

عنوان مقاله:

بررسی تنوع ژنتیکی برخی از ژنوتیپ های سیاه دانه (*Nigella sativa* L.) با استفاده از صفات مورفولوژیکی و زراعی

محل انتشار:

مجله تحقیقات گیاهان دارویی و معطر ایران، دوره 29، شماره 1 (سال: 1392)

تعداد صفحات اصل مقاله: 14

نویسندگان:

مریم السادات سلامتی - کارشناس ارشد، دانشگاه پیام نور، زواره

حسین زینلی - استادیار، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان اصفهان

خلاصه مقاله:

این تحقیق به منظور بررسی تنوع ژنتیکی و روابط بین صفات مورفولوژیک در ۲۱ ژنوتیپ سیاه دانه (*Nigella sativa* L.) در قالب یک طرح کاملا تصادفی با چهار تکرار انجام شد. صفات مورفولوژی شامل عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیکی، تعداد فولیکول در بوته، تعداد دانه در فولیکول، وزن هزاردانه، تعداد انشعاب های ساقه، وزن فولیکول، ارتفاع بوته و شاخص برداشت بود. براساس نتایج تجزیه واریانس، اختلاف ژنوتیپ های مورد مطالعه برای کلیه صفات بجز شاخص برداشت در سطح احتمال ۱% معنی دار بود. ضرایب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی برای بیشتر صفات بالا بود، که نشان از تنوع بالا در صفات مورد بررسی داشت. دامنه تغییرات عملکرد دانه در بین ژنوتیپ های مورد بررسی از ۳۴/۶۳ گرم در ژنوتیپ شیراز تا ۳۶/۱۴۷ گرم در ژنوتیپ زابل ۱ متغیر بود. برآورد ضرایب همبستگی بین صفات نشان داد که عملکرد دانه در بوته با صفات عملکرد بیولوژیک، تعداد دانه در فولیکول، ارتفاع بوته، تعداد انشعاب های ساقه و شاخص برداشت همبستگی مثبت و بالایی دارد. تجزیه و تحلیل رگرسیون مرحله ای برای عملکرد دانه نشان داد که صفات عملکرد بیولوژیک، تعداد دانه در فولیکول، تعداد انشعاب های ساقه و شاخص برداشت به ترتیب وارد مدل شدند و ۹۵% تغییرات عملکرد دانه را توجیه نمودند. براساس ضرایب مسیر صفت عملکرد بیولوژیک و تعداد دانه در فولیکول بالاترین اثر مستقیم را بر عملکرد دانه داشتند. تجزیه عامل ها سه عامل پنهانی را معرفی نمود که در مجموع ۱۲/۹۴% از واریانس بین صفات را بیان نمودند. این عامل ها با توجه به اجزای تشکیل دهنده آنها به ترتیب عامل بهره وری (عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک)، عامل اجزای عملکرد (تعداد انشعاب های ساقه و تعداد فولیکول در بوته) و عامل خصوصیات فولیکول (وزن فولیکول و تعداد دانه در فولیکول) نامیده شدند. براساس تجزیه خوشه ای ۲۱ ژنوتیپ مورد مطالعه در سه گروه مختلف قرار گرفتند و اختلاف های چشمگیری به ویژه برای میزان عملکرد، تعداد فولیکول در بوته و تعداد دانه در فولیکول در بین گروه ها وجود داشت. بنابراین می توان از طریق تلاقی بین ژنوتیپ های برتر خوشه های مختلف و آزمون نتایج آنها از طریق برنامه های به نژادی و انتخاب نسبت به تولید ارقام با خصوصیات زراعی مطلوب اقدام نمود.

کلمات کلیدی:

Nigella sativa L، تجزیه خوشه ای، تنوع ژنتیکی، ضریب همبستگی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1286377>

