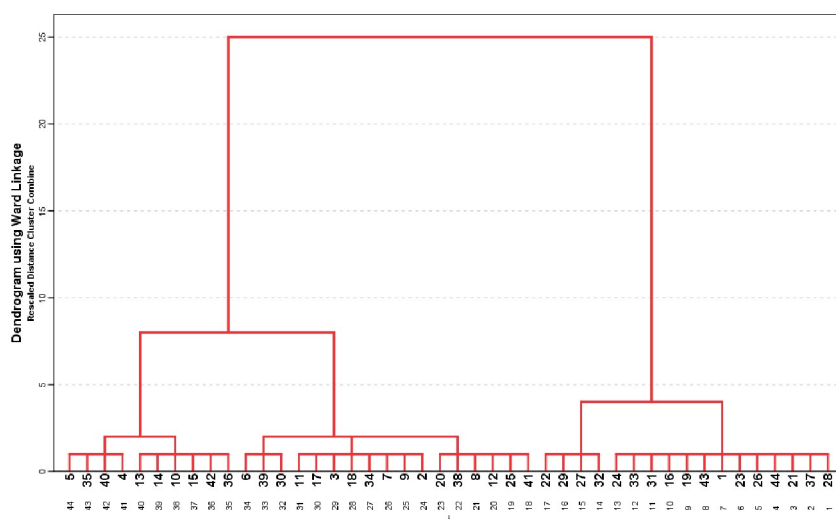
جدول ۶ - تجزیه واریانس گروه‌ها برای صفات مورد بررسی

صفات	واریانس بین گروهی	واریانس دورن گروهی
درجه آزادی	۳	۴۰
وزن غوزه	۰/۹۱ ns	۰/۱۵
درصد کیل	۱/۹۸ ns	۱/۳۹
عملکرد و ش	۰/۱۳ ns	۰/۰۱۱
زودرسی	۳۸/۲۸**	۵/۶۲
قطر طوقه	۰/۰۱۱ *	۰/۰۰۳
ارتفاع بوته	۵۸۳/۲**	۵/۰۸
تعداد شاخه رویا	۰/۴۹**	۰/۱۰۵
تعداد شاخه زایا	۲/۱۳**	۰/۴۰
تعداد غوزه باز	۵/۶۵ n.s	۲/۹۹
تعداد غوزه بسته	۰/۸۱ n.s	۰/۴۶

جدول ۷ - انحراف معیار و مقایسه میانگین گروه‌ها بر اساس آزمون LSD در صفات مورد بررسی در توده‌های بومی پنبه

صفات	گروه ۱	گروه ۲	گروه ۳	گروه ۴	میانگین کل
تعداد ژنوتیپ	۱۰	۱۷	۴	۱۳	-
وزن غوزه	۳/۳۱ a ± ۰/۳۸۵	۳/۲۱ a ± ۰/۱۵۹	۳/۱۷ a ± ۰/۱۲۹	۳/۳۸ a ± ۰/۴۱۷	۳/۰ ± ۲۸/۳۸۲
درصد کیل	۲۹/۳۸ a ± ۱/۰۹۲	۳۰/۰۵ a ± ۱/۳۳۴	۲۹/۶۲ a ± ۰/۸۵۴	۲۹/۲۲ a ± ۱/۰۸۹	۲۹/۱ ± ۶۲/۱۹۷
عملکرد و ش	۱/۱۹۴ a ± ۰/۰۱۱	۱/۲۴۱ a ± ۰/۱۲۱	۱/۱۵۲ a ± ۰/۰۸۹	۱/۱۸۷ a ± ۰/۰۸۰	۱/۰ ± ۲۰۷/۱۰۷
زودرسی	۵۷/۷۵ a ± ۲/۰۷	۵۴/۱۵ b ± ۳/۰۱	۵۳/۲۷ b ± ۱/۲۷۲	۵۶/۵۲ a ± ۱/۷۴۱	۵۵/۲ ± ۵۸/۸۱۱
قطر طوقه	۱/۶۴ b ± ۰/۰۳۳	۱/۶۶ b ± ۰/۰۷۵	۱/۷۳ a ± ۰/۰۴۱	۱/۶۹ ab ± ۰/۰۵۱	۱/۰ ± ۶۷/۰۶۳
ارتفاع بوته	۱۲۴/۹ d ± ۲/۵۴۸	۱۳۱/۷ c ± ۲/۳۹۲	۱۴۵/۸ a ± ۱/۲۷	۱۳۸/۸ b ± ۲/۰۳	۱۳۳/۶ ± ۵۵/۷۳۹
تعداد شاخه رویا	۲/۵۷ b ± ۰/۲۸۱	۲/۶۸ b ± ۰/۳۵۸	۳/۱۹ a ± ۰/۲۹۲	۲/۹۱ ab ± ۰/۳۱۵	۲/۰ ± ۷۷/۳۶۴
تعداد شاخه زایا	۲۰/۰۸ b ± ۰/۶۶۳	۲۰/۸۳ a ± ۰/۶۲۳	۲۱/۳۱ a ± ۰/۴۵۵	۲۰/۹۵ a ± ۰/۶۶	۲۰/۰ ± ۷۴/۷۲۲
تعداد غوزه باز	۲۲/۹۷ b ± ۱/۸۶	۲۳/۶۹ ab ± ۱/۷۰۳	۲۵/۱۹ a ± ۱/۱۷۷	۲۴/۲۱ ab ± ۱/۷۷۲	۲۳/۱ ± ۸۲/۷۸۲
تعداد غوزه بسته	۳/۳۹ a ± ۰/۴۶۸	۳/۷۷ a ± ۰/۸۹۴	۳/۸۹ a ± ۰/۶۲۴	۳/۹۱ a ± ۰/۴۵۹	۳/۰ ± ۷۱/۶۹۷

در هر ردیف، میانگین‌هایی که حروف مشترکی دارند در سطح ۵ درصد تفاوت معنی‌دار ندارند.



شکل ۲- دندروگرام مربوط به گروه‌بندی توده‌های بومی پنبه با استفاده از صفات زراعی

نتیجه‌گیری

بوته، تعداد شاخه‌ها و تعداد غوزه‌ها را به خود اختصاص داد و به همراه گروه ۲ دارای کمترین میانگین تعداد شاخه‌ها و قطر طوقه نیز بود. انتخاب ژنوتیپ‌های این گروه برای برنامه‌های به‌نژادی به‌منظور افزایش زودرسی و کاهش ارتفاع بوته می‌تواند در جهت دستیابی به ارقام با تحمل بیشتر به تنش‌های محیطی از جمله خشکی مفید باشد. همچنین ژنوتیپ‌های این گروه به همراه گروه ۴ دارای بیشترین زودرسی بودند. گروه سوم بیشترین ارتفاع بوته، تعداد شاخه‌ها و تعداد غوزه‌ها را به خود اختصاص داد. از ژنوتیپ‌های این گروه سوم که بیشترین تعداد غوزه‌ها را داشتند، می‌توان برای تلاقی با ژنوتیپ‌های گروه اول به‌منظور ایجاد ارقام با کیفیت و زودرس استفاده کرد. در مجموع بر اساس نتایج مقایسه میانگین، تجزیه کلاستر و نمودار بای‌پلات چندضلعی دو توده سرخه سمنان و آریا به‌عنوان توده‌های برتر شناسایی شدند. این دو توده دارای عملکرد وش و اجزای عملکرد بالاتر و زودرسی بیشتری نسبت به سایر توده‌های مورد بررسی بودند.

تنوع زیادی میان ژنوتیپ‌های مورد مطالعه براساس صفات مورد بررسی مشاهده شد که می‌تواند در بهبود انتخاب در برنامه‌های اصلاحی مؤثر باشد. دامنه تغییرات وزن غوزه و تعداد غوزه بسته بالا بود که حاکی از تنوع ژنوتیپ‌های مورد بررسی برای صفات مذکور می‌باشد. نمایش برداری بای‌پلات GT نشان داد که بیشترین تنوع توجیه شده ناشی از زودرسی و عملکرد وش بود. صفت وزن غوزه کمترین نقش را در ایجاد تنوع داشت. همبستگی قوی و مثبتی بین عملکرد وش، درصد کیل و وزن غوزه مشاهده شد که گویای این است که این صفات در رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها مشابه هم عمل کردند. این نتیجه بیانگر این است که اولاً وزن غوزه مهم‌ترین جزء تأثیرگذار بر عملکرد وش در توده‌های بومی است و ثانیاً جزء الیاف نسبت به جزء دانه تأثیر بیشتری در وزن غوزه برخی ژنوتیپ‌های مورد بررسی داشته است. تجزیه خوشه‌ای از لحاظ صفات مورد مطالعه، ژنوتیپ‌ها را در چهار گروه اصلی قرار داد. گروه اول کمترین میانگین ارتفاع

منابع

- Alaeddin, N., Navvabpour, S., and Fathi Saadabadi, M. 2021. Investigating the relationships of quantitative and qualitative characteristics with performance and performance components in cotton cultivars. *Iranian Journal of Cotton Researches* 9 (2): 145-164.
- Alishah, O. 2020. 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 Science* 22 (4): 350-364. (in Persian with English Abstract).
- Alishah, O. 2016. Introduction of Iranian landraces of cotton. Promotional bulletin, Cotton Research Institute of Iran.
- Alishah, O. 2013. Genetics and breeding of Cotton. Academic Publishing Publications, 195 p.
- Alishah, O., Begherieh-Najjar, M.B., and Fahmideh, L. 2008. Correlation, path coefficient and factor analysis of some quantitative and agronomic traits in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Asian Journal of Biological Science*, 1(2): 61-68.
- Damavande Kamali, S., Alishah, E., and Jelodar, N.B. 2009. Investigate the interaction of genotype and environment and sustainability performance of cotton varieties by parametric and non-parametric method of single - variable. *Journal of Agricultural Sciences and Natural Resources*, 48: 41-50. (In Persian with English Abstract).
- Djaboutou, M.C., Sinha, M.G., Houedjissin, S.S., Cacai, G.H., and Ahanhanzo, C. 2017. Variability and heritability of morphological traits in collection of cotton genotypes (*Gossypium hirsutum* L.) and their potential use for the selection. *European Scientific Journal* 13 (3): 385-395.

8. Eskandari Torbaghan, M. 2020. Comparison of Iranian promising lines of cotton in irrigation condition with very salty water. In: Proceedings 2th International Conference of Salinity in Yazd. 19 Feb. Yazd, Iran.
9. Farooq, J., Anwar, M., Riaz, M., Farooq, A., Mahmood, A., Shahid, M.T.H., Rafiq, M., and Ilahi, F. 2014. Correlation and path coefficient analysis of earliness, fiber quality and yield contributing traits in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Journal of Animal and Plant Science 24(3): 781-790.
10. Kamali, A. 2013. The effect of drought stress on yield and yield component using biplot analysis. M.Sc. thesis. Zabol University.
11. Kamali, A., Fakheri, B.A., and M. Zabet. 2015. The study of drought stress effect on yield and yield components of cotton using biplot analysis. Iranian Journal of Cotton Research 3 (1): 33-47. (in Persian with English Abstract).
12. Marzban, M. 2022. Evaluation of yield and yield components of different cotton cultivars and lines under different moisture regimes (study location: Kashmar). MSc Thesis of Water Science and Engineering, Birjand University.
13. Mirlohi, A., Majidi, M.M., and Esmaeilzadeh Moghaddam, M. 2013. Principles of plant breeding. Arkan Danesh, Isfahan, Iran.
14. Mohammadi, S.A., and Prasanna, B.M. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations. Crop Science 43: 1235-1248.
15. Najjar, H. 2023. Evaluation and comparison of quantitative and qualitative characteristics of forty-four Iranian landraces of cotton in Kashmar. Final Report of the Research Project. 28 pages.
16. Najjar, H., Taherian, M., Ramazani Moghaddam, M.R., and Eskandari Torbaghan, M. 2022. Evaluation of variation and identification of effective traits on seed cotton yield in Iranian upland cotton genotypes (*Gossypium hirsutum* L.). Journal of Crop Breeding, 14 (42): 22-30. (in Persian with English Abstract).
17. Pacheco, A., Vargas, M., Alvarado, G., Rodríguez, F., Crossa, J., and Burgueño, J. 2015. GEA-R (Genotype x Environment Analysis with R for Windows) Version 4.1, <https://hdl.handle.net/11529/10203>, CIMMYT Research Data & Software Repository Network, V16.
18. Rahemi, M.R., and Alishah, O. 2023. Investigating the effect of morphological, qualitative and yield traits in order to identify the most promising cotton genotypes in Hashem Abad, Gorgan. Iranian Journal of Cotton Researches 10(1): 133-148.
19. Ramazani, S.H.R., and Abdipour, M. 2018. Statistical analysis of grain yield in Iranian cultivars of barley (*Hordeum vulgare* L.). Journal of Agricultural Research 8: 239-246.
20. Saeidnia, F., Majidi, M.M., and Mirlohi, A. 2023. Evaluation of genetic variation and simultaneous selection for seed and forage yield in selected genotypes of *Dactylis glomerata* and *Bromus inermis*. Journal of Crop Production and Processing 13(2): 33-56. (in Persian with English abstract).
21. Saeidnia, F., and Najjar, H. 2024. Effect of different irrigation levels on yield and yield components of some promising lines of cotton. Journal of Soil and Plant Interactions 14 (4): 67-84. (in Persian with English abstract).
22. SAS Institute. 2013. JUMP Ver. 11.0.0. SAS Institute, Inc, Cary
23. Seddigh, S., Zabet, M., Ghanbari, M.G., and Samadzadeh, A.R. 2016. Identification of superior varieties of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) under drought stress and normal conditions using GGE biplot and GBT biplot method in Birjand. Journal of Crop Breeding, 8 (19): 134-144. (in Persian with English Abstract).
24. Sekloka, E., Sabi, A.K., Zinsou, V.A., Aboudou, A., Ndogbe, C.K., Afouda, L., and Baba-Moussa, L. 2018. Phenological, morphological and agronomic characterization of sixteen genotypes of cotton plant (*Gossypium hirsutum* L.) in rainfed condition in Benin. Journal of Plant Breeding and Crop Science 10(2): 33-40.

25. Tabatabaei, S.A., Shakeri, E., and Hamidnejad, M.M. 2013. Comparison of the qualitative and quantitative traits of improved and native varieties of cotton in Yazd condition. *Journal of agricultural Research* 4 (2): 135-146. (in Persian).
26. Vafaieitabar, T., and Talat, F. 2009. Quantitative and qualitative traits of some promising cotton cultivar in Varamins region. *Journal of Agricultural Science* 5: 245-256. (in Persian).
27. Yan, W., and Rajcan, I. 2002. Biplot analysis of sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science* 42: 11-20.