

## بررسی تنوع ژنتیکی تعدادی از ژرم پلاسماهای بادام زمینی (*Arachis hypogea*) با استفاده از صفات مورفولوژیکی

مهتاب صمدی گرجی<sup>۱\*</sup>، علی‌زمان میرآبادی<sup>۱</sup>، کامبیز فروزان<sup>۲</sup> و مصطفی حق‌پناه<sup>۱</sup>

۱- کارشناس ارشد، مرکز تحقیقات کاربردی و تولید بذر، شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی، ساری

۲- کارشناس ارشد، مرکز تحقیقات کاربردی و تولید بذر، شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی، تهران

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۰۷/۰۶ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۰۸/۲۹)

### چکیده

این آزمایش به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی تعدادی از ژرم پلاسماهای وارداتی بادام‌زمینی از بانک بذر کشور استرالیا در مرکز تحقیقات کاربردی و تولید بذر شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی اجرا شد. ارزیابی ۱۲ صفات مورفولوژیکی مرتبط با عملکرد در قالب طرح بلوک کامل تصادفی در سه تکرار در سال زراعی ۱۳۹۴ صورت گرفت. نتایج آزمایش نشان داد که تفاوت بین ژنوتیپ‌ها برای کلبه صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود. همچنین در مورد همه صفات، ضریب تنوع فنوتیپی از ضریب تنوع ژنتیکی بیشتر بود که نشان‌دهنده تأثیر عوامل محیطی بر روی صفات مورد بررسی می‌باشد. میزان وراثت‌پذیری عمومی از ۸۰/۲۵ درصد (عرض دانه) تا ۹۹/۵۴ درصد (وزن صدانه) متغیر بود که مقدار آن برای عملکرد دانه ۹۶/۸۵ درصد بود. بالاترین میزان ضرایب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی مربوط به صفت وزن غلاف بدست آمد، بنابراین می‌توان به استفاده از روش انتخاب برای بهبود این صفت امید داشت و از آن به عنوان یک معیار انتخاب برای بهبود عملکرد دانه بهره جست. نتایج همبستگی ژنتیکی بین صفات نشان داد که بین عملکرد دانه با وزن دانه و عملکرد غلاف همبستگی معنی‌داری وجود دارد. در تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش وارد، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه به چهار گروه اصلی تقسیم‌بندی شدند.

**واژگان کلیدی:** بادام‌زمینی، تجزیه خوشه‌ای، تنوع ژنتیکی، صفات مورفولوژیکی

\* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: msamadi@ordc.ir

بادام زمینی (*Arachis hypogea*) از زیر رده پروانه آسها، بزرگترین و مهمترین زیر رده از سه زیر رده تیره بقولات است که به عنوان یک گیاه روغنی مهم در ۹۶ کشور جهان کشت می شود. این گیاه در مناطق گرمسیری و نیمه خشک، خاک ضعیف از نظر نیتروژن و بارش نامنظم به خوبی رشد می کند. بادام زمینی بومی منطقه آمریکای جنوب شرقی است که در صورت عدم دسترسی به گوشت، می تواند بخش ارزشمندی از پروتئین غذایی انسان را تأمین کند (Nasiri, 2001). یکی از ویژگی منحصر به فردی که بادام زمینی را از گیاهان دیگر متمایز می کند تشکیل گل بالای سطح زمین و تولید میوه در زیر زمین می باشد (Holbrook and Stalker, 2003). جنس *Arachis* دارای ۷ گونه است و گونه ها و ارقام با توجه به محل گل در بوته، وضعیت گره باروری در شاخه، تعداد کرک، و همچنین مورفولوژی غلاف طبقه بندی می شوند (Krapovickas and Gregory, 1994). تنوع و انتخاب، دو اصل اساسی در برنامه بهبود گیاهان بوده و انتخاب زمانی راندمان بالایی دارد که تنوع ژنتیکی در صفات مورد بررسی وجود داشته باشد (Sadeghi et al., 2011). علی رغم تنوع مورفولوژیکی بالا در ژرم پلاسما بادام زمینی، این تنوع به اندازه کافی در برنامه های اصلاحی بادام زمینی مورد استفاده قرار نگرفته است و بسیاری از ارقام زراعی موجود معمولاً بر پایه یک یا چند والد مشترک تولید شده اند. این موضوع شاید به علت عدم وجود اطلاعات کافی در مورد صفات مورفولوژیکی و زراعی بادام زمینی باشد. بنابراین برای بهره برداری از تنوع موجود در ژرم پلاسماهای بادام زمینی، ارزیابی صفات مورفولوژیکی و زراعی آن ضروری است (Badigannavar et al., 2002). بیشترین تعداد ژرم پلاسما بادام زمینی اهلی است که در موسسه بین المللی محصولات نیمه خشک مناطق استوایی (ICRISAT) و موسسه توسعه کشاورزی ایالات متحده (USDA) در گریفین گزارش شده است. ارزیابی تنوع ژنتیکی و روابط خویشاوندی، ایجاد و توسعه کلکسیون های مرکزی ژرم پلاسما برای ارزیابی بهتر منابع

ژنتیکی، افزایش کارایی مجموعه های ژنتیکی در برنامه های اصلاحی و تسهیل مدیریت ژرم پلاسما مفید هستند (Dwivedi et al., 2001; Hilu and Stalker, 1995). برآورد روابط ژنتیکی و ارزیابی تنوع ژنتیکی بر مبنای صفات مورفولوژیکی، فیزیولوژیکی و زراعی می تواند برای سازماندهی ژرم پلاسما، گزینش والدین مناسب برای دورگ گیری و تولید جمعیت های در حال تفرق سودمند باشد (Holbrook and Dong, 2005). ژرم پلاسماهای بادام زمینی موجود در ICRISAT با استفاده از ۱۴ صفت مورفولوژیکی مندرج در دستورالعمل اندازه گیری و ثبت صفات بادام زمینی مورد مطالعه قرار گرفت و یک کلکسیون مرکزی که نماینده کلکسیون اولیه بود، تشکیل شد و گزارش شد که این کلکسیون مرکزی دسترسی بهتر به منابع ژنتیکی و ارزیابی مؤثر آنها را به طور کارآمدتری میسر می سازد (Upadhyaya et al., 2003). به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی بادام زمینی بانک بذر گیاهی ملی ایران از لحاظ صفات مورفولوژیکی، آزمایشی با ۷۶ ژنوتیپ بادام زمینی در سال ۱۳۸۱ اجرا شد که نتایج حاکی از تشابه بالای نمونه های مورد مطالعه با یکدیگر بود (Aalami et al., 2007). تفاوت هایی در بین ۱۲۹۷ توده بادام زمینی شامل انواع اسپانیش، والنسیا، ویرجینیا رانر و ویرجینیا بانچ بر اساس ۱۰ صفت نشان داد که تنوع برای صفات تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف و عملکرد غلاف بیشترین بود (Lu et al., 1988). تنوع ژنتیکی یک جمعیت ۸۶ تایی بادام زمینی مربوط به ICRISAT با استفاده از تجزیه خوشه ای و تجزیه به مؤلفه های اصلی روی داده های ۱۴ صفت مورفولوژیکی مورد ارزیابی قرار گرفت و مشخص شد که صفات طول غلاف، تعداد دانه در غلاف، وزن غلاف و وزن دانه بیشترین اهمیت را در ارزیابی تنوع این جمعیت داشتند (Foundra et al., 2000). نتایج تحقیقات بررسی ۷۵ نمونه بادام زمینی مربوط به بانک ژن گیاهی ملی ایران در موسسه تحقیقات کشاورزی گیلان نشان داد تفاوت میان ژنوتیپ ها برای کلیه صفات در سطح احتمال ۱ درصد معنی دار بود و همچنین همبستگی مثبت و

گردید (Dewey and Lu, 1959) که در آن  $\sigma^2_{gx}$ : واریانس ژنتیکی صفت (x)،  $\sigma^2_{gy}$ : واریانس ژنتیکی صفت (y) و  $Cov_{gxy}$ : کوواریانس ژنتیکی صفات (x و y) می‌باشند.

$$rg = \frac{Cov_{gxy}}{\sqrt{(\sigma^2_{gx} \times \sigma^2_{gy})}} \quad \text{رابطه (۱)}$$

اجزای واریانس محیطی، ژنتیکی و فنوتیپی براساس امید ریاضی میانگین مربعات برآورد شد. ضریب تنوع فنوتیپی، ضریب تنوع ژنتیکی، محیطی و درصد توارث پذیری عمومی (Hb) هر صفت با استفاده از روابط زیر محاسبه گردید (Burton and Devane, 1953).

$$VE = \frac{MSe}{r} \quad \text{رابطه (۲)}$$

$$VP = VG + VE \quad \text{رابطه (۳)}$$

$$VG = \frac{MSt - MSe}{r} \quad \text{رابطه (۴)}$$

$$CVP = \frac{\sqrt{VP}}{\bar{X}} \quad \text{رابطه (۵)}$$

$$CVG = \frac{\sqrt{VG}}{\bar{X}} \quad \text{رابطه (۶)}$$

$$CVE = \frac{\sqrt{VE}}{\bar{X}} \quad \text{رابطه (۷)}$$

$$Hb = \frac{VG}{VP} \quad \text{رابطه (۸)}$$

در این معادلات، VG واریانس ژنوتیپی، VE واریانس محیطی، VP واریانس فنوتیپی، MSe واریانس اشتباه آزمایش، r تعداد تکرار، CVP ضریب تنوع فنوتیپی، CVG ضریب تنوع ژنتیکی، CVE ضریب تنوع محیطی و  $\bar{X}$  میانگین کل برای هر صفت می‌باشد.

تجزیه خوشه‌ای مبتنی بر روش وارد بر اساس مجذور فاصله اقلیدسی انجام گرفت. همچنین به منظور مقایسه میانگین گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای از نظر صفات مورد ارزیابی، تجزیه واریانس بر اساس طرح کاملاً تصادفی نامتعادل (به طوری که گروه‌ها به عنوان تیمار و ژنوتیپ‌های درون آن‌ها به عنوان تکرار منظور گردید)، از روش حداقل دامنه معنی‌دار (دانکن) استفاده شد. تجزیه‌های آماری با استفاده از نرم افزار SPSS v23 و اکسل انجام گردید.

معنی‌داری بین عملکرد دانه با وزن غلاف در بوته، تعداد دانه در بوته، تعداد غلاف در بوته و وزن دانه وجود داشت (Aalami et al., 2007). ابراهیمی و همکاران (Ebrahimi et al., 2016) در بررسی همبستگی ژنتیکی، وراثت‌پذیری و گروه‌بندی ۷۲ لاین جو هاپلوئید مضاعف شاخص‌های مرتبط با جوانه‌زنی در شرایط تنش شوری را مورد ارزیابی قرار دادند و بیان کردند ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر کلیه صفات مورد بررسی اختلاف معنی‌داری با یکدیگر دارند و همچنین همبستگی بالا و معنی‌داری بین صفت میانگین جوانه‌زنی روزانه و درصد جوانه‌زنی نهایی وجود داشت. هدف از مطالعه حاضر، بررسی تنوع ژنتیکی بین ۷۲ ژنوتیپ بادام‌زمینی، محاسبه وراثت‌پذیری بعضی صفات مرتبط با عملکرد و بررسی روابط همبستگی بین صفات جهت استفاده از آنها به عنوان شاخص‌های انتخاب در برنامه‌های به‌نژادی بود.

#### مواد و روش‌ها

این آزمایش به منظور ارزیابی ۷۲ ژنوتیپ بادام‌زمینی وارداتی از بانک بذر کشور استرالیا در مجتمع تحقیقات کاربردی و تولید بذر (تکاتو) شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی در سال زراعی ۹۴ اجرا گردید. از هر ژنوتیپ ۳ خط ۳ متری در هر بلوک در قالب طرح بلوک کامل تصادفی در سه تکرار کشت گردید. فاصله بین تیمارها یک متر، فاصله بین بلوکها دو متر و فاصله بین بوته‌ها در هر ردیف ۲۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. برای آماده‌سازی زمین از یک مرتبه عملیات شخم و دو دیسک عمود بر هم استفاده گردید. در طول مراحل داشت عملیات وجین و خاکدهی پای بوته‌ها، کوددهی و آبیاری و به ترتیب در ۳، ۲ و ۳ نوبت صورت گرفت. پس از برداشت در نهایت نسبت به محاسبه صفات تعداد غلاف، وزن دانه، وزن دانه در غلاف، وزن غلاف، نسبت وزن دانه به غلاف، وزن صد دانه، طول دانه، عرض دانه، میانگین نسبت طول به عرض دانه، عملکرد غلاف، عملکرد دانه و عملکرد کل اقدام گردید.

تجزیه واریانس داده صورت گرفت و ضرایب همبستگی ژنوتیپی ( $r_g$ ) بین صفات مختلف طبق رابطه زیر محاسبه

## نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس صفات کمی مورد ارزیابی در جدول شماره ۱ ارائه شده است. تفاوت بین ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود این موضوع نشان می‌دهد که تنوع زراعی در تمامی ۷۲ ژنوتیپ بادام‌زمینی وجود دارد. این می‌تواند به علت تفاوت در ترکیب ژنتیکی این ارقام باشد. همچنین در مورد همه صفات، ضریب تنوع فنوتیپی از ضریب تنوع ژنتیکی بیشتر بود که نشان‌دهنده تأثیر عوامل محیطی بر روی صفات مورد بررسی می‌باشد. نتایج بدست آمده با مطالعات نیکوسرشت و نجفیان ( Nikoseresht and Najafian, 2016) مطابقت داشت. همچنین بیشترین میزان ضریب تنوع ژنتیکی و فنوتیپی در صفات تعداد غلاف در بوته، وزن غلاف و وزن صددانه مشاهده شد (جدول ۲). نتایج تحقیقات بر روی ۱۰ ژنوتیپ بادام‌زمینی در کشور نیجریه نشان داد که ضریب تنوع فنوتیپی صفت تعداد غلاف در بوته بسیار بالاست (Vange and Maga, 2014). وراثت‌پذیری تعداد غلاف و وزن صددانه دارای بیشترین مقدار و به ترتیب برابر ۹۹/۲۷ و ۹۹/۵۴ درصد بود. بنابراین تأثیر عوامل محیطی بر روی این صفات کم بوده و احتمالاً کنترل این صفات به واسطه ژن‌های بزرگ

اثر است. مطالعات انجام شده بر روی ۸۲ لاین در حال تفرق نسل F3 نیز نشان داد که صفت وزن صد دانه وراثت‌پذیری عمومی بالایی (۷۱/۶۸) دارد (Zongo et al., 2017). نتایج مشابه‌ای در آزمایش بهارچاوی و همکاران (Bhargavi et al., 2017) نیز مشاهده شد. کم‌ترین میزان وراثت‌پذیری در صفت عرض دانه (۸۰/۲۵) مشاهده شد. ضرایب همبستگی ژنوتیپی بدست آمده بین صفات مختلف (جدول ۳) نشان داد که صفت وزن صد دانه و عملکرد غلاف همبستگی مثبت و معنی‌دار با عملکرد دانه دارد. همچنین بین صفات وزن دانه با تعداد غلاف و طول دانه با وزن صد دانه همبستگی مثبت و معنی‌دار مشاهده شد. همبستگی بین صفات عرض دانه با طول دانه منفی و معنی‌دار بود. این نتایج با بررسی‌های اعلمی و همکاران (۲۰۰۷) مطابقت داشت. طی بررسی‌هایی گزارش شد که عمدتاً صفات کمی مربوط به دانه مانند وزن و تعداد دانه با صفات مربوط به غلاف در بادام‌زمینی همبستگی دارند (Varisai- Muhammad et al., 1975; Soomro and Larik, 1981). تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش وارد مبتنی بر مجذور فاصله اقلیدسی، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به چهار گروه منتسب کرد.

جدول ۱- تجزیه واریانس صفات کمی مورد ارزیابی در ژنوتیپ‌های بادام زمینی  
Table 1. Analysis of variance of quantitative traits in peanut genotypes

منابع تغییرات	S.O.V	درجه آزادی df	میانگین مربعات (MS)					
			تعداد غلاف Pod No./Plant	وزن دانه Grain weight	وزن دانه و غلاف Grain and Pod weight	وزن غلاف Pod weight	نسبت وزن دانه به غلاف Grain weight/ Pod weight	وزن صد دانه 100 grain weight
تکرار	Replication	2	0.873	0.044	0.297	0.433	0.011	54.992
تیمار	Genotype	71	108.781**	21.611**	50.045**	13.653**	0.446**	143.009**
خطا	Error	142	0.796	0.562	0.838	0.804	0.085	0.653
ضریب تغییرات	C.V. (%)		17.39	10.41	10.79	18.76	19.88	18.12

\*\* : معنی‌دار بودن در سطح احتمال ۱ درصد

\*\* : Significant at 1% probability level

ادامه جدول ۱-

Table 1. Continued

منابع تغییرات	S.O.V	درجه آزادی df	میانگین مربعات (MS)					
			طول دانه Grain length	عرض دانه Grain width	نسبت طول به عرض دانه Grain length/ Grain weight	عملکرد غلاف Pod yield	عملکرد دانه Grain yield	عملکرد کل Total yield
تکرار	Replication	2	0.774	1.461	0.005	1191.271	3566.071	4377.835
تیمار	Genotype	71	16.614**	3.302**	0.042**	43696.987**	25477.935**	129464.447**
خطا	Error	142	1.506	0.0652	0.008	1444.551	802.685	2921.546
ضریب تغییرات	C.V. (%)		10.80	6.94	10.38	20.30	20.72	23.13

\*\* : معنی دار بودن در سطح احتمال ۱ درصد

\*\* : Significant at 1% probability level

جدول ۲- قابلیت وراثت پذیری بعضی از صفات زراعی بادام زمینی

Table 2. The heritability of some agronomic traits in peanut

صفات	Traits	برآورد اجزای واریانس Variance components			ضریب تنوع Coefficient of variation of			قابلیت توارث عمومی (درصد) Broad sense heritability (%)
		محیطی Environment	فنوتیپی Phenotypic	ژنتیکی Genotypic	محیطی Environment	فنوتیپی Phenotypic	ژنتیکی Genotypic	
تعداد غلاف	Pod No./Plan	0.27	36.26	36.00	1.49	17.38	17.32	99.27
وزن دانه (گرم)	Grain weight (gr)	0.19	7.20	7.02	1.65	10.22	10.09	97.40
وزن دانه و غلاف (گرم)	Grain and Pod weight (gr)	0.28	16.68	16.40	1.38	10.69	10.60	98.33
وزن غلاف (گرم)	Pod weight (gr)	0.27	4.55	4.28	4.33	17.86	17.33	94.11
نسبت وزن دانه به غلاف	Grain weight / Pod weight	0.03	0.15	0.12	7.44	17.05	15.34	80.94
وزن صد دانه (گرم)	100 grain weight (gr)	0.22	47.67	47.45	1.22	18.07	18.03	99.54
طول دانه (میلی متر)	Grain length (mm)	0.50	5.54	5.04	3.01	10.00	9.54	90.94
عرض دانه (میلی متر)	Grain width (mm)	0.22	1.10	0.88	2.62	5.89	5.28	80.25
نسبت طول به عرض دانه	Grain length/ Grain weight	0.00	0.01	0.01	3.90	8.94	8.04	80.95
عملکرد غلاف (گرم)	Pod yield (gr)	481.52	14565.66	14084.15	3.60	19.79	19.46	96.69
عملکرد دانه (گرم)	Grain yield (gr)	267.56	8492.65	8225.08	1.61	9.05	8.90	96.85
عملکرد کل (گیلوگرم/هکتار)	Total yield (kg/ha)	973.85	43154.82	42180.97	7.64	50.83	50.26	97.74

جدول ۳- ضرایب همبستگی ژنوتیپی بین صفات مربوط به دانه در ژنوتیپ‌های بادام زمینی

Table 3. Genotypic correlation coefficient between grains related characteristics in peanut genotypes

صفات	Traits	تعداد غلاف Pod No./Plant	وزن دانه Grain weight (g)	وزن دانه و غلاف Grain and Pod weight (g)	وزن غلاف Pod weight (g)	نسبت وزن دانه به غلاف Grain W./ Pod W.	وزن صد دانه 100 grain weight (g)	طول دانه Grain length (mm)	عرض دانه Grain width (mm)	نسبت طول به عرض دانه Grain L./ Grain W.	عملکرد غلاف Pod yield (g)	عملکرد دانه Grain yield (g)	عملکرد کل Total yield (kg/ha)
تعداد غلاف	Pod No./Plant	1											
وزن دانه (گرم)	Grain weight (g)	0.990**	1										
وزن دانه و غلاف (گرم)	Grain and Pod weight (g)	0.070	-0.498**	1									
وزن غلاف (گرم)	Pod weight (g)	0.133	0.320	0.873**	1								
نسبت وزن دانه به غلاف	Grain weight / Pod weight	-0.018	0.049	0.111	-0.967**	1							
وزن صد دانه (گرم)	100 grain weight (g)	-0.121	0.007	0.058	-0.068	-0.944**	1						
طول دانه (میلی متر)	Grain length (mm)	-0.139	-0.079	0.037	-0.051	0.033	0.982**	1					
عرض دانه (میلی متر)	Grain width (mm)	0.039	-0.116	0.007	-0.009	-0.166	0.037	-0.826**	1				
نسبت طول به عرض دانه	Grain length/ Grain weight	0.019	-0.065	-0.086	-0.110	-0.173	-0.007	-0.006	-0.830**	1			
عملکرد غلاف (گرم)	Pod yield (g)	-0.037	0.111	0.067	0.004	-0.094	0.078	0.152	-0.074	-0.972**	1		
عملکرد دانه (گرم)	Grain yield (g)	0.136	0.284**	0.149	0.050	-0.021	-0.013	-0.087	0.082	-0.154	0.998**	1	
عملکرد کل (گیلوگرم/هکتار)	Total yield (kg/ha)	0.035	0.320	0.138	-0.011	-0.075	0.025	0.090	0.045	0.114	-0.013	0.88**	1

\*\* : Correlation is significant at the 0.01 level

\*\* : معنی دار بودن همبستگی در سطح احتمال ۱ درصد

طول به عرض دانه نسبت به میانگین کل ژنوتیپ‌ها بود. به نظر می‌رسد ژنوتیپ‌های موجود در این گروه از اهمیت بالاتری برخوردار باشند. البته قابل ذکر است که ژنوتیپ‌های مربوط به این گروه با وجود عملکرد بالا به دلیل فاصله ژنتیکی کم بهتر است با یکدیگر تلاقی داده نشوند و در برنامه‌های به‌نژادی جهت ایجاد رقم هیبرید و دستیابی به حداکثر هتروزیس بهتر است از افراد مربوط به گروه‌های متفاوت و دارای فاصله بیشتر (گروه‌های ۱، ۲ و ۳ در این بررسی) استفاده گردد. طی مطالعه‌ای مشخص شد که تعداد غلاف در بوته، عملکرد غلاف در بوته و وزن صد دانه پارامترهای بسیار مهم عملکرد هستند (Janila *et al.*, 2013). همچنین ژنوتیپ‌هایی که در گروه سوم قرار گرفتند کمترین میزان عملکرد غلاف و دانه را تولید کردند و از نظر سایر خصوصیات مرتبط با عملکرد نیز دارای مقادیر کمتری بودند.

بطور کلی نتایج نشان می‌دهد که بین ارقام مورد مطالعه تنوع ژنتیکی معنی‌داری وجود دارد که حاکی از ارزشمندی این ذخایر ژرم‌پلاسمی و لزوم توجه بیشتر در ارزیابی و شناسایی آنها است. با توجه به نتایج بدست آمده از میزان بالای وراثت‌پذیری در صفات تعداد غلاف و وزن صد دانه که بیانگر اثر افزایشی ژن‌ها در کنترل این صفات است، می‌توان به روش انتخاب برای بهبود این صفات امید داشت و از آنها به عنوان یک معیار انتخاب برای بهبود عملکرد دانه بهره جست. با استفاده از اطلاعات بدست آمده در کلاستر بندی، ژنوتیپ‌های موجود در هر یک از این گروه‌ها بر اساس میزان تشابه صفات مختلف دسته‌بندی شده‌اند. بنابراین در برنامه‌های به‌نژادی با توجه به هدف اصلاحی مورد نظر می‌توان از تنوع بین این گروه‌ها و ژنوتیپ‌های موجود در این گروه‌ها استفاده نمود و با انجام تلاقی بین آنها امکان دستیابی به ژنوتیپ‌های مطلوبتر را فراهم نمود. انجام آزمایش‌های تکمیلی جهت بررسی این ژنوتیپ‌ها با استفاده از نشانگرهای مولکولی و یا اجرای آزمایش در شرایط آب و هوایی دیگر برای تفکیک و تمایز بهتر نمونه‌های موجود و تعیین والدین مناسب برای برنامه‌های دورگ‌گیری پیشنهاد می‌شود.

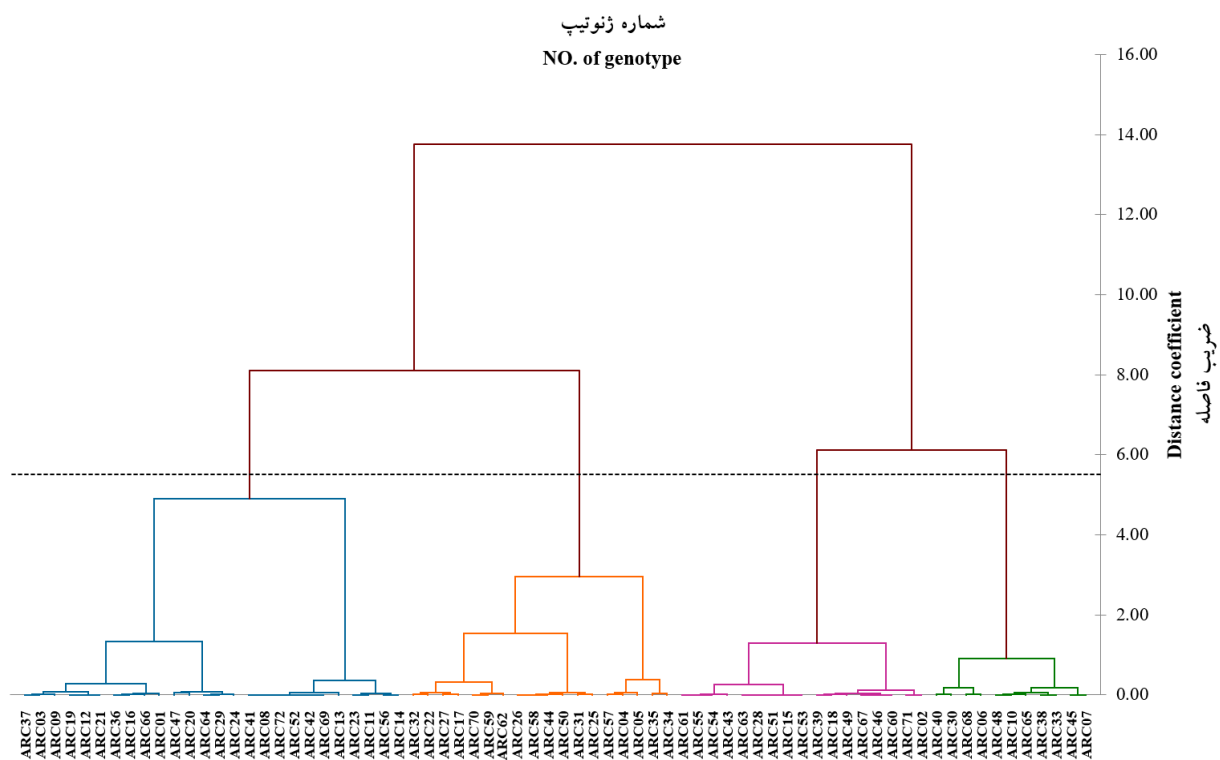
گروه اول شامل ۲۶ نمونه، گروه دوم ۱۷ نمونه، گروه سوم ۱۸ نمونه و گروه چهارم ۱۱ نمونه بودند (شکل ۱). هر کدام از گروه‌ها به زیر گروه‌هایی تقسیم شدند. افرادی که در یک گروه قرار می‌گیرند دارای واریانس یا تنوع کمتری نسبت به واریانس و تنوع موجود بین گروه‌ها می‌باشند. بنابراین می‌توان در برنامه‌های اصلاحی از نمونه‌های مربوط به دورترین کلاسترها برای انجام تلاقی و بهره‌گیری از حداکثر واریانس ژنتیکی بهره برد. استفاده از صفات زراعی و سودمند بودن آن در ارزیابی ژنوتیپ‌های مختلف بادام‌زمینی گزارش شده است (Upadhyaya, 2003). طی مطالعاتی تنوع ژنتیکی نسبتاً پایینی برای صفات مورفولوژیکی بادام‌زمینی گزارش شد و گروه‌بندی چندین مشخصی از دندروگرام حاصله بدست نیامد و بیان شد دلایل احتمالی آن می‌تواند خودباروری بادام‌زمینی باشد (Badigannavar *et al.*, 2002; Dwivedi *et al.*, 2001). اگر چه بادام‌زمینی گیاهی خود گرده‌افشان و دارای تنوع محدود است، اختلاف آماری معنی‌دار میان ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی از نظر صفات مورد مطالعه و قرارگیری ژنوتیپ‌ها در گروه‌های مجزا نشان می‌دهد که تا حد زیادی تنوع ژنتیکی در میان انواع بادام‌زمینی مورد مطالعه وجود دارد. این تنوع ژنتیکی می‌تواند در برنامه‌های بهبود گونه‌های جدید با ویژگی‌های مورد نظر مورد استفاده قرار گیرد.

به منظور مقایسه میانگین گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای از نظر صفات مورد ارزیابی، تجزیه واریانس بر اساس طرح کاملاً تصادفی نامتعادل به طوری که گروه‌ها به عنوان تیمار و ژنوتیپ‌های درون آنها به عنوان تکرار منظور گردید، از روش حداقل دامنه معنی‌دار (دانکن) استفاده شد. مقایسه میانگین صفات اندازه‌گیری شده برای چهار گروه در جدول ۴ آمده است. از ویژگی‌های اصلی ژنوتیپ‌هایی که در گروه چهارم قرار گرفتند این بود عملکرد غلاف و دانه این ژنوتیپ‌ها بالاتر از میانگین سه گروه دیگر بود که این امر به دلیل بیشتر بودن میانگین صفات تعداد غلاف در بوته، وزن دانه، نسبت وزن دانه به وزن غلاف، وزن غلاف، وزن صد دانه، طول دانه و نسبت

جدول ۴- میانگین صفات در گروه‌ها

Table 4. Mean of traits in different clusters

صفات	Traits	میانگین کل Total mean	میانگین کلاستر اول First cluster mean	میانگین کلاستر دوم Second cluster mean	میانگین کلاستر سوم Third cluster mean	میانگین کلاستر چهارم Fourth cluster mean
تعداد غلاف	Pod No./Plant	34.69	35.69a	34.10a	32.59a	36.36a
وزن دانه (گرم)	Grain weight (g)	26.43	26.32b	26.12b	25.14b	28.14a
وزن دانه و غلاف (گرم)	Grain and Pod weight (g)	38.60	37.91b	39.40ab	35.28c	41.80a
وزن غلاف (گرم)	pod weight (g)	12.17	11.59b	13.27a	10.15c	13.66a
نسبت وزن دانه به غلاف	Grain weight/ Pod weight	2.24	2.31ab	2.02c	2.50a	2.11bc
وزن صد دانه (گرم)	100 grain weight (g)	38.43	37.80a	40.08a	36.08a	39.76a
طول دانه (میلی متر)	Grain length Mm	23.56	24.12a	23.23ab	22.36b	24.52a
عرض دانه (میلی متر)	Grain width (mm)	17.77	17.82ab	18.21a	17.77ab	17.27c
نسبت طول به عرض دانه	Grain length/ Grain weight	1.33	1.36a	1.28b	1.26b	1.42a
عملکرد غلاف (گرم)	Pod yield (g)	620.12	607.38bc	629.82b	533.09c	893.52a
عملکرد دانه (گرم)	Grain yield (g)	1034.73	1017.37bc	1047.86ab	893.52c	1180.18a
عملکرد کل (گیلوگرم/هکتار)	Total yield (kg/ha)	414.61	409.99ab	418.03ab	360.42c	469.98a



شکل ۱- دندوگرام ژنوتیپ‌های بادام زمینی مورد مطالعه بر اساس روش حداقل واریانس وارد  
Figure 1. Dendrogram for peanut genotypes based on ward least variance method



## References

- Aalami, A., Abdollahi Mandoulakani, B., Esfahani, M. and Mozaffari, J.** (2007). Assessment of genetic diversity in groundnut (*Arachis hypogaea* L.) germplasm using morphological traits. *Iran. Journal. Crop Science*, **8**: 357-367 (InPersian).
- Badigannavar, A.M., Kale, D.M. and Murty, G.S.S.** (2002). Genetic base and diversity in groundnut genotypes. *Plant Breeding*, **121**: 348-355.
- Bhargavi, G., Rao, V., Babu, D., Rao, K.** (2017). Character association and path coefficient analysis of pod yield and yield components in Virginia bunch groundnut (*Arachis hypogaea* L.). *Electronic Journal of Plant Breeding*, **8**: 262-268.
- Burton, G.W. and Devane, E.** (1953). Estimating heritability in tall fescue (*Festuca arundinacea*) from replicated clonal material. *Agronomy Journal*, **45**: 478-481.
- Dewey, D.R. and Lu, K.** (1959). A correlation and path-coefficient analysis of components of crested wheatgrass seed production. *Agronomy journal*, **51**: 515-518.
- Dwivedi, S.L., Gurtu, S., Chandra, S., Yuejin, W. and Nigam, S.N.** (2001). Assessment of genetic diversity among selected groundnut germplasm. I: RAPD analysis. *Plant Breeding*, **120**: 345-349.
- Ebrahimi, M.A., Mohammadian, R. and Khalili, M.** (2016). Estimation of Genetic Correlation, Heritability and Grouping of Barley Doubled Haploid Lines Based on Indicators Related to Germination Under Salt Stress. *Plant Genetic Researches*, **3(1)**: 29-44.
- Foundra, M.Z., Hernandez, M., Lopez, R., Fernandez, L., Sanchez, A., Lopez, J. and Ravelo, I.** (2000). Analysis of the variability in collected peanut (*Arachis hypogaea* L.) cultivars for the establishment of core collections. *PGR Newsletter*, **137**: 9-13.
- Holbrook, C.C. and Dong, W.** (2005). Development and evaluation of a minicore collection for the U.S. peanut germplasm collection. *Crop Science*, **45**: 1540-1544.
- Holbrook, C.C. and Stalker, H.T.** (2003). Peanut Breeding and Genetic Resources. *Plant Breeding Reviews*, **22**: 297-328.
- Hilu, K.W. and Stalker, H.T.** (1995). Genetic relationships between peanut and wild species of *Arachis* sect. *Arachis*(*Fabacea*): Evidence from RAPDs. *Plant Systematic and Evolution*, **198**: 167-178.
- Janila, P., Nigam, S.N., Pandey, M.K., Nagesh, P. and Varshney, R.K.** (2013). Groundnut improvement: use of genetic and genomic tools. *Frontier Plant Science*, **4**: 23. doi: 10.3389/fpls.2013.00023. PMID: PMC3580887.
- Krapovickas, A. and Gregory, W.C.** (1994). Taxonomy of the genus *Arachis* (Leguminosae). *Bonplandia*, **8**: 1-186.
- Lu, L., Pan, R.Z. and Demski, J.W.** (1988). Analysis of diversity in groundnut. In: Reddy, P. S. (Ed). Groundnut. *Indian Council of Agriculture Research*, New Dehli, IN.
- Nasiri, F.** (2001). *Oil Crop*. Astan Quds Razavi Publication, Mashhad, IR (In Persian).
- Nikoseresht, R. and Najafian, G.** (2016) Genetic diversity and heritability for the selection in bread Wheat lines in Kermanshah. *Journal of Plant Genetic Researches*, **3(1)**: 75-88 (In Persian).
- Sadeghi, S.M. Javid, F. and Noorhosseini Niyaki, S.A.** (2011) Assessment of genetic diversity in peanut (*Arachis hypogaea* L.) genotypes using quantitative traits by cluster analysis method. *Research Journal of Biological Sciences*, **6**: 293-297.
- Soomro, B. and Larik, A.S.** (1981). Inheritance and correlation of pod and seed characters in peanuts. *Genetica Agraria*, **35**: 263-264.
- Upadhyaya, H.D.** (2003). Phenotypic diversity in groundnut (*Arachis hypogaea* L.) core collection assessed by morphological and agronomical evaluations. *Genetic Resources and Crop Evolution*, **50(5)**: 539-550.
- Upadhyaya, H.D., Ortiz, R., Bramel P.J. and Singh, S.** (2003). Development of a groundnut core collection using taxonomical, geographical and morphological descriptors. *Genetic Resources and Crop Evolution*, **50**: 139-148.
- Vange, T. and Maga, T. J.** (2014). Genetic characteristics and path coefficient analysis in ten groundnut varieties (*Arachis hypogaea* L.) evaluated in the Guinea Savannah agro-ecological zone. *African Journal of Agricultural Research*, **9**: 1932-1937.
- Varisai-Muhammad, S., Ramanathan, T. and Ramachandran, M.** (1975). Variation in pod weight of *Arachis hypogaea*. *Plant Breeding*, **45**: 378.
- Zongo, A., Nana, A.T., Sawadogo, M., Konate, A.K., Sankara, P., Ntare, B.R., Desmae, H.** (2017). Variability and Correlations among Groundnut Populations for Early Leaf Spot, Pod Yield, and Agronomic Traits. *Agronomy*, **7(52)**: 2-11.

## Assessment of Genetic Diversity among Peanut (*Arachis hypogaea* L.) Germplasm Using Morphological Traits

Mahtab Samadi Gorji<sup>1,\*</sup>, Ali Zaman Mirabadi<sup>1</sup>, Kambiz Forozzan<sup>2</sup>  
and Mostafa Haghpanah<sup>1</sup>

1-M.Sc., Applied Research and Seed Production center, Oilseeds Research and Development Company, Sari, Iran

2-M.Sc., Applied Research and Seed Production center, Oilseeds Research and Development Company, Tehran, Iran

(Received: September 28, 2017 – Accepted: November 20, 2018)

### Abstract

This experiment was conducted to evaluate genetic diversity in 72 peanut accessions (*Arachis hypogaea* L.), which introduced from seed bank of Australia in training and seed production research center of oilseeds company, Iran. Twelve major morphological traits recorded during 2013 growing season using a randomized complete block design with three replications. The results showed that the difference between genotypes for all traits was significant. In addition, coefficient of phenotypic variation was greater than coefficient of genotypic variation for all traits, indicating the effect of environment on recorded traits. The broad-sense heritability ranged from 80.25% (for seed width) to 99.54% (for 100 seed weight) and was 96.85% for grain yield. The highest phenotypic and genotypic coefficients of variation obtained for the pod weight, thus, it is possible to improve this trait by selection method and this trait could use as a selection index to improve grain yield. Genetic correlation indicated a high significant correlation between grain yield with grain weight and pod yield. The studied genotypes divided to four groups by cluster analysis based on Ward method.

**Keywords:** Peanut, Cluster analysis, Genetic diversity, Morphological traits

---

\* Corresponding Author, E-mail: msamadi@ordc.ir