Vol. 7, No. 1, Spring & Summer, 2026, p. 109-128

Plant Production and Genetics

https://doi.org/10.22034/plant.2026.145369.1193

Morphological evaluation of long-day onion (*Allium cepa* L.) cultivars for identification and commercialization

Saeed Amini*[1], Mohammad Reza Jazayeri Noushabadi[1], Leila Yari[1]

1. Seed and Plant Certification and Registration Research Institute (SPCRI), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

*Corresponding Author Email: s.amini@areeo.ac.ir

Abstract

Introduction: Onion (*Allium cepa* L.) with chromosome number (2n=2x=16) is a bulbous crop, belongs to Alliaceae family and order Asparagales. It is the second most lucrative vegetable crop globally, after tomato. A detailed understanding of phenotypic variation is required to improve breeding efficiency and trait selection. Testing for distinctivness, uniformity, and stability (DUS) is required prior to the release for protection of novel cultivars' intellectual property rights. Furthermore, detailed morphological assessment is required to discover the distinguishing characteristics of each cultivar.

Materials and Methods: Experiment was conducted in the spring and summer (2023/2024) at the Seed and Plant Certification and Registration Institute (SPCRI), Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO) in Karaj, Iran, using a complete randomized block design with two replications. This study conducts a detailed examination of the DUS morphological features of twelve onion hybrid cultivars, using quantitative and visual characteristics to identify and commercialization/registeration biological differences. A modified UPOV (The International Union for the Protection of New Varieties of Plants) descriptive term list was used to explore thirty-twoss features of diverse organs such as plant, foliage, leaf, pseudostem, and bulb qualities. The DUS test was developed to identify, organize, and protect commercial cultivars having specific superior traits. The Spearman rank correlation analysis was performed to determine the correlations between various DUS traits. Principal component analysis (PCA) was applied on 26 polymorphic test traits to determine their primary traits. The phenotypic data were further used for calculating standardized Euclidean distance matrix and constructing dendrogram using SR Plot website.

Results: PCA and clustering revealed considerable genetic difference among long-day onion cultivars. The eigenvalues associated with the main components reflect their relevance to specific traits. The PCA results showed that the first seven main components, which had eigenvalues greater than one, collectively accounted more than 90.64% of the overall variability observed in 12 cultivars for DUS characteristics. The first two components accounted for 51.30% variability. PC1 accounted for 30.96% variability, and PC2 for 20.40%. Correlation analysis revealed the highest positive correlation between color of the bulb base dry skin and hue of color of dry skin on the bulb (r=0.97), and the highest negative correlation between bulb diameter and height/diameter of the bulb (r=-0.76).

Ward clustering based on usual Euclidean distances for the polymorphic morphological markers grouped the cultivars into four major clusters, indicating the high diversity level present among the cultivars. This analysis revealed three multi- and one mono-genotypic clusters of the cultivars. Cluster I had two cultivars (Hitit and Kilgarsalan). Cluster II had one cultivar (White Valencia) and cluster III had four cultivars (Belmar, Calista, Tucanon and PX07713119). Cultivars like Red Amposta, MT120, Dolaney, Redmoon and Surin were grouped in cluster IV

Conclusion: The study identified genetically diverse cultivars, establishing a solid foundation for targeted selection and breeding. The findings offer critical insights for selecting high-performing genotypes appropriate for cultivation and emphasizes the significance of thorough phenotyping in revealing the genetic capabilities of long-day onions and designing crop improvement programs for sustainable agriculture and food security.

Keywords: Cluster analysis, Long-day Onion cultivars, Morphological evaluation, Principal Component Analysis, Spearman rank correlation,

Received: 29-01-2026 **Accepted:** 26-03-2026

Citation: Amini, S., Jazayeri Noushabadi, M. R., & Yari, L. (2026). Morphological evaluation of long-day onion (*Allium cepa* L.) cultivars for identification and commercialization. *Plant Production and Genetics*, *7*(1), 109-128. https://doi.org/10.22034/plant.2026.145369.1193

Copyrights:

Copyrights rights for this article is retained by the author (s), with publication rights granted to Plant Production and Genetics. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (http://creativecommons.org/licenses/by/4.0), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

جلد ۷، شماره ۱، بهار و تابستان ۱۴۰۵، صفحات ۱۲۸-۱۰۹

تولید و ژنتیک گیاهی

https://doi.org/10.22034/plant.2026.145369.1193

ارزیابی مورفولوژیک ارقام پیاز (*Allium cepa* L.) روز بلند به‌منظور شناسایی و تجاری‌سازی

سعید امینی*[۱]، محمدرضا جزائری نوش‌آبادی[۱]، لیلا یاری[۱]

۱. مؤسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

*ایمیل نویسنده مسئول: s.amini@areeo.ac.ir

چکیده

مقدمه: پیاز با نام علمی (*Allium cepa* L.) گیاهی (۲n=۲x=۱۶) و سوخ‌دار از خانواده Alliaceae و راسته Asparagales است، این محصول پس از گوجه‌فرنگی، دومین محصول پردرآمد سبزی و صیفی در جهان است. درک دقیقی از تنوع فنوتیپی برای بهبود کارایی به‌نژادی و انتخاب صفت مورد نیاز است. آزمایش تمایز، یکنواختی و پایداری (تیپ) پیش از رهاسازی رقم برای نگهداری از حق مالکیت فکری ارقام جدید ضروری است. ارزیابی دقیق مورفولوژیک برای شناسایی صفات متمایز هر رقم نیاز است.

مواد و روش‌ها: این آزمایش در بهار و تابستان ۱۴۰۲ و ۱۴۰۳ در موسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال (SPCRI)، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی (AREEO) در کرج، ایران، در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار انجام شد. این پژوهش صفات مورفولوژیک آزمون تیپ ۱۲ رقم دورگ (هیبرید) پیاز روز بلند را بررسی دقیقی می‌کند و از صفات قابل اندازه‌گیری (کمی) و مشاهده‌ای (کیفی) برای شناسایی و ثبت/ تجاری‌سازی تفاوت‌های زیستی استفاده می‌کند. از فهرست تغییر یافته صفات UPOV (اتحادیه بین‌المللی حفاظت از ارقام جدید گیاهی) برای ارزیابی ۳۲ صفت از اندام‌های مختلف مانند گیاه، شاخساره، برگ، شبه‌ساقه و سوخ استفاده شد. آزمون تیپ برای شناسایی، ساماندهی و نگهداری از ارقام تجاری دارای صفات برتر خاص توسعه یافته است. تحلیل همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن برای تعیین همبستگی بین صفات مختلف آزمون تیپ انجام شد. تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی (PCA) بر روی ۲۶ صفت آزمایشی چندشکل برای تعیین صفات اصلی آنها انجام شد. داده‌های فنوتیپی برای محاسبه ماتریس فاصله اقلیدسی استاندارد و رسم دندروگرام با استفاده از تارنمای SR Plot انجام شد.

نتایج: تجزیه و تحلیل مولفه‌های اصلی (PCA) و خوشه‌بندی، تفاوت ژنتیکی قابل توجهی را بین این ارقام پیاز روز بلند نشان داد. مقادیر ویژه مرتبط با اجزای اصلی، ارتباط آنها را با هر یک از صفات نشان می‌دهد. نتایج تجزیه و تحلیل مولفه‌های اصلی (PCA) نشان داد که هفت مولفه اصلی اول که مقادیر ویژه بزرگتر از یک داشتند، در مجموع بیش از ۹۰/۶۴ درصد از کل تنوع مشاهده شده در ۱۲ رقم برای صفات آزمون تیپ را تشکیل می‌دهند. دو مولفه اول ۵۱/۳۰ درصد تنوع را تشکیل دادند. مولفه اول، ۳۰/۹۶ درصد و مولفه دوم، ۲۰/۴۰ درصد از تنوع را تشکیل دادند. بر اساس تحلیل همبستگی رتبه اسپیرمن، بیشترین همبستگی مثبت ما بین رنگ اصلی پوست خشک سوخ و تمایل رنگی پوست خشک سوخ (r=۰/۹۷) و بیشترین همبستگی منفی ما بین قطر سوخ و نسبت ارتفاع به قطر سوخ (r=-۰/۷۶) وجود داشت. خوشه‌بندی با روش Ward بر اساس فواصل اقلیدسی معمول در صفت‌های مورفولوژیکی چندشکل، ارقام را در چهار خوشه اصلی گروه‌بندی کرد که نشان‌دهنده میزان بالای تنوع موجود در بین ارقام است. این تجزیه و تحلیل سه خوشه چند ژنوتیپی و یک خوشه تک ژنوتیپی از ارقام ایجاد کرد. در خوشه اول، دو رقم (Hitit و Kilgarsalan)، در خوشه دوم، یک رقم (White Valencia) و در خوشه سوم چهار رقم (Belmar، Calista، Tucanon و PX07713119) قرار گرفت. ارقام RedAmposta، MT120، Dolaney، Redmoon و Surin در خوشه چهارم گروه‌بندی شدند.

نتیجه‌گیری: بر اساس نتایج این پژوهش، ارقام متنوع ژنتیکی شناسایی شده و اساس بنیادین برای گزینش و به‌نژادی اصلاح هدفمند ایجاد شد. این یافته‌ها دیدگاه‌های کلیدی را برای گزینش ژنوتیپ‌های دارای عملکرد بالا و مناسب برای کشت و اهمیت ارزیابی دقیق فنوتیپی در شناسایی ظرفیت ژنتیکی ارقام پیاز روز بلند و طراحی برنامه‌های به‌نژادی گیاهی برای تحقق هدف کشاورزی پایدار و امنیت غذایی را برجسته می‌کند.

کلید واژگان: ارزیابی مورفولوژیک، ارقام پیاز روز بلند، تحلیل مولفه‌های اصلی، تحلیل کلاستر، همبستگی رتبه اسپیرمن

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۱۱/۰۹ **تاریخ پذیرش**: ۱۴۰۵/۰۱/۰۶

منبع: امینی، س.، جزائری نوش‌آبادی، م. ر.، و یاری، ل. (۱۴۰۵). ارزیابی مورفولوژیک ارقام پیاز (*Allium cepa* L.) روز بلند به‌منظور شناسایی و تجاری‌سازی، *مجله تولید و ژنتیک گیاهی*، ۷ (۱)، ۱۲۸-۱۰۹. https://doi.org/10.22034/plant.2026.145369.1193

CC BY

مقدمه

پیاز با نام علمی (*Allium cepa* L.) گیاهی دیپلوئید (۲*n*=۲*x*=۱۶)، دگرگشن، دو ساله، گلدار و سوخ‌دار از خانواده Alliaceae و راسته Asparagale است (Santhiya *et al.*, 2026). این محصول پس از گوجه‌فرنگی، دومین محصول پردرآمد سبزی و صیفی در جهان است. این گیاه بومی آسیای مرکزی است و ارزش اقتصادی آن به‌دلیل استفاده در آشپزی، خواص تغذیه‌ای و تقویت سلامتی است. همچنین این گیاه به‌دلیل عطر و طعم جذابی که دارد به ملکه آشپزخانه نیز مشهور است. پیاز بیشترین ظرفیت اقتصادی را در بین گونه‌های جنس Allium دارد، به‌طوری‌که حدود ۷۰ درصد از سهم بازار جهانی این جنس را در بر می‌گیرد (FAOSTAT, 2022). این جذابیت و ترجیح جهانی به محصول پیاز احتمالاً به‌دلیل خواص تغذیه‌ای این محصول که سرشار از فلاونوئیدهای غذایی و ترکیبات کوئرستین است، ارتباط دارد (Slimestad *et al.*, 2007; Chalbi *et al.*, 2022). خواص دارویی این گیاه غالبا به‌دلیل وجود ترکیبات گوگردی در سوخ آن ایجاد می‌شود و اثرات اشک‌آور، ضد سرطان، آنتی‌بیوتیک، ضد کلسترول و کمک کننده قلبی-عروقی ایجاد می‌کند (Pérez-Gregorio *et al.*, 2010; Chalbi *et al.*, 2023). پیاز همچنین دارای اثر هیپولیپیدمیک و ضد پلاکتی است و ترومبوز را به تأخیر می‌اندازد (Griffiths *et al.*, 2002).

تولید جهانی پیاز حدود ۱۱۱ میلیون تن در سطحی حدود شش میلیون هکتار است (FAOSTAT, 2023). بر اساس آمار فائو در سال ۲۰۲۳، ایران پس از کشورهای هندوستان، چین، مصر، آمریکا، ترکیه، بنگلادش و نیجر که به‌ترتیب بزرگترین کشورهای تولیدکننده پیاز در جهان هستند در رتبه هشتم تولید این محصول قرار دارد و حدود دو میلیون تن محصول پیاز را از سطح زیر کشت حدود نیم میلیون هکتار تولید می‌کند (FAOSTAT, 2023). میزان عملکرد بالای این محصول در کشورهای بزرگ تولیدکننده این محصول به‌دلیل تجاری‌سازی گسترده و کشت ارقام دورگ پیاز است. اکنون، ارقام دورگ F1 عمدتاً در کشورهای با اقلیم معتدل کشت می‌شوند و ارقام گرده افشان آزاد عمدتاً در اقلیم نیمه‌گرمسیری و گرمسیری آسیا و آفریقا کشت می‌شوند (Chikh-Rouhou *et al.*, 2025). به‌نژادگران پیاز عمدتاً بر صفات سوخ از جمله رنگ، شکل، محتوی محلول جامد، طعم و تندی در گسترش ارقام دورگ جدید تمرکز دارند. بنابراین، اطلاع دقیق از تنوع ارقام گیاهی و صفات ارقام والدی برای به‌نژادی گیاهی اهمیت دارد زیرا تنوع ارقام گیاهی یک منبع ضروری برای زندگی بشر است (Sudha *et al.*, 2019). روش به‌نژادی تهیه رقم دورگ متداول‌ترین روش به‌نژادی در این گیاه است و به‌نظر می‌رسد که اهمیت آن به‌دلیل حفظ حقوق به‌نژادگر، دستکاری ویگور دورگ و سازگاری سریع دورگ‌های F1 در بازار، افزایش هم خواهد یافت (Kwon *et al.*, 2005; Manjunathagowda & Anjanappa, 2020; Manjunathagowda, 2021). منحصر به فرد بودن هر رقم گیاهی با آزمایش تمایز در قالب آزمون تیپ یا DUS[1] تعیین می‌شود و اتحادیه بین‌المللی حفاظت از ارقام جدید گیاهی (UPOV) دستورالعمل‌هایی را برای اکثر گونه‌های گیاهی مهم اقتصادی ارائه کرده است (Liu *et al.*, 2012). شناسایی ارقام گیاهی با استفاده از صفات کلیدی اندام‌های مختلف گیاه موجود در این دستورالعمل‌ها در حفاظت از ارقام گیاهی[2] بسیار اهمیت دارد. یکی از شرط‌های اساسی تجاری‌سازی رقم جدید این است که آن رقم در مقایسه با ارقام موجود متمایز (D) باشد. از این رو برای تامین بذر استاندارد ارقام پیاز مورد نیاز کشاورزان، هر ساله درخواست تجاری‌سازی تعدادی از ارقام پیاز به معاونت شناسایی و ثبت ارقام گیاهی موسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال ارائه می‌شود. پژوهش های مختلفی برای ارزیابی تمایز ژنتیکی در محصول پیاز از طریق صفات ریخت‌شناختی انجام شده است (Gupta *et al.*, 2023). ارزیابی صفات ریخت شناختی غالبا با داده‌های زراعی، فیزیولوژیک و بیوشیمیایی مانند محتوی کاروتنوئیدها همراه شده است (Raj *et al.*, 2022). همچنین، در طی سه سال ارزیابی ۳۰ رقم پیاز مشخص شد که صفات رنگ پوست، فلس و برگ، شکل و ضخامت پوست سوخ در این ارقام متمایز است، اما صفات براقیت برگ، تمایل به ساقه-روی و شکل مقطع سوخ در این ارقام متمایز نیست (Ahmed *et al.*, 2013). در آزمایش دیگری هشت رقم پیاز بر اساس دستورالعمل UPOV ارزیابی شد و نتایج نشان داد که ارقام از نظر صفات ریخت شناختی سوخ متمایز نیستند (Abdelkader *et al.*, 2014). بر اساس نتایج این پژوهش

[1]– Distinctness, Uniformity, Stability

[2]– Protection of plant varieties

رقم Morada بیشترین طول برگ، قطر ساقه کاذب، تعداد برگ و ارتفاع بوته را داشت. رقم Blanc زودرس‌ترین رقم بود که بیشترین وزن و قطر سوخ را داشت و رقم Keep Redبیشترین ارتفاع سوخ را داشت (Morozowska & Hołubowicz, 2009). سوخ‌های پیاز را به سه گروه کوچک (قطر ۵/۳-۴/۲ سانتی‌متر)، متوسط (قطر ۶/۳-۵/۴ سانتی‌متر) و بزرگ (قطر ۸/۵-۶/۴ سانتی‌متر) گروه‌بندی کردند. در پژوهش دیگری تنوع ژنتیکی هشت ژنوتیپ پیاز بر مبنای نشانگرهای مورفو-فیزیولوژیک ارزیابی و تنوع ژنتیکی مناسبی مابین ژنوتیپ‌ها مشاهده شد (Raj *et al.*, 2022). تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی نشان داد که صفات عملکرد (کیلوگرم/کرت)، درجه C سوخ (قطر سوخ بین ۴/۵-۳/۵ سانتی‌متر)، وزن هر سوخ (گرم) و محتوی فنول معیارهای مناسبی برای شناسایی و تمایز ژنوتیپ‌ها است (Gupta *et al.*, 2022). از ۲۴ صفت ریخت شناختی برای آزمون تیپ در ده رقم پیاز روز کوتاه استفاده کردند. صفت‌های ریخت شناختی پراکندگی معنی‌داری داشته و برای تعیین تمایز ارقام پیاز مناسب بودند (Luitel *et al.*, 2023). با بررسی آماری، پراکندگی زیادی در صفت‌های ریخت شناختی مابین ۷۹ توده پیاز مشاهده کردند. ۶۴/۵٪ توده-ها عرض گردن سوخ بزرگ و ۴۴/۳٪ شکل سوخ کروی داشت. بر اساس تجزیه و تحلیل مولفه‌های اصلی وزن سوخ، قطر میانه و انتهای سوخ، ارتفاع بوته و درجه تقسیم سوخ به سوخ‌چه و همچنین رنگ یاخته‌های روپوست فلس سوخ و رنگ پوست تیره سوخ معیارهای مناسبی برای شناسایی تمایز بین توده‌ها بود. توده‌ها بر اساس این صفات به سه گروه مجزا تفکیک شدند. هدف از این پژوهش بررسی وجود تمایز در صفات موجود در آزمون تیپ دوازده رقم پیاز متقاضی تجاری‌سازی با استفاده از تحلیل آماری است که بر اساس آن هدایت برنامه‌ریزی به‌نژادی این محصول و تهیه ارقام جدید دارای صفات مطلوب در فنوتیپ اندام‌های گیاه (از جمله سوخ، شاخساره، برگ، شبه‌ساقه و بوته) امکان‌پذیر خواهد بود. نتایج این تحقیق در تشخیص صفت‌های اختصاصی هر رقم و همچنین تجاری‌سازی و حفظ حقوق مالکیت فکری به‌نژادگران ارقام گیاهی نیز بکار می‌رود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی

بذر ۱۲رقم پیاز روز بلند همراه با اظهارنامه برای اجرای آزمون تیپ توسط شرکت‌های واردکننده بذر به مؤسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال تحویل داده شد. فهرست این ارقام در جدول ۱ ارائه شده است. بذر این ارقام در مزرعه پژوهشی این موسسه در شهر کرج (35° 48′ 29.5″ N, 50° 58′ 18″ E) با ارتفاع ۱۳۵۰ متر از سطح دریا در قالب طرح بلوک کامل تصادفی (RCBD) با دو تکرار در اردیبهشت ماه در دو سال زراعی ۱۴۰۲ و ۱۴۰۳ کشت و ارزیابی شد. بذرهای هر رقم در هر بلوک در یک ردیف به طول ده متر و فاصله ۵۰ سانتی‌متر کشت شد. آبیاری به روش قطره‌ای و کود دهی بر حسب نیاز انجام شد.

آزمون تیپ ارقام پیاز

فهرست صفات آزمون تیپ که براساس دستورالعمل (TG/46/7; TP/46/2)، (UPOV, 2008; CPVO, 2009) در ارقام پیاز ارزیابی شده است، در جدول ۲ نمایش داده شده است. اطلاعات این صفات در ارقام متقاضی تجاری‌سازی بر اساس اصول این دستورالعمل در مرحله رشدی مناسب مشاهده یا اندازه‌گیری (با تجهیزات مقیاسدار، خط‌کش و کولیس دیجیتال با دقت یک صدم میلی‌متر) شده است. به‌منظور بررسی وجود تغییرات در طی سالهای اجرای آزمایش، صفات کیفی مشاهده‌ای در سال دوم نیز بر اساس مشاهده‌های سال نخست مجددا ارزیابی شد و تغییری در این صفات در طی سالها مشاهده نشد. در مورد صفات قابل اندازه‌گیری بیست بوته از هر رقم در طی دو سال به‌طور تصادفی ارزیابی شد. نتایج میانگین دو ساله هر صفت برای تعیین کد آن صفت استفاده شد. بر اساس دستورالعمل مبنای یکنواختی صفات کیفی در این گیاه وجود دو گیاه خارج از تیپ در میان چهل گیاه است. اگر جمعیت یکنواخت باشد، پایدار نیز در نظر گرفته می‌شود (Xu *et al.*, 2023). صفات مرتبط با رنگ با استفاده از نمودار رنگی RHSارزیابی شد.

جدول ۱- فهرست ارقام پیاز روز بلند بررسی‌شده در این پژوهش

رقم		رقم		رقم		رقم	
White Valencia	۱۰	Belmar	۷	Surin	۴	PX07713119	۱
Hitit	۱۱	Red Amposta	۸	Red moon	۵	Calista	۲
Kilgarsalan	۱۲	Tucanon	۹	MT120	۶	Dolunay	۳

تجزیه‌های آماری

صفات کمی و شبه‌کیفی، به کدهای ۹-۱ تبدیل شده و بر اساس شاخص‌های آماری به ۹ امتیاز، امتیاز ۱ < X-2s تا امتیاز ۹ > X+2s تقسیم شده است. هر فاصله امتیاز ۰/۵ انحراف معیار بین یک تا نه امتیاز است. X و s به‌ترتیب نشان دهنده میانگین و انحراف معیار هستند (جدول ۳). تنوع ۳۲ صفت آزمون تیپ در ۱۲ رقم پیاز روز بلند با استفاده از نمودارهای جعبه‌ای توسط بسته Vioplot نرم افزار R نمایش داده شده است. برای هر جفت صفت چند شکل ضریب همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن محاسبه شد. تحلیل پراکنش ارقام با استفاده از تجزیه و تحلیل مؤلفه اصلی و توسط نرم‌افزار XLSTAT انجام شد. تحلیل مولفه‌های اصلی (PCA) ابزار بسیار ارزشمندی برای شناسایی صفات است که در شناسایی تمایز ارقام بر اساس تشابه در یک یا تعداد بیشتری صفت موثر است و امکان گروه‌بندی ارقام بر اساس این گروه‌های متمایز را فراهم می‌کند (Sudeepthi *et al.*, 2019). همچنین دندروگرام داده‌های مورفولوژیک اصلی (استاندارد نشده که در محدوده ۱-۹ یا ۱-۵ یا ۱-۳ قرار دارند) با استفاده از تارنمای SR Plot با روش وارد بر اساس فاصله اقلیدسی ساخته شد. درصد حالت بیان هر یک از صفات آزمون تیپ این آزمایش نیز محاسبه شد (جدول پیوست ۱).

نتایج و بحث

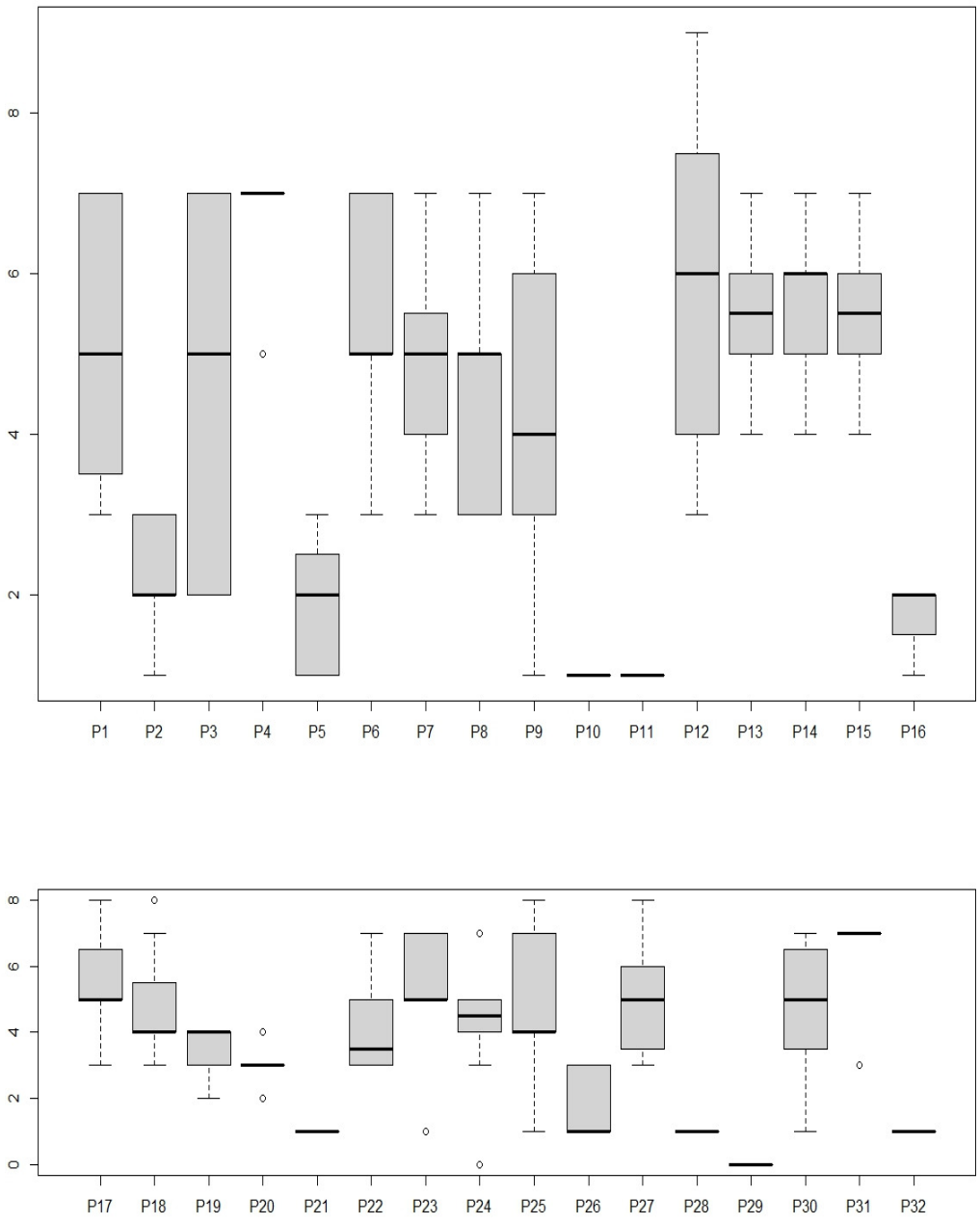
تنوع صفت‌های آزمون تیپ در پیاز روز بلند

دستورالعمل آزمون مورفولوژیکی تیپ برای شناسایی و گروه‌بندی رقم‌های گیاهی استفاده می‌شود. نتایج این پژوهش تنوع مورفولوژیکی قابل توجهی را مابین دوازده رقم پیاز روز بلند نشان داد که نمایانگر تنوع ژنتیکی فراوان در بین این ارقام بود. این تنوع دامنه صفات در ارقام می‌تواند به‌عنوان مبنایی برای انتخاب به‌نژادگران در طی اجرای برنامه‌های مختلف به‌نژادی از جمله برنامه دورگ‌گیری این محصول استفاده شود (Chikh-Rouhou *et al.*, 2022; Bal *et al.*, 2021; Sahoo *et al.*, 2025; Kapoor *et al.*, 2025). اطلاعات تنوع ۳۲ صفت آزمون تیپ این ارقام با استفاده از نمودار جعبه‌ای در شکل ۱ نمایش داده شده است. همچنین نمره و درصد فراوانی هر یک از حالت‌های بیان بدست آمده از ارزیابی هر صفت آزمون تیپ در اندام‌های بوته، شاخساره، شبه‌ساقه، برگ و سوخ در جدول پیوست ۱ ارائه شده است. بیش از هفتاد درصد از صفات آزمون تیپ پیاز روز بلند، صفات اندام سوخ هستند که هدف اصلی زراعت و اندام اقتصادی این گیاه است که بیانگر اهمیت این اندام در ارزیابی تنوع ژنتیکی، شناسایی ارقام و همچنین برنامه‌های به‌نژادی این گیاه نیز هست (جدول ۲). همچنین به‌دلیل تمرکز صفات آزمون تیپ پیاز بر ارزیابی صفات اندام سوخ، از طریق این ارزیابی به‌طور غیرمستقیم عملکرد و صفات مرتبط با عملکرد این گیاه نیز بررسی می‌شوند (Szamosi *et al.*, 2010). بنابراین شناسایی و بهره‌برداری از تنوع ژنتیکی این اندام برای تهیه رقم‌های جدید به‌منظور افزایش عملکرد و کیفیت پیاز نقش کلیدی در برنامه به‌نژادی این گیاه دارد (Bal *et al.*, 2020; Chalbi *et al.*, 2023).

پژوهش‌های مختلفی نیز برای بررسی تنوع مورفولوژیک در ارقام پیاز انجام شده است (Ahmed *et al.*, 2013; Fitriana & Susandarini, 2019; Raj *et al.*, 2022; Gupta *et al.*, 2022; Gupta *et al.*, 2023; Luitel *et al.*, 2023; Sood *et al.*, 2023; Gowd *et al.*, 2023).

از بین صفات کیفی یادداشت شده، شش صفت تمایل به تقسیم به سوخ‌چه‌ها (صفت ۱۰)، درجه تقسیم‌بندی سوخ‌چه‌ها (صفت ۱۱)، چسبندگی پوست خشک پس از برداشت (صفت ۲۱)، تمایل و زمان آغاز ساقه‌روی در آزمون کشت بهاره (صفت‌های ۲۸ و ۲۹) و نر عقیمی (صفت ۳۲) بین ارقام چندشکلی نشان ندادند و حالات تظاهر یکسانی داشتند (شکل ۱).

[1]-Royal Horticultural Society Color Chart



شکل ۱- نمایش نمودار جعبه‌ای ۳۲ صفت آزمون تیپ ارقام پیاز روز بلند مورد بررسی

P1 تا P32 نمایش‌دهنده صفات آزمون تیپ ارقام مورد بررسی است و نام کامل هر صفت در جدول ۲ آورده شده است. حاشیه بالا و پایین هر جعبه نمایش‌دهنده چارک اول و سوم است و خط پر رنگ در هر جعبه نمایش‌دهنده میانه است. دایره کوچک به معنای مقادیر غیر عادی هر صفت است.

رنگ شاخساره تمام ارقام سبز بود و شدت رنگ سبز شاخساره در ده رقم سبز تیره و در دو رقم سبزمتوسط بود. وضعیت شاخساره بین ایستاده تا نیمه‌ایستاده و حدواسط بین این دو حالت مشاهده شد. صفات مومی بودن و خمیدگی شاخساره (P2 و P5) تنوع زیادی داشتند. شکل و رنگ سوخ بر تقاضای بازار و ترجیح مصرف‌کننده تأثیرگذار است. شکل سوخ گرد یا کروی[1] در این پژوهش غالب بود (۸ رقم)، دو رقم شکل بیضی متقاطع متوسط[2] داشتند،

[1]- Circular
[2]-Transverse medium elliptic

شکل‌های بیضی پهن[1] و لوزی[2] هم در یک رقم وجود داشت. در صفت رنگ سوخ، شش رقم رنگ قهوه‌ای، پنج رقم رنگ قرمز و یک رقم رنگ سفید داشت. در بسیاری از بازارهای محلی رنگ سوخ قرمز پیاز بطور سنتی ترجیح داده می‌شود، در حالی که ارقام قهوه‌ای و سفید فرصتی برای ایجاد تنوع در بازارهای اختصاصی و فرآوری این محصول ارائه می‌کنند. حداکثر قطر سوخ در نه رقم در وسط و در سه رقم به سمت انتهای ساقه تمایل داشت و در هیچ یک از ارقام به سمت انتهای ریشه تمایل نداشت. شکل انتهای سوخ در نه رقم گرد، در دو رقم مسطح و در یک رقم Weakly tapered بود. Arya و همکاران (۲۰۱۷) تنوع بالا در صفات ارتفاع گیاه، قطرهای میانی و انتهایی سوخ پیاز، شاخص شکل سوخ و وزن پیاز را در ۲۶ ژرم‌پلاسم پیاز گزارش کردند. در پژوهشی Monpara و همکاران (۲۰۰۵) در ۱۰۶ ژرم‌پلاسم پیاز، تنوع در صفت تمایل به ساقه‌روی (۳۳٫۹٪) گزارش کردند. Hanci & Gokce, (2016) نیز تنوع زیادی (۶۸/۱٪) را در تقسیم به سوخچه‌ها در ارقام مورد مطالعه پیاز گزارش کردند. همچنین Luitel *et al.*, (2023) تنوع در صفات میزان ساقه‌روی، میزان تقسیم به سوخ‌چه، وزن و قطر میانی و انتهایی سوخ را در میان ۱۶ صفت ارزیابی شده مابین ۷۹ رقم گزارش کردند و نتایج مشاهده شده در این سه آزمایش در خصوص وجود تنوع چشمگیر در صفات میزان ساقه‌روی و تقسیم سوخ به سوخ‌چه به میزان متفاوت در ارقام مورد مطالعه، با نتایج ارقام این پژوهش که در این دو صفت تنوع نداشتند، کاملا متمایز است و بیانگر تفاوت چشمگیر در قابلیت‌های ژنتیکی ارقام پیاز بررسی شده از نظر این دو صفت در آزمایش‌های اجرا شده است. بر اساس گزارش‌ها بنظر می‌رسد تفاوت در ساختار و بیان ژن‌های تنظیم‌کننده صفات و سازوکارهای متابولیکی متفاوت ناشی از این معماری متفاوت ژنتیکی در این دو صفت در ارقام هر یک از این آزمایش‌ها منجر به ایجاد دو حالت متمایز در این صفت شده است. به‌طوری‌که در صفت میزان تمایل تقسیم سوخ به سوخچه در گیاه سوسن قرمز (*Lycoris radiata*) محتوی کربوهیدرات‌ها و هورمون‌ها در طی القا و نمو سوخ‌چه تغییر می‌کند و همچنین الگوی بیان ژن‌های موثر در سوخت و ساز کربوهیدرات‌ها، بیوسنتز هومرمون‌ها و پیام‌رسانی مولکولی مجددا برنامه‌ریزی می‌شود. این فرآیند توسط ژن‌های موثر در سوخت‌وساز کربوهیدرات، خصوصا ژن‌های رمزکننده ADP گلوکز پیروفسفوریلاز[3] که یک آنزیم ضروری در مسیر بیوسنتز نشاسته است، انجام می‌شود. در مورد هورمون‌ها، محتوی اکسین، جیبرلیک اسید و آبسیزیک اسید به ترتیب در طی القا و نمو سوخ‌چه افزایش و کاهش نشان داد که با الگوی بیان ژن‌های موثر در بیوسنتز این سه هورمون و همچنین پیام‌رسانی مولکولی آنها همراستا است. همچنین، همراه با افزایش محتوی اکسین، محتوی زئاتین رایبوساید[4] که نوعی سیتوکینین است، کاهش می‌یابد که احتمالا به‌ترتیب توسط کاهش و افزایش بیان ژن‌های مرتبط با بیوسنتز و تخریب هورمون سیتوکینین القا می‌شود (Xu *et al.*, 2020). همچنین، پژوهش‌ها بیانگر آن است که احتمالا در فرایند تنظیم میزان تمایل به ساقه‌روی پیاز نیز، مسیر متابولیک فوتوپریود و بهاره‌سازی موثر هستند، فرایندی که برای برنامه‌ریزی مجدد آن بیان ژن‌های زمان گلدهی (FT[5]) تغییر می‌کند تا فنوتیپ‌های متفاوت این صفت بروز کنند (Baldwin *et al.*, 2014; Verma *et al.*, 2025). با توجه به آنکه صفت‌های تمایل ساقه‌روی و تقسیم به سوخچه‌ها در پیاز، صفات مطلوبی در بازار پسندی، عملکرد زراعی و برنامه‌های اقتصادی به‌نژادی سوخ پیاز نیستند، بنابراین انتخاب ژنوتیپ[6] فاقد صفات ساقه‌روی و تمایل سوخ به تقسیم به‌سوخچه‌ها رویکرد مناسبی در ممانعت از بروز صفات مرتبط با این دو صفت است و از این روی ارقام بررسی شده در این آزمایش که ساقه‌روی ندارند و همچنین تمام بوته‌های آن یک سوخ واحد دارند، ارقام بسیار مناسبی برای پیشبرد برنامه‌های مدرن به‌نژادی این گیاه به سمت اهداف مطلوب زراعی و بازارپسندی است.

[1]- Broad elliptic
[2]-Rhombic
[3]- ADP glucose pyrophosphorylase
[4]- Zeatin riboside
[5]- Flowering Time
[6]- Genotype selection

جدول ۲- فهرست صفات آزمون تیپ در دوازده رقم پیاز روز بلند

	صفت		صفت		صفت		صفت
P1	بوته: تعداد برگ در هر شبه‌ساقه	P9	شبه‌ساقه: حداکثر قطر	P17	سوخ: عرض گردن	P25	سوخ: تمایل رنگ پوست خشک
P2	شاخساره: وضعیت	P10	سوخ: تمایل به تقسیم به سوخ‌چه	P18	سوخ: شکل	P26	سوخ: رنگ اپیدرم فلس
P3	شاخساره: مومی بودن	P11	سوخ: درجه تقسیم به سوخ‌چه	P19	سوخ: شکل انتهای ساقه	P27	سوخ: تعداد نقاط رشد در هر کیلوگرم
P4	شاخساره: شدت رنگ سبز	P12	سوخ: اندازه	P20	سوخ: شکل انتهای ریشه	P28	سوخ: تمایل به ساقه‌روی در کشت بهاره
P5	شاخساره: خمیدگی	P13	سوخ: ارتفاع	P21	سوخ: چسبندگی پوست خشک پس از برداشت	P29	سوخ: زمان آغاز ساقه‌روی در کشت بهاره
P6	برگ: طول	P14	سوخ: قطر	P22	سوخ: ضخامت پوست خشک	P30	سوخ: زمان رسیدگی برداشت در کشت بهاره
P7	برگ: قطر	P15	سوخ: نسبت ارتفاع به قطر	P23	سوخ: رنگ اصلی پوست خشک	P31	سوخ: زمان جوانه‌زنی طی انبارداری
P8	شبه‌ساقه: طول	P16	سوخ: موقعیت حداکثر قطر	P24	سوخ: شدت رنگ اصلی پوست خشک (بجز رقم سفید)	P32	نر عقیمی

جدول ۳- فاصله‌های نسبی تهیه شده با آماره ترکیبی (میانگین و انحراف معیار) برای گروه‌بندی صفات کمی

BNGPKG (N/Kg)	BWN (Mm)	BRHD	BD (Cm)	BH (Cm)	PD (Cm)	PL (Cm)	LD (Cm)	LL (Cm)	PNL (N)	Score نمره	Formula
-۰/۹۰	۰/۳۷	۰/۷۱	۴/۵۴	۴/۵۳	-۲/۰۳	-۶/۲۲	۰/۳۷	۷/۱۴	۲/۷۴	۱	X - ۲ (S)
۲/۱۵	۲/۷۶	۰/۷۸	۵/۴۰	۵/۳۸	۰/۳۲	۰/۴۲	۰/۶۸	۱۵/۸۸	۴/۱۴	۲	X – ۱/۵ (S)
۵/۲۱	۵/۱۵	۰/۸۵	۶/۲۷	۶/۲۲	۱/۳۸	۷/۰۶	۰/۹۸	۲۴/۶۲	۵/۵۴	۳	X - S
۸/۲۶	۷/۵۴	۰/۹۳	۷/۱۴	۷/۰۷	۳/۰۹	۱۳/۷۱	۱/۲۸	۳۳/۳۶	۶/۹۳	۴	X – ۰/۵ (S)
۱۱/۳۲	۹/۹۳	۱	۸	۷/۹۱	۴/۸۰	۲۰/۳۵	۱/۵۹	۴۲/۱۰	۸/۳۳	۵	X
۱۴/۳۷	۱۲/۳۲	۱/۰۷	۸/۸۷	۸/۷۶	۶/۵۱	۲۶/۹۹	۱/۸۹	۵۰/۴۰	۹/۷۳	۶	X + ۰/۵ (S)
۱۷/۴۳	۱۴/۷۱	۱/۱۵	۹/۷۴	۹/۶۰	۸/۲۲	۳۳/۶۳	۲/۱۹	۵۹/۵۸	۱۱/۱۳	۷	X + S
۲۰/۴۸	۱۷/۱۰	۱/۲۲	۱۰/۶۰	۱۰/۴۵	۹/۹۲	۴۰/۲۸	۲/۵۰	۶۸/۳۱	۱۲/۵۳	۸	X + ۱/۵ (S)
۲۳/۵۳	۱۹/۴۹	۱/۲۹	۱۱/۴۷	۱۱/۳۰	۱۱/۶۳	۴۶/۹۲	۲/۸۰	۷۷/۰۵	۱۳/۹۲	۹	X + ۲ (S)

PNL: میانگین تعداد برگ در هر شبه‌ساقه (تعداد)، LL: طول برگ (سانتی‌متر)، LD: ضخامت برگ (سانتی‌متر)، PL: طول شبه‌ساقه (سانتی‌متر)، PD: ضخامت شبه‌ساقه (سانتی‌متر)، BH: ارتفاع سوخ (سانتی‌متر)، BD: ضخامت سوخ (سانتی‌متر)، BRHD: نسبت ارتفاع به ضخامت سوخ، BWN: عرض گردن سوخ (میلیمتر)، BNGPKG: تعداد نقاط رشد در هر کیلوگرم سوخ (تعداد/کیلوگرم). N: تعداد، Kg: کیلوگرم، Cm: سانتی‌متر، Mm: میلیمتر

انتخاب ژنوتیپ‌های مقاوم به ساقه‌روی و تمایل تقسیم سوخ به سوخ چه اهدافی کلیدی در به‌نژادی پیاز هستند (Hu *et al.*, 2003). شکل، اندازه، طول و قطر میانی سوخ پیاز که در این آزمایش ارزیابی شده‌اند صفات مهم و کلیدی تجاری در این محصول هستند (Luitel *et al.*, 2023). این صفات تجاری کلیدی می‌توانند با صفت وزن تر سوخ تکمیل شوند. نتایج این پژوهش تنوع گسترده‌ای در این صفات نشان داد. همچنین در بازارهای مختلف شکل سوخ پیاز متفاوت است و بر ترجیح مصرف‌کننده و بازارپسندی آن تأثیر می‌گذارد. تفاوت‌های چشمگیری در شکل سوخ پیاز که برای مصرف‌کنندگان اهمیت دارد، توسط Grant & Carter, (1991) نیز در بین ارقام پیاز گزارش شده است. همچنین در این پژوهش، تنوع چشمگیری در رنگ پایه پوست خشک در بین توده‌های پیاز مشاهده شد. تنوع فنوتیپی در توده‌های پیاز در صفت رنگ پایه پوست خشک نیز گزارش شده است (Azimi *et al.*, 2020; Gvozdanović *et al.*, 2013). در این پژوهش، توده‌های پیاز دارای شکل سوخ گرد نیز شناسایی شدند که امکان دارد در برنامه اقتصادی به‌نژادی پیاز اهمیت داشته باشند. Azimi *et al.*, (2020) نیز تفاوت‌هایی را در شکل سوخ پیاز گزارش کردند. مورفولوژی گیاه این قابلیت را دارد که به‌عنوان نشانگری ژنتیکی برای توصیف ژرم‌پلاسم‌های پیاز استفاده شود (Ahmed *et al.*, 2013). صفات مورفولوژیکی برای حفاظت و نگهداری، ثبت و تجاری‌سازی، حفظ حقوق مالکیت فکری و رویالتی ارقام گیاهی کاربرد دارند. بر این اساس، تنوع در صفات آزمون تیپ اجرا شده در این پژوهش می‌تواند برای شناسایی ارقام گیاهی استفاده شود.

تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی(PCA)

تجزیه و تحلیل مولفه‌های اصلی (PCA) برای توجیح تنوع صفات در بین ارقام این پژوهش انجام شد. این تجزیه و تحلیل آماری چند متغیره با کاهش ابعاد مجموعه داده‌ها به پژوهشگران در شناسایی و تسهیل تفسیر صفات چندشکلی که تأثیر بیشتری در فنوتیپ ارقام پیاز روز بلند دارند کمک می‌کنند (Bal *et al.*, 2020; Santhiya *et al.*, 2025) و در روند انتخاب برنامه‌های به‌نژادی بسیار اهمیت دارد. نمودارهای بای‌پلات و اسکری PCA در ارزیابی الگوی پراکنش و تعامل صفت-رقم کمک می‌کند (Rai *et al.*, 2017; Santhiya *et al.*, 2026) از این روی هنگامی‌که انتخاب بر اساس این صفات فنوتیپی باشد، برنامه به‌نژادی محصول، بطور قابل توجهی پیشرفت خواهد کرد.

بر اساس تحلیل مولفه‌های اصلی (PCA)، ابعاد اندازه‌گیری شده توسط صفات به هفت مؤلفه (PC1 تا PC7) با مقادیر ویژه بیشتر از یک که تقریباً ۹۰،۶۳٪از کل تغییرات را پوشش می‌دهند، کاهش یافت (جدول ۴). همچنین، تفکیک متغیرها بین مؤلفه‌های اصلی مختلف، ماهیت چندبعدی تنوع ژنتیکی را نیز نشان می‌دهد. خوشه‌بندی ارقام در نمودار دوبعدی، الگوهای تنوع متمایزی را نشان داد، بطوری‌که مولفه اصلی اول (PC1) و مؤلفه اصلی دوم (PC2) به‌ترتیب ۳۰،۹۶٪ و ۲۰،۴۰٪ از تنوع را با واریانس تجمعی۵۱،۳۰٪ توجیح کردند (شکل ۲- الف) و مقادیر ویژه به‌طور پیوسته و به تدریج در مؤلفه‌های بعدی کاهش یافته‌اند که نشان می‌دهد بیش از ۵۰ درصد از تنوع مورفولوژیک در دو مؤلفه اصلی اول پوشش داده می‌شوند، این تنوع در نمودار اسکری PCA نیز نشان داده شده است (شکل ۲-ج).

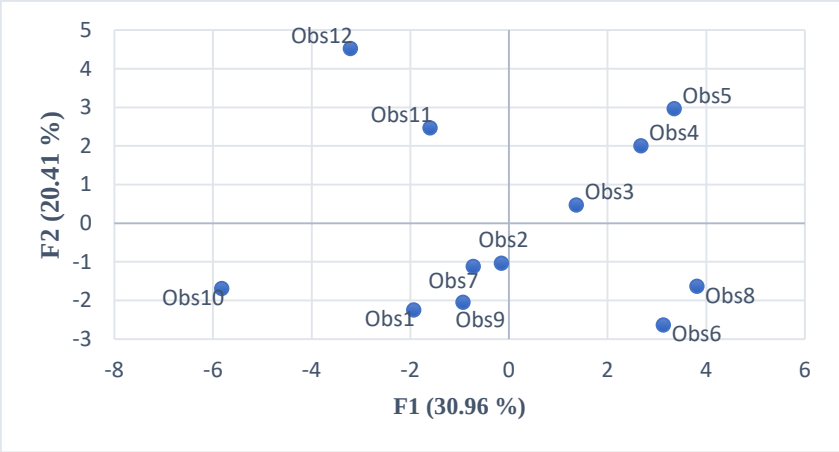
در پژوهش‌های پیشین در خصوص صفات مورفولوژیک در پیاز درصد تنوع کل در دو مؤلفه اول ۵۵ درصد و ۶۲ درصد بود (Gupta *et al.*, 2024; Santhiya *et al.*, 2026) همچنین میزان تنوع کل بیش از۵۰٪ در دو مولفه اول در صفات مورفولوژیک پیاز توسط گزارش‌های پیشین نیز تأیید شد است (Bal., 2020; Amir *et al.*, 2023; Kapoor *et al.*, 2025).

بر اساس نمودار بای پلات، دو مولفه اول PCA داده‌های فنوتیپی آزمون تیپ، ارقام پیاز روز بلند به چهار گروه تقسیم شدند (شکل ۲- الف). در یک گروه دو رقم Hitit و Kilgarsalan قرار گرفتند. در گروه دیگر دو رقم Surin و Red moon قرار گرفتند. در گروه دیگر هفت رقم Belmar، Tucanon، MT120، Red Amposta، Dolunay ، Calista و PX07713119 قرار گرفتند و رقم White Valencia هم در یک گروه قرار گرفت (شکل ۲- الف).

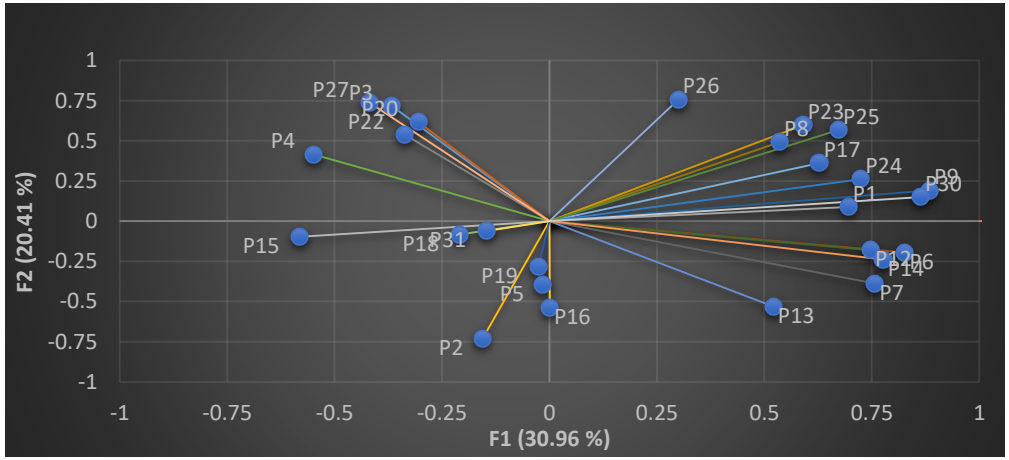
جدول ۴- مقدار ویژه، سهم و بار عاملی بردارهای ویژه مولفه‌های اصلی در صفات ارزیابی شده پیاز روز بلند

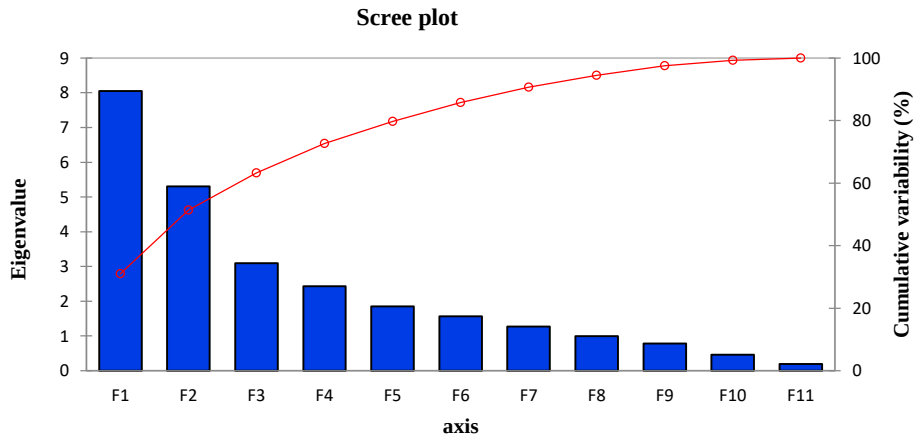
صفات ریخت‌شناختی	بردارهای ویژه						
	F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7
بوته: تعداد برگ در هر شبه‌ساقه	۰/۲۴۵	۰/۰۳۹	-۰/۱۷۴	-۰/۲۴۶	-۰/۲۵۲	۰/۱۱۴	-۰/۱۷۶
شاخساره: وضعیت	-۰/۰۵۵	-۰/۳۱۹	۰/۲۲۸	-۰/۰۵۹	-۰/۲۵۸	۰/۱۸۰	-۰/۰۴۵
شاخساره: مومی بودن	-۰/۱۲۹	۰/۳۱۱	-۰/۱۱۴	۰/۰۹۳	-۰/۲۰۸	۰/۱۷۳	-۰/۲۱۱
شاخساره: شدت رنگ سبز	-۰/۱۹۳	۰/۱۸۰	۰/۰۰۶	-۰/۲۶۰	-۰/۱۱۹	-۰/۰۶۰	-۰/۴۲۳
شاخساره: خمیدگی	-۰/۰۰۵	-۰/۱۷۱	-۰/۴۵۵	۰/۱۶۸	-۰/۰۹۹	۰/۲۱۱	۰/۱۰۴
برگ: طول	۰/۲۹۲	-۰/۰۸۵	-۰/۱۸۵	۰/۰۹۴	-۰/۲۶۶	۰/۰۲۹	-۰/۱۰۸
برگ: قطر	۰/۲۶۷	-۰/۱۶۹	۰/۱۴۰	۰/۰۹۱	۰/۰۹۱	۰/۱۳۲	۰/۲۰۱
شبه‌ساقه: طول	۰/۱۸۹	۰/۲۱۴	-۰/۳۳۸	۰/۰۳۴	۰/۰۶۵	-۰/۱۳۳	۰/۱۱۱
شبه‌ساقه: حداکثر قطر	۰/۳۱۲	۰/۰۸۳	-۰/۰۴۸	-۰/۰۸۰	-۰/۱۰۱	۰/۱۴۹	۰/۱۵۲
سوخ: اندازه	۰/۲۶۳	-۰/۰۷۸	-۰/۰۸۱	-۰/۰۰۸	-۰/۰۴۵	-۰/۳۳۵	-۰/۰۸۴
سوخ: ارتفاع	۰/۱۸۴	-۰/۲۳۰	-۰/۰۴۸	-۰/۲۲۹	۰/۲۷۵	-۰/۰۳۸	۰/۱۴۹
سوخ: قطر	۰/۲۷۴	-۰/۱۰۳	۰/۰۴۴	-۰/۰۰۹	۰/۲۱۲	-۰/۲۳۲	-۰/۱۲۳
سوخ: نسبت ارتفاع به قطر	-۰/۲۰۵	-۰/۰۴۲	۰/۰۵۶	-۰/۳۰۶	-۰/۰۹۳	۰/۲۵۴	۰/۱۱۳
سوخ: موقعیت حداکثر قطر	۰	-۰/۲۳۴	-۰/۲۴۹	۰/۱۴۲	۰/۰۴۸	۰/۳۹۹	-۰/۱۷۳
سوخ: عرض گردن	۰/۲۲۱	۰/۱۵۷	-۰/۰۶۷	-۰/۰۸۹	-۰/۴۱۴	۰/۰۵۴	۰/۲۸۸
سوخ: شکل	-۰/۰۷۴	-۰/۰۳۶	-۰/۰۶۹	۰/۶۰۲	-۰/۰۸۸	۰/۰۲۳	۰/۰۵۹
سوخ: شکل انتهای ساقه	-۰/۰۰۹	-۰/۱۲۳	-۰/۲۴۲	-۰/۱۳۶	۰/۳۳۶	۰/۳۷۸	-۰/۱۳۵
سوخ: شکل انتهای ریشه	-۰/۱۰۷	۰/۲۶۸	-۰/۰۳۰	-۰/۲۵۹	-۰/۰۶۲	۰	۰/۴۹۳
سوخ: ضخامت پوست خشک	-۰/۱۱۸	۰/۲۳۴	-۰/۱۵۹	-۰/۰۲۱	۰/۴۲۰	۰/۱۹۸	۰/۱۸۰
سوخ: رنگ غالب زمینه پوست خشک	۰/۲۰۸	۰/۲۶۰	۰/۱۵۰	۰/۰۲۰	۰/۲۹۸	۰/۱۰۵	-۰/۱۰۳
سوخ: شدت رنگ اصلی پوست خشک	۰/۲۵۶	۰/۱۱۴	۰/۱۳۲	-۰/۲۱۴	-۰/۰۰۷	۰/۲۵۲	-۰/۳۱۴
سوخ: تمایل رنگ پوست خشک	۰/۲۳۷	۰/۲۴۷	۰/۱۶۷	۰/۱۶۲	۰/۰۹۰	۰/۰۵۶	-۰/۱۵۴
سوخ: رنگ اپیدرم‌های فلس‌های گوشتی	۰/۱۰۶	۰/۳۲۹	۰/۱۳۷	۰/۳۰۳	۰/۰۱۸	۰/۱۰۳	-۰/۰۳۷
سوخ: تعداد نقاط رشد در هر کیلوگرم	-۰/۱۴۷	۰/۳۱۹	-۰/۱۸۳	۰/۰۱۳	-۰/۰۳۳	۰/۰۴۵	-۰/۰۲۹
سوخ: زمان رسیدگی برداشت در کشت بهاره	۰/۳۰۵	۰/۰۶۵	۰/۰۹۴	-۰/۰۲۶	-۰/۰۲۱	۰/۲۲۵	۰/۱۶۷
سوخ: زمان جوانه‌زنی طی انبارداری	-۰/۰۵۱	-۰/۰۲۷	۰/۴۷۹	۰/۱۳۸	-۰/۰۶۹	۰/۳۱۸	۰/۱۲۴
Eigenvalue	۸/۰۵۰	۵/۳۰۶	۳/۰۹۷	۲/۴۳۰	۱/۸۴۹	۱/۵۶۱	۱/۲۷۴
Variability (%)	۳۰/۹۶۰	۲۰/۴۰۸	۱۱/۹۱۰	۹/۳۴۶	۷/۱۱۲	۶/۰۰۴	۴/۸۹۹
Cumulative (%)	۳۰/۹۶۰	۵۱/۳۶۸	۶۳/۲۷۸	۷۲/۶۲۴	۷۹/۷۳۶	۸۵/۷۴۰	۹۰/۶۳۹

(الف)



(ب)





شکل ۲- نمودارهای بای‌پلات تحلیل دو مولفه اصلی اول پراکنش ارقام (الف)، بردارهای ویژه هر یک از صفات (ب) در تجزیه مولفه‌های اصلی (PCA) در ۱۲ رقم پیاز روز بلند ارزیابی شده توسط ۳۲ صفت آزمون تیپ و نمودار Scree plot مقدارهای ویژه و درصد تجمعی تنوع صفات آزمون تیپ (ج). در بخش الف Obs1تا Obs12 نمایش‌دهنده ارقام پیاز روز بلند این آزمایش است و نام کامل ارقام در جدول ۱ ارائه شده است. در بخش ب P1تا P32 نمایش‌دهنده صفات آزمون تیپ ارقام است و نام کامل صفات در جدول۲ ارائه شده است.

طول هر بردار به سهم هر صفت در مؤلفه اصلی وابسته است (شکل ۲-ب). علاوه بر این، زاویه بین بردارها نشان‌دهنده نوع و میزان همبستگی صفات است. اگر زاویه بین دو بردار صفت کمتر از ۹۰ درجه (زاویه تند) باشد، نشان‌دهنده همبستگی مثبت است. اگر زاویه بین بردار دو صفت بیشتر از ۹۰ درجه (زاویه منفرجه) باشد، نشان‌دهنده همبستگی منفی است، در حالی که اگر زاویه بین بردار دو صفت معادل ۹۰ درجه باشد، نشان‌دهنده عدم همبستگی بین صفات است (شکل ۲-ب). بردارهای صفات موجود در هر ربع نمودار بای‌پلات همبستگی مثبت و بسیار معناداری با یکدیگر دارند. به‌عنوان نمونه بردارهای صفات موجود در ربع اول، یعنی صفات تعداد برگ در هر شبه ساقه بوته، حداکثر قطر شبه‌ساقه، طول شبه‌ساقه، عرض گردن سوخ، رنگ اصلی سوخ و شدت و تمایل رنگی پوست خشک، رنگ اپیدرم فلس و زمان رسیدگی برداشت سوخ در کشت بهاره زاویه بین دو بردار کمتر از ۹۰ درجه و همبستگی مثبت بسیار معنی‌داری با یکدیگر دارند. میزان سهم هر هر صفت در هر مولفه اصلی بر اساس طول بردار و نوع همبستگی صفات بر اساس زاویه بین بردارها در شکل ۲-ب نمایش داده شده است و بر اساس این اطلاعات با انتخاب همزمان صفاتی که بردارهایشان در این مؤلفه‌ها زاویه تند و همبستگی مثبت دارند، کارایی فرایند انتخاب در طی برنامه به‌نژادی افزایش یافته و ارقام پیاز روز بلند دارای صفات مناسبتر به‌طور موثرتری تهیه شوند (Bordoloi *et al.*, 2024). در مورد میزان و نوع همبستگی صفات این آزمایش و نقش آن در به‌نژادی گیاهی ارقام پیاز روز بلند در ادامه بحث و بررسی خواهد شد.

در میان هفت مولفه اول با مقدار ویژه بیشتر از یک، اولین مولفه ۳۰/۹۶٪ از کل تغییرات را به خود اختصاص داد (جدول ۴) و صفات تعداد برگ در هر شبه‌ساقه بوته (۰/۲۴۵)، طول برگ (۰/۲۹۲)، عرض برگ (۰/۲۶۷)، حداکثر قطر شیه‌ساقه (۰/۳۱۲)، اندازه سوخ (۰/۲۶۳)، قطر سوخ (۰/۲۷۴)، عرض گردن سوخ (۰/۲۲۱)، رنگ اصلی پوست خشک سوخ (۰/۲۰۸)، شدت رنگ اصلی پوست خشک سوخ (بجز ارقام سفید) (۰/۲۵۶)، تمایل رنگ پوست خشک سوخ (۰/۲۳۷) و زمان رسیدگی برداشت سوخ در کشت بهاره (۰/۳۰۵) در آن مشارکت مثبت و صفت نسبت ارتفاع به قطر سوخ (۰/۲۰۵-) در این مولفه مشارکت منفی داشت (جدول ۴). دومین مولفه ۲۰/۴۰٪ از کل تغییرات را به خود اختصاص داد (جدول ۴) و صفات مومی بودن شاخساره (۰/۳۱۱)، طول شبه‌ساقه (۰/۲۱۴)، شکل انتهای ریشه سوخ (۰/۲۶۸)، ضخامت پوست خشک سوخ (۰/۲۳۴)، رنگ اصلی پوست خشک سوخ (۰/۲۶۰)، تمایل رنگ پوست خشک سوخ (۰۷/۲۴)، رنگ اپیدرم فلس (۰/۳۲۹) و تعداد نقاط رشد در هر کیلوگرم سوخ (۰/۳۱۹) در آن مشارکت مثبت و صفات وضعیت شاخساره (۰/۳۱۹-)، ارتفاع سوخ (۰/۲۳۰-) و موقعیت حداکثر قطر سوخ (۰/۲۳۴-) در این مولفه مشارکت منفی داشتند (جدول ۴). سومین مولفه ۱۱/۹۱٪ از کل تغییرات را به خود اختصاص داد (جدول ۴) و صفات وضعیت شاخساره (۰/۲۲۸) و زمان جوانه‌زنی سوخ طی انبارداری (۰/۴۷۹) در آن مشارکت مثبت و صفات خمیدگی شاخساره (۰/۴۵۵-)، طول شبه‌ساقه (۰/۳۳۸-)، موقعیت حداکثر قطر سوخ (۰/۲۴۹-) و شکل انتهای ساقه سوخ (۰/۲۴۲-) در این مولفه مشارکت منفی داشتند (جدول ۴). چهارمین مولفه ۹/۳۴٪ از کل تغییرات را به خود اختصاص داد (جدول ۴) و صفات شکل سوخ (۰/۶۰۲) و رنگ اپیدرم فلس سوخ (۰/۳۰۳) در این مولفه مشارکت مثبت و صفات تعداد برگ در هر شبه‌ساقه بوته (۰/۲۴۶-)، شدت رنگ سبز شاخساره (۰/۲۶۰-)، ارتفاع سوخ (۰/۲۲۹-)، نسبت ارتفاع به قطر سوخ (۰/۳۰۶-)، شکل انتهای ریشه سوخ (۰/۲۵۹-) و شدت رنگ اصلی پوست خشک سوخ (بجز ارقام سفید) (۰/۳۱۴-) در این مولفه مشارکت منفی داشتند (جدول ۴). پنجمین مولفه ۷/۱۱٪ از کل تغییرات را به خود اختصاص داد (جدول ۴) و صفات ارتفاع سوخ (۰,۲۷۵)، قطر سوخ (۰,۲۱۲)، شکل انتهای ساقه سوخ (۰/۳۳۶)، ضخامت پوست خشک سوخ (۰/۴۲۰) و رنگ اصلی پوست خشک سوخ (۰/۲۹۸) در آن مشارکت مثبت و صفات تعداد برگ در هر شبه‌ساقه بوته (۰/۲۵۲-)، وضعیت شاخساره (۰/۲۵۸-)، مومی بودن شاخساره (۰/۲۰۸-)، طول برگ (۰/۲۶۶-) و عرض گردن سوخ (۰/۴۱۴-) در این مولفه مشارکت منفی داشتند (جدول ۴). ششمین مولفه ۶٪ از کل تغییرات را به خود اختصاص داد (جدول ۴) و صفات خمیدگی شاخساره (۰/۲۱۱)، نسبت ارتفاع به قطر سوخ (۰/۲۵۴)، موقعیت حداکثر قطر سوخ (۰/۳۹۹)، شکل انتهای ساقه سوخ (۰/۳۷۸)، شدت رنگ اصلی پوست خشک سوخ (بجز ارقام سفید) (۰/۲۵۲)، زمان رسیدگی برداشت سوخ در کشت بهاره (۰/۲۲۵) و زمان جوانه‌زنی سوخ طی انبارداری

(۰/۳۱۸) در آن مشارکت مثبت و صفات اندازه سوخ (۰/۳۳۵-) و قطر سوخ (۰/۲۳۲-) در این مولفه مشارکت منفی داشتند (جدول ۴). هفتمین مولفه ۴/۸۹٪ از تغییرات را به خود اختصاص داد (جدول ۴) و صفات قطر برگ (۰/۲۰۱)، عرض گردن سوخ (۰/۲۸۸) و شکل انتهای ریشه سوخ (۰/۴۹۳) در آن مشارکت مثبت و صفات مومی بودن شاخساره (۰/۲۱۱-)، شدت رنگ سبز شاخساره (۰/۴۲۳-) و شدت رنگ اصلی پوست خشک سوخ (بجز ارقام سفید) (۰/۳۱۴-) در این مولفه مشارکت منفی داشتند (جدول ۴).

Hanci & Gokce, (2015) با ارزیابی ۹۶ توده پیاز ترکیه گزارش دادند که نه مؤلفه اصلی اول در ٪۷۱,۸۴ از تنوع (مقادیر ویژه بیشتر از یک) نقش دارند و صفات وزن سوخ پیاز و قطر شبه‌ساقه به‌طور مثبت در مولفه اول مشارکت مثبت دارند. با این حال، در این پژوهش شش مؤلفه اصلی بیشترین میزان تنوع (مقادیر ویژه بیشتر از یک) را ایجاد کردند. وزن سوخ پیاز، قطر میانی و انتهایی سوخ پیاز و ارتفاع گیاه به‌طور مثبت در مولفه اول نقش داشتند (Singh *et al.*, 2013). ارقام پیاز روز بلند را بر اساس تحلیل مولفه‌های اصلی گروه‌بندی کردند و سه مولفه اول با مقدار ویژه بزرگتر از یک ۷۱,۰۳٪ از تنوع را پوشش داد. بر اساس نتایج (Dangi *et al.*, 2018) پنج مؤلفه اصلی اول (PC1-PC5) در ٪۷۸,۵ از کل تنوع در ژنوتیپ‌های پیاز روز کوتاه استوایی نقش داشته و قطر برگ، قطر سوخ پیاز و تعداد برگ‌ها عوامل اصلی مشارکت کننده در مولفه اول (PC1) هستند. در پژوهش Mousavizadeh *et al.*, (2006) سه مولفه اول، ٪۸۳,۴۲ از کل تنوع فنوتیپی در توده‌های پیاز ایرانی را پوشش می‌دهند و وزن خشک سوخ پیاز، قطر و وزن تر سوخ پیاز، بالاترین بار عاملی را در مولفه اول دارند. Arya و همکاران (۲۰۱۷) در ارزیابی مورفولوژیک ارقام پیاز مشاهده کردند که سه مولفه اول با مقدار ویژه بزرگتر از یک، ٪۹۵/۶۱ از تغییرات را پوشش می‌دهند. بار مثبت بالای عامل‌های طول برگ و قطر سوخ در مولفه اول در این پژوهش با نتایج Arya و همکاران (۲۰۱۷) همخوانی دارد که در آن صفات اصلی مؤثر وزن سوخ پیازچه، قطر انتهایی و میانی سوخ‌چه‌ها و ارتفاع گیاه در جهت مثبت و درجه تقسیم سوخ به سوخ‌چه‌ها در جهت منفی بودند.

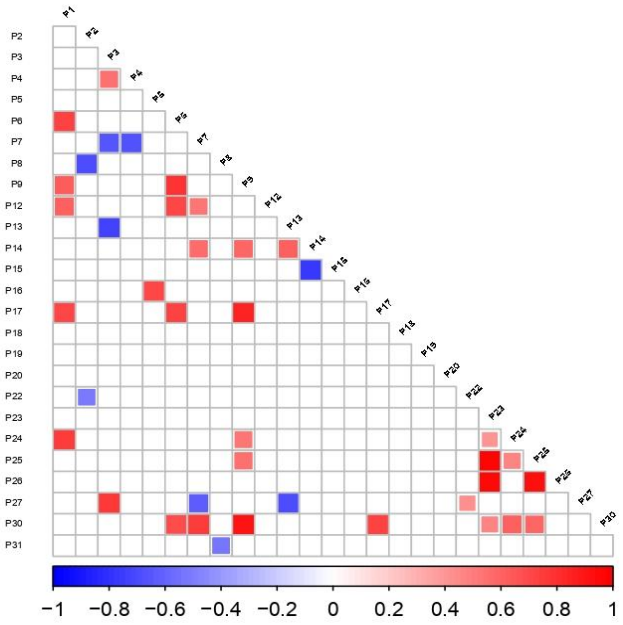
روابط همبستگی رتبه‌ای مابین صفات آزمون تیپ

بر اساس ارزیابی صفات آزمون تیپ ارقام پیاز روز بلند شش صفت تمایل به تقسیم به سوخ‌چه‌ها (صفت ۱۰)، درجه تقسیم‌بندی سوخ‌چه‌ها (صفت ۱۱)، چسبندگی پوست خشک پس از برداشت (صفت ۲۱)، تمایل و زمان آغاز ساقه‌روی در آزمون کشت بهاره (صفت‌های ۲۸ و ۲۹) و نر عقیمی (صفت ۳۲) بین ارقام چندشکلی نشان ندادند و حالات تظاهر یکسانی داشتند.

بررسی همبستگی برای درک ارتباط مابین برخی صفات در ارقام بسیار اهمیت دارند و احتمالا رویکردهای گزینش را در برنامه‌های به‌نژادی هدایت کرده و از شناسایی ارقام با کیفیت و برتر زراعی و تغذیه‌ای پشتیبانی می‌کنند.

بررسی ضرایب همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن ۲۶ صفت باقیمانده به‌منظور شناسایی و درک روابط صفات مختلف آزمون تیپ نشان داد که صفات رشد و نموی ارقام با یکدیگر روابط هم‌افزا دارند، بطوریکه برخی صفات کاملاً از یکدیگر مستقل هستند، در حالی که برخی دیگر همبستگی معنی‌دار مثبت یا منفی با یکدیگر دارند (شکل ۳). بیشترین همبستگی مثبت ما بین صفت رنگ اصلی پوست خشک سوخ (P23) و تمایل رنگی پوست خشک سوخ (P25)، (0.97r=) و بیشترین همبستگی منفی ما ما بین قطر سوخ(P14) و نسبت ارتفاع به قطر سوخ (P15)، (r=-76/0) مشاهده شد (شکل ۳). بر اساس این نتایج، همبستگی بالا بین این صفات بیانگر ارتباط قوی بین صفات فنوتیپی است و امکان دارد در گروه‌بندی‌های فنوتیپی ارقام آثار نامناسبی ایجاد کند.

صفات سوخ با ۳۳ صفت در آزمون تیپ همبستگی معنی‌داری داشتند که بیانگر اهمیت اندام اقتصادی گیاه در آزمون تیپ است (شکل ۳). صفات حداکثر قطر شبه‌ساقه (P9) و زمان رسیدگی برداشت سوخ در کشت بهاره (P30) هر یک با هفت صفت دیگر همبستگی معنی‌دار داشتند. همچنین قطر برگ (P7) با شش صفت دیگر همبستگی معنی‌دار داشت (شکل ۳). سه صفت شکل سوخ، شکل انتهای ریشه و شکل انتهای ساقه سوخ (P20، P19،P18) سایر صفات همبستگی رتبه‌ای نداشتند، که بیانگر آن است که اثر بسیار کمی در ظهور و نمو سایر صفات آزمون تیپ داشته‌اند (شکل ۳). تنها ٪۱۲/۳۰ از صفات آزمون تیپ، ضرایب همبستگی معناداری با یکدیگر داشتند.



شکل ۳- نقشه حرارتی تجزیه و تحلیل همبستگی ۳۲ صفت در ۱۲ رقم پیاز روز بلند

رنگ و مساحت مربع‌ها میزان مطلق r را نشان می‌دهد. مربع‌های قرمز و آبی به‌ترتیب همبستگی مثبت و منفی را نشان می‌دهند. مربع‌های بدون رنگ پس‌زمینه همبستگی غیر معنی‌دار با مقدار P-value بیشتر از ۰/۰۱ دارند.

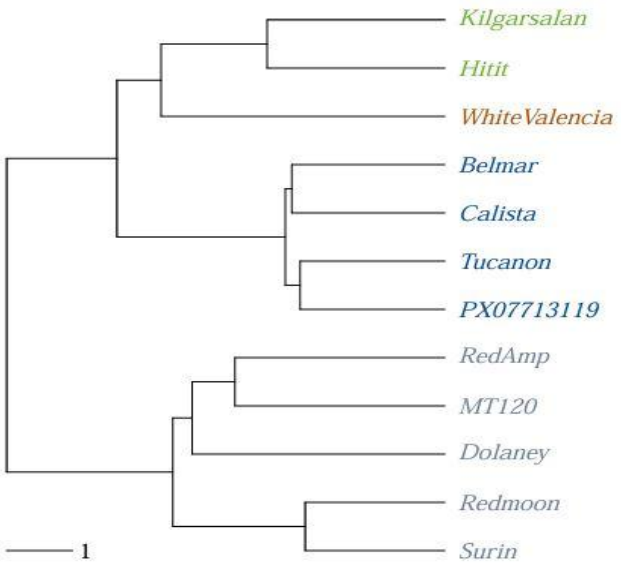
بر اساس نتایج همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن، صفت تعداد برگ در هر شبه‌ساقه (P1) با طول برگ (P6) و قطر شبه‌ساقه (P9)، اندازه سوخ (P12) و عرض گردن سوخ (P17) همبستگی مثبت داشت. چنین روابطی از یکسو بیانگر هم‌افزایی و همزمانی در طی فرایند رشد و نمو گیاه است و اندام‌های هوایی و زیرزمینی گیاه و طول و عرض گیاه بطور هماهنگ رشد می‌کنند و از سوی دیگر وجود همبستگی مثبت مابین قطر شبه‌ساقه و تعداد برگ در هر شبه‌ساقه بیانگر آن است که ارقام دارای شبه‌ساقه قطورتر، قابلیت برگ‌دهی بیشتری دارند که احتمالاً نشان‌دهنده این عامل کلیدی زیستی است که افزایش ضخامت شبه‌ساقه منجر به افزایش رشد رویشی و زایشی گیاه می‌شود (Marques *et al*., 2016). همچنین تعداد برگ در هر شبه‌ساقه (P1) با شدت رنگ اصلی پوست خشک سوخ (P24) نیز همبستگی مثبت داشت. افزایش قطر ساقه منجر به بهبود انتقال آوندی و حمایت ساختاری می‌شود و امکان نمو بیشتر برگ‌ها و افزایش اندازه آنها را فراهم می‌کند که افزایش اندازه برگ‌ها در بهبود عملکرد فتوسنتزی و حفظ حیات گیاه ضروری است. همچنین همبستگی مثبت مابین طول برگ و قطر شبه‌ساقه و اندازه سوخ نیز بیانگر تنظیم ژنتیکی مشابه این سه صفت است (Hsiao *et al*., 2019) و این ایده نیز حمایت می‌شود که رشد ساختاری اندام‌های مختلف گیاه (سوخ، شبه‌ساقه، برگ) به‌صورت هم‌افزا توسعه می‌یابد و توسط عوامل ژنتیکی تنظیم می‌شود (Havey, 1995).

وضعیت شاخساره (P2) با طول شبه‌ساقه (P8) و تمایل سوخ به ساقه‌روی در کشت بهاره (P28) همبستگی منفی داشت. مومی بودن شاخساره (P3) با شدت رنگ شاخساره (P4) و تعداد نقاط رشد در هر کیلوگرم سوخ (P27) همبستگی مثبت و با قطر برگ (P7) و ارتفاع سوخ (P13) همبستگی منفی داشت. شدت رنگ شاخساره (P4) با قطر برگ (P7) همبستگی منفی داشت. خمیدگی شاخساره (P5) با موقعیت حداکثر قطر سوخ (P16) همبستگی مثبت داشت. طول برگ (P6) با حداکثر قطر سوخ (P9)، اندازه سوخ (P12) و عرض گردن سوخ (P17)، زمان رسیدگی برداشت سوخ در کشت بهاره (P30) همبستگی مثبت داشت. قطر برگ (P7) با اندازه سوخ (P12) و قطر سوخ (P14)، تعداد نقاط رشد در هر کیلوگرم سوخ (P27) و زمان رسیدگی برداشت سوخ در کشت بهاره (P30) همبستگی مثبت داشت. طول شبه‌ساقه (P8) با زمان جوانه‌زنی سوخ طی انبارداری (P31) همبستگی منفی داشت. حداکثر قطر شبه ساقه (P9) با قطر سوخ (P14) و عرض گردن سوخ (P17)، شدت رنگ اصلی پوست خشک سوخ (P24)، تمایل رنگ پوست خشک سوخ (P25) و زمان رسیدگی برداشت سوخ

در کشت بهاره (P30) همبستگی مثبت داشت. ارتفاع سوخ (P13) با قطر سوخ (P14) همبستگی مثبت و با تعداد نقاط تجزیه و تحلیل خوشه‌ای

دندروگرام رشد در هر کیلوگرم سوخ (P27) همبستگی منفی داشت. وجود همبستگی مثبت بین ارتفاع و قطر سوخ بیانگر تنظیم ژنتیکی مشابه این دو صفت است (Hsiao *et al*., 2019). قطر سوخ (P14) با نسبت ارتفاع به قطر سوخ (P15) همبستگی منفی داشت. عرض گردن سوخ (P17) با زمان رسیدگی برداشت سوخ در کشت بهاره (P30) همبستگی مثبت داشتند. ضخامت پوست خشک سوخ (P22) با تعداد نقاط رشد در هر کیلوگرم سوخ (P27) همبستگی مثبت داشت. رنگ اصلی زمینه پوست خشک سوخ (P23) با شدت رنگ اصلی پوست خشک سوخ، تمایل رنگی پوست خشک سوخ و رنگ اپیدرم فلس سوخ (P24, P25, P26) و همچنین زمان رسیدگی برداشت سوخ در کشت بهاره (P30) همبستگی مثبت داشت. شدت رنگ اصلی پوست خشک سوخ (P24) با تمایل رنگی پوست خشک سوخ (P25) و زمان رسیدگی برداشت سوخ در کشت بهاره (P30) همبستگی مثبت داشتند. تمایل رنگی پوست خشک سوخ (P25) با رنگ اپیدرم فلس (P15)، مان رسیدگی برداشت سوخ در کشت بهاره (P30) همبستگی مثبت داشت (شکل ۳). همچنین، بسیاری از صفات این آزمایش که با یکدیگر همبستگی پایینی دارند، بطور مستقل از همدیگر نمو یافته‌اند. در مجموع این نتایج پیشنهاد می‌کنند که رشد رویشی و زایشی با مسیرهای نموی تنظیم شده ژنتیکی هدایت می‌شوند که اهمیت ارزیابی همزمان صفاتی مانند قطر شبه‌ساقه، تعداد برگ و عرض برگ را در برنامه‌های به‌نژادی برجسته می‌کند (Rutishauser & Isler, 2001). با ادغام الگوهای همبستگی مورفولوژیک با تنوع اختصاصی ارقام، پایه زیست‌سنجی قدرتمندی برای ارائه راهبردهای کارای گزینش تهیه می‌شود. بنابراین، می‌توان چنین نتیجه‌گیری کرد که مجموعه روابط مورفولوژیک رشد و نمو و تغییرات رنگ و سایر صفات سطحی اندام‌های رویشی و زایشی در ارقام پیاز این آزمایش، اهمیت ارزیابی این ارقام را نه‌تنها در صفات کمی (مرتبط با اندازه)، بلکه در صفات کیفی (معمولا صفات مرتبط با رنگ) در هر یک از اندام‌ها، مورد تاکید قرار می‌دهد. این روابط مورفو-زراعی الگوی مناسبی برای مشخصه‌یابی و شناسایی ارقام، ارزیابی تحمل به‌تنش‌های زیستی و غیرزیستی و گزینش ترکیبی صفات مورد نظر برای برنامه‌های به‌نژادی پیشنهاد می‌کنند.

فاصله ژنتیکی بر اساس صفات مورفولوژیکی با استفاده از روش خوشه‌بندی Ward و فواصل اقلیدسی ساخته شد. بر اساس این طبقه‌بندی چند متغیره، ۱۲ رقم پیاز این آزمایش در چهار خوشه متمایز قرار گرفتند (شکل ۳) که تمایز ژنتیکی ما بین ارقام این آزمایش را نشان می‌دهد. این گروه‌بندی سه خوشه چند ژنوتیپی و یک خوشه تک ژنوتیپی از ارقام ایجاد کرد. در هر یک از خوشه‌ها به‌ترتیب دو (۱۶/۶۶٪)، یک (۸/۳۳٪)، چهار (۳۳/۳۳٪) و پنج (۴۱/۶۷٪) رقم قرار گرفت (شکل ۴). ارقام Kilgarsalan و Hitit که شاخساره آنها سبز پر رنگ و به‌شدت نقره‌ای و سوخ آنها قرمز رنگ است، در خوشه اول قرار گرفتند. رقم White Valencia به‌تنهایی در خوشه دوم قرار گرفت. بارزترین صفات متمایزکننده این رقم از سایر ارقام، رنگ اصلی پوست خشک سوخ (P23) و زمان جوانه‌زنی سوخ در طی انبارداری (P31) است، بطوری‌که تنها رقمی است که پوست خشک آن سفید رنگ و مدت زمان جوانه‌زنی سوخ آن در انبار متوسط است (شکل ۴). خوشه سوم و چهارم هر یک به دو زیر گروه تقسیم شد. دو رقم Belmar و Calista که ۵۰٪ از صفات چند شکل آزمون تیپ آنها (۱۳ صفت یکسان از میان ۲۶ صفت متمایز مورد ارزیابی) کاملا یکسان بود در زیر گروه اول خوشه سوم و Tucanon و PX07713119که ۴۶/۲٪ از صفات چند شکل آزمون تیپ آنها کاملا یکسان بود در زیر گروه دوم خوشه سوم قرار گرفت. در مجموع حدود ۲۷٪ صفات چند شکل در چهار رقم خوشه سوم کاملا یکسان بود. سه رقم Red Amposta، Dolaney و MT120 که دو صفت طول برگ (P6) و موقعیت حداکثر قطر سوخ (P16) در آنها کاملا یکسان است و مابقی صفات چند شکل آنها نیز تفاوت ناچیزی با یکدیگر دارند در زیر گروه اول این خوشه چهارم و دو رقم Redmoon و Surin با رنگ سوخ قرمز و حالت بیان یکسان در ۷۶/۹٪ صفات متمایز آزمون که برای تهیه کلاستر استفاده شده در زیر گروه دوم خوشه چهارم قرار گرفتند.



شکل ۴. دندروگرام مبتنی بر روش Ward و فواصل اقلیدسی در ۱۲ رقم پیاز روز بلند با استفاده از ۲۶ صفت چند شکل مورفولوژیک

تشابه در صفات مورفولوژیک ارزیابی‌شده ارقام گیاهی تعیین‌کننده الگوی گروه‌بندی در دندروگرام است و اکثرا توسط صفات سوخ تعیین می‌شود.

پژوهش‌های پیشین ارقام پیاز را به تعداد کلاسترهای اصلی متفاوتی طبقه‌بندی کرده‌اند. به‌عنوان نمونه Luitel *et al.*, (2023) گزارش کردند که بر اساس صفات مورفولوژیک ۷۹ توده پیاز در سه گروه اصلی قرار گرفتند. Manjunathagowda, (2022) نیز تشکیل پنج خوشه در ۶۲ توده پیاز هندی را گزارش کرد. دندروگرام ساخته شده توسط Santhiya *et al.*, (2026)، ۴۳ ژنوتیپ پیاز را به سه کلاستر متمایز طبقه‌بندی کرد. نتایج مشابه پژوهش حاضر که ۱۲ رقم پیاز را بر اساس ۲۶ صفت مورفولوژیک چند شکل در چهار خوشه اصلی طبقه‌بندی کرده است توسط Lee *et al.*, (1996)، Gupta *et al.*, (2022) و Arya *et al.*, (2017) بهدست آمده است که به‌ترتیب ۶۰ و ۱۰ رقم و ۲۶ توده پیاز را در چهار گروه متمایز اصلی طبقه‌بندی کرده‌اند. دندروگرام مبتنی بر فاصله اقلیدسی و تجزیه و تحلیل کلاسترهای آن بر اساس صفات مورفولوژیکی، بیانگر تنوع فنوتیپی در بین ارقام پیاز روز بلند است. این تحلیل در درک الگوی تنوع و میزان تشابه و فاصله ژنتیکی میان این ارقام موثر است. نتایج این تحلیل در طراحی برنامه‌های مختلف به‌نژادی پیاز روز بلند بکار خواهد رفت. دورگ‌گیری بین ارقامی که بر اساس نتایج این گروه‌بندی توسط دندروگرام فاصله زیادی دارند احتمالا در افزایش طیف تنوع و تفکیک متجاوز[1] با اثر هتروتیک بالا بسیار موثر است (Bordoloi *et al.*, 2024).

نتیجه‌گیری کلی

نتایج ارزیابی فنوتیپی بیانگر تمایز ارقام پیاز روز بلند در این آزمای است. صفات مورفولوژیک تنوع فراوانی داشتند که در شناسایی، تمایز و تجاری‌سازی ارقام پیاز موثر است. وجود تنوع زیاد در صفات فنوتیپی آزمون تیپ و همچنین صفت عدم تقسیم سوخ به‌سوخ‌چه و شکل کروی سوخ که در ارقام این آزمایش مشاهده شد، موضوع مناسبی است که در طراحی برنامه‌های جدید و اقتصادی به‌نژادی گیاهی بکار می‌رود. رویکردهای آماری چند متغیره مانند تجزیه مولفه های اصلی و دندروگرام، الگوهای خوشه‌بندی متمایزی را بین ارقام نشان دادند و ارقامی را که صفات زراعی و مورفولوژیکی مشابه‌تری داشتند را تفکیک کردند.

[1] Transgressive segregation

این پژوهش، پشتیبانی دقیق‌تری از استقرار راهبردی ارقام پیاز روز بلند برای استفاده در به‌نژادی، توسعه تجاری محصول سازگار با زیست‌بوم‌های کشاورزی ارائه می‌کند. این یافته‌ها، خزانه ژنی مورد استفاده در به‌نژادی این گیاه را افزایش می‌دهد و مسیرهای جدیدی را برای توسعه تجاری و ایجاد ارزش افزوده این محصول بر اساس صفات مورفولوژیک کمی و کیفی ارقام ارائه می‌دهد. پژوهش‌های بیشتر با تمرکز بر اعتبارسنجی مولکولی، انگشت‌نگاری متابولومیک و آزمایش‌های چند محیطی برای گسترش کاربرد این مواد ژنتیکی ارائه می‌کند. همچنین، آزمون مورفولوژیک تیپ در شناسایی و مدیریت اثر بخش نگهداری ارقام و همچنین تهیه ارقام پیاز روز بلند برتر در برنامه‌های به‌نژادی گیاهی مؤثر است.

سپاسگزاری

نویسندگان از مؤسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال برای حمایت مالی از این پژوهش با شماره پروژه "2-08-08-030-020728" قدردانی می‌کنند.

منابع

Abdelkader abou azoom, A., Zhani, K., & Hannachi, C. (2014). Performance of Eight Varieties of Onion (*Allium cepa* L.) Cultivated under Open Field in Tunisia. *Notulae Scientia Biologicae*, *6*(2), https://doi.org/10.15835/nsb629287.

Ahmed, N., Khan, S. H., Afroza, B., Hussain, K., Qadri, S., &Nazir, G. (2013). Morphological characterization in onion (*Allium cepa* L.) for preparation and implementation of plant variety protection (PVP) legislation and distinctness, uniformity and stability (DUS) testing under temperate conditions of Kashmir. *African Journal of Agricultural Research*, *8*(14), 1270-1276. https://doi.org/10.5897/AJAR12.2202

Amir, A., Sharangi, A. B., Bal, S., Upadhyay, T. K., Khan, M. S., Ahmad, I., & Thapa, U. (2023). Genetic variability and diversity in red onion (*Allium cepa* L.) genotypes: elucidating morpho-horticultural and quality perspectives. *Horticulturae*, *9*(9), 1005. https://doi.org/10.3390/horticulturae9091005

Bal, S., Maity, T. K., & Maji, A. (2020). Evaluation of onion genotypes for growth, yield and quality traits under gangetic alluvial plains of West Bengal. *International Journal of Chemistry Studies, 8*, 2157-2162. https://doi.org/10.22271/chemi.2020.v8.i4x.9948

Bal, S., Maity, T. K., & Sharangi, A. B. (2021). Morphological and biochemical characterization of onion (*Allium cepa* L.) germplasm by principal component analysis. *Journal Pharmacogn. Phytochem*, *10*, 121-124.

Baldwin, S., Revanna, R., Pither-Joyce, M., Shaw, M., Wright, K., Thomson, S., & McCallum, J. (2014). Genetic analyses of bolting in bulb onion (*Allium cepa* L.). *Theoretical and applied genetics*, *127*(3), 535-547.

Bordoloi, D., Sarma, D., Sarma Barua, N., Das, R., & Das, B. K. (2024). Morpho-molecular and nutritional profiling for yield improvement and value addition of indigenous aromatic Joha rice of Assam. *Scientific Reports*, *14*(1), 3509. https://doi.org/10.1038/s41598-023-42874-9

Chalbi, A., Chikh-Rouhou, H., Mezghani, N., Slim, A., Fayos, O., Bel-Kadhi, M. S., & Garcés-Claver, A. (2023). Genetic diversity analysis of Onion (*Allium cepa* L.) from the arid region of Tunisia using phenotypic traits and SSR markers. *Horticulturae*, *9*(10), 1098. https://doi.org/10.3390/horticulturae9101098

Chalbi, A., Chikh-Rouhou, H., Tlahig, S., Mallor, C., Garcés-Claver, A., Haddad, M., & Bel-Kadhi, M. S. (2022). Biochemical characterization of local onion genotypes (*Allium cepa* L.) in the arid regions of Tunisia. *Polish Journal of Environmental Studies*, *32*(1), 15-26. https://doi.org/10.15244/pjoes/151867

Chikh-Rouhou, H., Singh, S., Priyadarsini, S., & Mallor, C. (2025). Onion Male Sterility: Genetics, Genomics and Breeding. *Horticulturae*, *11*(5), 539. 9. https://doi.org/10.3390/horticulturae11050539

CPVO. Community Plant Variety Office. (2009). Protocol for distinctness, uniformity and stability tests *Allium cepa* (Cepa Group), *Allium cepa* (Aggregatum Group) and *Allium oschaninii* O; Fedtsch. and hybrids between them, Onion, Echalion, Shallot, Grey Shallot. TP/046/2. P: 32

Dangi, R., Kumar, A., & Khar, A. (2018). Genetic variability, heritability, and diversity analysis studies in short day tropical onion (*Allium cepa* L.). *Indian Journal of Agricultural Sciences*, *88*(6), 140-149.

FAOSTAT (2023) Onion production, area, and productivity. Available from: http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC. Accessed 03 Jan 2026

Fitriana, N., & Susandarini, R. (2019). Morphology and taxonomic relationships of shallot (*Allium cepa* L. group aggregatum) cultivars from Indonesia. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, *20*(10).

Golani, I. J., Vaddoria, M. A., Mehta, D. R., Naliyadhara, M. V., & Dobariya, K. L. (2006). Analysis of yield components in onion. *Indian Journal of Agricultural Research*, *40*(3), 224-227.

Gowd, T. Y. M., Deo, C., Manjunathagowda, D. C., Mahajan, V., Dutta, R., Bhutia, N. D., & Mounika, V. (2023). Deployment of Intron Length Polymorphic (ILP) markers in dissipating diversity of *Allium* species. *South African Journal of Botany*, *160*, 157-165. https://doi.org/10.1016/j.sajb.2023.06.053.

Grant, D. G., & Carter, B. V. (1991). A study of bulb shape in onions (*Allium cepa* L.). *In Agronomy Society of New Zealand* ,Vol. 21, pp. 19-22.

Griffiths, G., Trueman, L., Crowther, T., Thomas, B., & Smith, B. (2002). Onions—a global benefit to health. Phytotherapy Research: *An International Journal Devoted to Pharmacological and Toxicological Evaluation of Natural Product Derivatives*, *16*(7), 603-615. https://doi.org/10.1002/ptr.1222

Gupta, A. J., Anandhan, S., Manjunathagowda, D. C., Benke, A. P., Mahajan, V., Kad, S. K., & Singh, M. (2022). Complement test for distinctiveness, uniformity and stability testing of kharif onion (*Allium cepa* L.) varieties. *Genetic Resources and Crop Evolution*, *69*(6), 2217-2229. https://doi.org/10.1007/s10722-022-01372-z.

Gupta, A. J., Khade, Y. P., Mahajan, V., Hange, S. R., Shalaka, R. S., & Singh, M. (2023). Morphological and molecular characterization of multiplier onion (*Allium cepa var. aggregatum*) genotypes. https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-2672131/v1.

Gupta, A. J., Khade, Y. P., Mahajan, V., Hange, S. R., Shalaka, R. S., & Singh, M. (2024). Morphological and molecular characterization of multiplier onion (*Allium cepa* var. aggregatum) genotypes. *Plant Molecular Biology Reporter*, *42*(2), 224-234. https://doi.org/10.1007/s11105-023-01415-4

Gvozdanović-Varga, J., Vasić, M., Červenski, J., Petrović, A., & Moravčević, Đ. (2013). Phenotypic diversity of basic characteristics of genotypes from the Serbia onion collection. *Genetika-Belgrade*, *45*(1), 101-108.

Hanci, F., & Gokce, A. F. (2015, May). Genetic diversity evaluations in Turkish onion (*Allium cepa* L.) genotypes: principal component analyses (PCA) for breeding strategies. In VII International Symposium on Edible Alliaceae 1143 (pp. 227-234).

Havey, M. J. (1995). Onion and other cultivated alliums. *Evolution Crop Plants*, *2*, 344-350.

Hsiao, J., Yun, K., Moon, K. H., & Kim, S. H. (2019). A process-based model for leaf development and growth in hardneck garlic (*Allium sativum*). *Annals of Botany*, *124*(7), 1143-1160. https://doi.org/10.1093/aob/mcz060.

Hu Wei, H. W., Hou XiLin, H. X., Wang JianJun, W. J., & Chen Yu, C. Y. (2003). Effects of different sowing dates and post-winter field planting on growth and yield of onion (*Allinm cepa* L.).

Kapoor, S., Sood, S., Jayaswall, K., Sood, V. K., Kumar, N., Sood, T., & Sood, V. (2025). Deciphering genetic diversity and population structure of onion (*Allium cepa* L.) using agro-morphological and molecular markers. *Horticulture, Environment, and Biotechnology*, *66*(1), 149-162. https://doi.org/10.1007/s13580-024-00644-0

Kwon, Y. S., Lee, J. M., Yi, G. B., Yi, S. I., Kim, K. M., Soh, E. H., & Kim, B. D. (2005). Use of SSR markers to complement tests of distinctiveness, uniformity, and stability (DUS) of pepper (*Capsicum annuum* L.) varieties. *Molecules and cells*, *19*(3), 428-435. https://doi.org/10.1016/S1016-8478(23)13189-X

Lee EulTai, L. E., Chung DongHee, C. D., Kwon Byung Sun, K. B., Jeong Byeong Choon, J. B., Hwang JongJin, H. J., & Lim, J. T. (1996). Varietal classification by multivariate analysis in onion (*Allium cepa* L.).

Liu, L., Liu, Z., Chen, H., Zhou, L., Liu, Y., & Luo, L. (2012). SRAP markers and morphological traits could be used in test of distinctiveness, uniformity, and stability (DUS) of lettuce (*Lactuca sativa*) varieties. *Journal of Agricultural Science*, *4*(3), 227.

Luitel, B. P., Han, J., Cho, M. C., & Choi, M. S. (2023). Variation in Phenotypic Traits in Onion (*Allium cepa* L.) Germplasm Collections. *Korean Journal of Plant Resources*, *36*(3), 237-255.

Manjunathagowda, D. C. (2022). Genetic enhancement of onion germplasm through population improvement. *Plant Physiology Reports*, *27*(1), 73-80. https://doi.org/10.1007/s40502-022-00646-z

Manjunathagowda, D. C. (2021). Perspective and application of molecular markers linked to the cytoplasm types and male fertility restorer locus in onion (*Allium cepa* L.). *Plant Breeding*, 00: pbr12948. https://doi.org/10.1111/ PBR. 12948

Manjunathagowda., D. C., & Anjanappa, M. (2020). Identification and development of male sterile and their maintainer lines in short-day onion (*Allium cepa* L.) genotypes. *Genetic Resourced and Crop Evolution*, *672*, 67, 357–365. https://doi. org/10. 1007/ S10722- 019-00879-2.

Marques, W. L., Raghavendran, V., Stambuk, B. U., & Gombert, A. K. (2016). Sucrose and Saccharomyces cerevisiae: a relationship most sweet. FEMS Yeast research, *16*(1), fov107. https://doi.org/10.1093/femsyr/fov107.

Monpara, B. A., Chhatrola, M. D., Golani, I. J., & Vaddoria, M. A. (2005). Evaluation of Onion Germplasm, Variability and trait relationship studies. *National Journal of Plant Improvement*, *7*(7), 11-14.

Morozowska, M., & Hołubowicz, R. (2009). Effect of bulb size on selected morphological characteristics of seed stalks, seed yield and quality of onion (*Allium cepa* L.) seeds. *Folia Horticulturae*, *21*(2). https://doi.org/10.2478/fhort-2013-0123.

Mousavizadeh, S. A., Moghadam, M., TOURCHI, M., Mohammadi, S. A., & Masiha, S. (2006). Morphological and agronomic diversity in Iranian onion landraces.

Pérez-Gregorio, R. M., García-Falcón, M. S., Simal-Gandara, J., Rodrigues, A. S., & Almeida, D. P. (2010). Identification and quantification of flavonoids in traditional cultivars of red and white onions at harvest. *Journal of Food Composition and Analysis*, *23*(6), 592-598. https://doi.org/10.1016/j.jfca.2009.08.013

Rai, A. K., Vikram, A., & Pal, S. (2017). Genetic Characterization of Tomato Germplasm for Yield and Quality Traits through Principal Component Analysis. *Research Journal of Agricultural Science*, *8*, 1171-1174.

Raj, A. C., Sharangi, A. B., Das, A., Pramanik, K., Upadhyay, T. K., Almutairi, M., & Saeed, M. (2022). Assessing the genetic divergence of onion (*Allium Cepa* L.) through morpho-physiological and molecular markers. *Sustainability*, *14*(3), 1131. https://doi.org/10.3390/su14031131.

Rutishauser, R., & Isler, B. (2001). Developmental genetics and morphological evolution of flowering plants, especially bladderworts (Utricularia): fuzzy Arberian morphology complements classical morphology. *Annals of Botany*, *88*(6), 1173-1202. https://doi.org/10.1006/anbo.2001.1498.

Sahoo, B. B., Panda, A., Mohanty, S. K., & Senapati, N. (2022). Gene-gene correlation, path coefficients and the genetic variability of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) genotypes. https://doi.org/10.22271/09746315.2022.v18.i2.1587

Santhiya, S., Hedau, N. K., Thakur, A., Singh, A., Dev, R., & Kant, L. (2026). Phenotypic diversity and molecular characterization of male sterility based on cytotype and *Ms* locus variation in Indian onion germplasm. *Molecular Biology Reports*, *53*(1), 169. https://doi.org/10.1007/s11033-025-11276-7

Santhiya, S., Yadav, R. K., Lata, S., Tomar, B. S., Talukdar, A., Tomer, A., & Tara, K. (2025). Enhancing virus resistance through pre-breeding and crossability experiments in okra (*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench). *Genetic Resources and Crop Evolution*, *72*(5), 5653-5678. https://doi.org/10.1007/s10722-024-02298-4.

Singh, S. R., Ahmed, N., Lal, S., Ganie, S. A., Amin, M., Jan, N., & Amin, A. (2013). Determination of genetic diversity in onion (*Allium cepa* L.) by multivariate analysis under long day conditions. *African Journal of Agricultural Research*, *8*(45), 5599-5606. https://doi.org/10.5897/AJAR2013.7969

Slimestad, R., Fossen, T., & Vågen, I. M. (2007). Onions: a source of unique dietary flavonoids. *Journal of agricultural and food chemistry*, *55*(25), 10067-10080. https://doi.org/10.1021/jf0712503

Sood, S., Jayaswall, K., Sood, V. K., Kumar, N., Sood, T., & Jayaswal, D. (2023). Characterizing genetic diversity and population structure in onion (*Allium cepa* L.) genotypes using agro-morphological and molecular markers. https://doi.org/10.1007/s13580-024-00644-0

Sudeepthi, K., Srinivas, T., Ravi Kumar, B.N.V.S.R., Jyothula, D. P. B., Nafeez., & Umar. K. (2019). Estimation of genetic diversity for anaerobic germination traits using principal component analysis in rice (*Oryza sativa* L.). Bioscan *14*, 283–287

Sudha, G. S., Ramesh, P., Sekhar, A. C., Krishna, T. S., Bramhachari, P. V., & Riazunnisa, K. (2019). Genetic diversity analysis of selected Onion (*Allium cepa* L.) germplasm using specific RAPD and ISSR polymorphism markers. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, *17*, 110-118. https://doi.org/10.1016/j.bcab.2018.11.007

Szamosi, C., Solmaz, I., Sari, N., & Bársony, C. (2010). Morphological evaluation and comparison of Hungarian and Turkish melon (*Cucumis melo* L.) germplasm. *Scientia Horticulturae*, *124*(2), 170-182. https://doi.org/10.1016/j.scienta.2009.12.024

UPOV TG/46/7 (2008). Guidelines for the conduct of tests for distinctness, uniformity, and stability of onion. Geneva: International Union for the Protection of New Varieties of Plants. https://www.upov.int/edocs/tgdocs/en/tg046.pdf

Verma, G., Khosa, J., Sharma, M., Meena, O. P., & Dhatt, A. S. (2025). Phenotypic and molecular characterization of vernalization sensitivity and pre-mature bolting in onion (*Allium cepa* L.). *Genetic Resources and Crop Evolution*, *72*(1), 999-1011. https://doi.org/10.1007/s10722-024-02021-3

Xu, J., Li, Q., Yang, L., Li, X., Wang, Z., & Zhang, Y. (2020). Changes in carbohydrate metabolism and endogenous hormone regulation during bulblet initiation and development in *Lycoris radiata*. *BMC plant biology*, *20*(1), 180. https://doi.org/10.1186/s12870-020-02394-4

Xu, S., Liu, W., Liu, X., Qin, C., He, L., Wang, P., & Ma, W. (2023). DUS evaluation of nine inter subgeneric hybrids of *Paeonia lactiflora* and fingerprint analysis of the chemical components in the roots. *Frontiers in Chemistry*, *11*, 1158727. https://doi.org/10.3389/fchem.2023.1158727.