ISSN: 2676-7309

Plant Genetic Researches

Volume 10, Issue 1 (2023)

Lorestan University

Research Article

http://dx.doi.org/10.22034/pgr.10.1.5

Evaluating the Genetic Diversity of Iranian Endemic Eggplant Accessions for Some Morphological Traits

Mostafa Khodadadi[1,*], Behzad Sorkhilalehloo[1], Seyed Mohammad Mahdi Mortazavian[2], Jahangir Abbasi Kohpalekani[1], Mahmoud Bagheri[1] and Milad Karbasi[3]

1- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
2- Associate Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding Sciences, Aburaihan Faculty of Agricultural Technology, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Tehran, Iran
3- Former M.Sc. Student, Department of Agronomy and Plant Breeding Sciences, Aburaihan Faculty of Agricultural Technology, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Tehran, Iran

*Corresponding author ✉ : *mkhodadadi@spii.ir*

Citation: **Khodadadi, M., Sorkhilalehloo, B., Mortazavian, S.M.M., Abbasi Kohpalekani, J., Bagheri, M. and Karbasi, M.** (2023). Evaluating the genetic diversity of iranian endemic eggplant accessions for some morphological traits. *Plant Genetic Researches*, **10(1):** 79-94. http://dx.doi.org/10.22034/pgr.10.1.5

(Received: April 3, 2023; Final Revised: June 22, 2023; Accepted: July 4, 2023; Published online: September 21, 2023)

Extended abstract

Introduction

An eggplant belongs to the solanacea family. Previuse researches hilikghted the India and China as genetic variation centers for eggplant. An eggplant distributed around the world and is widely cultivated in Asian countries. Iran rank for area under cultivation and production of eggplant are 8 and 5, respectively. Therefor, Iran is one of the main countries for eggplant production while there have not been developed seed industry for this crop. Genbanks conserve genetic resources for a long terms and conserve to avoid from genetic erosion. Characterization and evaluation eggplant accessions is required to utilize in pre-breeding and crop improvement programs. An objective of this study was evaluation eggplant genetic resources conserved in the National Plant Genbank of Iran.

Materials and methods

Plant material was 168 eggplant accessions provided from the National Plant Genbank of Iran. These accessions were evaluated in the first year of experiment. Acording to results of the first year experiment, 37 accessions and 3 common varieties (Azin, Behrad, Derakhshan) selected for complementary evaluation in the second year experiment. In both years, planting was done in transplant mode. Prepairing seedlings was done in seedling tray for 40 days. All plant growth practices were well done. Transplanting were done when seedlings had 5 true leaves. Planting space was 120 * 40 cm. In preliminary evaluation, qualitative traits including prickle on fruit, prickle on leaf, number of stamens, flower color, fruit color and prickle on flower and quantitative traits including fruit length, fruit initial diameter, fruit midle diameter, fruit end diameter, fruit largest diameter, fruit number and fruit weight were evaluated. In complementary evaluation, traits including days to flowering, days to fruiting, days from flowering to fruiting, leaves per plant, plant height in flowering, fruit number per plot, fruit weight per plot, fruit number per plant, fruit weight per plant, average weight of each fruit, fruit length, fruit diameter, plant height and dry biomass weight were evaluated. Univariate and multivariate analysis of the data were conducted using SAS and SPSS softwares.

Results and discussion

©2023 The author(s). This is an open access article distributed under Creative Commons Attribution 4.0 International License (CC BY 4.0), which permits use, sharing, adaptation, distribution and reproduction in any medium or format, as long as you give appropriate credit to the original author(s) and the source.

The results of the preliminary evaluation showed statistically significant (P<0.01) differences between accessions for all traits. Fruit shape frequencies were rounded (35.89 percent), elongated (32.18 percent), oval (13.67 percent), Semi-elongated (13.15 percent), and mace-shaped (5.11 percent). In the complementary evaluation, there were significant differences between accessions for all traits. Qualitative traits such as flower color (1.56) and fruit shape (1.53) exhibited the highest genetic variation, while fruit color (0.5) showed the lowest. Significant differences between accessions for quantitative traits and high genetic variation for qualitative traits indicate presence of rich gene poolinvolved in controlling these traits. Cluster analysis analysis results revealed four groups for accessions and the highest (22.34) and least (0.12) genetic distances between 1 and 2 and between 7 and 21accessions, respectively. Almost, all rounded fruit type accessions belonged to the second group. Fruit weight per plant showed significant negative genotypic correlation with days to flowering and fruiting while significant positive genotypic correlation with fruit number per plot and fruit weight per plot. Therefor, early flowering and early fruit setting will lead to increase fruit yield per plant and subsequently high overall fruit yield. Factor analysis showed that the first three factors explained 68.06 percent of total variation in data. The first and second factors were related to yield and yield components, respectively. Also, fruit yield traits showed high heritability and there was significant genetic correlation between these traits. Therefore, high heritable and high-scoring traits in these factors should be considered when selecting progenies in segregating populations for improvement in terms of fruit yield and shape.

Conclusions

Overal, this research revealed the significant differences between accessions for quantitative traits and high genetic diversity for qualitative traits as showen by Shanon's genetic diversity index. Fruit shape frequencies were rounded (35.89 percent), elongated (32.18 percent), oval (13.67 percent), Semi-elongated (13.15 percent), and mace-shaped (5.11 percent. Cluster analysis analysis results revealed four groups for accessions. Factor analysis showed that the first three factors explained 68.06 percent of total variation in data. The first and second factors were related to yield and yield components, respectively. Also, fruit yield traits showed high heritability and there was significant genetic correlation between these traits. Therefore, high heritable and high-scoring traits in these factors should be considered when selecting progenies in segregating populations for improvement in terms of fruit yield and shape.

Keywords: Eggplant, Genetic variation, Heritability, Genotypic correlation

پژوهش‌های ژنتیک گیاهی
جلد ۱۰، شماره ۱، سال ۱۴۰۲
شاپا الکترونیکی: ۷۳۰۹-۲۶۷۶
دانشگاه لرستان
مقاله پژوهشی
http://dx.doi.org/10.22034/pgr.10.1.5

بررسی تنوع ژنتیکی نمونه‌های بادمجان بومی ایران از لحاظ برخی صفات مورفولوژیکی

مصطفی خدادادی[1*]، بهزاد سرخی لله لو[1]، سید محمدمهدی مرتضویان[2]، جهانگیر عباسی کوهپالکانی[1]، محمود باقری[1] و میلاد کرباسی[3]

۱- استادیار، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج
۲- دانشیار، گروه علوم زراعی و اصلاح‌نباتات، دانشکده فناوری کشاورزی ابوریحان، دانشکدگان کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، تهران
۳-دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، گروه علوم زراعی و اصلاح‌نباتات، دانشکده فناوری کشاورزی ابوریحان، دانشکدگان کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، تهران

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۱/۱۴؛ تاریخ آخرین ویرایش: ۱۴۰۲/۰۴/۰۱؛ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۴/۱۳؛ تاریخ انتشار برخط: ۱۴۰۲/۰۶/۳۰)

چکیده

بادمجان به‌دلیل خواص تغذیه‌ای، یکی از محصولات سبزی صیفی بسیار مهم به‌شمار می‌رود. هدف از این مطالعه بررسی تنوع ژنتیکی بین نمونه‌های ژنتیکی بادمجان موجود در بانک ژن گیاهی ملی ایران بود. به‌منظور انجام این آزمایش در سال اول و در ارزیابی مقدماتی ۱۶۸ نمونه ژنتیکی و در سال دوم و ارزیابی تکمیلی ۴۰ نمونه ژنتیکی بادمجان موجود در بانک ژن گیاهی ملی ایران مورد بررسی قرار گرفتند. در این ارزیابی‌ها تعداد ۲۳ صفت کمی و کیفی ارزیابی شد. در ارزیابی مقدماتی، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه اختلاف آماری معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد برای همه صفات نشان دادند و توزیع فراوانی نمونه‌ها از نظر شکل میوه به‌صورت دلمه‌ای (۳۵/۸۹ درصد)، قلمی (۳۲/۱۸ درصد)، لامپی (۱۳/۶۷ درصد)، نیم‌قلمی (۱۳/۱۵ درصد) و گرزی (۵/۱۱ درصد) بود. در ارزیابی تکمیلی، اثر ژنوتیپ در نمونه‌های مورد مطالعه برای همه صفات معنی‌دار بود. از لحاظ تنوع ژنتیکی در صفات کیفی، بیشترین تنوع در صفات رنگ گل (۱/۵۶) و شکل میوه (۱/۵۳) و کم‌ترین تنوع در رنگ میوه (۰/۵) مشاهده شد. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای چهار گروه شناسایی شد. بیشترین فاصله ژنتیکی بین توده‌های شماره یک و ۲۰ (۲۲/۳۴) و کمترین فاصله بین توده‌های شماره هفت و ۲۱ (۰/۱۲) بود. در تجزیه به عامل‌ها سه عامل اصلی اول ۶۸/۰۶ درصد از تنوع موجود در داده‌ها را توجیه نمود. عامل‌های اول و دوم، به‌عنوان عامل‌های عملکرد و اجزا عملکرد شناخته شدند. همچنین صفات عملکرد میوه دارای وراثت‌پذیری بالا و همچنین همبستگی ژنتیکی معنی‌دار با همدیگر بودند؛ بنابراین با توجه به ضریب صفات مهم در تعیین عامل‌های اول و دوم، انتخاب نتاج در جمعیت‌های در حال تفرق باید هم‌زمان با در نظر گرفتن به‌نژادی برای عملکرد و شکل میوه مورد نظر باشد.

واژگان کلیدی: بادمجان، تنوع ژنتیکی، وراثت‌پذیری، همبستگی ژنوتیپی

* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: **mkhodadadi@spii.ir**

مقدمه

بادمجان گیاهی از خانواده سولاناسه (Solanaceae)، دیپلوئید با تعداد کروموزوم ۲۴ =۲x= ۲n و خودگرده‌افشان می‌باشد که در صورت وجود حشرات در مزرعه مقداری دگرگرده‌افشانی نیز در آن مشاهده می‌شود (Doganlar *et al*., 2002). در بررسی مراکز تنوع ژنتیکی توسط واویلوف (Vavilov, 1951) و لستر و حسن (Lester and Hasan, 1991)، هند و چین به‌عنوان مرکز تنوع بادمجان در نظر گرفته شده است. همچنین هورتادو و همکاران (Hurtado *et al*., 2012) عنوان کردند که منطقه موسوم به Indo-Birmanian محل اهلی شدن بادمجان گونه *Melongena* بوده است و این محل به‌عنوان مرکز تنوع اولیه نیز شناخته می‌شود. خویشاوندان وحشی و همچنین توده‌های محلی بادمجان که بومی آن محل بوده‌اند و یا در گذر زمان در آن محل سازگاری یافته‌اند، پتانسیل بالایی برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی گونه زراعی *Melongena* دارند. بادمجان به‌طور گسترده‌ای در آسیای مرکزی، آسیای شرقی و آسیای جنوب شرقی و تعدادی از کشورهای قاره آفریقا رشد می‌کند (Demir *et al*., 2010). این گیاه در قرن ۱۵ به‌صورت گسترده وارد آمریکا شده است (Kashyap *et al*., 2003) و کشت آن به‌تدریج در آفریقا، اروپای مرکزی و سپس آمریکا گسترش یافته است.

در مطالعه کائوشیک و همکاران (Kaushik *et al*., 2016) تعدادی از نمونه‌های ژنتیکی گونه زراعی با تعدادی از گونه‌های خویشاوند وحشی بادمجان تلاقی داده شدند و برای صفات سازگاری، عملکرد و خصوصیات میوه مورد ارزیابی قرار گرفتند. بر اساس تجزیه آماری چندمتغیره، نتایج آن‌ها نشان داد که نمونه‌ها از لحاظ صفات بررسی شده گونه‌های وحشی و زراعی به‌خوبی از یکدیگر تفکیک شده بودند. هیبریدهای حاصل از تلاقی بین گونه زراعی و گونه وحشی *Solanum insanum* عموماً خصوصیات نزدیک به گونه زراعی را نشان دادند و قدرت هیبریدی آن‌ها در میانه والدهای زراعی و وحشی قرار داشت.

در مطالعه طاهر و همکاران (Taher *et al*., 2017) وضعیت کلکسیون بادمجان در مرکز جهانی سبزیجات از لحاظ منشاء، ترکیب، توزیع و استفاده در به‌نژادی مورد بررسی قرار گرفت. در این مرکز سه گونه زراعی و بیش از ۳۰ خویشاوند وحشی با بیش از ۳۲۰۰ نمونه ژنتیکی از ۹۰ کشور جهان جمع‌آوری شده است. این مرکز در طول ۱۵ سال گذشته منتهی به ۲۰۱۷ میلادی، تعداد ۱۰۰۰۰ نمونه ژنتیکی بادمجان در سطح دنیا توزیع کرده است. در سال‌های اخیر ۱۳۰۰ نمونه از این گیاه از لحاظ صفات عملکرد و کیفیت میوه مورد ارزیابی قرار گرفته است. در مطالعه خالقی و همکاران (Khaleghi *et al*., 2019) تنوع ژنتیکی صفات مورفولوژیک برخی از ارقام محلی بادمجان ایران مورد ارزیابی قرار گرفت. آن‌ها مشاهده کردند که از بین ۲۸ صفت کمی و کیفی مورد بررسی به‌جز در صفات چگالی میوه و درصد ماده خشک برگ تنوع ژنتیکی معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد بین ژنوتیپ‌ها وجود داشت. باقری و کشاورز (Bagheri and Keshavars, 2011) گزینش بر روی رگه‌های خالص از پنج توده بومی بادمجان ایران انجام دادند. در این بررسی پنج توده شامل قلمی ورامین، سیاه نیشابوری، جویبار مازندران، قصری دزفول و سرخون بندرعباس در طی سه سال تحت برنامه گزینش رگه خالص قرار گرفتند و درنهایت ۱۰ رگه برتر از بین آن‌ها گزینش شدند. مرادپور و همکاران (Moradpour *et al*., 2022) پنج بادمجان بومی میناب را در برنامه خالص‌سازی ژنتیکی قرار داده و ۱۵ لاین از آنها استخراج نمودند و در آزمایشی در سه منطقه کرج، میناب و جیرفت پایداری عملکرد آن‌ها را مورد بررسی قرار دادند. در نهایت دو لاین به‌عنوان پایدارترین لاین‌ها از نظر تولید میوه شناخته شدند.

با وجود اینکه ایران از نظر سطح زیر کشت در رتبه ۸ و از نظر میزان تولید میوه بادمجان در رتبه ۵ قرار دارد، مطالعات اندکی در مورد تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم موجود در ایران و همچنین به‌نژادی این گیاه انجام شده است.

وجود تنوع ژنتیکی و وراثت‌پذیری بالا لازمه یک برنامه به‌نژادی موفق است. برآوردهای وراثت‌پذیری می‌تواند در پیش‌بینی پیشرفت ژنتیکی، تهیه جمعیت پایه ژنتیکی و برنامه‌ریزی برای انتخاب غیرمستقیم در کنار انتخاب مستقیم مورد استفاده قرار بگیرد (Holland, 2003; Deepika *et al*., 2021; Kiani *et al*., 2022).

با استفاده از همبستگی ژنتیکی روابط ژنتیکی بین صفات مشخص شده و می‌تواند در انتخاب صفات برای انتخاب مستقیم و غیرمستقیم کمک‌کننده باشد. در این مطالعه تلاش بر این بوده است که تنوع ژنتیکی نمونه‌های بادمجان موجود در بانک ژن گیاهی ملی ایران ارزیابی مقدماتی و سپس نمونه‌های منتخب در ارزیابی تکمیلی مورد بررسی قرار گیرند.

مواد و روش‌ها

به‌منظور انجام این آزمایش ۱۶۸ نمونه ژنتیکی بادمجان موجود در بانک ژن گیاهی ملی ایران مورد بررسی قرار گرفتند. شماره نمونه‌های مورد استفاده در این تحقیق در جدول ۱ آورده شده است. در سال دوم و بر اساس نتایج ارزیابی اولیه، تعداد ۴۰ ژنوتیپ، شامل ۳۷ توده بومی انتخاب و ۳ رقم ایرانی بادمجان با اسامی آذین (دلمه‌ای؛ A)، بهراد (قلمی؛ B) و درخشان (لامپی؛ D) مورد ارزیابی تکمیلی قرار گرفتند (جدول ۱). نمونه‌ها در هر دو سال در اسفندماه در سینی نشاء کشت و به‌مدت ۴۰ روز مراقبت‌های لازم از قبیل آبیاری و تغذیه کودی صورت گرفت. نشاءها در مرحله ۵ برگی و در اوایل اردیبهشت‌ماه به زمین اصلی منتقل شدند. تراکم کشت به‌صورت فاصله بین ردیف‌ها ۱۲۰ سانتی‌متر و فاصله بوته‌ها بر روی ردیف ۴۰ سانتی‌متر اعمال شد. در هر دو آزمایش در طول دوره رشد، عملیات‌های داشت از قبیل آبیاری، مبارزه با آفات و بیماری‌ها و وجین علف‌های هرز به نحو مطلوب انجام گرفت.

صفات مورد بررسی در آزمایش ارزیابی اولیه شامل صفات کمی از قبیل طول میوه، قطر ابتدای میوه، قطر میانی میوه، قطر انتهای میوه، بیشترین قطر در میوه، تعداد میوه برداشت‌شده و وزن میوه و صفات کیفی از قبیل شکل میوه، خاردار بودن میوه، خاردار بودن برگ، خار بر روی گل، تعداد پرچم، رنگ گل و رنگ میوه بودند. صفات کیفی بر اساس شیوه‌نامه موسسه منابع ژنتیکی گیاهی (International Plant Genetic Resources Institute: IPGRI) ارزیابی شدند (جدول ۲). در ارزیابی تکمیلی صفات مورد بررسی شامل تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا میوه‌دهی، تعداد روز از گلدهی تا میوه‌دهی، تعداد برگ در بوته، ارتفاع بوته در زمان گلدهی، تعداد میوه، وزن میوه، میانگین وزن هر میوه، طول میوه، قطر میوه، ارتفاع نهایی بوته و وزن زیست‌توده خشک در بوته بود. پس از جمع‌آوری داده‌ها، مفروضات مربوط به نرمال بودن توزیع خطاهای آزمایشی و مستقل بودن خطاهای آزمایشی مورد آزمون قرار گرفتند و سپس آماره‌های توصیفی شامل میانگین، حداقل، حداکثر و انحراف معیار برآورد شد.

تنوع صفات کیفی با استفاده از شاخص تنوع شانون و مطابق با رابطه ۱ محاسبه گردید (Shannon, 1948).

$$H' = -\sum [(ni/N) \ln (ni/N)] \qquad \text{(رابطه ۱)}$$

در این رابطه H شاخص تنوع شانون، Ni فراوانی نسبی شناسه iام مورد نظر از یک صفت و ln لگاریتم طبیعی است. برآورد وراثت‌پذیری و ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی به‌ترتیب با استفاده از روش‌های حداکثر درستنمایی محدود شده تک‌متغیره و چندمتغیره انجام شد (Holland, 2003; Holland, 2006).

تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش وارد و بر مبنای ضریب مربع فاصله اقلیدسی انجام شد. تجزیه به عامل‌ها با استفاده از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و دوران عامل‌ها به روش واریماکس انجام شد. با توجه به این‌که این آزمایش در دو مرحله و در دو سال متوالی انجام شده است حجم و نقشه اجرایی طرح در دو سال متفاوت بوده است؛ بنابراین از تجزیه واریانس مرکب و سایر تجزیه و تحلیل‌های دوساله خودداری شد. نرم‌افزارهای مورد استفاده در تجزیه و تحلیل داده‌ها شامل SPSS v. 26، SAS v. 3.1 و Excel v. 2016 بود.

جدول ۱- شماره (کد) نمونه‌های بادمجان بانک ژن گیاهی ملی ایران

Table 1. An eggplant accession number (code) of the Iranian national plant genebank

ردیف Row	TN	ردیف Row	TN	ردیف Row	TN	ردیف Row	TN
1	1	43	43	85	85	127	140
2	2	44	44	86	86	128	141
3	3	45	**45**®	87	87	129	142
4	4	46	46	88	88	130	143
5	5	47	47	89	89	131	**144**
6	6	48	48	90	90	132	145
7	7	49	49	91	91	133	146
8	8	50	50	92	92	134	147
9	9	51	51	93	93	135	150
10	10	52	52	94	94	136	151
11	**11**	53	53	95	**95**	137	152
12	12	54	54	96	96	138	154
13	13	55	55	97	**97**	139	**155**
14	14	56	56	98	**98**	140	158
15	15	57	57	99	**99**	141	158
16	16	58	58	100	100	142	163
17	**17**	59	**59**	101	101	143	165
18	18	60	60	102	102	144	165
19	**19**	61	61	103	103	145	168
20	20	62	62	104	114	146	173
21	**21**	63	63	105	**115**	147	**174**
22	22	64	64	106	116	148	**175**
23	23	65	65	107	119	149	179
24	24	66	**66**	108	120	150	**181**
25	25	67	67	109	121	151	**188**
26	26	68	68	110	122	152	190
27	27	69	69	111	123	153	192
28	28	70	70	112	124	154	**198**
29	**29**	71	71	113	**125**	155	**212**
30	30	72	72	114	126	156	**224**
31	31	73	73	115	127	157	**227**
32	32	74	74	116	128	158	**232**
33	33	75	75	117	129	159	**240**
34	34	76	76	118	130	160	**242**
35	**35**	77	77	119	131	161	**250**
36	36	78	**78**	120	132	162	**262**
37	37	79	79	121	133	163	**265**
38	38	80	80	122	134	164	**266**
39	39	81	81	123	135	165	**267**
40	40	82	82	124	137	166	**276**
41	41	83	83	125	138	167	**278**
42	42	84	84	126	139	168	**8006**

® کدهای با قلم پر رنگ، نمونه‌های انتخاب شده برای ارزیابی تکمیلی می‌باشند.

® Bold codes are selected eggplant accessions for complementary evaluation.

جدول ۲- نحوه اندازه‌گیری صفات کیفی مورد بررسی در بادمجان

Table 2. Measurment description of evaluated qualitative traits in eggplant

صفت Trait	دسته‌بندی Category	توضیحات Description
رنگ گل Flower color	بنفش تیره (Bluish violet; 1)، بنفش کمرنگ (Light violet;2)، بنفش با رگه سفید (Pale violet; 3)، سفید با رگه صورتی (Whigte pinky; 4)	رنگ گلبرگ‌های یک گل Petals of a flower
رنگ میوه Fruit color	بنفش تیره (Bluish violet; 1)، بنفش تیره به‌همراه رگه‌های سفید (Bluish violet with white streaks; 2)، بنفش کمرنگ یا صورتی (Light violet or pink)، بنفش کم‌رنگ به‌همراه رگه‌های سفید (Light violet with white streaks; 4)، سفید (White; 5)	رنگ پوست میوه در مرحله تجاری Fruit colour at commercial rippeness
خار بر روی گل Prickle on flower	دارد (Yes; 1)، ندارد (No; 2)	خار بر روی غلاف گل Prickles on corolla
خار بر روی میوه Prickle on fruit	دارد (Yes; 1)، ندارد (No; 2)	خار بر روی غلاف میوه Prickles on calix
تعداد پرچم (شمارش) Number of stamens (No.)	چهار عدد (Four; 1)، پنج عدد (Five; 2)، شش عدد (Six; 3)، هفت عدد (Seven; 4)	تعداد پرچم‌های موجود در یک گل Number of stamens in a flower
خار بر روی سطح زیرین برگ (شمارش) Leaf under surface Prickles (No.)	یک یا شدت کم (One or Low density; 1)، دو یا شدت متوسط (Two or medium density; 2)، سه یا شدت زیاد (Three or high density; 3)	

نتایج و بحث

ارزیابی اولیه: با توجه به اینکه باقی‌مانده خطاهای آزمایشی دارای توزیع نرمال نبودند؛ بنابراین از تجزیه به روش MIVQUE0 (Minimum Variance Quadratic Unbiased Estimators) با استفاده از آزمون کای-اسکور برای بررسی فرض وجود تفاوت ژنتیکی بین نمونه‌ها استفاده گردید. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه اختلاف آماری معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد از نظر صفات طول میوه، قطر ابتدای میوه، قطر میانی میوه، قطر انتهای میوه، بزرگ‌ترین قطر میوه، تعداد میوه برداشت‌شده و وزن میوه نشان دادند (جدول ۳). فراوانی تنوع شکل میوه‌های بادمجان در نمونه‌های مورد بررسی شامل دلمه‌ای (۳۵/۸۹ درصد)، قلمی (۳۲/۱۸ درصد)، لامپی (۱۳/۶۷درصد)، نیم‌قلمی (۱۳/۱۵ درصد) و گرزی (۵/۱۱ درصد) بود. همچنین بر اساس سایر صفات کیفی شکل میوه، خاردار بودن میوه، خاردار بودن برگ، خار بر روی گل، تعداد پرچم، رنگ گل و رنگ میوه نیز تنوع قابل‌ملاحظه‌ای در بین نمونه‌های بادمجان مشاهده شد. در جدول ٤ نمونه‌های ژنتیکی که از نظر صفات کیفی دارای بزرگ‌ترین و کوچک‌ترین نمره بودند نشان داده شده است.

به‌منظور انتخاب نمونه‌های متنوع برای ارزیابی تکمیلی، شدت گزینش ۲۰ درصد در نظر گرفته شد و بر این اساس تعداد ۳۷ نمونه ژنتیکی انتخاب گردید (جدول ۱). برای انتخاب این نمونه‌ها صفات کمی و کیفی مدنظر قرار داده شدند. برای صفات کمی تجزیه خوشه‌ای به روش وارد انجام شد. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای ٤ گروه تشکیل شد که به‌ترتیب شامل ۲۹، ۱۷، ۳۲ و ۲۲ درصد از نمونه‌ها بودند. همچنین بیشینه و کمینه نمره صفات کیفی نیز لحاظ گردید و ۱٦/۲۱ درصد از نمونه‌های منتخب از میان نمونه‌های دارای نمره‌های بیشینه و کمینه برای صفات کیفی بودند.

جدول ۳- تجزیه واریانس با استفاده از آماره کای-اسکور در صفات مورد مطالعه در نمونه‌های بادمجان

Table 3. Analysis of variance through chi-squre statistics for traits evaluated in eggplant accessions

منبع تغییرات Source of variation	درجه آزادی df	مقدار آماره کای-اسکور Chi-squar statistic value						
		FL	FID	FMD	FED	FLD	FN	FW
تکرار Replication	1	0.13	0.02	0.75	0.75	0.48	8.72*	3.67
بلوک (تکرار) Block (Replicarion)	14	21.39	30.60*	21.63	45.9**	22.91	9.46	11.95
نمونه Accession	167	242.95**	256.84**	415.12**	393.40**	396.57**	247.64**	355.07**

FL: طول میوه؛ FID: قطر ابتدای میوه؛ FMD: قطر میانی میوه؛ FED: قطر انتهای میوه؛ FLD: بیشترین عرض در میوه، FN: تعداد میوه؛ W: وزن میوه

FL: fruit length; FID: fruit initial diameter; FMD: fruit midle diameter; FED: fruit end diameter; FLD: fruit largest diameter; FN: fruit number; FW: fruit weight

جدول ٤- شماره نمونه‌های ژنتیکی بادمجان منتخب از نظر بیشینه و کمینه صفات مورفولوژیکی

Table 4. Accession number of selected eggplants for maximum and minimum values of the morphological traits

آماره Statistic	خار بر روی میوه Prickle on fruit	خار بر روی برگ Prickle on leaf	تعداد پرچم Number of stamens	رنگ گل Flower color	رنگ میوه Fruit color	خار بر روی گل Prickle on flower
بیشینه Maximum	96	131	190	89	125	168
	48	103	145	2	165	158
	7	97	143	122	102	76
	74	96	179	158	56	85
	52	93	173	129	154	163
کمینه Minimum	69	17	21	134	41	60
	68	16	20	37	25	25
	68	15	19	24	37	41
	67	14	18	124	36	55
	54	11	9	25	165	139

ارزیابی تکمیلی: صفات زراعی و مورفولوژیکی به‌طور گسترده در مطالعات مربوط به بررسی تنوع ژنتیکی در گیاهان به‌کار گرفته می‌شوند. علت اصلی رواج این صفات در مقایسه با نشانگرهای مولکولی، سهولت استفاده، کم‌هزینه بودن و نمایان بودن مستقیم آن‌ها می‌باشد (Bernousi *et al.*, 2011). نه‌تنها حفظ و حراست از تنوع موجود بین گونه‌های گیاهی به‌منظور جلوگیری از فرسایش ژنتیکی امری حیاتی می‌باشد (Bernousi *et al.*, 2011) بلکه بهبود محصول در برنامه‌های به‌نژادی نیازمند وجود تنوع در منابع گیاهی است، که این مهم به کمک برآورد تنوع ژنتیکی و بررسی روابط بین مجموعه‌های ژرم‌پلاسمی مورد مطالعه مهیا می‌شود (Portis *et al.*, 2018).

آماره‌های توصیفی حداقل، حداکثر، میانگین و انحراف معیار صفات بررسی شده در ارزیابی تکمیلی در جدول ۵ آورده شده است. بر اساس این آماره‌ها، به‌ترتیب تنوع ۱۲، ۹ و ۱۳ روزه بین ژنوتیپ‌ها برای تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا میوه‌دهی و تعداد روز از گلدهی تا میوه‌دهی وجود داشت. همچنین تعداد میوه و ارتفاع بوته دارای بیشترین انحراف معیار بودند. وزن زیست‌توده خشک، میانگین وزن هر میوه و وزن میوه در بوته به‌ترتیب بیشترین ضریب تغییرات را نشان دادند که تأییدکننده وجود تنوع ژنتیکی بالا برای این صفات در نمونه‌های بادمجان مورد بررسی است.

جدول ۵- آماره‌های توصیفی مربوط به صفات مورد مطالعه در نمونه‌های بادمجان

Table 5. Descriptive statistics of evaluated traits in eggplant accessions

صفت Trait	کمینه Minimun	بیشینه Maximum	میانگین Mean	انحراف معیار Standard deviation	ضریب تغییرات (٪) Coeficient of variation (%)
تعداد روز تا گلدهی (روز) Days to flowering (d)	86	98	92.5	3.07	3.32
تعداد روز تا میوه‌دهی(روز) Days to fruiting (d)	100.5	109	103.58	2.07	2.00
تعداد روز از گلدهی تا میوه‌دهی (روز) Days from flowering to fruiting (d)	4	17	11.08	2.89	26.08
تعداد برگ در بوته (شمارش) Leaves per plant (No.)	12.5	49.5	26.26	6.7	25.51
ارتفاع بوته در زمان گلدهی (سانتی‌متر) Plant height in flowering (cm)	21	43	31.17	5.23	16.78
تعداد میوه در کرت (شمارش) Fruit number per plot (No.)	27.5	81.5	53.88	14.43	26.78
وزن میوه در کرت (کیلوگرم) Fruit weight per plot (kg)	6.08	24	12.37	4.25	34.36
تعداد میوه در بوته (شمارش) Fruit number per plant (No.)	4.6	14.6	9.8	2.6	26.53
وزن میوه در بوته (کیلوگرم) Fruit weight per plant (kg)	1.01	4.3	2.24	0.77	34.38
میانگین وزن هر میوه (کیلوگرم) Average weight of each fruit (kg)	0.11	0.68	0.23	0.09	39.13
طول میوه (سانتی‌متر) Fruit length (cm)	9.45	34.6	19.4	4.5	23.20
قطر میوه (سانتی‌متر) Fruit diameter (cm)	5.65	20.7	8.45	2.82	33.37
ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)	68	128.5	97.28	14.31	14.71
وزن زیست‌توده خشک (کیلوگرم) Dry biomass weight (kg)	0.96	4.09	2.02	0.77	38.12

تنوع ژنتیکی بادمجان در موارد متعددی به کمک روش‌های مبتنی‌بر مطالعات مورفولوژیکی برآورد شده است. به‌عنوان نمونه فلاحی و همکاران (Fallahi *et al.*, 2022) تنوع ژنتیکی ۱۷ ژنوتیپ بادمجان را از لحاظ ۱۶ صفت مورفولوژیکی مورد بررسی قرار دادند و به این نتیجه رسیدند که برخی از ژنوتیپ‌های مورد مطالعه پتانسیل به‌نژادی برای دستیابی به والدهای هیبرید را داشتند. در مطالعه‌ای دیگر مت سلیمان و همکاران (Mat Sulaiman *et al.*, 2020) تنوع ژنتیکی ۲۹ نمونه ژنتیکی بادمجان را از لحاظ صفات زراعی و مورفولوژیکی مورد بررسی قرار دادند و بر اساس تجزیه خوشه‌ای ۶ گروه از ژنوتیپ‌ها تشکیل گردید.

نتایج تجزیه واریانس صفات مورفولوژیکی در بررسی توده‌های بادمجان مورد مطالعه در جدول ۶ آورده شده است. همان‌طورکه ملاحظه می‌شود اثر ژنوتیپ در ژرم‌پلاسم مورد مطالعه در تمامی صفات به‌جز تعداد روز تا میوه‌دهی، تعداد روز از گلدهی تا میوه‌دهی و تعداد برگ در بوته در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار بود و این سه صفت در سطح احتمال ۵ درصد اختلاف بین ژنوتیپ‌ها را نشان دادند. این نتایج نشان دهنده آن است که انتخاب ژنوتیپ‌ها برای ارزیابی تکمیلی به‌طور مناسبی انجام شده است و ژنوتیپ‌های انتخاب شده دارای تنوع و اختلاف ژنتیکی بالایی بودند. برآوردهای وراثت‌پذیری صفات بر اساس میانگین خانواده بین ۰/۲۶ تا ۰/۹۹ و بر اساس فرد بین ۰/۰۷ تا ۰/۹۹ متغیر بود. به‌جز صفات تعداد روز تا میوه‌دهی، تعداد روز تا گلدهی و تعداد برگ در بوته که دارای وراثت‌پذیری بر اساس خانواده پایین بود، سایر صفات دارای وراثت‌پذیری بالا بودند. همچنین صفت تعداد روز تا گلدهی تا میوه‌دهی نیز دارای وراثت‌پذیری بر اساس نتاج، پایین بود و سایر صفات دارای وراثت‌پذیری بالایی بودند. صفاتی که دارای وراثت‌پذیری بر اساس میانگین خانواده بالایی بودند امید به انتخاب نمونه‌های دارای پتانسیل برای ادامه به‌نژادی در آن‌ها بالا است و در مورد صفاتی که وراثت‌پذیری بر اساس نتاج نیز بالا است، نشان دهنده وجود تنوع ژنتیکی بین نتاج درون نمونه‌ها است؛ بنابراین انتخاب درون نمونه‌ها نیز می‌تواند منجر به پیشرفت ژنتیکی شود.

همبستگی ژنوتیپی و فنوتیپی صفت وزن میوه در بوته به‌عنوان مهم‌ترین صفت با سایر صفات برآورد گردید و مشخص شد که این صفت با صفات تعداد روز تا گلدهی و میوه‌دهی رابطه ژنوتیپی و فنوتیپی منفی و معنی‌دار و با صفات تعداد میوه در بوته، تعداد میوه در کرت و وزن میوه در کرت همبستگی ژنوتیپی و فنوتیپی مثبت و معنی‌داری نشان می‌دهد (جدول ۷). با توجه به ارتباط مثبت این صفات با وزن میوه در بوته و همبستگی منفی صفات روز تا گلدهی و میوه‌دهی با وزن میوه در بوته، می‌توان نتیجه گرفت که زود گلدهی و متعاقب آن تشکیل زودهنگام میوه و همچنین تعداد بیشتر میوه منجر به افزایش عملکرد در بوته و متعاقباً افزایش عملکرد در واحد سطح خواهد شد. ارتباط ژنوتیپی و فنوتیپی صفت تعداد میوه در بوته با سایر صفات مشابه با صفت وزن میوه در بوته بود. صفت تعداد روز تا میوه‌دهی با صفات فنولوژیکی روز تا گلدهی و روز از گلدهی تا میوه‌دهی مثبت و معنی‌دار و با تعداد و وزن میوه در کرت و وزن میوه در بوته منفی و معنی‌دار بود.

نتایج تجزیه صفات کیفی نیز نشان دهنده وجود تنوع بالا برای این صفات در ژرم‌پلاسم انتخاب شده برای ارزیابی تکمیلی است. صفات کیفی شامل رنگ میوه، رنگ گل، تعداد خار بر روی برگ، تعداد خار بر روی گل، شکل میوه، خار بر روی میوه در مرحله تجاری، تعداد پرچم و عادت رشدی گیاه در توده‌های بادمجان بودند. توزیع فراوانی توده‌های بادمجان برای حالت‌های مختلف صفات کیفی در جدول ۸ آورده شده است. همان‌طور که مشاهده می‌شود ۲۵ درصد از میوه‌های نمونه‌ها به شکل نیم‌قلمی، ۱۷/۵ درصد به شکل لامپی، ۱۵ درصد به شکل نیم‌قلمی سبز، ۳۲ درصد به شکل قلمی و ۱۰ درصد به شکل دلمه‌ای بودند. ۵۲ درصد از نمونه‌ها دارای برگ‌های بدون خار و ۴۸ درصد دارای برگ‌های خاردار هستند که از این میان ۲۲/۵ درصد دارای تعداد خار بسیار کم، ۱۵ درصد دارای شدت متوسط در تعداد خار و ۱۰ درصد دارای شدت زیاد در تعداد خار بر روی برگ بودند. رنگ گل در نمونه‌ها به‌صورت بنفش پررنگ خالص (۱۲/۵ درصد)، بنفش پررنگ به‌همراه رگه‌های سفیدرنگ (۲۵ درصد)، بنفش کم‌رنگ یا صورتی‌رنگ (۱۷/۵ درصد)، صورتی‌رنگ به‌همراه رگه‌های سفید (۳۰ درصد) و درنهایت گل‌های سفیدرنگ خالص (۱۵ درصد) مشاهده شد.

جدول ٦ – نتایج تجزیه واریانس و وراثت‌پذیری عمومی صفات کمی در نمونه‌های بادمجان مورد بررسی

Table 6. Analysis of variance and broad sense heritability for quantitative traits in evaluated eggplant accessions

منبع تغییرات Source of variation	تکرار replication	بلوک (تکرار) Block(Replication)	ژنوتیپ Genotype	خطا Error	وراثت‌پذیری بر اساس میانگین خانواده Heritability on family mean basis	وراثت‌پذیری بر اساس فرد Heritability on individual basis
درجه آزادی df	1	6	38	30		
تعداد روز تا گلدهی Days to flowering	9.80	4.26	18.03**	7.53	0.37(0.67)	0.11(0.27)
دهی‌تعداد روز تا میوه Days to fruiting	12.98	4.75	14.83*	8.02	0.26(0.85)	0.07(0.27)
تعداد روز از گلدهی تا میوه‌دهی Days from flowering to fruiting	0.22	6.25	8.35	7.50	0.73(0.20)	0.36(0.23)
تعداد برگ در بوته Leaves per plant	387.7**	50.39	76.99*	38.8	0.44(0.57)	0.13(0.27)
ارتفاع بوته در زمان گلدهی Plant height in flowering	217.32**	25.59	56.13**	13.83	0.90(0.06)	0.65(0.16)
تعداد میوه در کرت Fruit number per plot	81.47	19.14	388.83**	35.39	0.99(0.005)	0.95(0.02)
وزن میوه در کرت Fruit weight per plot	0.184	0.22	28.52**	0.25	0.99(0.001)	0.99(005)
تعداد میوه در بوته Fruit number per plant	0.02	0.002	0.93**	0.011	0.95(0.03)	0.81(0.09)
وزن میوه در بوته Fruit weight per plant	0.001	0.0001	0.016**	0.001	0.97(0.014)	0.89(0.06)
میانگین وزن هر میوه Average weight of each fruit	0.3	0.22	15.66**	.217	0.99(0.006)	0.96(0.019)
طول میوه Fruit length	0.53	0.25	37.74**	0.55	0.99 (0.002)	0.98(0.01)
قطر میوه Fruit diameter	2082.5	1163.9	3372.3**	500.9	0.99(0.001)	0.98(0.007)
ارتفاع بوته Plant height	0.031	0.04	0.85**	0.03	–	–

* و **: به‌ترتیب نشان دهنده معنی‌داری در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد

* and **: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

جدول ۷- ضرایب همبستگی ژنوتیپی و فنوتیپی بین صفات مهم عملکردی و سایر صفات در نمونه‌های بادمجان

Table 7. Genotypic and phenotypic coefficients of correlation between main traits of yield and other traits in eggplant accessions

صفات Traits	وزن میوه در بوته Fruit weight per plant		تعداد میوه در بوته Fruit number per plant		تعداد روز تا میوه‌دهی Days to fruiting	
	ژنوتیپی (خطای استاندارد) Genotypic (SE)	فنوتیپی (خطای استاندارد) Phenotypic (SE)	ژنوتیپی (خطای استاندارد) Genotypic (SE)	فنوتیپی (خطای استاندارد) Phenotypic (SE)	ژنوتیپی (خطای استاندارد) Genotypic (SE)	فنوتیپی (خطای استاندارد) Phenotypic (SE)
تعداد روز تا گلدهی (روز) Days to flowering (d)	-0.64(0.15)	-0.43(0.10)	-0.84(0.13)	-0.54(0.09)	0.46(0.61)	0.45(0.09)
تعداد روز از گلدهی تا میوه‌دهی (روز) Days from flowering to fruiting (d)	0.40(0.21)	0.22(0.12)	-1.3(1.57)	-0.35(0.10)	-0.19(0.94)	0.36(0.10)
تعداد برگ در بوته (شمارش) Leaves per plant (No.)	0.29(0.21)	0.16(0.13)	0.51(0.21)	0.26(0.12)	-0.55(0.89)	-0.17(0.11)
ارتفاع بوته در زمان گلدهی(سانتی‌متر) Plant height at flowering (cm)	-0.08(0.22)	0.02(0.14)	-0.18(0.24)	-0.07(0.14)	-0.07(0.56)	-0.03(0.12)
تعداد میوه در کرت (شمارش) Fruit number per plot (No.)	0.50(0.13)	0.46(0.11)	0.99(0.03)	0.88(0.03)	-1.4(1.75)	-0.39(0.09)
وزن میوه در کرت (کیلوگرم) Fruit weight per plot (kg)	0.92(0.02)	1.0(0.015)	0.45(0.14)	0.39(0.12)	-1.02(1.24)	-0.29(0.10)
میانگین وزن هر میوه (کیلوگرم) Average weight of each fruit (kg)	0.61(131.8)	0.53(113.3)	-0.35(4.06)	-0.32(3.5)	0.25(5.63)	0.06(1.3)
طول میوه (سانتی‌متر) Fruit length (cm)	-0.39 (0.15)	-0.32(0.13)	-0.15(0.17)	-0.08(0.14)	0.81(1.10)	0.12(0.11)
قطر میوه (سانتی‌متر) Fruit diameter (cm)	-0.31(0.15)	-0.25(0.14)	-0.48(0.15)	-0.35(0.12)	0.58(0.86)	0.08(0.11)
تعداد روز تا میوه‌دهی (روز) Days to fruiting (d)	-0.97(1.19)	-0.28(0.11)	-1.3(1.58)	-0.36(0.10)		
وزن میوه در بوته (کیلوگرم) Fruit weight per plant (kg)			0.48(0.14)	0.57(0.10)	-0.97(1.19)	-0.27(0.10)
تعداد میوه در بوته (شمارش) Fruit number per plant (No.)	0.57(0.098)	0.48(0.14)				

مقادیر جدول t استیودنت دو دامنه برای سطوح احتمال ۱ درصد و ۵ درصد با درجه آزادی ۳۰ به‌ترتیب برابر با ۲/۷۵ و ۲/۰٤ است. ضرایب همبستگی‌های ژنوتیپی و فنوتیپی بزرگ‌تر از SE×۲/۷۵ و SE×۲/۰٤ به‌ترتیب در سطوح احتمال ۱ درصد و ۵ درصد معنی‌دار هستند.

t-student table value for two tail 1% and 5% levels of probability 30 freedom are 2.75 and 2.04, respectively. Phenotypic and genotypic coefficients of correlation higher than 2.75 × SE (rp or rg) and 2.04 × SE (rp or rg) are significant at 1% and 5% levels of probability, respectively. SE: standard error

بیشترین فراوانی گل با تعداد پرچم مشاهده شده در گل‌های آماده گرده‌افشانی پنج عدد با فراوانی ٤۲/۵ درصد، تعداد پرچم شش عدد با فراوانی ۳۷/۵ درصد، تعداد پرچم هفت عدد با فراوانی ۱۵ درصد و درنهایت گل‌هایی با چهار عدد پرچم با فراوانی ۵ درصد بودند. برای وضعیت خار بر روی غلاف میوه، ٤۷/۵ درصد از نمونه‌ها دارای میوه‌های در زمان برداشت تجاری فاقد خار بر روی غلاف انتهایی خود بودند و ۵۲/۵ درصد نیز با غلاف‌های خاردار مشاهده شده است. ۸۰ درصد از نمونه‌ها دارای میوه‌های برداشت‌شده با رنگ مشکی و ۲۰ درصد از توده‌ها دارای رنگ سبز به‌همراه رگه‌های رنگی بودند. ۵۰ درصد از نمونه‌ها دارای عادت رشدی بالارونده، ۲۵ درصد دارای عادت رشدی متوسط، ۲۲/۵ درصد دارای عادت رشدی رونده ۲/۵ درصد دارای عادت رشدی کوتاه بودند.

جدول ۸- توزیع فراوانی و ضریب تنوع شانون برای صفات کیفی در نمونه‌های بادمجان مورد مطالعه

Table 8. Frequency and Shanon's diversity coefficient for qualitative traits in evaluated eggplant accessions

صفت Trait	فراوانی Frequency	درصد فراوانی Frequency percent	ضریب تنوع شانون Shanon's diversity coefficien
شکل میوه Fruit Shape	نیم‌قلمی (Semi-elongated; 4€) – لامپی (Oval; 13) – نیم‌قلمی سبز (Green semi-elongated; 6) – قلمی (elongated; 7) – دلمه‌ای (Rounded; 10)	25; 17.5; 15; 32.5; 10	1.53
خار بر روی برگ (شمارش) Prickle on leaf (No.)	فاقد خار (No prickle; 21) – شدت کم (Low density; 9) – شدت متوسط (Medium density; 6) و شدت زیاد (High density; 4)	10; 15; 22.5; 52.5	1.19
خار بر روی گل Prickle on flower	دارا بودن (Yes; 40)	100	0
رنگ گل Flower color	بنفش تیره (Bluish violet; 5)- بنفش تیره به همراه رگه‌های سفید (Bluish violet with white streaks; 10)- صورتی (Pink; 7)- صورتی با رگه های سفید (Pink with white streaks; 12)- سفید (White; 6)	15; 30; 17.5; 25; 12.5	1.56
رنگ میوه Fruit color	مشکی یا بنفش تیره (Black or violet, 32)- سبز به همراه رگه‌های رنگی (Green with colourel streaks, 8)	20; 80	0.5
تعداد پرچم (شمارش) Number of stamens (No.)	هفت عدد (Seven; 6)- شش عدد (Six; 15)- پنج عدد (Five; 17)- چهار عدد (Four; 2)	5; 42.5; 37.5; 15	1.17
خار بر روی میوه (شمارش) Prickle on fruit (No.)	دارد (Yes; 21)- ندارد (No; 19)	47.5; 52.5	0.69
عادت رشدی Growth habit	بالارونده (Erect; 20)- رونده (Prostrate; 9)- کوتاه (Short; 1)- متوسط (Intermediate; 10)	25; 2.5; 22.5; 50	1.12

€ اعداد داخل پرانتز فراوانی هر طبقه از صفت را نشان می‌دهد.

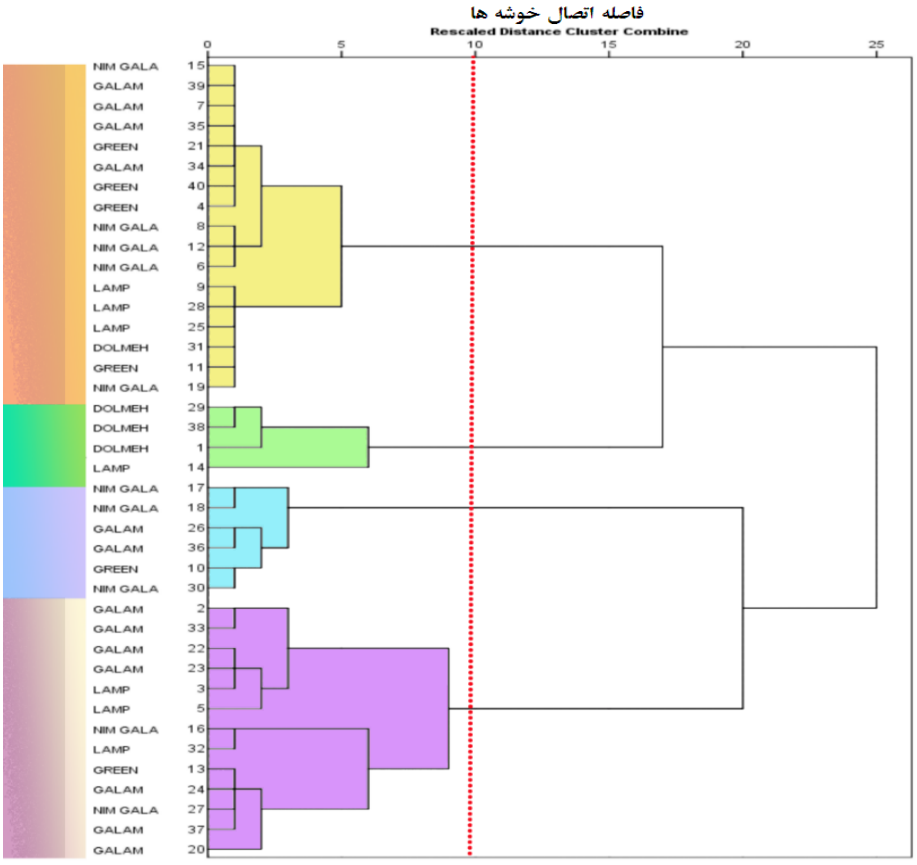
€ Numbers within the parentheses indicate the frequency of each category.

در مطالعه‌ای مشابه مشخص شد که اکثر نمونه‌های بادمجان مورد مطالعه دارای گل‌هایی با پنج عدد پرچم بودند و بیشترین تعداد پرچم مشاهده شده هفت عدد و کمترین تعداد پرچم چهار عدد بود (Oladosu *et al*., 2021). از نمونه‌های بدون خار بر روی غلاف میوه و همچنین نمونه‌هایی که دارای عادت رشدی ایستاده هستند می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی برای توسعه ارقام مخصوص گلخانه و فضای باز بهره جست. به‌منظور برآورد میزان تنوع موجود بین نمونه‌ها از نظر این صفات کیفی از شاخص تنوع شانون برای برآورد ضریب تنوع استفاده شد. همان‌طور که در جدول ٦ مشاهده می‌شود بیشترین تنوع مشاهده شده مربوط به صفات رنگ گل (۱/٥٦) و شکل میوه (۱/۵۳) بود. کم‌ترین تنوع در رنگ میوه (۰/۵) مشاهده شد. البته توده‌های مورد بررسی از نظر خار بر روی گل نشان ندادند، به‌طوری که تمامی گل‌ها دارای خار بودند. مونگای و همکاران (Mungai *et al*., 2016) در پژوهشی نمونه‌های ژنتیکی جمع‌آوری شده از کشورهای آفریقایی را تعیین مشخصات مورفولوژیکی نمودند. آن‌ها بر اساس شاخص تنوع شانون گزارش نمودند که تنوع ژنتیکی بالایی بین نمونه‌های بادمجان آفریقایی از نظر صفات کیفی وجود داشت به‌طوری که صفات عادت رشد بوته، رنگ میوه و شکل میوه به‌ترتیب ضریب تنوع شانون برابر با ۱، ۰/۹۵ و ۰/۹۹ را داشتند. از تنوع موجود در صفات کیفی مانند صفات مربوط به رنگ و شکل میوه می‌توان در به‌نژادی برای بازارپسندی، صفات ایستاده بودن و بدون خار بودن برگ‌ها در به‌نژادی برای عملیات داشت و صفاتی مانند بدون خار بودن غلاف میوه با هدف به‌نژادی برای عملیات برداشت استفاده کرد. بوته‌های ایستاده از تماس میوه

با زمین و فاسد شدن جلوگیری کرده و برداشت را آسان‌تر می‌کند. همچنین غلاف میوه بدون خار برداشت میوه را آسان‌تر و بازارپسندی بالایی دارد.

برای بررسی میزان تنوع ژنتیکی بین نمونه‌های انتخاب شده برای ارزیابی تکمیلی از تجزیه خوشه‌ای با استفاده از صفات کمی استفاده شد. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای چهار گروه شناسایی شد (شکل ۱). برای تعیین خط برش از تجزیه تابع تشخیص استفاده گردید. در گروه‌بندی انجام شده نوع تیپ بادمجان از نظر شکل میوه نیز آورده شده است. به‌جز نمونه ۳۱ که دارای تیپ دلمه‌ای بود و در گروه ۱ قرارگرفته بود، سایر نمونه‌های دلمه‌ای (۱، ۱٤، ۲۹ و ۳۸) در گروه دوم قرار گرفتند. در مورد سایر تیپ‌های میوه، نمونه‌ها از لحاظ صفات کمی طبقه‌بندی مشخصی نداشتند. بیشترین فاصله ژنتیکی بین توده شماره یک و ۲۰ (۲۲/۳۳۷) و کمترین فاصله بین توده شماره هفت و ۲۱ (۰/۱۲٤) بود. برای بهره‌برداری از این تنوع ژنتیکی با توجه به ماهیت محصول باید به تیپ میوه توجه شود و صرفاً فاصله بیشتر ژنتیکی نمی‌تواند ملاک انجام دورگ‌گیری و بررسی تفرق قرار گیرد؛ به‌طوری که نمونه ۱ از نوع بادمجان دلمه و نمونه ۲۰ از نوع قلمی است و دورگ‌گیری بین آن‌ها ممکن است منجر به نتاج با شکل‌های میوه متنوع و بدون بازارپسندی گردد. مشابه با مطالعه حاضر، کائور و همکاران (Kaur *et al.*, 2021) ۱۱۰ نمونه ژنتیکی بادمجان را برای ۱۲ صفت مورفولوژیکی مورد بررسی قرار دادند و پس از تجزیه خوشه‌ای ۱۱ گروه تشکیل و پیشنهاد شد که از نمونه‌های ژنتیکی داخل گروه‌های با بیشترین فاصله ژنتیکی برای پیشبرد برنامه‌های به‌نژادی استفاده گردد.

در کنار تجزیه تنوع ژنتیکی برای بهره‌گیری در به‌نژادی لازم است عامل‌های مؤثر و مهم برای به‌نژادی شناسایی شوند تا در برنامه‌های گزینش و ارزیابی مدنظر قرار گیرند. در همین راستا تجزیه به عامل‌ها ابزار مناسبی برای درک ارتباط بین صفات مورد مطالعه و شناسایی عامل مؤثر است. بر اساس نتایج تجزیه به عامل‌ها سه عامل اصلی که دارای مقادیر ویژه بیشتر از یک بودند شناسایی شدند (جدول ۹).



شکل ۱- تجزیه خوشه‌ای نمونه‌های بادمجان مورد بر اساس صفات کمی

Figure 1. Cluster analysis of eggplant accessions based on quantitative traits

جدول ۹- مقادیر ویژه و ضرایب بار عاملی در نمونه‌های بادمجان

Table 9. Eigenvalues and factor loading scors in eggplant accessions

صفت Trait	1	2	3
تعداد برگ در بوته (شمارش) Leaves per plant (No.)	-0.02	**0.589¥**	-0.02
ارتفاع بوته در زمان گلدهی (سانتی‌متر) Plant height at flowering (cm)	0.007	0.072	**0.817**
تعداد روز تا گلدهی (روز) Days to flowering (d)	-0.139	**-0.833**	0.161
تعداد میوه (شمارش) Fruit number (No.)	0.053	**0.882**	0.054
وزن میوه در کرت (کیلوگرم) Fruit weight per plot (kg)	**0.842**	0.46	0.158
ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)	0.031	-0.112	**0.863**
وزن زیست‌توده خشک (کیلوگرم) Dry biomass weight (kg)	0.42	0.162	-0.413
میانگین وزن هر میوه (کیلوگرم) Average weight of each fruit	**0.844**	-0.281	0.147
وزن میوه در بوته (کیلوگرم) Fruit weight per plant (kg)	**0.824**	0.49	0.009
طول میوه (سانتی‌متر) Fruit length (cm)	**-0.604**	0.092	0.272
مقدار ویژه Eigenvalue	2.664	2.402	1.734
واریانس توجیه شده (٪) Explained variance (%)	26.645	24.025	17.336
واریانس توجیه شده تجمعی (٪) Cumulative explained variance (%)	26.645	50.670	68.006

¥: اعداد برجسته نشاندهنده ضرایب بیشتر از مقدار ۰/۵ و تاثیر گذار در عامل‌ها هستند.

¥: Indicates the coefficient values higher than 0.5 and effective in factors

این سه عامل در مجموع ٦٧/٠٦ درصد از تنوع موجود در داده‌ها را توجیه نمودند. عامل اول با توجیه ٢٦/٦ درصد از تنوع داده‌ها، از لحاظ صفات میانگین وزن هر میوه (٠/٨٤٤)، وزن کل میوه (٠/٨٤٢)، میانگین وزن میوه در بوته (٠/٨٢٤) و طول میوه (٠/٦٠٤-) دارای مقادیر بزرگ‌تری بود. عامل دوم با توجیه ٢٤/٠٢ درصد از تغییرات داده‌ها بیشترین ضرایب را از لحاظ صفات تعداد میوه (٠/٨٨٢)، تعداد روز تا گلدهی (٠/٨٣٣-) و تعداد برگ در بوته (٠/٥٨٩-) داشت. این دو عامل می‌توانند به‌ترتیب به‌عنوان عامل‌های عملکرد و اجزا عملکرد در نظر گرفته شوند. عامل سوم با توضیح ١٧/٣٣ درصد از تغییرات داده‌ها و داشتن ضرایب بالا از لحاظ صفات ارتفاع نهایی بوته (٠/٨٦٣) و ارتفاع در زمان شروع گلدهی (٠/٨١٧) به‌عنوان عامل ارتفاع بوته نام گرفت. در عامل اول با توجه به ضرایب مثبت برای میانگین وزن هر میوه، وزن کل میوه و میانگین وزن میوه در بوته و ضریب منفی برای طول میوه می‌توان نتیجه گرفت که نمونه‌های با تیپ میوه دلمه‌ای و لامپی و نیم‌قلمی به‌ترتیب تأثیرگذاری بیشتری از نمونه‌های دارای میوه قلمی و دراز داشته است؛ بنابراین در انتخاب بر اساس این عامل برحسب اینکه برنامه به‌نژادی به سمت محصول با تیپ میوه دلمه‌ای باشد یا قلمی، به‌ترتیب انتخاب نتاج با میوه‌های کوتاه‌تر (گردتر) و درازتر (قلمی) لحاظ خواهد شد. بر اساس نتایج عامل دوم که در تکمیل عامل اول قرار دارد نمونه‌هایی که دارای پتانسیل شروع زودهنگام گلدهی دارای پتانسیل عملکرد میوه بالاتری هم بودند. در مطالعه‌ای کومار و همکاران (Kumar *et al.*, 2016) ٣٣ ژنوتیپ بادمجان را مورد بررسی قرار دادند و با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی تنوع موجود بین نمونه‌ها را به تصویر کشیدند. نتایج آن‌ها نشان داد که ٦ مؤلفه اول ٨٠/٦١ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه نموده و صفات زمان گلدهی، محیط میوه، قطر میوه، محتوای فنل کل، طول میانگره، شاخص سطح برگ، عملکرد میوه در بوته و میانگین وزن میوه بیشترین سهم را در توجیه این تغییرات داشتند.

References

Bagheri, M. and Keshavars, S. (2011). Selection inbred lines from five eggplant accessions (*Solanum melongena*) of Iran. *Iranian Journal of Horticulture Science and Technology*, **12:** 77-84.

Bernousi, I., Emami, A., Tajbakhsh, M., Darvishzadeh, R. and Henareh, M. (2011). Studies on genetic variability and correlation among the different traits in *Solanum lycopersicum* L. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, **39:** 152-158.

Deepika, K., Lavuri, K., Rathod, S., Yeshala, C., Jukanti, A., Narender Reddy, S. and Badri, J. (2021). Multivariate analysis of geographically diverse rice germplasm for genetic improvement of yield, dormancy and shattering-related traits. *Plant Genetic Resources*, **19(2):** 144-152.

Demir, K., Bakır, M., Sarıkamış, G. and Acunalp, S. (2010). Genetic diversity of eggplant (*Solanum melongena*) germplasm from Turkey assessed by SSR and RAPD markers. *Genetics and Molecular Research*, **9:** 1568-1576.

Doganlar, S., Frary, A., Daunay, M.C., Lester, R.N. and Tanksley, S.D. (2002). A comparative genetic linkage map of eggplant (*Solanum melongena*) and its implications for genome evolution in the Solanaceae. *Genetics*, **161:** 1697-1711.

Fallahi, F., Abdossi, V., Bagheri, M., Ghanbari Jahromi, M. and Mozafari, H. (2022). Genetic diversity analysis of Eggplant Germplasm from Iran: assessments by morphological and SSR markers. *Molecular Biology Reports*, **49:** 11705-11714.

Holland, J.B. (2003). Estimating and interpreting heritability for plant breeding: An update, *Plant Breeding Reviews*, **22:** 9-112.

Holland, J.B. (2006). Estimating genotypic correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc Mixed. *Crop Science*, **46:** 642-654.

Hurtado, M., Vilanova, S., Plazas, M., Gramazio, P., Fonseka, H.H., Fonseka, R. and Prohens, J. (2012). Diversity and relationships of eggplants from three geographically distant secondary centers of diversity, *PLoS One*. **7:** 41748.

Kashyap, V., Kumar, S.V., Collonnier, C., Fusari, F., Haicour, R., Rotino, G.L., Sihachakr, D. and Rajam, M.V. (2003). Biotechnology of eggplant, *Scientia Horticulturae*, **97(1):** 1-25.

Kaur, S., Sidhu, M.K. and Dhatt, A.S. (2021). Genetic diversity analysis through cluster constellation in brinjal (*Solanum melongena* L.). *Genetika*, **53:** 629-640.

Kaushik, P., Prohens, J., Vilanova, S., Gramazio, P. and Plazas, M. (2016). Phenotyping of eggplant wild relatives and interspecific hybrids with conventional and phenomics descriptors provides insight for their potential utilization in breeding. *Frontiers in Plant Science*, **7:** 677.

Khaleghi, S., Mobli, M., Baninasab, B. and Majidi, M.M. (2019). Study of Variation of Yield and Morphological Traits of Some Local Varieties of Iran's Eggplant (*Solanum melongena* L.). *Journal of Crop Production and Processing*, **9:** 15-32 (In Persian).

Kiani, D., Ghodrati, G. and Mansouri, S. (2022). Evaluation of genetic diversity for phonological and grain yield-related traits of sesame (*Sesamum indicum* L.) in the dashtestan region with multivariate statistical methods. *Plant Genetic Researches*, **9:** 99-116 (In Persian).

Kumar, S.R., Arumugam, T. and Ulaganathan, V. (2016). Genetic diversity in eggplant germplasm by principal component analysis. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, **48:** 162-171.

Lester, R.N. and Hasan, S.M.Z. (1991). Origin and Domestication of the Eggplant, *Solanum melongena*, from *Solanum incanum*, in Africa and Asia. In: Hawkes, J.G., Lester, R.N., Nee, M., Estrada, N. Eds., *Solanaceae III*: *Taxonomy-Chemistry-Evolution*. pp. 369–387. Royal Botanical Gardens Kew, London, UK.

Mat Sulaiman, N.N., Rafii, M.Y., Duangjit, J., Ramlee, S.I., Phumichai, C., Oladosu, Y., Datta, D.R. and Musa, I. (2020). Genetic variability of eggplant germplasm evaluated under open field and glasshouse cropping conditions. *Agronomy*, **10:**436.

Mungai, G.W., Giovanonni, J.J., Nyende, A.B., Ambuko, J. and Owino, W. (2016). Phenotypic characterization of selected African eggplant accessions collected from a number of African countries. *International Journal of Agricultural Sciences*, **6:** 1048-1058.

Moradpour, J., Ahmadi, H., Bagheri, M. and Goudarzi, D. (2022). Evaluation of stability and adaptability in the selected lines of some Iranian eggplant (*Solanum melongena* L.) by AMMI and GGE Biplot methods. *Plant Genetic Researches*, **9:** 135-146 (In Persian).

Oladosu, Y., Rafii, M.Y., Arolu, F., Chukwu, S.C., Salisu, M.A., Olaniyan, B.A., Fagbohun, I.K. and Muftaudeen, T.K. (2021). Genetic diversity and utilization of cultivated eggplant germplasm in varietal improvement. *Plants*, **10:** 1714.

Portis, E., Lanteri, S., Barchi, L., Portis, F., Valente, L., Toppino, L., Rotino, G.L. and Acquadro, A. (2018). Comprehensive characterization of simple sequence repeats in eggplant (*Solanum melongena* L.) genome and construction of a web resource. *Frontiers in Plant Science*, **9:** 401.

Shannon, C. (1948). A mathematical theory of communication. *Bell System Technical Journal*, **27:** 379-423.

Taher, D., Solberg, S., Prohens, J., Chou, Y., Rakha, M. and Wu, T. (2017). World vegetable center eggplant collection: origin, composition, seed dissemination and utilization in breeding. *Frontiers in Plant Science*, **8:** 1484.

Vavilov, N.I. (1951). The origin, variation, immunity and breeding of cultivated plants. *Chronica Botanica*, **13:** 1-364.