



Evaluation of Morphological and Phytochemical Diversity of Some White Eggplant Genotypes

Forough Fallahi¹ | Vahid Abdossi² | Mahmoud Bagheri³ |
Marzieh Ghanbari Jahromi⁴ | Hamid Mozafari⁵

1. Department of Horticultural Science and Agronomy, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran. E-mail: Forough.fallahi@srbiau.ac.ir
2. Corresponding Author, Department of Horticultural Science and Agronomy, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran. E-mail: abdossi@srbiau.ac.ir
3. Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research Education and Extension, Karaj, Iran. E-mail: m-bagheri@areeo.ac.ir
4. Department of Horticultural Science and Agronomy, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran. E-mail: ghanbari@srbiau.ac.ir
5. Department of Agronomy, Shahr Qods Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran. E-mail: h.mozafari@qodsiau.ac.ir

Article Info

Article type:
Research Article

Article history:
Received: 8 April 2022
Received in revised form:
5 December 2022
Accepted: 14 December 2022
Published online: 24 June 2023

Keywords:
Breeding,
cluster decomposition,
decomposition into principal
components,
morphological traits,
solasonin.

ABSTRACT

In order to select suitable parents for breeding purposes, one must have sufficient knowledge of genetic diversity and germplasm classification. It was for this reason that a study was conducted in 2019 at the Seed and Plant Research Institute in Karaj in order to identify and classify 17 eggplant genotypes based on the randomized complete block design. This study measured 19 morphological traits such as number of days to flowering, plant height, number of stems per plant, number of nodes, and internodes, weight, and fruit yield as well as total phenol content, total anthocyanin content and glico-aldehyde solasonin. The results of the analysis of variance revealed a significant difference for all the traits ($p \leq 0.01$). The range of variation showed great genetic diversity among cultivars, which can be useful for different breeding purposes, lower plant height to prevent dormancy. Greater number of stems and flowers are important to achieve higher yield, wherein 13321 genotypes showed lower height among genotypes. Cluster analysis classified the studied genotypes into three groups, and separated white eggplants from colored ones correctly. The PCA also confirmed the results of cluster analysis, showing that the color eggplants had more fruit yield, lower levels of solasonine, and lower days to maturity than white eggplants. However, the color eggplants that were used in this research were breeding cultivars; therefore, the use of breeding methods would be important to improve the quality and quantitative of eggplant genotypes.

Cite this article: Fallahi, F., Abdossi, V., Bagheri, M., Ghanbari Jahromi, M., & Mozafari, H. (2023). Evaluation of morphological and phytochemical diversity of some white eggplant genotypes. *Journal of Crops Improvement*, 25(2), 485-504. DOI: <https://doi.org/10.22059/jci.2022.341315.2696>





ارزیابی تنوع مورفولوژیکی و فیتوشیمیایی برخی از ژنوتیپ‌های بادمجان سفید

فروغ فلاحی^۱ | وحید عبدوسی^۲ | محمود باقری^۳ | مرضیه قنبری جهرمی^۴ | حمید مظفری^۵

۱. گروه علوم باغبانی و زراعی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران. رایانامه: Forough.fallahi@srbiau.ac.ir
۲. نویسنده مسئول، گروه علوم باغبانی و زراعی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران. رایانامه: abdossi@srbiau.ac.ir
۳. مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران. رایانامه: m-bagheri@areeo.ac.ir
۴. گروه علوم باغبانی و زراعی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران. رایانامه: ghanbari@srbiau.ac.ir
۵. گروه زراعت، واحد شهر قدس، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران. رایانامه: h.mozafari@qodsiau.ac.ir

اطلاعات مقاله

چکیده

نوع مقاله: مقاله پژوهشی

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۱/۱۹

تاریخ بازنگری: ۱۴۰۱/۰۹/۱۴

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۹/۲۳

تاریخ انتشار: ۱۴۰۲/۰۴/۰۳

کلیدواژه‌ها:

اصلاح، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه خوشه‌ای، سولاسونین، صفات مورفولوژیکی.

به منظور انتخاب والدین مناسب جهت اهداف اصلاحی، شناخت کافی از تنوع ژنتیکی و طبقه‌بندی ژرم‌پلاسماها ضروری است. به این منظور پژوهشی جهت طبقه‌بندی و شناخت تنوع فنوتیپی ۱۷ ژنوتیپ بادمجان در سه تکرار در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سال ۱۳۹۸ در مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر شهر کرج انجام شد. در مجموع ۱۹ صفت موردارزیابی قرار گرفت. در این پژوهش برخی صفات مورفولوژیکی هم‌چون تعداد روز تا گلدهی، ارتفاع بوته، تعداد ساقه در بوته، تعداد گره و میانگره، وزن و عملکرد میوه هم‌چنین میزان فنل کل، آنتوسیانین کل و گلیکوالکالوئید سولاسونین در میوه اندازه‌گیری شد. نتایج تجزیه واریانس برای تمام صفات فوق در سطح یک درصد معنی‌دار بود. دامنه تغییرات، تنوع ژنتیکی بسیار زیادی را در بین ارقام نشان داد که می‌تواند برای اهداف متفاوت اصلاحی مفید باشد، ارتفاع بوته کم‌تر برای جلوگیری از خرابی‌دگی و تعداد ساقه و گل بیش‌تر برای رسیدن به عملکرد بالاتر دارای اهمیت است که ژنوتیپ ۱۳۳۲۱ از سایر ژنوتیپ‌ها کوتاه‌تر بود. تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را در سه گروه مجزا قرار داد و بادمجان‌های سفید را به‌طور مشخص از بادمجان‌های رنگی جدا کرد. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نیز ضمن تأیید نتایج تجزیه کلاستر نشان داد که بادمجان‌های رنگی نسبت به بادمجان‌های سفید زودرس‌تر، عملکرد میوه بیش‌تر و مقدار گلیکوالکالوئید سولاسونین کم‌تری داشتند اگرچه بادمجان‌های رنگی مورد استفاده در این پژوهش ارقام اصلاح شده بودند، اما این نکته قابل توجه است که استفاده از روش‌های اصلاحی در بهبود کمیت و کیفیت بادمجان دارای اهمیت می‌باشد.

استناد: فلاحی، فروغ؛ عبدوسی، وحید؛ باقری، محمود؛ قنبری جهرمی، مرضیه و مظفری، حمید (۱۴۰۲). ارزیابی تنوع مورفولوژیکی و فیتوشیمیایی برخی از ژنوتیپ‌های بادمجان سفید. به‌زراعی کشاورزی، ۲۵ (۲)، ۴۸۵-۵۰۴. DOI: <https://doi.org/10.22059/jci.2022.341315.2696>



۱. مقدمه

بادمجان با نام علمی *Solanum melongena* L. از جمله سبزی‌های مهم اقتصادی مناطق گرمسیری بومی هندوستان و چین می‌باشد (Kashyap *et al.*, 2003). از نظر ارزش غذایی، بادمجان دارای ارزش کالری بسیار پایین محتوای بالای ویتامین‌ها، مواد معدنی و ترکیبات فعال زیستی برای سلامت انسان است و جزو سالم‌ترین سبزیجات محسوب می‌شود (Raigón *et al.*, 2008; Plazas *et al.*, 2014; Docimo *et al.*, 2016). کشاورزان برای تولید پایدار و سازگاری با چالش‌های تغییرات آب‌وهوایی به انواع بادمجان اصلاح‌شده نیاز دارند. از آنجایی که بادمجان دارای دوره رشد نسبتاً طولانی نسبت به سایر سبزی‌هاست در معرض طیف وسیعی از بیماری‌های گیاهی، آفات، ناماتدها و علف‌های هرز قرار دارد (Braga *et al.*, 2016). آب‌وهوای غیرقابل پیش‌بینی همراه با درجه حرارت شدید، خشکسالی یا سیل می‌تواند عملکرد و کیفیت میوه را کاهش دهد. به‌طور کلی، برنامه‌های اصلاح نژاد بادمجان با هدف توسعه واریته‌های پرمحصول، به‌طور عمده هیبریدهای F1، با کیفیت میوه بالا، ماندگاری و مقاومت در برابر بیماری‌های عمده و آفات و حشرات و با سازگاری گسترده با تنش‌های محیطی انجام می‌شود (Daunay & Hazra, 2012). دسترسی به تنوع ژنتیکی برای هر برنامه اصلاحی اساسی است (Meyer *et al.*, 2012). امروزه به‌دلیل توجهی که به توسعه ارقام جدید می‌شود، تلاش‌های زیادی در جهت جمع‌آوری و حفظ ذخایر ژنتیکی بادمجان از مناطق مختلف شده است (Portis *et al.*, 2018). به‌دلیل تنوع زیادی که در بادمجان وجود دارد، امکان شناسایی و تشخیص از طریق ویژگی‌های مرتبط با رشد، گلدهی و میوه وجود ندارد (Hazra *et al.*, 2003). در بادمجان تنوع در اندازه میوه (میوه‌های کوچک خاردار تا میوه بزرگ بدون خار)، شکل میوه (بیضی، دایره‌ای، کشیده، تقریباً کشیده، خیلی کشیده و نیزه‌ای) و رنگ (سبز، سبز لکه‌ای، سفید، صورتی، بنفش، خطوط بنفش یا سیاه و ارغوانی روشن) زیاد است (Altaye, 2015).

تنوع فنوتیپی وجود تفاوت فیزیکی قابل مشاهده در یک جمعیت می‌باشد و اجزای ژنتیکی و محیطی را شامل می‌شود (Amom & Nongdam, 2017). جهت گروه‌بندی جمعیت‌های با تنوع زیاد، استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره مفید می‌باشد. روش خوشه‌بندی طبقه‌ای در مقایسه با سایر روش‌ها دارای مزایایی است؛ می‌توان از مخلوط صفات کیفی و کمی استفاده کرد و در مقایسه با برخی از روش‌های دیگر هر فرد با وزن مساوی در تجزیه شرکت می‌کند (اله‌قلی‌پور و همکاران، ۱۳۸۳). از طرفی، در بین روش‌های چندمتغیره، تجزیه به عامل‌ها در شناسایی عوامل مستقلی که به‌طور جداگانه بر صفات مهم گیاهی مؤثر باشند؛ بسیار دارای اهمیت بوده و روز به روز گسترش می‌یابد (نقدی‌پور و همکاران، ۱۳۹۰). غربالگری توده‌های موجود برای ارزیابی صفات هدف و توصیف مورفولوژیکی ژنوتیپ‌ها مسائل کلیدی برای فرایند اصلاح هستند (Taher *et al.*, 2017). بسیاری از ارقام بادمجان شناخته شده‌اند و با کمک تنوع مورفولوژیکی (از نظر عادت رشدی، بنیه بوته، دارابودن پرز و خار)، فیزیولوژیکی (زودگلدهی، نیاز و جذب آب) و صفات بیوشیمیایی (تلخی میوه) که دارند، قابل کلاس‌بندی هستند (Daunay & Hazra, 2012). اما به‌دلیل وجود تنوع مورفولوژیکی بالا، داده‌های حاصل می‌تواند تا حدودی گیج‌کننده باشد (Furini & Wunder, 2004).

۲. پیشینه پژوهش

توده‌های مختلف بادمجان که در حال حاضر در بانک ژن هلند و فرانسه ذخیره شده است (Samuels, 2012)، توسط پژوهش‌گران (Weese & Bohs, 2010) با توالی‌یابی DNA موردآزمایش قرار گرفت، نتایج آن‌ها صحت گروه‌های A تا G را تأیید کرد، اما گونه‌های جنوب آفریقا (Hepper & Jaeger, 1986) در گروهی جدا از خویشاوندانش قرار گرفت. پژوهش‌گران تعداد بیش‌تری از نمونه‌ها را موردآزمایش قرار دادند و نتایج مشابهی حاصل شد که براساس نتایج حاصله

گونه‌های آسیایی و هندی در یک گروه قرار گرفتند (Meyer *et al.*, 2012). بررسی ژنوتیپ‌های مختلف می‌تواند به معرفی ارقام مناسب کشت و بازار بینجامد و این کار توسط برخی از پژوهش‌گران صورت گرفته است (Rahman *et al.*, 2014; Kumar *et al.*, 2013). پژوهش‌گران توانستند ارتباط فنوتیپ/ژنوتیپ مرتبط با هشت صفت مربوط به میوه بادمجان را شناسایی کنند (Ge *et al.*, 2013). گزارش شده است که اکثر صفات مورفولوژیکی برگ و میوه بادمجان از تنوع زیادی برخوردار است و رابطه بین تفاوت مشاهده‌شده بین فنوتیپ و ژنوتیپ ارقام وجود دارد، بر همین اساس سهم ژنوتیپی در واریانس در هر مورد قابل‌توجه بود (Portis *et al.*, 2015). در مطالعه‌ای ۲۸ لاین و واریته از نظر شش صفت مرتبط با میزان تولید و دو صفت کیفی رنگ و شکل میوه موردبررسی قرار گرفتند و تنوع مورفولوژیکی گسترده‌ای مشاهده شد (Kumar *et al.*, 2007). ویژگی‌های ۱۶ ژنوتیپ محلی و وارداتی در راستای شناسایی تنوع، بررسی شد که براساس دستاوردها تفاوت‌های ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های محلی به‌طور بالقوه مربوط به برنامه‌های اصلاحی است، زیرا می‌توان از تنوع ایجادشده از طریق هیبریداسیون اشکال متضاد استفاده کرد (Islam & Uddin, 2009). در مطالعه دیگری ویژگی‌های ۳۵ ژنوتیپ بادمجان موردارزیابی قرار گرفت و تنوع زیادی در ۱۲ صفت کمی مشاهده شد که تمرکز بیش‌تر بر دو صفت وزن میوه و تعداد میوه تشکیل شده در هر بوته بود (Chattopadhyay *et al.*, 2011). در مطالعه‌ای ۹۴ اکسشن بادمجان از نظر صفات مورفولوژیکی مورد مطالعه قرار گرفتند و مشخص شد که فاکتورهای مورفولوژیکی در شناسایی شباهت‌ها و اختلاف‌ها، کارآمد بودند (Furini & Wunder, 2004). صفات مورفولوژیکی ۹۲ ژنوتیپ بادمجان با در نظر گرفتن ۲۱ فاکتور موردارزیابی قرار گرفتند و در هشت کلاستر جای گرفتند (Begum *et al.*, 2013). در بررسی ۶۷ اکسشن بادمجان آفریقایی به این نتیجه رسیدند که تفاوت مورفولوژیکی و تولیدی زیادی بین اکسشن‌ها وجود دارد (Mungai *et al.*, 2016). مطالعه ۱۹ ژنوتیپ بادمجان نشان داد که ژنوتیپ‌ها از نظر ۴۵ صفت کیفی مورفولوژیکی و ۱۵ صفت کمی با یکدیگر متفاوت بودند (Bashar *et al.*, 2015). در بررسی مورفولوژی گل ۵۶ اکسشن بادمجان به‌منظور مطالعه به‌میوه‌رفتن آن‌ها، مشخص شد که ۸۰/۳ درصد از اکسشن‌ها هر دو شکل گل تک و گل‌آذین را بر روی یک بوته تشکیل می‌دهند. ۱۶ درصد از اکسشن‌های مورد مطالعه فقط گل‌آذین و ۳/۶ درصد فقط گل تک تولید می‌کردند. اکسشن‌ها از نظر تعداد گل نیز تفاوت نشان دادند (Pradeepa, 2002). در آمریکا ارقام با پوست سفید اغلب دارای میوه‌های کوچک گرد و یا بیضی با پوستی نازک هستند (Cantwell & Suslow, 2013). در پژوهشی صفات مورفولوژیک در گونه‌های *Solanum incanum* و *Solanum melongena* و هیبریدهای آن‌ها موردبررسی قرار گرفت، نتایج نشان داد که هیبریدهای *Solanum incanum* دارای ارتفاع بیش‌تر و خاردار و هیبریدهای *Solanum melongena* از لحاظ مورفولوژیکی با والدین متفاوت بودند (Prohens *et al.*, 2013).

با توجه به این‌که ژنوتیپ‌های بادمجان موجود در کشور غالباً به‌صورت بنفش و به ندرت به‌صورت سبز هستند و با در نظر گرفتن این نکته که تاکنون مطالعه‌ای بر روی بادمجان سفید در کشور صورت نگرفته است، لذا خصوصیات زراعی و فیزیولوژیک بادمجان سفید نامشخص بوده و سوال‌های فراوانی درباره رشدونمو و تولید و عوامل تأثیرگذار بر این موارد وجود دارد که برای پاسخگویی به موارد مطرح‌شده، نیاز به انجام پژوهش و بررسی است. پژوهش پیشنهاد شده را می‌توان اولین قدم در راستای شناسایی شباهت‌ها و تفاوت‌های مورفولوژیکی و رشدی لاین‌های بومی ایران به‌شمار آورد. هدف از این مطالعه بررسی تنوع ژنتیکی ۱۳ ژنوتیپ بادمجان سفید در مقایسه با ۳ ژنوتیپ بادمجان بنفش و یک ژنوتیپ بادمجان سبز و گروه‌بندی آن‌ها براساس صفات مورفولوژیک و همچنین استفاده از تجزیه به‌عامل‌ها روی داده‌های حاصل، جهت بررسی ساختار پیچیده صفات در جهت استفاده برای برنامه‌های به‌نژادی در آینده برای بالابردن افزایش عملکرد در واحد سطح بادمجان سفید باشد.

۲. روش‌شناسی پژوهش

این آزمایش در سال ۱۳۹۸ در مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر واقع در شهر کرج انجام شد. مواد گیاهی مورد مطالعه در پژوهش شامل ۱۷ ژنوتیپ بادمجان (جدول ۱) که از مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر تأمین شد. به منظور تهیه نشاء، بذور در هر ژنوتیپ به صورت مجزا از یکدیگر و در نیمه دوم اسفندماه در سینی‌های نشاء کشت و در گلخانه در شرایط کنترل شده (دمای شب ۱۷ درجه سانتی‌گراد و دمای روز ۲۴ درجه سانتی‌گراد؛ طول شب و روز ۱۲ ساعت و رطوبت نسبی ۶۵ درصد) و اعمال مراقبت‌های زراعی مطلوب نگهداری شد.

جدول ۱. ژنوتیپ‌های بادمجان مورد بررسی و ویژگی‌های آن‌ها

ژنوتیپ	منشأ	زمان رسیدگی	شکل میوه	عادت رشد بوته	رنگ پوسته میوه
11111	خارجی	متوسط	تخم مرغی	نیم افراشته	سفید
13511	خارجی	زود رس	قلمی	نیم افراشته	سفید
11121	خارجی	زود رس	کروی	نیم افراشته	سفید
13421	خارجی	زود رس	تخم مرغی	نیم افراشته	سفید
24211	خارجی	زود رس	تخم مرغی	نیم افراشته	سفید
13411	خارجی	متوسط	کروی	نیم افراشته	سفید
21881	خارجی	متوسط	کروی	نیم افراشته	سفید
13321	خارجی	متوسط	کروی	نیم افراشته	سفید
51311	خارجی	متوسط	کروی	نیم افراشته	سفید
12521	خارجی	زود رس	کروی	نیم افراشته	سفید
11122	خارجی	متوسط	کروی	نیم افراشته	سفید
11212	خارجی	متوسط	قلمی	نیم افراشته	سفید
24111	خارجی	متوسط	کروی	نیم افراشته	سفید
Behrad	بزد	متوسط	قلمی	افراشته	بنفش تیره
Azin	بوشهر	متوسط	دلماهی	نیم افراشته	بنفش خیلی تیره
Derakhshan	دزفول	متوسط	گلابی شکل	نیم افراشته	بنفش تیره
Bitá	دزفول	زود رس	گلابی شکل	نیم افراشته	سبز

در اردیبهشت‌ماه و پس از گاورو شدن در قطعه زمینی به مساحت حدوداً ۱۵۰۰ مترمربع که در پاییز شخم زده شده بود، کودهای شیمیایی قبل و بعد از کشت استفاده شد که پس از کودپاشی، زمین دیسک سنگین و سبک زده شده و جوی و پشته ایجاد شد و نشاءها که بیش از ۱۰ سانتی‌متر رشد کردند (با قطر ۳ الی ۶ میلی‌متر، مناسب برای انتقال به زمین اصلی)، عمل انتقال به زمین اصلی، صورت گرفت. فاصله بوته‌ها در هر ردیف ۵۰ سانتی‌متر بود، آبیاری هر دو روز یک‌بار و در طول دوره رشد پنج مرتبه وجین علف هرز انجام شد، خصوصیات خاک به شرح زیر بود (جدول ۲):

جدول ۲. برخی خصوصیات خاک مورد استفاده

بافت خاک	pH	EC (دسی‌زیمنس بر متر)	پتاسیم (پی‌پی‌ام)	فسفر (پی‌پی‌ام)	نیترژن (درصد)	ماده آلی (درصد)	آهن (میلی‌گرم بر کیلوگرم)	مس (میلی‌گرم بر کیلوگرم)
لومی شنی	۷/۵	۰/۴۳	۲۲۵	۱۴/۴۵	۰/۵۱	۳/۴۷	۴/۲۲	۱/۱۵

آزمایشگاه خاکشناسی مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر

۲.۱. صفات مورد ارزیابی

ارتفاع بوته با استفاده از خط‌کش میلی‌متری، طول و قطر میوه با استفاده از کولیس، تعداد شاخه، تعداد برگ و تعداد گره شمارش گردید و وزن میوه با استفاده از ترازوی دیجیتال اندازه‌گیری شد.

۱.۱.۲. فنل کل

میزان کل ترکیبات فنلی با استفاده از روش فولین، اندازه‌گیری گردید که ۲۰ میکرولیتر از محلول عصاره با ۱/۱۶ میلی‌لیتر آب مقطر و ۱۰۰ میکرولیتر معرف فولین مخلوط و پس از گذشت ۸ دقیقه، ۳۰۰ میکرولیتر از محلول کربنات سدیم (۲۰ درصد) به آن‌ها اضافه شد. لوله‌های آزمایش به مدت ۳۰ دقیقه در بن‌ماری ۴۰ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند. سپس جذب در ۷۶۰ نانومتر خوانده شد. منحنی استاندارد اسیدگالیک برای محاسبات استفاده و نتایج برحسب میلی‌گرم گالیک‌اسید بر گرم ماده جامد عصاره بیان شد (Slinkard *et al.*, 1977).

۲.۱.۲. آنتوسیانین کل

برای اندازه‌گیری میزان آنتوسیانین از دو سیستم بافر (بافر سدیم استات (۰/۴ مولار و pH=۴/۵) و بافر پتاسیم کلرید (۰/۲۵ مولار و pH=۱)) استفاده شد. ۴۰۰ میکرولیتر از هر عصاره به‌طور جداگانه با هر یک از بافرها مخلوط و جذب آن‌ها در دو طول موج ۴۱۰ و ۷۰۰ نانومتر در دستگاه اسپکتروفوتومتر (Shimadzu UV-160) خوانده شد. نتایج برحسب میلی‌گرم سیانیدین ۳-گلیکوزید بر گرم ماده جامده عصاره و براساس فرمول زیر محاسبه گردید (Muanda *et al.*, 2011).

غلظت رنگدانه آنتوسیانین = (مقدار جذب × وزن مولکولی سیانیدین × فاکتور رقت × ۱۰۰۰) ÷ (ضریب مولی سیانیدین)
مقدار جذب = (جذب در ۵۱۰ نانومتر - جذب در ۷۰۰ نانومتر در حالتی که pH = ۱) - (جذب در ۵۱۰ نانومتر - جذب در ۷۰۰ نانومتر در حالتی که pH=۴/۵)

۳.۱.۲. گلیکوآلکالوئید سولاسونین

برای اندازه‌گیری مقدار سولاسونین، پودر خشک میوه بادمجان (۲۵ g) با متانول ۷۰ درصد (۲۵۰ ml) و سدیم بی-سولفیتین (۱ mg/ml) به مدت ۱۵ دقیقه با کمک استیرر مخلوط شدند. مخلوط حاصل با کمک دستگاه سوکسله به مدت ۶۰ دقیقه در دمای ۵۰ درجه سانتی‌گراد عصاره‌گیری و سپس فیلتر شد. محلول فیلترشده با کمک روتاری تغلیظ و با حجم مساوی از NHCl مخلوط و استیرر گردید. محلول حاصل به مدت ۱۵ دقیقه در دما ۲۰ درجه سانتی‌گراد با ۸۰۰۰ rpm سانتریفیوژ شد. pH سوسپانسیون با کمک آمونیوم هیدروکسی روی ۱۰ الی ۱۱ تنظیم و سپس در حمام آب گرم با دمای ۷۰ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ دقیقه قرار گرفت. پس سرد شدن محلول روی یخ به مدت ۳۰ دقیقه دوباره با ۱۰۰۰۰ rpm به مدت ۳۰ دقیقه سانتریفیوژ شد. ماده ته‌نشین شده با ۵ میلی‌لیتر آمونیوم هیدروکسی یک درصد شسته و سپس به مدت ۱۵ دقیقه در دمای ۲۰ درجه سانتی‌گراد در ۱۰۰۰۰ rpm سانتریفیوژ و رسوب جمع‌آوری شد. رسوب خشک شده در ۱۰ میلی‌لیتر متانول حل و در دستگاه اولتراسونیک در دمای ۵۰ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ دقیقه قرار گرفت. سوسپانسیون حاصل از فیلتر (۰/۴۵ μm) عبور داده شد. سپس مقدار سولاسونین با کمک دستگاه HPLC اندازه‌گیری شد. ۱۰ میکرولیتر از محلول فیلترشده به HPLC با دتکتور UV و ستون C18 تزریق و در طول موج ۲۰۲ بیش‌ترین مقدار سولاسونین خوانده شد. فاز متحرک استونیتریل-۰/۰۵ پتاسیم دی‌هیدروژن فسفات (۵۵:۴۵ v/v) بود. سرعت جریان ۰/۷ میلی‌لیتر بر دقیقه بود (Bushway *et al.*, 1980).

۲.۲. تجزیه و تحلیل داده‌ها

این آزمایش به‌صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار انجام گرفت. برای بررسی تفاوت صفات مورد مطالعه،

برای آزمون نرمال بودن داده‌ها، تجزیه واریانس، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به عامل‌ها با چرخش واریمکس با نرم‌افزار SAS (نسخه ۹/۱) انجام گرفت. معنی‌داری بین صفات در ژنوتیپ‌های مختلف با آزمون دانکن^۱ بررسی شد.

۳. یافته‌های پژوهش و بحث

نتایج تجزیه واریانس برخی صفات مورفولوژیکی مورد مطالعه ژنوتیپ‌های مختلف بادمجان (جدول ۳) نشان داد اثر ژنوتیپ بر ارتفاع بوته، تعداد گره، تعداد میانگره، تعداد برگ و تعداد شاخه در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار شد ($P \leq 0.01$).

جدول ۳. نتایج تجزیه واریانس صفات مورفولوژیکی بادمجان

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات			
		ارتفاع	تعداد گره	تعداد میانگره	تعداد برگ
تکرار	۲	۶۱/۵۸ ns	۱۲۹/۲۳ ns	۸۷/۵۲ ns	۸۳۱/۴۳ ns
ژنوتیپ	۱۶	۹۱۸/۳۳**	۱۶۵۱۹/۴۹**	۱۵۶۸۵/۰۲**	۷۴۸۰۵/۰۰**
خطا	-	۲۵/۰۲۶	۶۰/۶۹	۵۷/۶۵	۲۳۰/۴۳
ضریب تغییرات (%)	-	۳/۵۵	۱/۴۷	۱/۴۵	۱/۱۸
قطر ساقه					۱۰/۶ ns
تعداد شاخه					۳/۰۷۸ ns
تعداد برگ					۱۰۴/۶۹**
تعداد میانگره					۱/۷۴
تعداد گره					۲/۲۰
تعداد شاخه					۲/۸۴

** و ns به ترتیب بیانگر معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد و نبود تفاوت معنی‌دار

۳.۱. ارتفاع بوته

ارتفاع بوته در ارقام مختلف بادمجان تفاوت معنی‌داری باهم داشتند. بیش‌ترین ارتفاع بوته با ۹۴ سانتی‌متر (ژنوتیپ درخشان) و ۹۳/۳۳ سانتی‌متر (در ژنوتیپ‌های بیتا، بهراد) و کم‌ترین ارتفاع بوته نیز در ژنوتیپ ۱۳۳۲۱ با مقدار عددی ۴۱/۳۳ سانتی‌متر مشاهده شد. در بین ژنوتیپ‌های بادمجان سفید، ژنوتیپ ۱۳۴۱۱ با ۶۸/۶۶ سانتی‌متر بالاترین ارتفاع را داشت (جدول ۴). در پژوهشی ارتفاع بوته در لاین‌های *S. aethiopicum* و *S. anguivi* بین ۲۲/۸۸ تا ۹۴/۶ سانتی‌متر متغیر بود و در لاین *S. macrocarpon* بین ۱۹/۹۶ تا ۴۱/۵۲ سانتی‌متر متغیر بود (Osei et al., 2010). در پژوهشی در مؤسسه اصلاح و تحقیقات تهیه بذر و نهال کرج، تعداد ۱۳ رقم محلی بادمجان مورد بررسی قرار گرفت و نتایج نشان داد دو لاین ۷۴۲۵۰ و ۷۴۱۲۸ به ترتیب با ۷۱/۲ و ۴۸/۰ سانتی‌متر ارتفاع بیش‌ترین و کم‌ترین ارتفاع بوته را به خود اختصاص دادند (خالقی و همکاران، ۱۳۹۸). محدوده ارتفاع گیاه در پژوهشی در ۲۸ توده بادمجان بومی اسپانیا بین ۵۰ تا ۸۵ سانتی‌متر گزارش شده است (Prohens et al., 2005).

۳.۲. تعداد گره

بیش‌ترین تعداد میانگره با ۲۹۶/۳۳ در ژنوتیپ بهراد (بنفش) و کم‌ترین تعداد آن نیز در ژنوتیپ‌های ۱۳۳۲۱ (۴۳/۶۷ عدد) شمارش شد. در بین ژنوتیپ‌های بادمجان سفید نیز ژنوتیپ ۱۱۲۱۲ با مقدار عددی ۱۳۰/۶۷ بیش‌ترین تعداد میانگره را داشت (جدول ۴).

۳.۳. تعداد میانگره

با توجه به نتایج مقایسه میانگین، تعداد گره در ژنوتیپ‌های مختلف بادمجان تفاوت معنی‌داری باهم داشتند. نتایج نشان داد که بیش‌ترین تعداد گره با ۲۸۷/۶۷ عدد در ژنوتیپ بهراد و کم‌ترین تعداد گره نیز در ژنوتیپ ۱۳۳۲۱ مشاهده گردید. در بین

ژنوتیپ‌های بادمجان سفید نیز ژنوتیپ ۱۱۲۱۲ با ۱۲۵ گره؛ بیش‌ترین تعداد گره را داشت (جدول ۴). سرعت ظهور برگ و در نهایت تعداد برگ یا گره تحت تأثیر عوامل متعددی نظیر دما، فتوپریود، تغذیه و استرس آبی و ژنوتیپ گیاه قرار دارد (Oloyede, 2012). دمای محیط عامل اصلی در تقسیم سلولی مریستم انتهایی و تولید برگ است. تفاوت ژنوتیپ‌ها در سرعت تولید گره می‌تواند ناشی از این موضوع باشد که دمای بهینه رشد در ژنوتیپ‌های مختلف با یکدیگر متفاوت است و ژنوتیپ‌هایی که سرعت تولید گره بیش‌تری دارند، دارای دمای بهینه رشد پایین‌تری هستند (Ritchie & Nesmith, 1991).

جدول ۴. نتایج مقایسه میانگین برخی صفات مورفولوژیکی ژنوتیپ‌های مختلف بادمجان

ژنوتیپ‌ها	ارتفاع (cm)	تعداد میانگره	تعداد گره	تعداد برگ	تعداد شاخه	قطر ساقه (mm)
11122	57/33 def	62/00 ij	65/67 hij	97/33 gh	12/67 ef	17/90 d
51311	64/67 cd	69/00 hi	71/67 hi	100/00 gh	12/67 ef	13/84 efg
24111	48/00 gh	45/67 kl	49/00 kl	81/33 hi	9/67 fghi	11/83 gh
13321	41/33 h	41/67 l	42/67 l	35/67 i	7/67 i	13/77 efg
11212	57/33 def	125/00 e	130/67 e	178/67 e	16/33 d	15/54 e
11111	53/33 efg	76/33 gh	77/67 gh	91/67 gh	13/33 de	10/48 h
13421	50/00 fg	54/67 jk	57/33 jk	89/00 hi	8/67 hi	13/87 efg
13411	68/67 bc	70/00 hi	72/00 h	127/33 f	12/33 efg	15/63 c
21881	50/00 fg	56/00 jk	59/00 ijk	90/00 ghi	11/67 efg	14/52 ef
11121	61/00 cde	91/33 f	96/33 f	114/67 fg	13/00 def	19/88 bed
13511	52/00 fg	83/00 fg	87/33 fg	99/00 gh	12/67 ef	12/78 fg
Derakhshan	94/00 a	232/00 b	237/00 b	431/00 c	24/33 bc	20/68 bc
24211	50/00 fg	47/67 kl	51/00 kl	77/67 hi	9/67 fghi	10/47 h
12521	55/00 efg	63/67 ij	66/00 hij	114/33 fg	9/00 ghi	19/50 cd
Bitra	93/33 a	189/33 c	197/00 c	458/00 b	29/00 a	21/72 b
Behrad	99/33 a	287/67 a	296/33 a	451/67 a	27/33 ab	35/35 a
Azin	73/67 b	163/00 d	172/33 d	379/00 d	21/33 c	18/07 d

حروف مشترک در هر ستون بیانگر نبود تفاوت معنی‌دار در سطح احتمال 5 درصد می‌باشد.

۴.۳. تعداد برگ

نتایج مقایسه میانگین نشان داد که ژنوتیپ بهراد با ۴۵۱/۶۷ برگ بیش‌ترین تعداد برگ و ژنوتیپ ۱۳۳۲۱ (۳۵/۶۷ عدد) کم‌ترین تعداد برگ را دارا بود. در بین ژنوتیپ‌های مختلف بادمجان سفید نیز ژنوتیپ ۱۱۲۱۲ با ۱۷۸/۶۷ برگ بیش‌ترین تعداد برگ را داشت (جدول ۴). با توجه به دامنه تغییرات زیاد تعداد برگ از ۳۵/۶۷ تا ۴۵۱/۶۷ عدد، می‌توان از طریق برنامه‌های انتخاب، این صفت را بهبود بخشید و بازده ناشی از انتخاب در جهت افزایش میانگین تعداد برگ در بوته مطمئناً از راندمان بسیار بالایی برای افزایش عملکرد بادمجان سفید از طریق افزایش سطح فتوسنتزی گیاه برخوردار خواهد بود.

۵.۳. تعداد شاخه

بر اساس نتایج مقایسه میانگین داده‌ها، ژنوتیپ‌های بیتا (۲۹ عدد) و بهراد (۲۷/۳۳ عدد) بیش‌ترین تعداد شاخه و ژنوتیپ ۱۳۳۲۱ (۷/۶۷ عدد) کم‌ترین تعداد شاخه را دارا بودند (جدول ۴). عادت رشد و تولید تعداد شاخه جانبی دو صفت مهم هستند که می‌توانند بر تعداد میوه تأثیر بگذارند (Ercan & Kurum, 2003). تولید تعداد شاخه‌های جانبی می‌تواند سبب افزایش تعداد میوه برداشتی از هر بوته شود (Liseed, 2007). تولید تعداد شاخه‌های جانبی سبب اشغال کردن فضای بیش‌تری از سطح خاک شده و بنابراین تراکم کشت باید کاهش یابد که سبب کاهش عملکرد محصول می‌گردد (Ercan & Kurum, 2003).

۳.۶. قطر ساقه

بیشترین میزان قطر ساقه با ۳۵/۳۵ میلی‌متر در ژنوتیپ بهراد و کمترین آن در ژنوتیپ ۱۱۱۱۱ (۱۰/۴۸ میلی‌متر) مشاهده گردید. در بین ژنوتیپ‌های بادمجان سفید نیز ژنوتیپ ۱۱۱۲۱ (۱۹/۸۸ میلی‌متر) بیشترین قطر ساقه را دارا بود (جدول ۴).

۳.۷. خصوصیات میوه

نتایج تجزیه واریانس نشان داد که اثر ژنوتیپ‌های مختلف بادمجان بر قطر ساقه، قطر بزرگ میوه، طول میوه و نسبت طول میوه به قطر بزرگ میوه در سطح احتمال ۱ درصد ($P \leq 0.01$) معنی‌دار شد (جدول ۵).

جدول ۵. نتایج تجزیه واریانس بر برخی خصوصیات میوه ژنوتیپ‌های مختلف بادمجان

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات		
		قطر بزرگ میوه	طول میوه	نسبت طول به قطر بزرگ میوه
تکرار	۲	ns ۳۸/۴۸	۱۳۸/۰۱۵ ns	-/۰۰۸ ns
ژنوتیپ	۱۶	۱۰۰۷/۴۹**	۷۴۴۴/۹**	۲۰/۲۳**
خطا	-	۲۵/۹۳	۳۵/۷۷	-/۰۱۲
ضریب تغییرات (%)	-	۳/۶۱	۰/۸۶	۰/۸۳
وزن میوه در بوته			۵۶۴/۸ ns	۳۰۳۴۷۱/۶ ns
وزن تک میوه			۱۲۱۷۵۶/۰۳**	۶۴۴۲۹۸/۹**
وزن میوه در بوته			۲۵۵/۴۹	۱۳۹۸۳۹/۶
وزن تک میوه			۱/۲۹	۱/۵۳

** و ns: به ترتیب بیانگر معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد و نبود تفاوت معنی‌دار.

۳.۷.۱. قطر بزرگ میوه

نتایج مقایسه میانگین داده‌ها نشان داد که بیشترین قطر میوه با ۱۱۸ میلی‌متر در ژنوتیپ آذین و کمترین میزان آن نیز با ۲۶/۹۷ میلی‌متر در ژنوتیپ بیتا مشاهده شد. در بین ژنوتیپ‌های بادمجان سفید نیز ژنوتیپ ۱۳۴۱۱ بیشترین میزان قطر بزرگ میوه (۸۲/۸۸ میلی‌متر) را دارا بود (جدول ۶).

جدول ۶. نتایج مقایسه میانگین برخی خصوصیات میوه ژنوتیپ‌های مختلف بادمجان

ژنوتیپ‌ها	قطر بزرگ میوه (سانتی‌متر)	طول میوه (میلی‌متر)	نسبت طول به قطر بزرگ میوه	وزن تک میوه (گرم)	وزن میوه در بوته (گرم)
11122	۷۳/۵۳ cd	۷۳/۲۷ hi	۱/۰۰ ij	۱۵۸/۳۳ fg	۱۴۷۴/۳۳ def
51311	۶۵/۰۷ defg	۷۸/۴۹ gh	۱/۲۲ gh	۱۴۱/۳۳ fghi	۱۷۸۷/۳۳ de
24111	۶۴/۵۳ efg	۶۶/۵۶ ij	۱/۰۳ ij	۱۲۵/۳۳ hi	۹۵۸/۰۰ f
13321	۶۴/۳۱ efg	۶۱/۰۴ j	۰/۹۵ j	۱۲۰/۳۳ ij	۱۲۴۲/۰۰ ef
11212	۵۷/۳۸ g	۱۲۱/۲۶ d	۲/۱۲ d	۱۵۰/۶۷ fgh	۳۰۴۹/۳۳ c
11111	۵۷/۶۹ g	۸۸/۸۹ f	۱/۵۴ e	۱۵۳/۳۳ ghi	۸۵۵/۰۰ f
13421	۶۸/۲۴ def	۸۵/۴۷ fg	۱/۲۵ gh	۱۶۲/۶۷ f	۱۰۸۲/۰۰ f
13411	۸۲/۸۸ b	۸۲/۷۳ fgh	۱/۰۰ ij	۲۱۵/۳۳ de	۱۹۰۳/۳۳ d
21881	۷۰/۱۵ de	۸۲/۵۴ fgh	۱/۱۸ ghi	۲۳۶/۶۷ d	۱۲۵۹/۳۳ ef
11121	۶۸/۱۷ def	۷۷/۴۶ gh	۱/۱۴ hi	۱۵۳/۰۰ fg	۱۹۸۶/۶۷ d
13511	۴۸/۰۲ h	۱۰۴/۸۳ e	۲/۱۹ d	۹۸/۳۳ j	۱۰۱۴/۳۳ f
derakhshan	۸۱/۱۰ bc	۲۰۶/۸۳ b	۲/۵۵ c	۴۱۴/۶۷ c	۵۳۹۴/۶۷ a
24211	۶۷/۱۳ def	۹۹/۵۰ e	۱/۴۸ ef	۱۹۴/۳۳ e	۱۴۲۴/۶۷ def
12521	۵۸/۴۲ g	۶۵/۹۴ ij	۱/۱۳ hij	۹۶/۶۷ j	۱۸۴۰/۰۰ de
bita	۲۶/۹۷ i	۸۰/۴۰ fgh	۲/۹۹ b	۶۶۵/۰۰ a	۴۸۷۹/۰۰ a
behrad	۶۱/۰۳ fg	۷۲۷/۳۳ a	۱۱/۹۲ a	۶۳۱/۳۳ b	۳۹۹۸/۳۳ b
azin	۱۱۸/۰۰ a	۱۵۶/۳۳ c	۱/۳۲ fg	۶۵۲/۰۰ ab	۴۱۲۳/۰۰ b

حروف مشترک در هر ستون بیانگر نبود تفاوت معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد می‌باشد.

۳.۷.۲. طول میوه

نتایج مقایسه میانگین نشان داد که بیش‌ترین میزان طول میوه با ۷۲۷/۳۳ میلی‌متر در ژنوتیپ به‌راد و کم‌ترین میزان آن در ژنوتیپ ۱۳۳۲۱ با مقدار عددی ۶۱/۰۴ میلی‌متر حاصل شد (جدول ۶). براساس پژوهش‌هایی، کوتاه‌ترین و عریض‌ترین میوه‌ها به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های ۷۴۱۰۰ و ۷۴۲۳۷ و بلندترین و باریک‌ترین میوه هم در ژنوتیپ ۷۴۱۱۶ مشاهده شد. به‌طور کلی بیان شد که دامنه تغییرات طول میوه بین ۹/۱ تا ۲۳ سانتی‌متر و دامنه تغییرات قطر میوه بین ۴/۱ تا ۷/۸ سانتی‌متر بود (خالقی و همکاران، ۱۳۹۸). محققان دیگری نیز محدوده طول میوه را برای ۲۸ توده بادمجان بین ۹/۳ تا ۲۵/۸ سانتی‌متر و قطر میوه را بین ۴/۵ تا ۱۲ سانتی‌متر بیان کردند (Prohens *et al.*, 2005). هم‌چنین پژوهش‌گران ۱۸ توده بادمجان را در اسپانیا موردبررسی قرار دادند که طبق گزارش آن‌ها طول میوه بین ۶/۷ تا ۲۳/۶ سانتی‌متر و قطر میوه بین ۴/۶ تا ۹/۴ سانتی‌متر متغیر بود (Plazas *et al.*, 2013). این نتایج بیانگر طیف وسیعی از انتخاب طول میوه جهت به‌نژادی ژنوتیپ‌های بادمجان با هدف مصارف گوناگون آن است و می‌توان از ژن‌های کنترل‌کننده ژنوتیپ‌های موردنظر با توجه به مبنای استفاده در اصلاح ارقام استفاده شود.

۳.۷.۳. نسبت قطر بزرگ میوه به طول میوه

بیش‌ترین نسبت قطر به طول میوه با ۱۱/۹۲ در ژنوتیپ به‌راد مشاهده شد که نشان‌دهنده میوه‌های درازتر و قطر کم‌تر بوده است. در ژنوتیپ ۱۳۳۲۱ این نسبت به مقدار عددی ۰/۹۵ رسید (جدول ۵) که نشان‌دهنده تولید میوه‌های گردتر با اختلاف کم‌تر قطر به طول میوه بود (جدول ۶).

۳.۷.۴. وزن تک میوه

بیش‌ترین میزان وزن تک میوه با ۶۵۵ گرم در ژنوتیپ بیتا و پس از آن ۶۵۲ گرم در ژنوتیپ آدین مشاهده شد. کم‌ترین میزان وزن تک میوه (۹۶/۶۷ گرم) به ژنوتیپ ۱۲۵۲۱ و (۹۸/۳۳ گرم) به ژنوتیپ ۱۳۵۱۱ اختصاص یافت. در بین ژنوتیپ‌های بادمجان سفید نیز بیش‌ترین میزان وزن تک میوه در ژنوتیپ ۲۱۸۸۱ (۲۳۶/۶۷ گرم) حاصل شد (جدول ۶).

۳.۷.۵. وزن میوه در بوته

براساس نتایج مقایسه میانگین بیش‌ترین میزان وزن میوه در بوته به‌ترتیب در ارقام درخشان و بیتا به‌ترتیب با مقدار عددی ۴۸۷۹ و ۵۳۹۴/۶۷ گرم حاصل شد. در بین ژنوتیپ‌های مختلف بادمجان سفید نیز، ژنوتیپ ۱۱۲۱۲ با ۳۰۴۹/۳۳ گرم بیش‌ترین مقدار وزن میوه در بوته و ژنوتیپ ۱۱۱۱۱ (۸۵۵ گرم میوه در بوته) کم‌ترین میزان وزنی میوه در بوته را تولید نمودند (جدول ۶).

۳.۸. صفات عملکردی

براساس نتایج تجزیه واریانس اثر ژنوتیپ بر وزن تک میوه، وزن میوه در بوته، تعداد میوه و عملکرد میوه، تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا میوه‌دهی و تعداد روز تا اولین برداشت در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار شد ($P \leq 0.01$) (جدول ۷).

۳.۸.۱. تعداد میوه

براساس نتایج مقایسه میانگین؛ بیش‌ترین تعداد میوه در ژنوتیپ‌های ۱۱۲۱۲ و ۱۲۵۲۱ (۲۰ عدد) و کم‌ترین تعداد آن در ژنوتیپ ۲۱۸۸۱ (میانگین عددی ۵/۳۳ عدد) شمارش گردید (جدول ۸). پژوهش‌گران میانگین عملکرد میوه در ۵۵ توده

بادمجان را ۲۶/۲ میوه در بوته گزارش کردند (Polignano *et al.*, 2010)، در حالی که در پژوهشی دیگر دو تا ۱۱ میوه در بوته برای ۲۸ توده بادمجان بیان کردند (Prohens *et al.*, 2005). در مطالعه‌ای بیان شد که ژنوتیپ ۷۴۱۱۴ کم‌ترین تعداد میوه و کم‌ترین عملکرد (۱۳/۸ میوه در بوته و ۲۴۱۰ گرم در بوته) در حالی که ژنوتیپ ۷۴۲۳۹ بیش‌ترین تعداد میوه و به‌دنبال آن بیش‌ترین عملکرد (تعداد ۲۱ میوه در بوته و ۴۰۲۳ گرم در بوته) را داشت (خالقی و همکاران، ۱۳۹۸).

جدول ۷. نتایج تجزیه واریانس صفات عملکردی ژنوتیپ‌های مختلف بادمجان

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات			
		تعداد میوه	عملکرد میوه	تعداد روز تا گلدهی	تعداد روز تا اولین برداشت
تکرار	۲	۹/۵۸ ns	ns۴۰/۴۳	۳/۳۵ ns	۱۲۵/۴۷ ns
ژنوتیپ	۱۶	۵۹/۹۲**	۲۸۹/۸**	۱۷۶/۶۸**	۱۹۳/۵۴**
خطا	-	۶/۹۶	۳۴/۷۴	۴۷/۴۹	۳۰/۶۵
ضریب تغییرات (%)	-	۲/۰۵	۲/۶	۸/۴۲	۹/۵۲

** و ns به ترتیب بیانگر معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد و نبود تفاوت معنی‌دار.

جدول ۸. نتایج مقایسه میانگین برخی صفات عملکردی ژنوتیپ‌های مختلف بادمجان

ژنوتیپ‌ها	تعداد میوه	عملکرد میوه (گرم در هر بوته)	تعداد روز تا گلدهی	تعداد روز تا میوه‌دهی	تعداد روز تا اولین برداشت
11122	۹/۳۳ bcd	۱۸/۸۷ efg	۹۲/۳۳ a	۹۵/۶۷ a	۱۰۳/۰ a
51311	۱۲/۶۷ b	۲۱/۴۷ efg	۹۰/۶۷ a	۹۶/۰۰ a	۱۰۲/۶۷ a
24111	۷/۶۷ cd	۲۰/۹۲ efg	۸۸/۰۰ ab	۹۳/۳۳ a	۱۰۰/۰۰ ab
13321	۱۰/۳۳ bc	۱۵/۳۵ g	۸۴/۶۷ abc	۹۱/۳۳ ab	۹۷/۰۰ abc
11212	۲۰/۰۰ a	۲۵/۶۳ def	۸۳/۰۰ abcd	۸۹/۰۰ abcd	۹۵/۳۳ abc
11111	۶/۳۳ cd	۲۷/۶۸ cde	۸۴/۰۰ abc	۸۷/۶۷ abcd	۹۲/۳۳ bcd
13421	۶/۶۷ cd	۳۴/۱۷ bcd	۷۵/۳۳ cdef	۷۹/۰۰ defg	۹۱/۰۰ bcde
13411	۹/۰۰ bcd	۲۱/۹۳ efg	۷۸/۰۰ bcdef	۸۱/۶۷ cdef	۸۹/۶۷ cde
21881	۵/۳۳ d	۲۰/۴۷ efg	۸۲/۳۳ abcd	۸۷/۳۳ abcd	۸۹/۰۰ cde
11121	۱۳/۰۰ b	۲۱/۱۵ efg	۷۷/۶۷ bcdef	۸۳/۰۰ bcde	۸۸/۳۳ cde
13511	۱۰/۳۳ bc	۳۸/۴۳ ab	۷۵/۶۷ cdef	۸۰/۰۰ cdefg	۸۵/۰۰ def
Derakhshan	۱۳/۰۰ b	۳۶/۶۷ bc	۷۳/۳۳ cdef	۷۸/۶۷ defg	۸۵/۰۰ def
24211	۷/۳۳ cd	۳۲/۲۸ bcd	۷۴/۰۰ cdef	۷۸/۶۷ defg	۸۳/۶۷ def
12521	۲۰/۰۰ a	۱۶/۱۵ fg	۷۲/۰۰ def	۷۷/۰۰ efg	۸۲/۶۷ ef
Bitá	۷/۳۳ cd	۳۸/۶۰ ab	۷۱/۳۳ ef	۷۷/۰۰ efg	۸۲/۶۷ ef
Behrad	۶/۳۳ cd	۴۷/۵۷ a	۶۶/۶۷ f	۷۲/۰۰ g	۷۷/۶۷ f
Azin	۶/۳۳ cd	۴۱/۷۰ ab	۶۸/۰۰ f	۷۲/۶۷ fg	۷۷/۰۰ f

حروف مشترک در هر ستون بیانگر نبود تفاوت معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد می‌باشد.

۳.۲.۸. عملکرد میوه

بر اساس نتایج مقایسه میانگین بیش‌ترین میزان عملکرد میوه با ۴۷/۵۷ تن در هکتار در ژنوتیپ بیتا و پس از آن در ژنوتیپ‌های آذین (۴۱/۷۰ تن در هکتار)، بیتا (۳۸/۶۰ تن در هکتار) و ۱۳۵۱۱ (۳۸/۴۳ تن در هکتار) حاصل شد که سه ژنوتیپ اخیر در یک رده قرار گرفته و تفاوت معنی‌داری با یکدیگر نداشتند (جدول ۸). در پژوهشی بر روی ارقام مختلف بادمجان، میان ژنوتیپ‌های مختلف از نظر عملکرد، وزن میوه، ارتفاع بوته و دوره برداشت تفاوت معنی‌داری وجود داشت (Bashar *et al.*, 2015).

۳.۸.۳. تعداد روز تا گلدهی

نتایج مقایسه میانگین نشان داد که بیش‌ترین تعداد روز تا گلدهی در ژنوتیپ‌های ۱۱۱۱۱ (میانگین ۹۲/۳۳ روز) و ۵۱۳۱۱ (میانگین ۹۰/۶۷ روز) مشاهده شد (جدول ۸)، این ژنوتیپ‌ها دیررس بوده و طول دوره رویشی طولانی داشتند. در پژوهشی بیش‌ترین زمان لازم برای گلدهی در ژنوتیپ‌های ۷۴۲۳۷ و ۷۴۱۰۰ (۹۳ روز از زمان کاشت بذر تا اولین گلدهی) مشاهده شد درحالی‌که ژنوتیپ‌های ۷۴۲۴۳ و ۷۴۱۲۸ سریع‌ترین زمان گلدهی (۸۳ روز از زمان کاشت بذر تا اولین گلدهی) را داشتند (خالقی و همکاران، ۱۳۹۸). ناگفته پیداست ارقام بهراد (میانگین ۶۶/۶۷ روز) و آذین (میانگین ۶۸ روز) زودرس‌ترین ارقام مورد مطالعه در پژوهش حاضر بوده‌اند (جدول ۸).

۳.۸.۴. تعداد روز تا میوه‌دهی

نتایج مقایسه میانگین نشان داد که در در ژنوتیپ‌های ۱۱۱۱۱ (میانگین ۹۵/۶۷ روز) و ۵۱۳۱۱ (میانگین ۹۶ روز) و ژنوتیپ ۲۴۱۱۱ (میانگین ۹۳/۳۳ روز) بیش‌ترین تعداد روز تا میوه‌دهی صرف شد (جدول ۸).

۳.۸.۵. تعداد روز تا اولین برداشت

نتایج مقایسه میانگین نشان داد که بیش‌ترین زمان تا اولین برداشت در ژنوتیپ‌های ۱۱۱۱۱ (میانگین ۱۰۳ روز) و ۵۱۳۱۱ (میانگین ۱۰۲/۶۷ روز) محاسبه شد. کم‌ترین زمان تا اولین برداشت نیز در ژنوتیپ‌های بهراد (میانگین ۷۷/۶۷ روز) و آذین (میانگین ۷۷ روز) مشاهده شد، ارقام اخیر زودرس بوده‌اند (جدول ۸).

۳.۹. ترکیبات فیتوشیمیایی

براساس نتایج تجزیه واریانس اثر ژنوتیپ بر میزان گلیکوآلکالوئید سولاسونین میوه، آنتوسیانین و فنل کل در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار شد (جدول ۹).

جدول ۹. نتایج تجزیه واریانس صفات بیوشیمیایی ژنوتیپ‌های مختلف بادمجان

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات		فنل کل میوه
		گلیکوآلکالوئید سولاسونین میوه	آنتوسیانین پوست	
تکرار	۲	۰/۰۳**	۲/۴۳**	۴/۳۵**
ژنوتیپ	۱۶	۰/۰۱**	۳/۲۱**	۸۸/۵۴**
خطا	-	۰/۰۰۴	۰/۰۱۵	۰/۰۳
ضریب تغییرات (%)	-	۱۸/۶۸	۵/۰۳	۰/۹۴

** بیانگر معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد می‌باشد.

۳.۹.۱. گلیکوآلکالوئید سولاسونین میوه

بیش‌ترین میزان گلیکوآلکالوئید سولاسونین میوه در ژنوتیپ درخشان و کم‌ترین مقدار آن در ژنوتیپ‌های ۲۴۱۱۱ و ۱۱۱۲۱ مشاهده شد (جدول ۱۰). یکی از مهم‌ترین صفات نامطلوب بادمجان وجود تلخی در میوه‌های آن است که به‌طور عمده مربوط به وجود گلیکوآلکالوئید سولاسونین می‌باشد. تولید و تجمع این ماده با اضافه‌شدن قند به آلکالوئید سولاسودین توسط آنزیم‌های سولاسودین گلیکوزیل ترانسفراز (Solasodine glycosyltransferase) انجام می‌شود (باقری و همکاران، ۱۳۹۵). مقدار ماده مذکور در ارقام و ژنوتیپ‌های مختلف، متفاوت است.

۳.۹.۲. آنتوسیانین

با توجه به نتایج مقایسه میانگین‌ها در ژنوتیپ آذین میزان آنتوسیانین بیش از سایر ژنوتیپ‌ها بود (جدول ۱۰). میزان آنتوسیانین در ارقام سفید در کم‌ترین حد خود قرار داشت.

جدول ۱۰. نتایج مقایسه میانگین برخی صفات بیوشیمیایی ژنوتیپ‌های مختلف بادمجان

ژنوتیپ‌ها	کلیکوالکالوئید سولاسونین میوه (میلی‌گرم در گرم)	آنتوسیانین پوست (میلی‌گرم در گرم)	فنل کل میوه (میلی‌گرم در گرم وزن تر)
Bita	۰/۲۱۶ ab	۱/۱۳ cd	۲۲/۵۱ d
Behrad	۰/۲۱۷ ab	۳/۶۱ b	۲۶/۵۷ b
Azin	۰/۲۲۶ ab	۳/۹۸ a	۲۹/۳۳ a
Derakhshan	۰/۲۴۱ a	۳/۷۳ b	۲۵/۵۵ c
21881	۰/۱۷۹ bcd	۲/۶۲ fg	۱۴/۳۲ k
24211	۰/۱۹۴ abc	۲/۷۹ ef	۱۷/۵۳ h
13511	۰/۱۲۸ de	۳/۲۸ c	۱۶/۵۵ i
13321	۰/۱۸۷ bcd	۲/۹۳ de	۱۴/۳۴ k
24111	۰/۰۶۱ f	۱/۷۴ i	۱۲/۵۶ m
13421	۰/۰۸۷ c	۲/۸۲ ef	۱۷/۳۵ h
51311	۰/۱۶۴ cde	۱/۶۵ i	۱۳/۴۳ l
11122	۰/۱۸۲ bcd	۲/۵۵ g	۱۵/۴۷ j
11212	۰/۰۹۲ bcd	۰/۷۲ k	۱۰/۵۷ o
13411	۰/۰۹۵ c	۱/۷۸ i	۱۹/۸۳ f
11121	۰/۰۶۰ f	۱/۲۱ j	۱۱/۵۴ n
12521	۰/۱۹۳ bcd	۰/۴۶ l	۳۰/۴۳ e
11111	۰/۲۱۱ ab	۲/۱۶ h	۱۸/۵۹ g

حروف مشترک در هر ستون بیانگر نبود تفاوت معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد می‌باشد.

۳.۹.۳. فنل کل

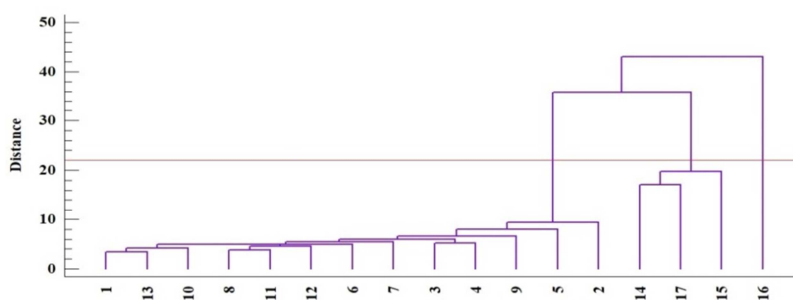
بیش‌ترین میزان فنل کل در رقم آذین و کم‌ترین مقدار عددی در ژنوتیپ ۱۱۲۱۲ حاصل شد (جدول ۱۰). میزان فنل کل میوه در ارقام محلی بیش از ارقام اصلاح‌شده سفید بود.

۳.۱۰. تجزیه خوشه‌ای

برای شناسایی تنوع بین ژنوتیپ‌های مختلف بادمجان براساس برخی صفات مورفولوژی و بیوشیمیایی از گروه‌بندی تجزیه کلاستر (روش Ward) استفاده شد. براساس این تجزیه سه گروه تشکیل شد، گروه اول شامل تمامی ژنوتیپ‌های بادمجان سفید بود. گروه دوم شامل ژنوتیپ‌های آذین، بیتا و درخشان بود و ژنوتیپ بهراد به‌تنهایی گروه سوم را تشکیل داد (شکل ۱). گروه اول بیش‌ترین مقدار سولانین، تعداد میوه، تعداد روز تا گلدهی، میوه‌دهی و اولین برداشت را داشت در حالی که دومین گروه بیش‌ترین قطر بزرگ میوه، وزن میوه در بوته، فنل کل و آنتوسیانین را دارا بود. گروه سوم برای همه صفات به‌جز صفاتی که در دو گروه دیگر ذکر شد بیش‌ترین مقدار را دارا بود. ژنوتیپ بهراد نسبت به دو گروه دیگر زودرس‌تر و مقدار سولاسونین کم‌تری داشت. گروه بادمجان‌های سفید مقدار فنل کل و آنتوسیانین کم‌تری داشتند.

گروه دوم و سوم شامل ژنوتیپ‌های زودرس هستند که می‌توان برای مناطقی که فصل رویش در آن‌ها کوتاه است، توصیه شوند. از طرف دیگر به‌نظر می‌رسد که ارقام درخشان و بیتا از نظر رشد رویشی و همچنین وزن میوه در بوته نسبت به ارقام دیگر بهتر باشند. این گروه نیز نشان می‌دهد که ارقامی با رشد رویشی بیش‌تر الزاماً عملکرد بالاتری

ندارند. تفاوت این دو گروه نشان می‌دهد ارقام با رشد رویشی متوسط و زودرسی می‌توانند عملکرد میوه بیش‌تری داشته باشند که می‌توان از این اطلاعات در برنامه‌های اصلاحی بادمجان استفاده کرد. گروه اول نیز برای اکثریت صفات کم‌ترین میانگین را داشت. از آنجاکه از نظر تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا میوه‌دهی و تعداد روز تا برداشت در این گروه از سایر گروه‌های بیش‌تر بود می‌توان نتیجه گرفت که ارقام این گروه احتمالاً دیررس بوده و نسبت به دو گروه دیگر از خصوصیات رویشی و عملکرد میوه کم‌تری برخوردار هستند.



شکل ۱. گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مختلف بادمجان با استفاده از تجزیه کلاستر

نتایج این پژوهش با نتایج بررسی تنوع موجود بین جمعیت‌های مورتلخ (*Salvia mirzayanii* Rech.) (Binava et al., 2021) و هم‌چنین گوجه‌فرنگی (والایی و برنوسی، ۱۳۹۹) مطابقت دارد. نتایج پژوهش‌ها بر روی ۳۸ توده بادمجان سیاه شامل ارقام تجاری و زراعی و شش توده بادمجان غیرسیاه جمع‌آوری شده از کشورهای مختلف و بررسی ۳۳ صفت مورفولوژیک تنوع بالایی را به‌ویژه در ارقام زراعی نشان دادند (Munoz-Falcon et al., 2009). در پژوهشی، ۳۰ صفت مورفولوژیک در ۶۷ توده بادمجان ترکیه بررسی شد که در بین صفات موردبررسی رنگ و شکل میوه تنوع بالایی را نشان داد، درحالی‌که میزان تنوع در خصوصیات رویشی کم‌تر بود (Tümbilen et al., 2011). پژوهش‌گران ۱۸ ژنوتیپ بادمجان را در بنگلادش موردبررسی قرار دادند و تنوع وسیعی از نظر اندازه، شکل و رنگ گل و میوه در بین ژنوتیپ‌ها نشان دادند (Uddin et al., 2014). در آمریکا ارقام با پوست سفید بادمجان اغلب دارای میوه‌های کوچک گرد و یا بیضی با پوستی نازک هستند (Cantwell & Suslow, 2013).

نتایج واریانس بین و داخل کلاسترها (جدول ۱۰) صفات مورفولوژیک به‌خوبی توانست ارقام و لاین‌های مختلف بادمجان را از همدیگر تفکیک کند به‌گونه‌ای که ۹/۹۳ درصد تغییرات داخل کلاسترها و ۹۰/۰۷ درصد تغییرات بین کلاسترها وجود دارد.

جدول ۱۱. واریانس تجزیه کلاستر حاصل از داده‌های مورفولوژیکی ژنوتیپ‌های مختلف بادمجان

	درصد واریانس
داخل کلاسترها	۹/۹۳
بین کلاسترها	۹۰/۰۷
کل	۱۰۰/۰۰

به‌منظور ارزیابی دقیق‌تر ژنوتیپ‌های بادمجان و هم‌چنین رابطه بین صفات تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با استفاده از ۱۹ صفت و ۱۷ ژنوتیپ مختلف، با استفاده از نرم‌افزار Stat graphics 19.1.2 انجام شد. سپس با رسم بای‌پلات دو مؤلفه اول، ارتباط بین صفات و ژنوتیپ‌ها و سهم هر صفت در مؤلفه تعیین شد (جدول ۱۰، شکل ۲).

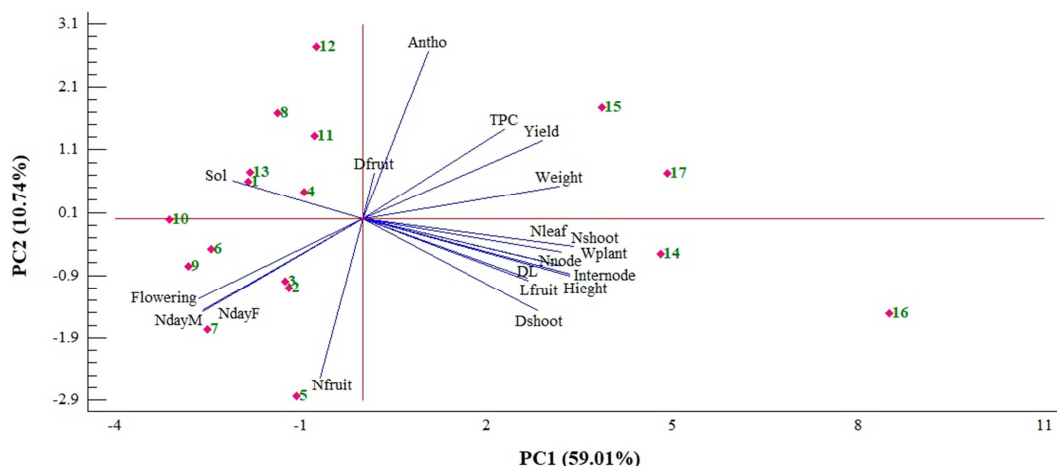
در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با استفاده از ماتریس داده‌های حاصل از صفات و ژنوتیپ‌های مختلف، سهم مؤلفه‌ها و سهم تجمعی آن‌ها تعیین شد (جدول ۱۰). حدود ۵۸/۹۱ و ۱۱/۰۷ درصد کل تغییرات داده‌ها به ترتیب به وسیله دو مؤلفه اصلی اول توجیه شد، که در کل ۶۹/۹۷ درصد از کل تغییرات مشاهده شده توسط دو مؤلفه قابل توجیه بود. لذا براساس دو مؤلفه اول، بای‌پلات ترسیم شد. مؤلفه اول همبستگی بالا و مثبت با ارتفاع، تعداد میانگره، تعداد گره، تعداد برگ، تعداد شاخه و وزن تک میوه داشت، در حالی که همبستگی منفی و نسبتاً بالایی با تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا میوه‌دهی، تعداد روز تا اولین برداشت و مقدار گلیکوالکالوئید سولاسونین نشان داد، بنابراین انتظار می‌رود انتخاب براساس مقادیر بالای مؤلفه اول موجب انتخاب ژنوتیپ‌هایی شود که ارتفاع، تعداد شاخه بیش‌تر، دیررس‌تر و مقدار سولاسونین کم‌تر دارند. دومین مؤلفه همبستگی منفی و نسبتاً بالایی با تعداد میوه داشت و همبستگی مثبت و نسبتاً بالا با مقدار آنتوسیانین داشت (جدول ۱۲). انتخاب براساس مقادیر بیش‌تر مؤلفه دوم موجب انتخاب ژنوتیپ‌هایی می‌شود که تعداد میوه کم‌تر اما مقدار آنتوسیانین بیش‌تر در میوه دارند (شکل ۱). در بای‌پلات ترسیم شده بر مبنای مؤلفه‌های اصلی اول و دوم (شکل ۱) ژنوتیپ‌های مختلف به گروه‌هایی تقسیم شدند. ارقام اصلاح شده بهراد، بیتا، آذین و درخشان به طور مشخص از ژنوتیپ‌های بادمجان سفید جدا شدند و در نزدیک یکدیگر قرار گرفتند. ژنوتیپ بهراد از سایر ژنوتیپ‌ها کاملاً جدا شد و از نظر اکثر صفات رویشی مرغوبیت بیش‌تری داشت. به طور کلی ژنوتیپ‌های اصلاحی زودرس‌تر بوده و مقدار سولاسونین کم‌تری داشتند؛ ژنوتیپ بهراد مقدار فنل و آنتوسیانین کم‌تری نیز دارا بود (شکل ۲). در بین بادمجان‌های سفید ژنوتیپ‌ها ۱۱۱۱۱، ۲۱۸۸۱ و ۱۳۴۱۱ مقدار سولاسونین بیش‌تری داشتند ۱۲۵۲۱، ۱۱۱۲۱ و ۵۱۳۱۱ دیررس‌تر بودند. ژنوتیپ ۱۱۲۱۲ تعداد میوه بیش‌تر و ژنوتیپ ۲۴۲۱۱ مقدار آنتوسیانین بیش‌تری داشتند (شکل ۲). این نکته قابل توجه است که براساس صفات اندازه‌گیری شده ژنوتیپ‌های بادمجان سفید به طور کامل از ژنوتیپ‌های رنگی بادمجان جدا شدند.

با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، صفات مختلف می‌توانند در قالب مؤلفه‌هایی بحث شوند که هر کدام همه صفات را شامل می‌شوند. این امر قدرت مانور را برای کار روی تعداد مؤلفه کم‌تری به جای تعداد زیادی صفت فراهم می‌کند (Schneider, 1995). در پژوهشی، نتایج تجزیه به عامل‌ها پنج عامل را مشخص کرد که ۸۳/۱۱ درصد از تنوع کل را توجیه کردند. عامل اول که بیش‌ترین میزان تغییرات را توجیه کرد تعداد میوه و عملکرد میوه در بوته را شامل می‌شد عامل اجزای میوه نامیده شد. در نهایت نشان داده شد ارقام محلی بادمجان ایران از تنوع بالایی برخوردار هستند که می‌توان از ارقام دارای خصوصیات مطلوب (مانند عملکرد بالا و داشتن طعم شیرین میوه) در برنامه‌های به‌نژادی برای بهبود صفات استفاده کرد (خالقی و همکاران، ۱۳۹۸).

جدول ۱۲. مقدار ویژه، درصد تنوع هر مؤلفه و ضرایب صفات مختلف برای مؤلفه اول و دوم

صفات	مؤلفه اول	مؤلفه دوم	صفات	مؤلفه اول	مؤلفه دوم
ارتفاع	۰/۹۲	-۰/۱۹	وزن میوه در بوته	۰/۸۶	-۰/۱۸
تعداد میانگره	۰/۹۶	-۰/۲۳	تعداد میوه	-۰/۲۰	-۰/۶۶
تعداد گره	۰/۹۶	-۰/۲۳	عملکرد (تن در هکتار)	۰/۸۳	۰/۳۲
تعداد برگ	۰/۹۸	-۰/۱۱	تعداد روز تا گلدهی	-۰/۷۷	-۰/۳۳
تعداد شاخه	۰/۹۲	-۰/۱۴	تعداد روز تا میوه دهی	-۰/۷۴	-۰/۳۸
قطر ساقه	۰/۸۱	-۰/۳۸	تعداد روز تا اولین برداشت	-۰/۷۴	-۰/۳۸
قطر بزرگ میوه	۰/۰۵	۰/۱۹	فنل کل (میلی‌گرم بر گرم تر)	۰/۶۶	۰/۳۷
طول میوه	۰/۷۶	-۰/۲۴	آنتوسیانین (میلی‌گرم بر گرم)	۰/۳۰	۰/۶۹
نسبت طول به قطر بزرگ میوه	۰/۷۶	-۰/۲۶	گلیکوالکالوئید سولاسونین میوه (میلی‌گرم بر گرم)	-۰/۶۱	۰/۱۶
وزن تک میوه	۰/۹۱	۰/۱۳		-	-
مقدار ویژه	۱۱/۱۹	۲/۱۰	مقدار ویژه	۱۱/۱۹	۲/۱۰
درصد تنوع	۵۸/۹۱	۱۱/۰۷	درصد تنوع	۵۸/۹۱	۱۱/۰۷
درصد تجمعی	۵۸/۹۱	۶۹/۹۷	درصد تجمعی	۵۸/۹۱	۶۹/۹۷

زوایای بین بردار صفات مختلف نشان داد که صفت سولاسونین همبستگی بیش‌تری با تعداد روز تا گلدهی، مقدار آنتوسیانین و قطر میوه دارد. درحالی‌که عملکرد در هکتار همبستگی بالا با وزن میوه و همبستگی منفی با تعداد روز تا رسیدگی داشت. نمودار بای‌پلات نیز نتایج کلاسترینگ را تأیید کرد به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های مختلف گروه‌بندی خاصی دارند و تغییرات بین کلاسترها زیاد است (شکل ۲).



شکل ۲. نمایش بای پلات صفات مختلف.

DL: ارتفاع گیاه، Internode: تعداد میانگره، Nnode: تعداد گره، Nleaf: تعداد برگ، Nshoot: تعداد شاخه، Dshoot: قطر ساقه، Dfruit: قطر میوه، Lfruit: طول میوه، Antho: نسبت طول به قطر بزرگ میوه، Weight: وزن تک میوه، Wplant: وزن میوه در بوته، Nfruit: تعداد میوه، Yield: عملکرد در هکتار، Flowering: روز تا گلدهی، NdayF: روز تا گلدهی، NdayM: روز تا اولین برداشت، TPC: محتوای فنل کل، Antho: آنتوسیانین کل و Sol: گلیکوالکالوئید سولاسونین) و ۱۷ ژنوتیپ متفاوت بادمجان (۱: ۱۱۱۱۱، ۲: ۱۲۵۲۱، ۳: ۱۱۱۲۱، ۴: ۱۳۴۱۱، ۵: ۱۱۲۱۲، ۶: ۱۱۱۲۲، ۷: ۵۱۳۱۱، ۸: ۱۳۴۲۱، ۹: ۲۴۱۱۱، ۱۰: ۱۳۳۲۱، ۱۱: ۱۳۵۱۱، ۱۲: ۲۴۲۱۱، ۱۳: ۲۱۸۸۱، ۱۴: درخشان، ۱۵: آذین، ۱۶: بهراد و ۱۷: بیتا) براساس دو مؤلفه اول حاصل از آنالیز تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

لازم به توضیح است که در برنامه‌های اصلاحی، باتوجه به گروه‌بندی انجام شده و برآورد میانگین صفات برای ژنوتیپ‌های موجود در هر کلاستر و درصد انحراف میانگین هر کلاستر از میانگین کل، می‌توان والدین مناسب را برای انجام تلاقی‌های هدفمند انتخاب نمود. از آنجایی‌که ژنوتیپ‌های موجود در هر یک از کلاسترها دارای قرابت ژنتیکی بیش‌تری نسبت به ژنوتیپ‌های موجود در کلاسترهای دیگر هستند، بنابراین می‌توان برای بهره‌وری بیش‌تر از پدیده‌هایی مانند هتروزیس و تفکیک متجاوز از تلاقی بین گروه‌های دور استفاده نمود (Malek *et al.*, 2014).

۴. نتیجه‌گیری و پیشنهادها

نتایج آمار توصیفی صفات برای ژنوتیپ‌های بادمجان ارزیابی‌شده در جداول مقایسه میانگین نشان داده شده است. دامنه تغییرات برای اکثر صفات طیف وسیعی را نشان داد که حاکی از وجود تنوع بالا بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه است. وجود دامنه تغییرات وسیع برای اکثر صفات مورد مطالعه، از جهت اصلاح ژرم‌پلاسماها بسیار مفید است. به‌عنوان مثال دامنه تغییرات برای تعداد روز لازم جهت گلدهی از ماکسیمم ۹۲ روز برای ژنوتیپ ۱۱۱۲۲ تا مینیمم ۶۶ روز در ژنوتیپ بهراد متغیر بود. دامنه تغییرات زیاد برای ارتفاع ۴۱ سانتی‌متر برای ژنوتیپ ۱۳۳۲۱ و ۹۹ سانتی‌متر برای ژنوتیپ بهراد حاکی از آن است که اصلاح‌گر می‌تواند در جهت اصلاح ژنوتیپ‌های با ارتفاع مناسب جهت جلوگیری از خوابیدگی و شکستن ساقه و برداشت مکانیزه اقدام کند. تغییرات زیاد برای تعداد ساقه و تعداد ساقه بارور در بوته نیز می‌تواند در جهت

اصلاح واریته‌هایی با توان گلدهی متفاوت مورد استفاده قرار گیرد. نکته قابل توجه در ارزیابی صفات بادمجان سفید (خارجی) در مقایسه با چهار ژنوتیپ بادمجان بومی کشور حاکی از این بود که ژنوتیپ درخشان (با منشأ دزفول) علاوه بر رشد و نمو بهتر، خصوصیات عملکردی بالاتری را نشان داده است. وجود تنوع عددی بالا برای این صفات، نشان می‌دهد انتخاب برای افزایش مقادیر آن‌ها می‌تواند از راندمان بالایی برخوردار باشد.

۵. تشکر و قدردانی

از استاد عزیز جناب آقای مهندس حسین صیامی و سرکار خانم زهرا فلاحی به‌خاطر کمک در انجام پژوهش، تشکر و قدردانی می‌گردد.

۶. تعارض منافع

هیچ‌گونه تعارض منافع توسط نویسندگان وجود ندارد.

۷. منابع

- اله قلی‌پور، مهرزاد؛ عبادی، علی‌اکبر و محمدصالحی، محمدصالح (۱۳۸۳). بررسی تنوع ژنتیکی و طبقه بندی ارقام مختلف برنج. *علوم کشاورزی ایران*، ۳۵ (۴)، ۹۷۳-۹۸۱.
- باقری، محمود؛ نقوی، محمدرضا؛ حسندخت، محمدرضا و شاه‌بوشهری، علی‌اکبر (۱۳۹۵). شناسائی و توالی‌یابی ژن تلخی (sgt1) بادمجان (*Solanum melongena* L.). *فصلنامه علمی ژنتیک نوین*، ۱۱ (۳)، ۳۱۹-۳۲۸.
- خالقی، صدیقه سادات؛ مبلی، مصطفی؛ بانی‌نسب، بهرام و مجیدی، محمد مهدی (۱۳۹۸). بررسی عملکرد و تنوع صفات مورفولوژیک برخی ارقام محلی بادمجان ایران (*Solanum melongena* L.). *نشریه تولید و فرآوری محصولات زراعی و باغی*، ۹ (۱)، ۱۵-۳۲.
- نقدی‌پور، امین؛ خدارحمی، منوچهر؛ پورشهبازی، عباس و اسماعیل‌زاده، محسن (۱۳۹۰). تجزیه به عامل‌ها برای عملکرد دانه و سایر خصوصیات گندم دوروم. *فصلنامه زراعت و اصلاح نباتات*، ۷ (۱)، ۹۶-۸۴.
- والایی، بهروز و برنوسی، ایرج (۱۳۹۹). تنوع فنوتیپی برای عملکرد میوه و برخی صفات مرتبط با آن در جمعیت‌های محلی گوجه‌فرنگی (*Solanum lycopersicum* L.) منطقه کلپیر. *تولیدات گیاهی*، ۴۳ (۳)، ۳۹۶-۳۸۷.

References

- Naghdipour, A., Khodarahmi, M., Porshahbazi, A., & Esmaeilzade, M. (2011). Factor analysis for grain yield and other traits in durum wheat. *Journal of Agronomy and Plant Breeding*, 7(1), 84-96. (In Persian).
- Altaye, T. (2015). Determination of genetic diversity and population structure in eggplant. Master of Science in Molecular Biology and Genetics. School of Engineering and Sciences of İzmir Institute of Technology.
- Amom, T., & Nongdam, P. (2017). The use of molecular marker methods in plants, a review. *International Journal of Current Research and Review*, 9, 1-7.
- Bagheri, M., Naqvi, M. R., Hasandokht, M. R., & Shahbusheri, A. A. (2015). Identification and sequencing of the bitterness gene (sgt1) of eggplant (*Solanum melongena* L.). *Scientific Quarterly of Modern Genetics*, 11(3), 319-328. (In Persian).

- Bashar, A., Jahan, N., Ali Ahmed, F., Hossain, M. K., & Alam, N. (2015). Morphological and phytochemical variation in eggplant (*Solanum melongena* L.). *Pharma Science Monitor*, 6(4), 1-11.
- Begum, F., Islam, A. A., Rasul, M. G., Mian, M. K., & Hossain, M. M. (2013). Morphological diversity of eggplant (*Solanum melongena*) in Bangladesh. *Emirates Journal of Food and Agriculture*, 25(1), 45-51.
- Binava, S., Yavari, A., & Shokrpour, M. (2021). Study on morphological variation of *Salvia mirzayanii* natural populations. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 29(1), 79-95.
- Braga, P. C., Lo Scalzo, R., dal Sasso, M., Lattuada, N., Greco, V., & Fibiani, M. (2016). Characterization and antioxidant activity of semi-purified extracts and pure delphinine-glycosides from eggplant peel (*Solanum melongena* L.) and allied species. *Journal of Functional Foods*, 20, 411-421.
- Bushway, R. J., Barden, E.S., Wilson, A. M., & Bushway, A. A. (1980). Analysis of potato glycoalkaloids by high-performance liquid chromatography. *Journal of Food Science*, 45, 1088-1089.
- Cantwell, M., & Suslow, T. (2013). *Eggplant: Recommendations for Maintaining Postharvest Quality*. Davis: University of California, Department of Plant Sciences.
- Chattopadhyay, A., Dutta, S., & Hazra, P. (2011). Characterization of genetic resources and identification of selection indices of Brinjal (*Solanum melongena* L.) grown in Eastern India. *Vegetable Crops Research Bulletin*, 74, 39-49.
- Daunay, M. C., & Hazra, P. (2012). Eggplant. In *Handbook of Vegetables*. edited by Peter KV, Hazra P. Houston: Studium Press, 257-322.
- Docimo, T., Francese, G., Ruggiero, A., Batelli, G., De Palma, M., & Bassolino, L. (2016). Phenylpropanoids accumulation in eggplant fruit: characterization of biosynthetic genes and regulation by a MYB transcription factor. *Frontiers in Plant Science*, 6, 1233.
- Elah Qolipour, M., Mohammad Salehi, M. S., & Ebadi, A. A. (2004). Investigation of genetic diversity and classification of different rice cultivars. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, 35(4), 973-981. (In Persian).
- Ercan, N., & Kurum, R. (2003). Plant, flower, fruit and seed characteristics of five generation inbred summer squash lines (*Cucurbita pepo* L.). *Pakistan Journal of Botany*, 35(2), 237-241.
- Furini, A., & Wunder, J. (2004). Analysis of eggplant (*Solanum melongena*) -related germplasm: Morphological and AFLP data contribute to phylogenetic interpretations and germplasm utilization. *Theoretical and Applied Genetics*, 108, 197-208.
- Ge, H., Liu, Y., Jiang, M., Zhang, J., Han, H., & Chen, H. (2013). Analysis of genetic diversity and structure of eggplant populations (*Solanum melongena* L.) in China using simple sequence repeat markers. *Scientia Horticulturae (Amsterdam)*, 162, 71-75.
- Hazra, P., Rout, A., Roy, U., Nath, S., Roy, T., Dutta, R., & Mondal, A.K. (2003). Characterization of brinjal (*Solanum melongena* L.) germplasm. *Journal of Vegetation Science*, 30(2), 145-149.
- Hepper, F. N., & Jaeger, P. M. L. (1986). Name changes for two Old World *Solanum* species. *Kew Bulletin*, 41, 433-435.
- Islam, M.S., & Uddin, M.S. (2009). Genetic variation and trait relationship in the exotic and local eggplant germplasm. *Bangladesh Journal of Agricultural Research*, 34, 91-96.
- Kashyap, V., Vinod kumar, S., Collonnier, C., Fusari, F., Haicour, R., Rotino, G. L., Sihakr, D., & Rajam, M. V. (2003). Biotechnology of eggplant. *Scientia horticulturae*, 97, 1-25.
- Khaleghi, S. S., Mebli, M., Bani Nasab, B., & Majidi, M. M. (2018). Investigating the performance and diversity of morphological traits of some local cultivars of Iranian eggplant (*Solanum melongena* L.). *Journal of production and processing of agricultural and horticultural products*, 9(1), 15-32. (In Persian).

- Kumar, R., Gupta, S. S., Singh, N., & Chandra, A. (2007). Evaluation of eggplant (*Solanum melongena* L.) germplasm under Sub-tropical condition. *Capsicum Eggplant Newsletter*, 19, 115-118.
- Kumar, R. S., Arumugam, T., & Anandakumar, C. R. (2013). Genetic Diversity in Eggplant (*Solanum melongena* L.). *Plant Gene and Trait*, 4(2), 4-8.
- Liseed, M. (2007). Breeding squash: publishing, selecting and the art of selection and the sprawling zucchini. *liseed.org*. Viewed on March 8, 2022. From <https://www.liseed.org/art.html>.
- Malek, M. A., Rafii, M. Y., Afroz, M. S. S., Nath, U. K., & Mondal, M. M. A. (2014). Morphological characterization and assessment of genetic variability, character association and divergence in Soybean mutants. *Scientific World Journal*, 14, doi.org/10.1155/2014/968796.
- Meyer, R. S., Karol, K. G., Little, D. P., Nee, M. H., & Litt, A. (2012). Phylogeographic relationships among Asian eggplants and new perspectives on eggplant domestication. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 63, 685-701.
- Muanda, F. N., Soulimani, R., Diop, B., & Dicko, A., (2011). Study on chemical composition and biological activities of essential oil and extracts from *Stevia rebaudiana* Bertoni leaves. *LWT-Food Science and Technology*, 44(9), 1865-1872.
- Mungai, G. W., Giovanonni, J. J., Nyende, A. B., Ambuko, J., & Owino, W. (2016). Phenotypic characterization of selected African eggplant accessions collected from a number of African countries. *International Journal of Agricultural Sciences*, 6(6), 1048-1058.
- Munoz-Falcon, E. J., Prohens, J., Vilanova, S., Ribas, F., Castroc, A., & Nuez, F. (2009). Distinguishing a protected geographical indication vegetable (*Almagro eggplant*) from closely related varieties with selected morphological traits and molecular markers. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 89, 320-328.
- Oloyede, F. M. (2012). Growth, yield and antioxidant profile of pumpkin (*Cucurbita pepo* L.) leafy vegetable as affected by NPK compound fertilizer. *Journal of soil science and plant nutrition*, 12(3), 379-388.
- Osei, M. K., Banful, B., Osei, C. K., & Oluoch, M. O. (2010). Characterization of African eggplant for morphological characteristics. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 4(3), 33-37.
- Plazas, M., Lopez-Gresa, M., Vilanova, S., Torres, C., Hurtado, M., Gramazio, P., Andujar, I., Herraiz, F. J., Belles, J. M., & Prohens, J. (2013). Diversity and relationships in key traits for functional and apparent quality in a collection of eggplant: Fruit phenolics content, antioxidant activity, polyphenol oxidase activity, and browning. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 61, 8871-8879.
- Plazas, M., Prohens, J., Cuñat, A. N., Vilanova, S., Gramazio, P., & Herraiz, F. J. (2014). Reducing capacity, chlorogenic acid content and biological activity in a collection of scarlet (*Solanum aethiopicum*) and gboma (*S. macrocarpon*) eggplants. *International Journal of Molecular Sciences*, 15, 17221-17241.
- Polignano, G., Uggenti, P., Bisignano, V., & Gatta, C. D. (2010). Genetic divergence analysis in eggplant (*Solanum melongena* L.) and allied species. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 57, 171-181.
- Portis, E., Cericola, F., Barchi, L., Toppino, L., Acciarri, N., & Pulcini, L. (2015). Association Mapping for Fruit, Plant and Leaf Morphology Traits in Eggplant. *PLoS One*, 10(8), e0135200.
- Portis, E., Lanteri, S., Barchi, L., Portis, F., Valente, L., Toppino, L., & 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.
- Pradeepa, G. L. (2002). Fruit setting behavior of *Solanum melongena* L. *Tropical agricultural research and exptention*, 5(1&2), 13-16.
- Prohens, J., Blanca, J. M., & Nuez, F. (2005). Morphological and molecular variation in a collection of eggplant from secondary center of diversity: Implication for conservation and breeding. *American Society of Horticultural Science*, 130(1), 54-60.

- Prohens, J., Whitaker, B. D., Plazas, M., Vilanova, S., Hurtado, M., Blasco, M., & Stommel, J. R. (2013). Genetic diversity in morphological characters and phenolic acids content resulting from an interspecific cross between eggplant, *Solanum melongena*, and its wild ancestor (*Solanum incanum*). *Annals of Applied Biology*, 162(2), 242-257.
- Rahman, M. O., Rabbani, M. G., Yesmin, R., & Garvey, E. J. (2014). Genetic diversity of brinjal (*Solanum melongena* L.) through multivariate analysis. *International Journal of Natural and Social Science*, 1, 85-93.
- Raigón, M. D., Prohens, J., Muñoz-Falcón, J. E., & Nuez, F. (2008). Comparison of eggplant landraces and commercial varieties for fruit content of phenolics, minerals, dry matter and protein. *Journal of Food Composition and Analysis*, 21, 370-376.
- Ritchie, J. T., & Nesmith, D. S. (1991). Temperature and crop development. *Modeling plant and soil systems*, 31, 5-29.
- Samuels, J. (2012). *Solanum incanum* S. I. (Solanaceae): Taxonomic relationships between *S. incanum*, *S. campylacanthum*, *S. panduriforme* and *S. lichtensteinii*. *Kew Bulletin*, 67, 1-11.
- Schneider, C. K. (1995). The genus *Berberis* (*Euberberis*). Preparation of a monograph. *Bull Herb Boissier*, 5(2), 33-48.
- Slinkard, K., & Singleton, V. L. (1977). Total phenol analysis: automation and comparison with manual methods. *American journal of enology and viticulture*, 28(1), 49-55.
- Taher, D., Solberg, S., Prohens, J., Chou, Y. Y., Rakha, M., & Wu, T. H. (2017). World Vegetable Center Eggplant Collection: Origin, Composition, Seed Dissemination and Utilization in Breeding. *Frontiers in Plant Science*, 8, 1484.
- Tümbilen, Y., Frary, A., Mutlu, S., & Doğanlar, S. (2011). Genetic diversity in Turkish eggplant (*Solanum melongena*) varieties as determined by morphological and molecular analyses. *International Research Journal of Biotechnology*, 2(1), 16-25.
- Uddin, M. S., Rahman, M. M., Hossain, M. M., & Mian, M. A. K. (2014). Genetic diversity in eggplant genotypes for heat tolerance. *SAARC Journal of Agriculture*, 12(2), 25-39.
- Valaei, B., & Bernousi, I. (2020). Phenotypic Diversity for Fruit Yield and some Related Traits in Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) Local Populations of Kalaybar Region. *Plant Productions*, 43(3), 387-396. <https://doi.org/10.22055/ppd.2019.28002.1691>. (In Persian).
- Weese, T. L., & Bohs, L. (2010). Eggplant origins: out of Africa, into the Orient. *Taxon*, 59, 49-56.