Plant Prod., 2026, 49(3), 465-484
https://plantproduction.scu.ac.ir/
ISSN (P): 2588-543X; **ISSN (E):** 2588-5979
Doi: 10.22055/ppd.2025.50367.2287
Received: 11 August 2025
Accepted: 12 October 2025

Plant Productions

Research Article

Genetic diversity assessment and cluster analysis of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm for improving yield-related traits and oil quality

Parisa Sheykholeslami[1], Jalal Saba[1*], Mohammadreza Nazari[2], Afshin Tavakoli Zaniani[1], Kamran Afsahi[1]

1. Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, University of Zanjan, Zanjan, Iran
2. Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

Citation: Sheykholeslami, P., Saba, J., Nazari, M., Tavakoli Zaniani, A., & Afsahi, K. (2026). Genetic diversity assessment and cluster analysis of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm for improving yield-related traits and oil quality. *Plant Productions,* 49(3), 465-484.

Abstract

Introduction

Safflower (*Carthamus tinctorius* L.), a valuable oilseed crop, has considerable genetic potential for improving seed yield and oil quality through targeted breeding programs. However, its production may be constrained by low yield potential, a relatively long growing season, and limited seed oil content in some genotypes. Therefore, identifying and characterizing genetically diverse germplasm based on agromorphological traits, yield components, and fatty acid composition is essential for selecting promising genotypes and developing improved cultivars with higher productivity and desirable oil quality.

Materials and Methods

In this study, 120 safflower (*Carthamus tinctorius* L.) genotypes collected from diverse genetic resources worldwide were comprehensively evaluated at the Karaj Seed and Plant Improvement Research Institute using an augmented design with five check cultivars (Goldasht, Golmehr, Parnian, Soffe and Faraman). Agromorphological traits and fatty acid compositions of these genotypes were measured, followed by separate cluster analyses for each trait group, correlation analysis, and boxplot visualization performed using R software.

Results and Discussion

Analysis of variance revealed significant differences among most of the evaluated traits, indicating considerable genetic diversity among the safflower genotypes. Genetic parameter estimates showed that the highest phenotypic and genotypic coefficients of variation were observed for the number of branches per plant (38.4% and 36.9%, respectively) and seed yield (39% and 34.3%, respectively). Except for head diameter (26.3%), all traits exhibited high broad-sense heritability

* **Corresponding Author:** Jalal Saba
E-mail: saba@znu.ac.ir

© 2026 The Author(s). Published by Shahid Chamran University of Ahvaz. 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.

(67.6–98.2%), indicating substantial genetic variation and their potential for utilization in future breeding programs. Independent cluster analyses grouped the genotypes into five distinct clusters based on agromorphological traits and six clusters based on fatty acid composition. Among the agromorphological clusters, cluster II comprised genotypes characterized by high yield and early flowering, with E31, E186, E178, E167, and E37 identified as promising candidates for improving yield and escaping end-of-season stress. Cluster V, distinguished by the highest oil content, included E195, E172, E200, E77, and E180, which combined favorable seed yield with high oil content, representing valuable genetic resources for the simultaneous improvement of these traits. In the fatty acid composition-based clustering, clusters I and II exhibited high oleic acid content, contributing to greater oxidative stability of the oil, whereas clusters III–V were characterized by higher linoleic acid levels, highlighting their nutritional value. Compared with the collected germplasm, commercially released cultivars exhibited lower values for both agromorphological traits and oleic acid content, emphasizing the importance and potential of the newly evaluated genotypes. Boxplot analysis combined with significance testing demonstrated that geographic origin, thorniness, and flower color influenced variation in seed yield, days to flowering initiation, oil content, and fatty acid composition. Further analysis revealed that Pakistani genotypes predominantly exhibited early flowering, Iranian genotypes showed late flowering, and American genotypes had the highest oil content. African and Pakistani genotypes exhibited superior seed yield, whereas thorny genotypes tended to flower earlier, and genotypes with yellow flowers and thorns showed higher oil content. Notably, linoleic acid was found in higher concentrations in the white-flowered lines than in the yellow, orange and red-flowered lines, but the differences were not significant. Conversely, the oleic acid content was lowest in the white-flowered genotypes but the difference was not significant from the other flower colors. Similarly, the stearic acid, palmitic acid, and seed protein content were lowest in the white-flowered genotypes.

Conclusion

The findings of this study highlight the superior potential of the evaluated genotypes relative to the commercially released cultivars, which typically showed lower performance. This underscores the value of this germplasm as a promising resource for breeding programs aimed at the simultaneous improvement of yield and quality traits in safflower. Additionally, characteristics such as geographic origin, flower color, and thorniness can serve as effective phenotypic markers in the preliminary screening of genotypes. Among these, genotypes with yellow flowers and thorns exhibited significantly higher oil content, while genotypes originating from Pakistan showed considerable breeding potential due to their favorable combination of early flowering and high seed yield.

Keywords: Early flowering, Fatty acid composition, Oil content, Qualitative traits

تولیدات گیاهی، ۱٤۰۵، ٤۹(۳)، ٤٦۵ - ٤۸٤
https://plantproduction.scu.ac.ir/
ISSN (P): 2588-543X; **ISSN (E):** 2588-5979
Doi: 10.22055/ppd.2025.50367.2287
تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۵/۲۰
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۷/۲۰

تولیدات گیاهی
مقاله پژوهشی

ارزیابی تنوع ژنتیکی و تجزیه خوشه‌ای ژرم‌پلاسم گلرنگ (*Carthamus tinctorius* L.) برای بهبود صفات مرتبط با عملکرد و کیفیت روغن

پریسا شیخ الاسلامی[۱]، جلال صبا[۱*]، محمدرضا نظری[۲]، افشین توکلی زانیانی[۱] و کامران افصحی[۱]

۱- گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان، زنجان، ایران
۲- مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

چکیده

گلرنگ، به‌عنوان یکی از گیاهان با ارزش دانه‌روغنی، با وجود محدودیت‌هایی مانند عملکرد پایین، دورهٔ رشد طولانی و درصد پایین روغن، از پتانسیل ژنتیکی بالایی برای بهبود عملکرد و کیفیت روغن برخوردار است و شناسایی منابع ژنتیکی برتر براساس صفات اگرومورفولوژیک و ترکیب اسیدهای چرب، می‌تواند در بهبود هم‌زمان عملکرد و کیفیت روغن مؤثر باشد. در این مطالعه، ۱۲۰ ژنوتیپ گلرنگ گردآوری‌شده از منابع ژنتیکی سراسر جهان، به همراه پنج رقم شاهد (گلدشت، گل‌مهر، پرنیان، صفه و فرامان)، در قالب طرح آگمنت، در بهار ۱۳۹۹ در مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج مورد ارزیابی قرار گرفتند. بررسی صفات اگرومورفولوژیک و ترکیب اسیدهای چرب ژنوتیپ‌ها نشان داد که تنوع ژنتیکی قابل‌توجهی در ژرم پلاسم گلرنگ وجود دارد. بیشترین ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی در صفات تعداد شاخه در بوته (۳۸/٤ و ۳٦/۹ درصد) و عملکرد دانه (۳۹ و ۳٤/۳ درصد) مشاهده شد. همچنین به‌جز قطر غوزه (۲٦/۳ درصد)، تمامی صفات دارای وراثت‌پذیری عمومی بالای (٦۷/٦ تا ۹۸/۲ درصد) بودند، که بیانگر قابلیت بهره‌برداری آن‌ها در برنامه‌های به‌نژادی است. تجزیه خوشه‌ای نشان داد که ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات اگرومورفولوژیک در پنج و بر اساس ترکیب اسیدهای چرب در شش گروه مجزا قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های خوشهٔ دوم با عملکرد بالا و گل‌دهی زودهنگام (E31، E186، E167، E37 و E178) به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر برای اصلاح عملکرد و فرار از تنش‌های انتهای فصل شناسایی شدند. خوشهٔ پنجم با بیشترین محتوای روغن (E195، E180، E172، E200 و E77)، منابع ژنتیکی ارزشمندی برای ترکیب مطلوب و هم‌زمان عملکرد دانه و محتوای روغن محسوب می‌شوند. در خوشه‌بندی ترکیب اسیدهای چرب، خوشه‌های اول و دوم نیز به‌دلیل مقادیر بالای اسید اولئیک، از نظر پایداری اکسیداتیو روغن و خوشه‌های سوم تا پنجم با درصد بالاتر اسید لینولئیک، از نظر ارزش تغذیه‌ای اهمیت داشتند. ارقام شاهد نیز در خوشه‌های با عملکرد پایین قرار گرفتند، که اهمیت و پتانسیل ژنوتیپ‌های جدید را نشان می‌دهد. تحلیل نمودارهای جعبه‌ای نشان داد که منشأ جغرافیایی، وضعیت خارداری و رنگ گل در ایجاد تنوع فنوتیپی صفاتی مانند عملکرد، زمان گل‌دهی و محتوای روغن مؤثر هستند. ژنوتیپ‌های پاکستانی عمدتاً دارای گل‌دهی زودهنگام و پرمحصول، ژنوتیپ‌های ایرانی دارای گل‌دهی دیرهنگام و ژنوتیپ‌های آمریکایی دارای بیشترین درصد روغن بودند. همچنین ژنوتیپ‌های آفریقایی و پاکستانی

نویسنده مسئول: جلال صبا
رایانامه: saba@znu.ac.ir

عملکرد دانه بالاتری داشتند. تیپ‌های خاردار به‌ویژه ژنوتیپ‌های دارای گل زرد، علاوه بر گلدهی زودهنگام از محتوای روغن بالاتری برخوردار بودند. از سوی دیگر، درصد اسید لینولئیک در ژنوتیپ‌های دارای گل سفید به‌ویژه در رقم شاهد صفه بالاتر بود، هرچند این تفاوت در مقایسه با ژنوتیپ‌های دارای گل‌های زرد، نارنجی و قرمز از نظر آماری معنی‌دار نبود. همچنین، محتوای اسید اولئیک در ژنوتیپ‌های گل سفید کمترین مقدار را داشت و تفاوت معنی‌داری با سایر رنگ‌های گل نشان نداد. اسید استئاریک، اسید پالمیتیک و درصد پروتئین دانه نیز الگوی مشابهی با اسید اولئیک نشان دادند. یافته‌های این پژوهش حاکی از ظرفیت بالای ژرم‌پلاسم مورد بررسی برای بهبود هم‌زمان عملکرد و کیفیت روغن در گلرنگ است. علاوه بر این، ویژگی‌هایی مانند منشأ جغرافیایی، رنگ گل و وضعیت خارداری می‌توانند به‌عنوان نشانگرهای فنوتیپی در غربال‌گری اولیه ژنوتیپ‌ها استفاده شوند.

کلید واژه‌ها: ترکیب اسیدهای چرب، زودگلدهی، صفات کیفی، محتوای روغن

مقدمه

تغییرات اقلیمی با افزایش دما، نوسانات بارندگی و وقوع پدیده‌های شدید جوی نظیر خشکی و سیلاب، پیامدهای منفی گسترده‌ای بر عملکرد و پایداری محصولات کشاورزی ایجاد کرده است. این عوامل موجب برهم خوردن چرخه‌های فنولوژیک گیاهان، کاهش حاصل‌خیزی خاک، تشدید شوری، گسترش آفات و بیماری‌ها و نیز اختلال در فعالیت‌های زیستی خاک می‌شوند که در نهایت کاهش بهره‌وری تولید را به دنبال دارد. از سوی دیگر، رشد سریع جمعیت با افزایش تقاضا برای مواد غذایی و تشدید فشار بر منابع طبیعی، ابعاد بحران را گسترده تر کرده و امنیت غذایی جهانی را با تهدید جدی روبه‌رو ساخته است (Bibi and Rahman, 2023). در میان راهبردهای سازگاری با تغییرات اقلیمی، راهکارهای زراعی از اهمیت ویژه‌ای برخوردارند، زیرا به طور مستقیم بر عملکرد گیاه اثر می‌گذارند. از مهم‌ترین این راهکارها می‌توان به تغییر الگوی کشت به‌منظور استفاده از گونه‌های متحمل‌تر، تنظیم تاریخ کاشت متناسب با شرایط اقلیمی هر منطقه، انتخاب و توسعهٔ ارقام مقاوم به تنش‌های زیستی و غیرزیستی، تنوع‌بخشی به محصولات زراعی برای افزایش تاب‌آوری سیستم، استفاده از تناوب زراعی جهت بهبود سلامت خاک و مدیریت آفات، کاربرد کودهای زیستی و نیز استفاده از مالچ یا پوشش‌های گیاهی برای حفظ رطوبت و کاهش دمای خاک اشاره کرد (Raihan, 2023; Salehi *et al.*, 2024; Alahdadi *et al.*, 2024). با توجه به وضعیت خشک و نیمه‌خشک ایران، به‌کارگیری راهکارهای زراعی به منظور کاهش پیامدهای منفی تغییرات اقلیمی ضروری است. از سوی دیگر، محدودیت در تولید داخلی گیاهان دانه‌روغنی باعث شده است بیش از ۹۰ درصد روغن مصرفی کشور از طریق واردات تأمین شود. بنابراین، شناسایی و توسعهٔ گیاهانی که علاوه بر تحمل بالا به خشکی و سایر تنش‌های محیطی، دارای دانه‌هایی با روغن باکیفیت و عملکرد اقتصادی مطلوب باشند، از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است، چراکه این امر می‌تواند در کاهش وابستگی به واردات روغن و افزایش تاب‌آوری و پایداری نظام‌های کشاورزی کشور نقش مؤثری ایفا کند. گلرنگ (*Carthamus tinctorius* L.)، به‌عنوان یکی از گیاهان دانه‌روغنی چندمنظوره، با ویژگی‌هایی نظیر ریشهٔ عمیق و نیاز آبی پایین، از سازگاری قابل توجهی با شرایط خشک و نیمه‌خشک برخوردار است. سیستم ریشه‌ای گستردهٔ این گیاه، علاوه‌بر افزایش تحمل به خشکی، با بهبود ویژگی‌های فیزیکی خاک از طریق افزایش نفوذپذیری و تهویهٔ آن، به بهبود حاصلخیزی خاک کمک می‌کند. این ویژگی‌ها، گلرنگ را به یکی از گزینه‌های مناسب برای کشت در تناوب زراعی، به‌ویژه در اراضی کم‌بازده و مناطق تحت تنش‌های غیرزیستی تبدیل کرده است (Nurbekov *et al.*, 2024).

افزون بر این، قابلیت جذب عناصر سنگین توسط ریشه، کاربرد گلرنگ را در فرایند اصلاح زیستی خاک‌های آلوده[1] نیز امکان‌پذیر ساخته است (Ciaramella *et al.*, 2022). همچنین

1 Phytoremediation

این گیاه دارای ارزش کاربردی قابل توجهی در صنایع غذایی(Abd El-Baset *et al*., 2024)، دارویی (Mani *et al*., 2020)، خوراک دام (Saddick *et al*., 2024) و تولیدات صنعتی (Amrutha *et al*., 2025) است، به‌طوری که بخش‌های مختلف گیاه مانند دانه و گلچه در این حوزه‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرند. گلرنگ در بیش از ۲۰ کشور جهان برای اهداف متنوعی کشت می‌شود. در این میان، کشورهایی نظیر قزاقستان، روسیه، هند، مکزیک، ایالات متحده آمریکا، ترکیه و چین از جمله بزرگ‌ترین تولیدکنندگان آن به شمار می‌روند. براساس گزارش سازمان خواربار و کشاورزی ملل متحد در سال ۲۰۲۳، در ایران سطح زیر کشت گلرنگ ۳۶۴۳ هکتار، عملکرد دانه ۱۳۲۱ کیلوگرم در هکتار و تولید کل ۴۸۱۳ تن برآورد شده است. با این حال، کشت جهانی گلرنگ از سال ۲۰۲۲ تاکنون به‌دلیل محدودیت‌هایی نظیر عملکرد پایین، دورهٔ رشد طولانی و محتوای کم روغن، روندی کاهشی داشته است (FAO, 2023) از این رو، بهبود ژنتیکی گلرنگ از نظر صفات زراعی و کیفی، نقش محوری در ارتقای عملکرد و پایداری این گونه ایفا می کند. دستیابی به این هدف نیازمند ارزیابی جامع تنوع ژنتیکی برای تعیین راهکارهای به‌نژادی بهینه، انتخاب والدین با پتانسیل بالا، طراحی جمعیت‌های پایهٔ به‌نژادی، شناسایی ژنوتیپ‌های امیدبخش و پیش‌بینی میزان پیشرفت ژنتیکی است. تاکنون مطالعات متعددی برای ارزیابی تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم گلرنگ با استفاده از شاخص‌های فنوتیپی (Dwivedi *et al*., 2005; Elfadl *et al*., 2009; Kumar *et al*., 2016; Mousavi Ojaq *et al*., 2020; Sabaghnia *et al*., 2024)، بیوشیمیایی (La Bella *et al*., 2019; TonguÇ *et al*., 2023; Abd El-Baset *et al*., 2024) و مولکولی (Golkar and Mokhtari, 2018; Kumar *et al*., 2023; Oliveira *et al*., 2023) انجام شده است. نتایج این مطالعات همگی بر اهمیت گلرنگ به‌عنوان منبعی ارزشمند برای به‌نژادی و توسعهٔ ارقام بهینه تأکید دارند. با توجه به محدودیت تنوع ژنتیکی در ارقام بومی ایران، در مطالعه حاضر مجموعه‌ای گسترده از ژرم‌پلاسم‌های بین‌المللی، به‌ویژه نمونه‌هایی از نواحی خاستگاه (مدیترانه شرقی تا خلیج فارس، اروپای شرقی، آسیای مرکزی و اتیوپی) جمع آوری و ارزیابی شد (Emongor, 2023). بر این اساس، این پژوهش با هدف خوشه‌بندی ژنوتیپ‌ها و شناسایی ژرم‌پلاسم‌های برتر، برای استفاده در برنامه‌های به نژادی گلرنگ طراحی شد.

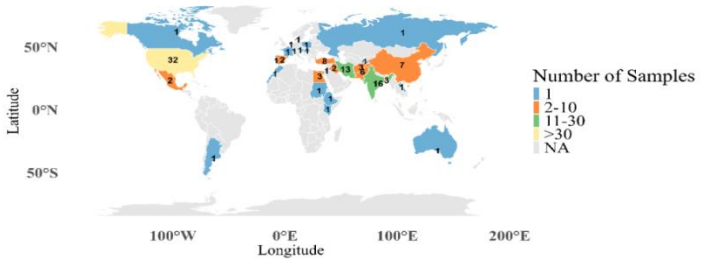
مواد و روش‌ها

در این مطالعه، تعداد ۱۲۵ ژنوتیپ گلرنگ مورد ارزیابی قرار گرفت. پراکنش جغرافیایی ژنوتیپ‌ها، براساس تعداد نمونه‌های جمع‌آوری‌شده از کشورهای مختلف و همچنین مشخصات ژنوتیپ‌ها و ارقام به ترتیب، در شکل ۱ و جدول ۱ ارائه شده است. آزمایش در مزرعهٔ تحقیقاتی مؤسسهٔ تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر واقع در شهرستان کرج، با مختصات جغرافیایی ۳۵ درجه و ۳۰ دقیقه عرض شمالی و ۵۱ درجه و ۴۸ دقیقه طول شرقی و ارتفاع ۱۳۲۰ متر از سطح دریا اجرا شد. میانگین بارندگی سالانه این منطقه حدود ۲۵۰ میلی‌متر گزارش شده است. در این مطالعه، تعداد ۱۲۰ ژنوتیپ داخلی و خارجی گلرنگ به همراه پنج رقم شاهد گلدشت (پاییزه)، گل‌مهر (پاییزه)، پرنیان (بهاره)، صفه (بهاره) و فرامان (بهاره)، در قالب طرح آگمنت مورد ارزیابی قرار گرفتند. پس از آماده‌سازی زمین در بهار ۱۳۹۹، کشت مکانیزه در واحدهای آزمایشی شامل کرت‌های چهار ردیفه به طول دو متر، با فاصله بین ردیف‌ها ۳۰ سانتی‌متر و فاصله بوته‌ها روی ردیف ۱۰ سانتی‌متر انجام شد. عملیات داشت براساس دستورالعمل‌های استاندارد و متداول کشت گلرنگ انجام شد. آبیاری به‌صورت یکنواخت و از طریق سامانه لینیر از بالا انجام شد. عملیات برداشت نیز به‌صورت دستی و با نمونه‌برداری از ۱۰ بوته واقع در دو ردیف میانی هر واحد آزمایشی انجام شد و میانگین داده‌های این ۱۰ بوته برای انجام تحلیل‌های آماری مورد استفاده قرار گرفت.

صفات مورد بررسی شامل روز تا شروع گلدهی، ارتفاع بوته، تعداد شاخه‌های فرعی، قطر غوزه، وزن هزار دانه، عملکرد دانه، وضعیت خارداری، رنگ گل، درصد روغن، میزان پروتئین دانه و ترکیب اسیدهای چرب روغن دانه بودند. انتخاب این صفات عمدتاً بر اساس دستورالعمل‌های استاندارد گلرنگ انجام شد و برخی ویژگی‌های عملکردی نیز به‌منظور تکمیل ارزیابی تنوع ژنتیکی اضافه شدند (IBPGR,1983; UPOV,2017).

مقدار پروتئین بذر با استفاده از روش رنگ‌سنجی برادفورد اندازه‌گیری شد. در این روش، ابتدا عصاره بذر با محلول رنگی برادفورد مخلوط گردید و به مدت ۳۰ دقیقه در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد جهت تکمیل واکنش نگهداری شد. برای رسم منحنی استاندارد، محلول‌های آلبومین سرم گاوی (BSA) در غلظت‌های ۰/۱ تا ۱ میلی‌گرم بر میلی‌لیتر با فواصل ۰/۱ میلی‌گرم بر میلی‌لیتر تهیه و مشابه نمونه‌ها با محلول برادفورد مخلوط شدند. جذب نوری محلول‌های استانداردها و نمونه‌ها در طول‌موج ۵۹۵ نانومتر با استفاده از دستگاه اسپکتروفتومتر اندازه‌گیری شد. در این آزمایش، محلول برادفورد خالص به‌عنوان شاهد مورد استفاده قرار گرفت و در نهایت، بر اساس معادلهٔ خط استاندارد، غلظت پروتئین نمونه‌ها برحسب میلی‌گرم بر میلی‌لیتر محاسبه گردید. این روش به‌دلیل حساسیت بالا، دقت مناسب و سهولت اجرا، به‌طور گسترده در آنالیزهای زیستی به‌کار گرفته می‌شود (Bradford, 1976). محتوای روغن بذور گلرنگ با استفاده از روش استخراج سوکسله تعیین گردید. بدین منظور، حدود ۱۰ گرم بذر آسیاب شده آماده و درون پاکت فیلتری مخصوص قرار داده شد و سپس در دستگاه سوکسله تحت فرآیند استخراج روغن با حلال مناسب قرار گرفت. پس از اتمام فرایند استخراج، وزن پاکت پس از خشک شدن مجدد اندازه‌گیری شد. درصد روغن بذور با محاسبه تفاوت وزن پاکت قبل و پس از استخراج نسبت به وزن اولیه نمونه، به صورت درصد محاسبه گردید.

به‌منظور تعیین ترکیب اسید چرب موجود در روغن دانه، از روش کروماتوگرافی گازی (GC) استفاده شد. در این فرآیند، ابتدا روغن استخراج شده با محلول سدیم متوکسید واکنش داده شد تا اسیدهای چرب آزاد به شکل نمک درآیند. سپس برای متیله‌کردن اسیدهای چرب و تهیه مشتقات متیل‌استر آن‌ها، مقدار مناسبی هگزان به مخلوط افزوده شد. هگزان به‌عنوان حلال آلی، موجب انحلال مؤثر استرهای متیلی اسیدهای چرب در فاز آلی شد. پس از انجام ورتکس، محلول آب‌نمک به منظور تسهیل جداسازی فازها اضافه شد و فاز آلی حاوی متیل‌استرها جداسازی شد. محلول نهایی حاوی متیل‌استرهای اسید چرب به دستگاه کروماتوگرافی گازی مجهز به آشکارساز یونش شعله‌ای (FID) تزریق گردید. آنالیز با استفاده از ستون CP-Sil 88انجام شد. برنامه دمایی ستون شامل آغاز از دمای ۱۲۰ درجه سانتی‌گراد، افزایش تدریجی تا ۲۲۰ درجه سانتی‌گراد و نگهداری در این دما به مدت ۱۵ دقیقه بود. دمای بخش تزریق‌کننده و آشکارساز هر دو بر روی ۲۵۰ درجه سانتی‌گراد تنظیم گردید و گاز حامل مورد استفاده، نیتروژن با خلوص بالا بود. شناسایی پیک‌های حاصل بر اساس زمان بازداری آن‌ها و با مقایسه با استانداردهای معتبر انجام شد و درصد نسبی هر اسید چرب با محاسبه سطح زیر منحنی مربوط به هر پیک تعیین گردید (Bakhshi *et al.*, 2025). برای ارزیابی تفاوت‌های بین ژنوتیپ‌ها، تجزیه واریانس داده‌ها با استفاده از بستهٔ augmentedRCBD در نرم‌افزار R نسخهٔ ۴,۴,۲ انجام شد. آمار توصیفی صفات اندازه‌گیری‌شده با بهره‌گیری از بستهٔ agricolae محاسبه گردید. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از طریق تحلیل خوشه‌ای سلسله‌مراتبی به روش Ward و بر پایهٔ فاصلهٔ اقلیدسی، با استفاده از توابع dist و hclust از بستهٔ stats انجام شد. تعیین تعداد بهینهٔ خوشه‌ها با استفاده از بستهٔ NbClust صورت پذیرفت. همچنین، برای بررسی روابط بین صفات، تجزیه همبستگی با بهره‌گیری از بستهٔ Hmisc انجام شد. در نهایت، مصورسازی نتایج و ترسیم نمودارها با استفاده از بستهٔ ggplot2 انجام گردید.



شکل ۱- توزیع جغرافیایی کشورهای منشأ ژنوتیپ‌های گلرنگ مورد بررسی در این مطالعه

Figure 1. Geographical map of the countries of origin of the genotypes evaluated in the present study

جدول ۱- کد بانک ژن، کد آزمایش و منشأ ژنوتیپ‌های استفاده شده در این آزمایش

Table 1. Gene bank accession code, experiment code and origin of genotypes used in this test

Experimental code	Origin	Gene bank accession code	Experimental code	Origin	Gene bank accession code	Experimental code	Origin	Gene bank accession code
E10	Afghanistan	PI 220647	E165	Mexico	PI 413718	E233	America	PI 560185
E103	Pakistan	PI 304409	E167	Pakistan	PI 426521	E235	Mexico	PI 560204
E105	Iran	PI 304437	E17	Palestine	PI 237550	E237	America	PI 561194
E106	Iran	PI 304449	E172	China	PI 525457	E239	China	PI 568805
E107	Iran	PI 304451	E173	America	PI 525458	E24	India	PI 248378
E108	Iran	PI 304454	E176	America	PI 537677	E242	America	PI 572434
E11	Ethiopia	PI 226546	E178	America	PI 537698	E244	America	PI 572438
E110	Iran	PI 304466	E179	America	PI 537695	E247	America	PI 572441
E112	Iran	PI 304475	E180	America	PI 537694	E248	America	PI 572443
E113	Turkey	PI 304500	E181	America	PI 537596	E249	America	PI 572444
E114	Turkey	PI 304506	E182	America	PI 537601	E25	India	PI 248387
E116	India	PI 305155	E186	America	PI 537644	E253	America	PI 577808
E117	India	PI 305169	E189	America	PI 537656	E257	America	PI 603208
E121	Pelestine	PI 306686	E19	Astrulia	PI 242418	E258	Spain	PI 634712
E123	India	PI 306920	E190	America	PI 537657	E259	China	PI 653175
E125	India	PI 307060	E195	America	PI 537676	E26	Pakistan	PI 248629
E126	India	PI 307063	E198	America	PI 537690	E261	China	PI 653209
E127	India	PI 307076	E199	America	PI 537691	E31	India	PI 248844
E13	Turkey	PI 237539	E2	India	PI 199909	E34	India	PI 248368
E131	Hungary	PI 312275	E200	America	PI 537692	E36	Egypt	PI 250081
E132	Kyrgyzstan	PI 314650	E208	America	PI 537709	E37	Pakistan	PI 250204
E133	America	PI 331145	E21	Jordan	PI 243070	E38	Egypt	PI 250528
E135	Iran	PI 343774	E213	China	PI 543975	E4	India	PI 199915
E136	Iran	PI 343776	E218	China	PI 544052	E41	Egypt	PI 250611
E138	Canada	PI 348915	E220	China	PI 544043	E44	Iran	PI 250718
E141	Tajikistan	PI 369845	E222	America	PI 548813	E47	Iran	PI 250834
E144	Iran	PI 380800	E225	America	PI 560165	E48	Iran	PI 250835
E152	Turkey	PI 407606	E226	America	PI 560166	E5	Russia	PI 209284
E154	Turkey	PI 407613	E227	America	PI 560168	E55	Spain	PI 253391
E155	Turkey	PI 407614	E229	America	PI 560174	E58	Austria	PI 253518
E156	Turkey	PI 407624	E230	America	PI 560175	E61	Farnce	PI 253527
E157	Bangladesh	PI 401473	E231	America	PI 560176	E64	Netherlands	PI 253534
E67	Poland	PI 253544	E73	Irag	PI 253761	E91	Pakistan	PI 280229
E68	Denmark	PI 253548	E74	Afghanistan	PI 253763	E95	India	PI 283774
E69	Morocco	PI 253560	E75	Afghanistan	PI 253916	E99	Argentina	PI 291600
E70	Switzerland	PI 253561	E76	Iran	PI 255579	EL1	Turkey	Lanas
E71	Portugal	PI 253570	E77	Pakistan	PI 259994	EO1	America	PM_1
E72	Irag	PI 253758	E8	Kenya	PI 209300	Goldasht	Iran	Cultivar
E73	Irag	PI 253761	E82	India	PI 260638	Golmehr	Iran	Cultivar
E74	Afghanistan	PI 253763	E88	Sudan	PI 271069	Parnian	Iran	Cultivar
E75	Afghanistan	PI 253916	E90	India	PI 279054	Soffe	Iran	Cultivar
						Faraman	Iran	Cultivar

کد آزمایش (Experimental code)، منشأ جمع‌آوری (Origin) و کد بانک ژن (Gene bank accession code)

نتایج و بحث

براساس نتایج تجزیه واریانس میان ژنوتیپ‌ها در تمام صفات مورد بررسی به‌جز قطر غوزه اختلاف معنی‌داری مشاهده شد (جدول ۲). این میزان از تنوع ژنتیکی به‌ویژه برای سه صفت کلیدی عملکرد دانه، روز تا شروع گل‌دهی و محتوای روغن با توجه به اهمیت آن‌ها در غلبه بر محدودیت‌های زراعی گلرنگ، فرصت ارزشمندی را برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر و هدایت برنامه‌های به‌نژادی فراهم می‌آورد.

نتایج حاصل از برآورد پارامترهای ژنتیکی (جدول ۳) نشان داد که دامنه ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی بین پایین (کم‌تر از ۱۰ درصد)، متوسط (۱۰–۲۰ درصد) و بالا (بیش‌تر از ۲۰ درصد) متغیر بود (Deshmukh *et al.*, 1986). در اغلب صفات، ضرایب تنوع فنوتیپی اندکی بیش از ضرایب تنوع ژنوتیپی بودند، که بیانگر تأثیر محدود عوامل محیطی و سهم غالب اثرات ژنتیکی در تنوع این صفات است. بالاترین مقادیر ضریب تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی به صفات تعداد شاخه در بوته (۳۸/۴ و ۳۶/۹ درصد) و عملکرد دانه (۳۹ و ۳۴/۳ درصد) اختصاص یافت که نشان‌دهندهٔ وجود تنوع ژنتیکی گسترده می‌باشد. ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی متوسط برای صفات ارتفاع، وزن هزار دانه و محتوای روغن مشاهده شد، در حالی که قطر غوزه با ضریب تنوع فنوتیپی متوسط (۱۱/۵ درصد) و ضریب تنوع ژنوتیپی پایین (۵/۹ درصد) بیش از سایر صفات تحت تأثیر عوامل محیطی قرار داشت.

وراثت‌پذیری، به‌عنوان شاخصی از میزان انتقال صفات از والدین به نسل بعدی، معمولاً در سه سطح بالا (بیش از ۶۰ درصد)، متوسط (۴۰ تا ۶۰ درصد) و پایین (کمتر از ۴۰ درصد) طبقه‌بندی می‌شود (Robinson *et al.*, 1949). در پژوهش حاضر، تمامی صفات مورد بررسی به‌جز قطر غوزه دارای وراثت‌پذیری بالا (۶۷/۶ تا ۹۸/۲ درصد) بودند. برآوردهای وراثت‌پذیری به به‌نژادگر در انتخاب ژنوتیپ‌ها از جمعیت‌های ژنتیکی متنوع کمک می‌کند و فرآیند به نژادی را بهبود می‌بخشد. بنابراین، وراثت‌پذیری بالا موجب افزایش کارایی انتخاب برای یک صفت خاص می‌شود. به‌ویژه صفاتی مانند عملکرد دانه، تعداد شاخه در بوته و محتوای روغن که همزمان دارای مقادیر بالای ضریب تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی و نیز وراثت‌پذیری هستند، می‌توانند به‌عنوان شاخص‌های کلیدی در غربالگری ژنوتیپ‌های برتر و هدایت برنامه‌های به‌نژادی گلرنگ مورد توجه قرار گیرند (Terfa and Gurmu, 2020).

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات اگرومورفولوژیک در شرایط کشت بهاره

Table 2. Analysis of variance (ANOVA) for agro-morphological traits under spring sowing conditions

S.O.V	df	Mean Squares						
		DFI	H	HD	NB	TSW	SY	OC
Treatment (ignoring Blocks)	124	92.8**	142*	7.8	16.5**	26.7**	6473**	32.5**
Treatment: Check	4	66.8**	177*	12.1	6.8**	7.3*	29317**	9.0**
Treatment: Test	119	94.4**	142*	7.6	13.3**	27.6**	5663**	30.3**
Treatment: Test vs. Check	1	10.2*	1.2	10.0	437**	1.2	11544*	389**
Block (eliminating Treatments)	3	7*	79.5	6.4	2.9	3.3	5880	1.2*
Residuals	12	1.6	46.0	5.6	1.0	2.1	1267	0.5
C.V (%)		1.0	7.7	9.9	11.2	4.5	18.7	2.3

* و ** به ترتیب اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد برای: روز شروع تا گلدهی(DFI)، ارتفاع(H)، قطر غوزه(HD)، تعداد شاخه(NB)، وزن هزار دانه(TSW)، عملکرد دانه(SY)، محتوای روغن(OC)

* and ** significant differences at the probability levels of 0.05 and 0.01 respectively for: Days to flowering initiation (DFI), Height (H), Head diameter (HD), Number of branches per plant (NB), Thousand seed weight (TSW), Seed yield (SY), Oil content (OC)

جدول ۳- پارامترهای ژنتیکی صفات اگرومورفولوژیک

Table 3. Genetic parameters of agro-morphological traits

Traits	PCV	PCV.category	GCV	GCV.category	hBS	hBS.category
DFI (d)	8.3	Low	8.2	Low	98.2	High
H (cm)	13.6	Medium	11.2	Medium	67.6	High
HD (mm)	11.5	Medium	5.9	Low	26.3	Low
NB	38.4	High	36.9	High	92.3	High
TSW (g)	16.5	Medium	15.8	Medium	92.3	High
SY ($g \cdot m^{-2}$)	39.0	High	34.3	High	77.6	High
OC (%)	17.2	Medium	17.0	Medium	98.2	High

ضریب تغییرات فنوتیپی (PCV)، گروه‌بندی ضریب تغییرات فنوتیپی (PCV.category)، ضریب تغییرات ژنوتیپی (GCV)،گروه‌بندی ضریب تغییرات ژنوتیپی (GCV.category)، وراثت‌پذیری (hBS) و گروه‌بندی وراثت‌پذیری (hBS.category) برای صفات: روز تا گلدهی (DFI)، ارتفاع (H)، قطر غوزه (HD)، تعداد شاخه (NB)، وزن هزار دانه (TSW)، عملکرد (SY)، محتوای روغن (OC).

Phenotypic coefficient of variation (PCV), Classification of phenotypic coefficient of variation (PCV.category), Genotypic coefficient of variation (GCV), Classification of genotypic coefficient of variation (GCV.category), Broad-sense heritability (hBS), Classification of broad-sense heritability (hBS.category) for: Days to flowering initiation (DFI), Height (H), Head diameter (HD), Number of Branches per plant (NB), Thousand seed weight (TSW), Seed yield (SY), Oil content (OC)

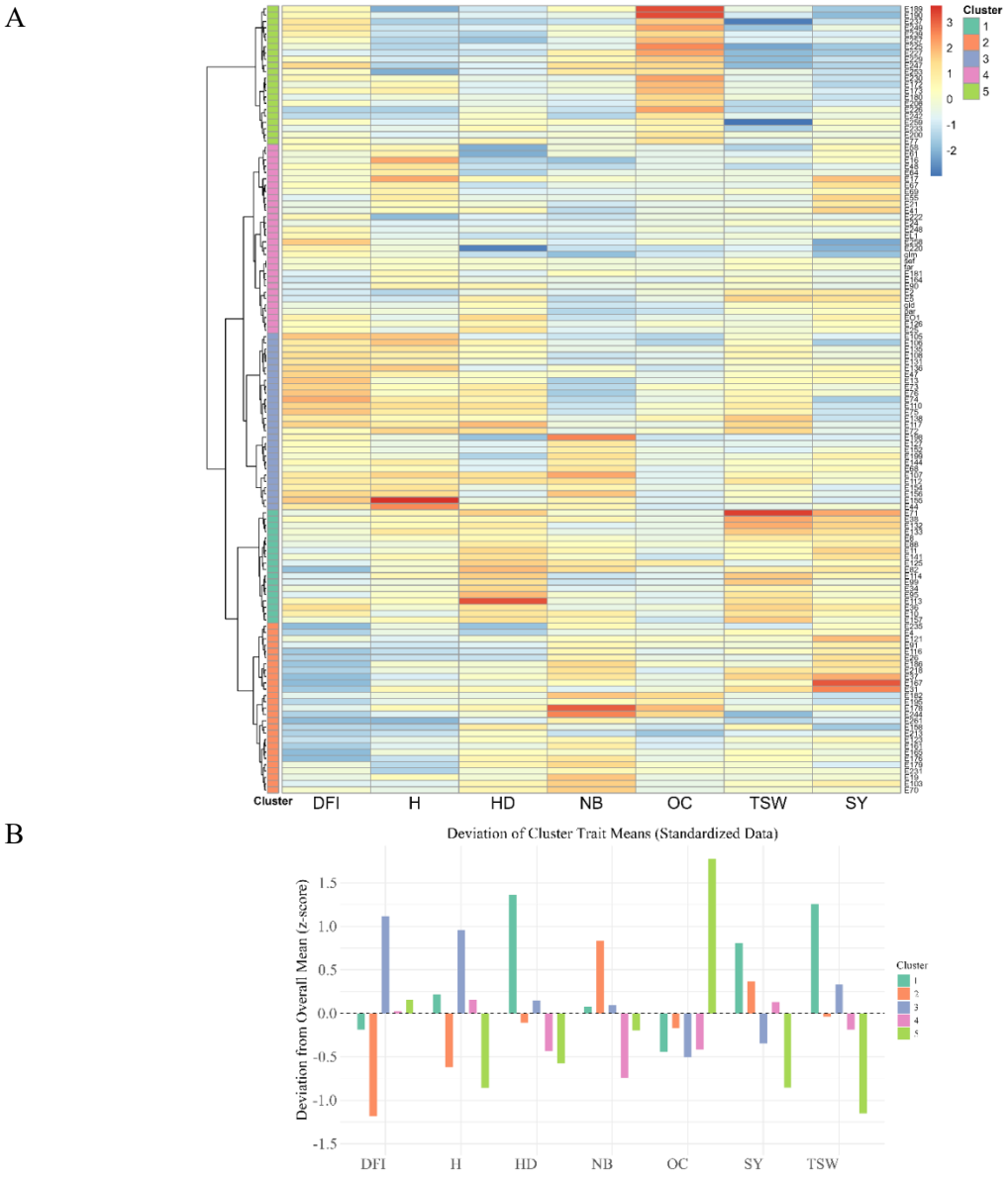
در این پژوهش به‌منظور شناسایی تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت، از تجزیه خوشه‌ای به‌عنوان یکی از روش‌های آماری مناسب در گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس مشابهت ژنتیکی استفاده شد. خوشه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس متغیرهای استاندارد شده صفات اگرومورفولوژیک، منجر به تشکیل پنج گروه فنوتیپی متمایز شد که، هر یک دارای ویژگی‌های قابل توجهی بودند و ظرفیت‌های ارزشمندی را برای اهداف به نژادی مختلف نمایان ساختند. نتایج حاصل از نقشه حرارتی نیز وجود تنوع قابل توجه بین خوشه‌ها را تأیید کرد (شکل ۲- A).

خوشهٔ اول شامل ۱۸ ژنوتیپ بود و با ویژگی‌های برجسته‌ای نظیر گلدهی زودهنگام، بیشترین قطر غوزه و بالاترین وزن هزار دانه متمایز شد. این ترکیب فنوتیپی مؤثر، عملکرد بالای دانه را در این خوشه به همراه داشت که این الگو با وجود همبستگی مثبت و معنی‌دار عملکرد دانه با وزن هزار دانه ($r=۰/۴۲^{**}$) و همچنین قطر غوزه ($r=۰/۲۱^{*}$) کاملاً همسو است، که با نتایج همخوانی (Aminian *et al.*, 2019) دارد. بنابراین، ژنوتیپ‌های این خوشه را به منبع ژنتیکی ارزش مندی برای برنامه‌های به‌نژادی با هدف افزایش عملکرد و تسریع دورهٔ رشد تبدیل کرد. خوشهٔ دوم شامل ۲۷ ژنوتیپ با کمترین روز تا شروع گلدهی (۹۸ تا ۱۱۷روز) و بیشترین تعداد شاخه در بوته نسبت به سایر خوشه‌ها مشخص گردید. این خوشه از نظر فنوتیپی یکی از گروه‌های برتر شناسایی شد، به‌طوری‌که گلدهی زودهنگام همراه با عملکرد دانه بالا در این ژنوتیپ‌ها به‌صورت هم زمان مشاهده گردید. ترکیب این دو ویژگی مهم، این گروه را به گزینه‌ای مناسب برای انتخاب در برنامه‌های به‌نژادی با هدف بهبود عملکرد و تسریع دورهٔ رشد تبدیل می‌کند. از طرف دیگر، تعداد شاخه در بوته به‌عنوان شاخص کلیدی از ظرفیت زایشی و پتانسیل تولید غوزهٔ بیشتر تلقی می‌شود، چرا که افزایش تعداد شاخه‌ها می‌تواند به طور مستقیم به ارتقای عملکرد و پایداری محصول منجر شود. خوشهٔ سوم، متشکل از ۲۸ ژنوتیپ، عمدتاً با گلدهی دیرهنگام و عملکرد دانه پایین مشخص شد و فاقد ژنوتیپ‌های مطلوب از نظر این صفات بود. این الگوی فنوتیپی با همبستگی منفی و معنی‌دار بین زمان گلدهی و عملکرد دانه ($r= -۰/۳۷^{**}$) مطابقت دارد، که نشان‌دهندهٔ تأثیر منفی تأخیر در گلدهی بر عملکرد است. خوشهٔ چهارم شامل ۳۰ ژنوتیپ بود که در مقایسه با سایر خوشه‌ها از نظر اکثر صفات مورد ارزیابی، عملکرد ضعیف‌تری نشان داد. نکتهٔ قابل توجه آن است که تمامی ارقام شاهد در این خوشه قرار گرفتند، که این موضوع می‌تواند بیانگر برتری نسبی ژنوتیپ‌های جدید در مقایسه با

ارقام رایج باشد. خوشۀ پنجم متشکل از ۲۲ ژنوتیپ مشخص شد و به‌طور مشخص دارای درصد بالای روغن دانه بود و از این جهت در به‌نژادی برای بهبود محتوای روغن حائز اهمیت است. اگرچه عملکرد دانه در این گروه در سطح پایین‌تری قرار داشت اما این الگو با همبستگی منفی و معنی‌دار بین عملکرد و درصد روغن (r= -۰/۳۷**) مطابقت داشت و نشان‌دهندۀ یک رابطۀ معکوس بین عملکرد و محتوای روغن است. بنابراین، ژنوتیپ‌های این خوشه می‌توانند برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی با تأکید بر افزایش محتوای روغن نقش کلیدی ایفا کنند. نمودار انحراف از میانگین کل صفات (شکل ۲-B)، با نمایش میزان و جهت‌گیری تغییرات هر خوشه نسبت به میانگین جمعیت، به‌عنوان ابزار تحلیلی قدرتمند در تبیین ساختار فنوتیپی و تمایز خوشه‌ها عمل می‌کند. خوشۀ یک با انحراف مثبت و خوشۀ پنج با انحراف منفی قابل توجه از میانگین کل به ترتیب بیشترین و کمترین قطر غوزه، وزن هزار دانه و عملکرد دانه را نشان دادند. از نظر زمان گلدهی، ژنوتیپ‌های خوشۀ دو دارای گلدهی زودهنگام و خوشۀ سه دارای گلدهی دیرهنگام بودند. همچنین، بیشترین مقدار محتوای روغن در خوشۀ پنج و کمترین آن در خوشۀ سه مشاهده شد. در همین راستا، به‌منظور استفاده مؤثر از تنوع فنوتیپی، پنج ژنوتیپ برتر از هر خوشه بر اساس برتری نسبی در مجموع صفات مورد ارزیابی، انتخاب و معرفی شدند. این ژنوتیپ‌ها به‌عنوان نمایندگان برتر درون‌خوشه‌ای، می‌توانند در برنامه‌های تلاقی مورد استفاده قرار گیرند. خوشۀ اول، ژنوتیپ‌های E71 ، E38، E113، E82و E132 با عملکرد بالا، گلدهی زودهنگام و وزن هزار دانه بالا، منابعی ارزشمند برای اصلاح صفات عملکرد و زودرسی هستند. در خوشۀ دوم، ژنوتیپ‌های E178، E31، E37، E186 و E167 با ترکیب ویژگی گلدهی زودهنگام و عملکرد بالا، قابلیت استفاده در برنامه‌های به نژادی با هدف افزایش عملکرد و کاهش طول دورۀ رشد رویشی را دارند. ژنوتیپ‌های E107، E112، E117، E72 و E155 در خوشۀ سوم، با توجه به بروز گلدهی دیرهنگام، می‌توانند به‌عنوان والدینی مناسب در تلاقی با ژنوتیپ‌های دارای گلدهی زودهنگام، برای بررسی پارامترهای ژنتیکی مرتبط با زمان گلدهی مورد استفاده قرار گیرند. در خوشۀ چهارم، ژنوتیپ‌ها E17، E55، E5، E4 و E126 با فنوتیپ نزدیک به میانگین کل، گزینه‌هایی مناسب برای پایداری عملکرد و سازگاری محیطی محسوب می‌شوند. در نهایت در خوشۀ پنجم، ژنوتیپ‌های E195، E180، E172، E200 و E77 به‌عنوان منابع ژنتیکی غنی از نظر محتوای روغن، پتانسیل بالایی برای بهبود محتوای روغن دانه در برنامه‌های به‌نژادی دارند. این دسته‌بندی و شناسایی هدفمند ژنوتیپ‌های برتر، امکان بهره‌برداری دقیق از تنوع فنوتیپی موجود را فراهم ساخته و می‌تواند فرآیند انتخاب والدین و طراحی تلاقی‌های مؤثر در گلرنگ را به‌صورت کارآمد هدایت نماید.

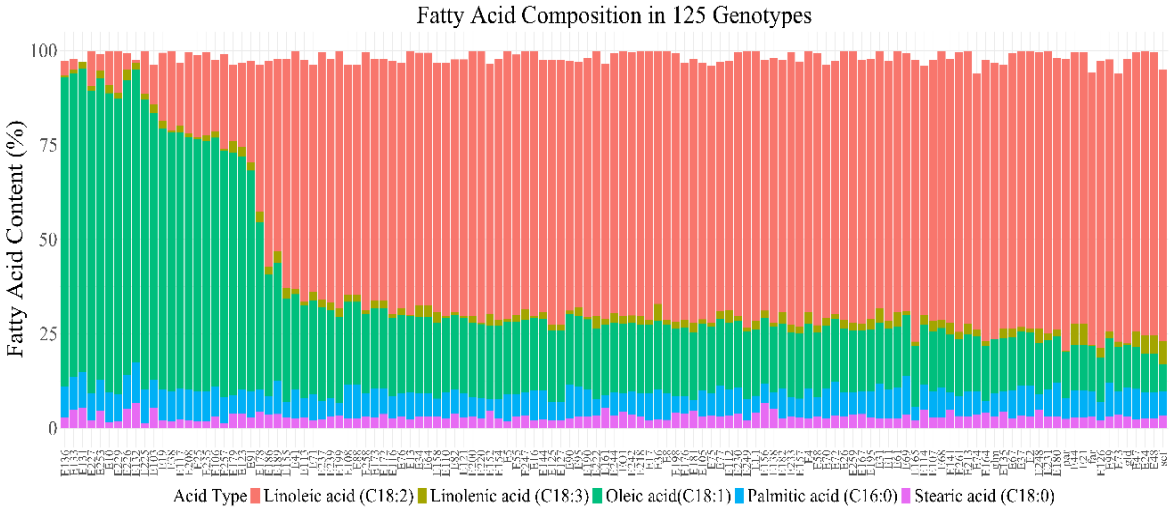
با توجه به نقش تعیین‌کنندۀ ترکیب اسیدهای چرب در کیفیت روغن و کاربردهای متنوع آن در صنایع غذایی، دارویی و صنعتی، شناخت دقیق از تنوع ژنتیکی موجود در ژرم‌پلاسم گلرنگ از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. در این مطالعه، ۱۲۵ ژنوتیپ گلرنگ از نظر محتوای اسیدهای چرب اصلی مورد ارزیابی قرار گرفتند و بر اساس الگوی ترکیب اسیدهای چرب، طبقه‌بندی شدند. این تحلیل علاوه بر ارائه درک بهتر از تنوع موجود در صفات کیفی روغن، می‌تواند مسیر انتخاب هدفمند ژنوتیپ‌های برتر را در برنامه‌های به‌نژادی به‌ویژه بهبود کیفیت روغن را تسهیل کند. سهم نسبی اسیدهای چرب اصلی در میان ۱۲۵ ژنوتیپ گلرنگ نشان داده شده است (شکل ۳) و به‌روشنی تنوع قابل‌توجهی را در نسبت دو اسید چرب غالب یعنی اسید اولئیک و اسید لینولئیک نمایان می‌سازد. دامنۀ تغییرات برای اسید اولئیک از ۱۰/۱۸ تا ۸۱/۷۴ درصد و برای اسید لینولئیک از ۰/۰۹ تا ۷۷/۳۵ درصد متغیر بود. همچنین، مقادیر اسید پالمیتیک بین ۲/۷۸ تا ۱۱/۰۸ درصد، اسید استاریک از ۱/۷۳ تا ۶/۷۷ درصد و اسید لینولنیک از ۰/۱۰ تا ۵/۴۹ درصد مشاهده شد. مقایسه این نتایج با مطالعات پیشین حاکی از تطابق دامنۀ تنوع با مقادیر گزارش‌شده در ژرم‌پلاسم گلرنگ تحت شرایط مختلف ژنتیکی و محیطی است (Dwivedi *et al.*, 2005; Fan *et al.*, 2023; Licata *et al.*, 2023; Zemour *et al.*, 2021; Rahnama *et al.*, 2024; Kurt *et al.*, 2025; Li *et al.*, 2025). اگرچه ترکیب اسیدهای چرب اکثر ژنوتیپ‌ها در

محدودهٔ مرسوم گلرنگ قرار داشت، اما شناسایی ۲۲ ژنوتیپ با بیش از ۵۰ درصد اسید اولئیک نشان‌دهندهٔ پتانسیل بالای این مجموعه برای توسعهٔ لاین‌های با کیفیت روغن مطلوب و پایداری اکسیداتیو بالا است.



شکل۲- نقشه حرارتی تجزیهٔ خوشه‌ای متغیرهای استاندارد شده در ۱۲۵ ژنوتیپ گلرنگ، که پنج خوشهٔ متمایز را نشان می‌دهد (A): خوشهٔ ۱ (سبز تیره)، خوشهٔ ۲ (نارنجی)، خوشهٔ ۳ (آبی تیره)، خوشهٔ ٤ (بنفش) و خوشهٔ ٥ (سبز روشن). (B) انحراف از میانگین کل برای هر صفت در هر خوشه. صفات شامل روز تا شروع گلدهی (DFI)، ارتفاع (H)، قطر غوزه (HD)، تعداد شاخه (NB)، محتوای روغن (OC)، وزن هزار دانه (TSW) و عملکرد دانه (SY)

Figure 2. Heatmap of cluster analysis based on standardized variables in 125 safflower genotypes, illustrating five distinct clusters (A): Cluster 1 (dark green), Cluster 2 (orange), Cluster 3 (dark blue), Cluster 4 (purple) and Cluster 5 (light green). (B) Deviation from the overall mean for each trait within each cluster. Traits include Days to flowering initiation (DFI), Height (H), Head diameter (HD), Number of branches (NB), Oil content (OC), Thousand-seed weight (TSW), and Seed yield (SY)



شکل ۳- سهم نسبی اسیدهای چرب اصلی در ۱۲۵ ژنوتیپ گلرنگ. اسید لینولئیک (قرمز)، اسید لینولنیک (زرد)، اولئیک اسید (سبز)، اسید پالمیتیک (آبی) و اسید استئاریک (بنفش)

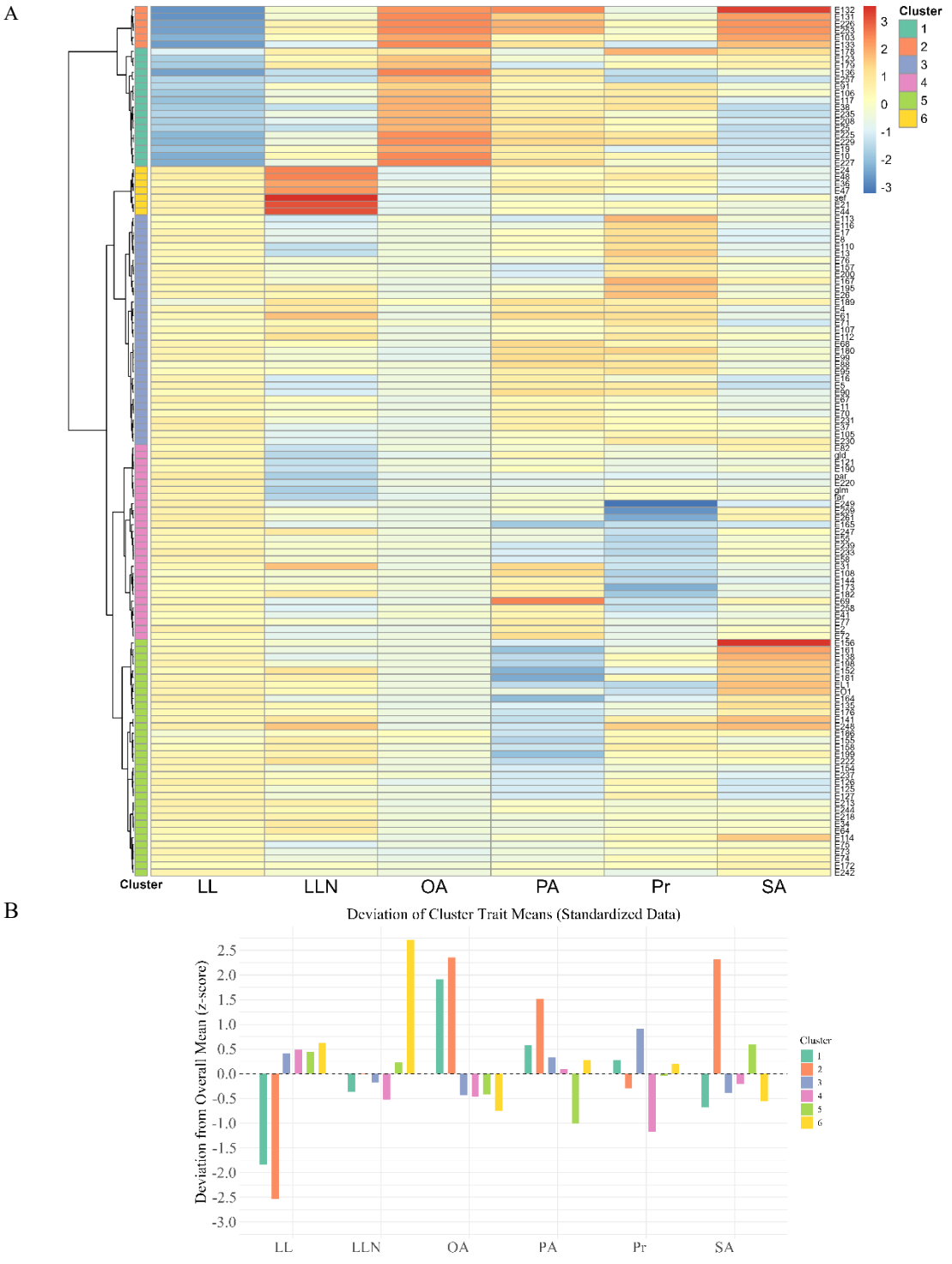
Figure 3. Relative proportions of major fatty acids in 125 safflower genotypes. Linoleic acid (red), Linolenic acid (yellow), Oleic acid (green), Palmitic acid (blue), and Stearic acid (purple)

بررسی الگوی خوشه‌بندی ترکیب اسیدهای چرب و محتوای پروتئین در ژنوتیپ‌های گلرنگ، نشان‌دهندهٔ تنوع قابل توجه در نسبت اسیدهای چرب اشباع و غیراشباع بین خوشه‌ها بود (شکل ۴- A)، موضوعی که از منظر به‌نژادی برای بهبود کیفیت روغن حائز اهمیت است. خوشهٔ اول، با مقادیر بالای شاخص اولئیک و پالمیتیک و مقادیر پایین لینولئیک، لینولنیک و استئاریک مشخص شد. خوشهٔ دوم با بیشترین مقادیر برای اسید اولئیک، اسید پالمیتیک و اسید استئاریک و کمترین مقدار اسید لینولئیک مشاهده شد. ضریب همبستگی منفی و معنی‌دار بین اسید اولئیک و اسید لینولئیک (r= -۰/۹۹**) نتایج خوشهٔ اول و دوم را تأیید می‌کند که با نتایج سایر محققان (Khan *et al.*, 2008; TonguÇ *et al.*, 2023) همخوانی دارد. در خوشهٔ سوم و چهارم ترکیب اسیدهای چرب ژنوتیپ‌ها مشابه با ژنوتیپ‌های مرسوم گلرنگ بوده و مقادیر اسید لینولئیک و اسید اولئیک در تضاد هم ظاهر شدند. در خوشهٔ چهارم، ارقام شاهد شامل گلدشت، گل‌مهر، پرنیان و فرامان قرار داشتند که ترکیب اسیدهای چرب آن‌ها مطابق با محدودهٔ معمول گلرنگ بود؛ به‌طوری که درصد اسید لینولئیک بالا و درصد اسید اولئیک پایین بود. علاوه بر این، ژنوتیپ‌های خوشهٔ سوم با محتوای بالای پروتئین، می‌توانند به عنوان منابع مرغوب پروتئینی در خوراک دام و طیور مورد استفاده قرار گیرند، که این ویژگی ارزش اقتصادی و کاربردی آنها را افزایش می‌دهد (Korkmaz, 2024). خوشهٔ پنجم، اسید استئاریک و اسید پالمیتک که در صورت مرسوم کمتر از ۱۰ درصد ترکیب اسید چرب گلرنگ را شامل می‌شوند نسبت به ترکیبات دیگر به ترتیب مقادیر بیشتر و کمتر را به خود اختصاص دادند. خوشهٔ ششم با بیشترین میزان اسید لینولنیک و مقادیر بالای اسید لینولئیک، ترکیبی غنی از اسیدهای چرب غیراشباع چندگانه را نشان داد. در این خوشه، رقم شاهد صفه با بالاترین مقدار اسید لینولنیک قرار داشت و از این لحاظ، نسبت به سایر ارقام شاهد و ژرپلاسم مورد مطالعه کاملاً متمایز بود. در ترکیب اسیدهای چرب روغن گلرنگ، اسیدهای اولئیک، لینولئیک، پالمیتیک و استئاریک به‌عنوان اجزای اصلی

شناسایی شدند. با این حال، اسیدهای اولئیک و لینولئیک به‌دلیل سهم بالای بیش از ۹۰ درصدی (La Bella *et al.*, 2019) از ترکیب کل اسیدهای چرب و نیز نقش مستقیم آن‌ها در ارتقای سلامت انسان، بیشترین تأثیر را بر کیفیت تغذیه‌ای و کاربردی روغن دارند. بنابراین، با توجه به تنوع بالای این دو اسید چرب اصلی، ژنوتیپ‌های مورد بررسی در این پژوهش به‌طور مؤثری به دو گروه غالب یعنی ژنوتیپ‌های غنی از اسید اولئیک و ژنوتیپ‌های غنی از اسید لینولئیک گروه‌بندی شدند.

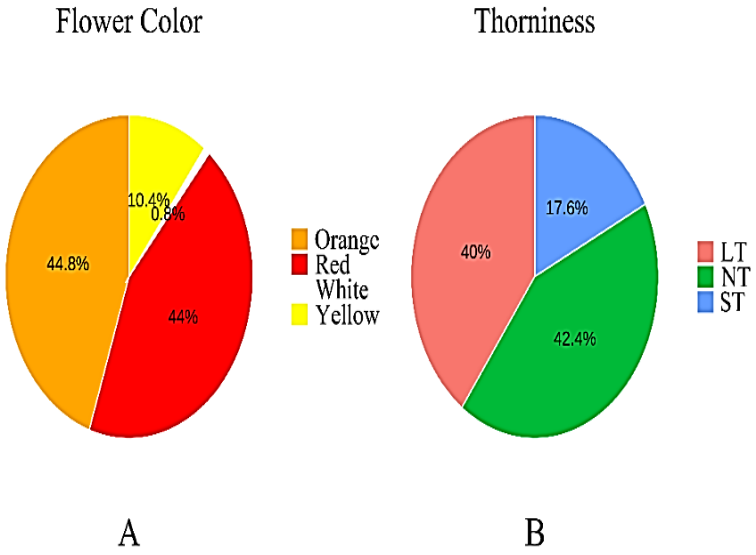
به‌منظورتعیین ویژگی‌ها و برتری هر گروه از نظر صفات مورد مطالعه، نمودار انحراف از میانگین کل نمایش داده شده است (شکل ۴- B). این تمایز ژنتیکی، اهمیت شناسایی و معرفی ژنوتیپ‌های برتر هر گروه را دوچندان می‌سازد. در این راستا، ژنوتیپ‌های E136، E227، E133، E131 و E226 که در خوشه‌های اول و دوم قرار گرفتند، با دارا بودن مقادیر بالای اسید اولئیک، به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر گروه اولئیک شناسایی شدند. این ژنوتیپ‌ها به دلیل سطح بالای اسید اولئیک، پایداری اکسیداتیو مطلوبی از خود نشان می‌دهند که آن‌ها را برای مصارف غذایی و به‌عنوان جایگزینی مناسب برای روغن زیتون، برجسته می‌سازد. همچنین ساختار مولکولی اسید اولئیک، کاربردهای بالقوه‌ای در صنایع شیمیایی، آرایشی، و تولید مواد زیست‌پایه فراهم می‌کند که اهمیت اقتصادی این ژنوتیپ‌ها را برجسته‌تر می‌کند. ژنوتیپ‌های Epar، E231، E261، E126 و E48 که در خوشه‌های سوم، چهارم، پنجم و ششم قرار گرفتند، به‌واسطهٔ محتوای بالای اسید لینولئیک، در گروه ژنوتیپ‌های غنی از این اسید چرب طبقه‌بندی شدند. اسید لینولئیک به‌عنوان یک اسید چرب غیراشباع چندگانه نقش مهمی در کاهش سطح کلسترول خون و بهبود سلامت قلب‌وعروق دارد. با این حال، به‌رغم مزایای تغذیه‌ای قابل‌توجه، این ژنوتیپ‌ها به‌دلیل پایداری اکسیداتیو پایین، برای مصارفی نظیر سرخ‌کردن که مستلزم دمای بالا و مدت زمان حرارت‌دهی طولانی است، مناسب نمی‌باشند. از این‌رو، روغن حاصل از این ژنوتیپ‌ها بیشتر برای مصارف غذایی سرد توصیه می‌شود و می‌تواند در ارتقای کیفیت رژیم‌های غذایی کم‌چرب و غنی از اسیدهای چرب ضروری مؤثر واقع شود. بنابراین، هر خوشه بر اساس ویژگی‌های بیوشیمیایی غالب خود، می‌تواند در راستای هدف به‌نژادی متفاوتی مورد استفاده قرار گیرد. انتخاب آگاهانه از میان خوشه‌ها، امکان جهت‌دهی دقیق برنامه‌های به‌نژادی را برای دستیابی به روغن‌هایی با پایداری بالا، ارزش تغذیه‌ای برتر، یا کاربردهای خاص صنعتی فراهم می‌سازد. ژنوتیپ E178 از خوشهٔ اول و ژنوتیپ‌های E167، E113، E26 و E13 از خوشهٔ سوم، بیشترین مقدار پروتئین را در میان ژنوتیپ‌های مورد بررسی نشان دادند. این نتایج بیانگر آن است که برخی ژنوتیپ‌ها، به‌ویژه از خوشهٔ سوم، می‌توانند منابع بالقوه پروتئینی برای استفاده در صنعت خوراک دام باشند.

به منظور بررسی تنوع صفات کیفی از جمله رنگ گل و وضعیت خارداری در بین ژنوتیپ‌ها، نتایج نشان داد (شکل ۵- A) که گل های نارنجی رنگ (۴۴/۸ درصد) رتبه اول و گل های قرمز رنگ (۴۴ درصد)، زرد رنگ (۱۰/۴ درصد) و سفید رنگ (۰/۸ درصد) در رتبه های بعدی قرار گرفتند. تنوع موجود بین ژنوتیپ‌ها از لحاظ صفت خارداری (شکل ۵- B) نشان داد که ژنوتیپ‌های بدون خار (۴۲/۴) در رتبهٔ اول و ژنوتیپ‌های خار بلند (۴۰ درصد) و انواع با خار کوتاه (۱۷/۶) در رتبه‌های بعدی قرار گرفتند.



شکل ٤- نقشه حرارتی تجزیهٔ خوشه‌ای متغیرهای استاندارد شده در ۱۲۵ ژنوتیپ گلرنگ، که شش خوشهٔ متمایز را نشان می‌دهد (A): خوشهٔ ۱ (سبز تیره)، خوشهٔ ۲ (نارنجی)، خوشهٔ ۳ (آبی تیره)، خوشهٔ ٤ (بنفش)، خوشهٔ ٥ (سبز روشن) و خوشهٔ ٦ (زرد). (B) انحراف از میانگین کل برای هر صفت در هر خوشه. صفات شامل لینولئیک (LL)، لینولنیک (LLN)، اولئیک (OA)، پالمیتیک (PA)، پروتئین (Pr) و استئاریک (SA).

Figure 4. Heatmap of cluster analysis based on standardized variables in 125 safflower genotypes, illustrating six distinct clusters (A): Cluster 1 (dark green), Cluster 2 (orange), Cluster 3 (dark blue), Cluster 4 (purple), Cluster 5 (light green), and Cluster 6 (yellow). (B) Deviation from the overall mean for each trait within each cluster. Traits include linoleic acid (LL), linolenic acid (LLN), oleic acid (OA), palmitic acid (PA), protein (Pr) stearic acid (SA).



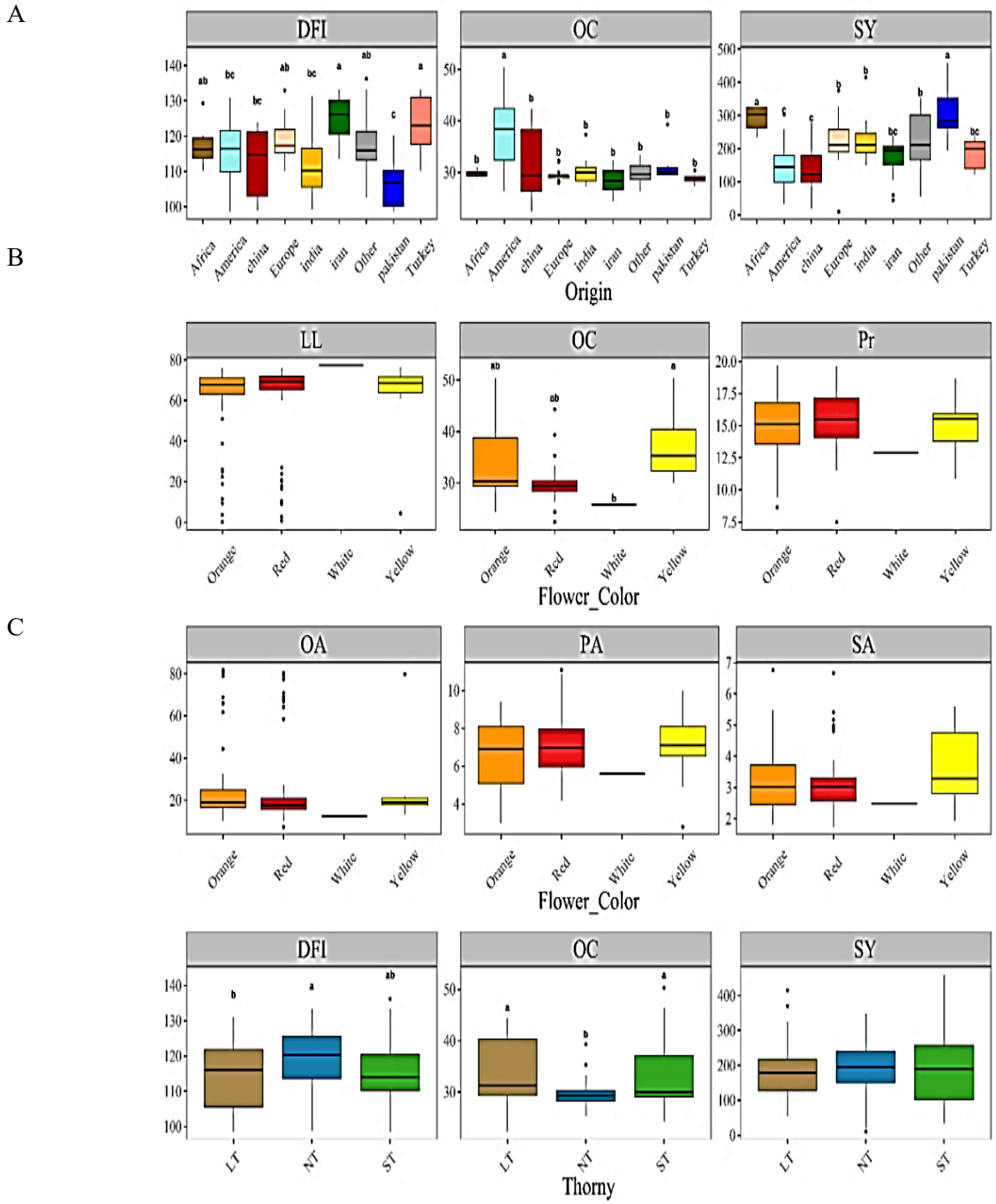
شکل ۵- توزیع فراوانی رنگ گل (A) و وضعیت خارداری (B) بین ۱۲۵ ژنوتیپ گلرنگ خارهای بلند(LT)، خارهای کوتاه(ST) و بدون خار(NT)

Figure 5. Frequency distribution of flower color (A) and thorniness (B) among 125 safflower genotypes. Long thorns (LT), Short thorns (ST), and No thorns (NT)

صفات کیفی مانند خارداری، رنگ گل و منشأ جغرافیایی به‌عنوان نشانگرهای فنوتیپی سریع و کم‌هزینه، ابزار مؤثری برای گروه‌بندی اولیه و ارزیابی تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های بزرگ ژنوتیپی هستند. این صفات امکان تفکیک کلی ژرم‌پلاسم در مراحل ابتدایی را فراهم کرده و فرآیند انتخاب را در برنامه‌های به‌نژادی تسهیل می‌کنند. از این رو، گروه‌بندی صفات بر اساس منشأ جغرافیایی و صفات کیفی به همراه میانگین، دامنهٔ تغییرات و تفاوت‌های آماری هر یک از صفات در میان گروه‌های مختلف در شکل ۶ نمایش داده شده است. طول نمودار جعبه‌ای، میزان تنوع هر صفت را نشان می‌دهد. صفات روز تا شروع گلدهی، محتوای روغن و عملکرد دانه به عنوان صفات کلیدی در گلرنگ بر اساس منشأ جغرافیایی (شکل ۶- A) و خارداری (شکل ۶- C) گروه‌بندی شدند. با توجه به توزیع و حجم نمونه‌ها، ژنوتیپ‌های اروپایی به دلیل تعداد اندک نمونه از هر کشور، در یک گروه یکپارچه با عنوان Europe و نمونه‌های جمع‌آوری‌شده از کشورهای آفریقایی نیز به‌صورت یک گروه مستقل با عنوان Africa دسته‌بندی شدند. در مقابل، به دلیل تنوع و تعداد بالاتر نمونه‌ها در قاره آسیا، ژنوتیپ‌های کشورهای آسیایی به‌صورت مجزا گزارش گردیدند. همچنین ژنوتیپ‌های آمریکایی به‌عنوان یک گروه مجزا تحت عنوان America در نظر گرفته شدند. افزون بر این، ژنوتیپ‌های متعلق به سایر کشورها با تعداد محدود نمونه، در گروهی تحت عنوان Other جای گرفتند. این رویکرد در گروه‌بندی، علاوه بر حفظ قابلیت آماری تحلیل‌ها، امکان مقایسه معنی‌دار بین منشأهای اصلی را نیز فراهم می‌کند.

بررسی صفت روز تا شروع گلدهی بر اساس منشأ جغرافیایی نشان داد که بین گروه‌های مختلف اختلاف معنی‌داری وجود داشت. بر این اساس، ایران با بیشترین تعداد روز تا شروع گلدهی (۱۳۶ روز) و پاکستان با کمترین مقدار (۹۸ روز)، دارای اختلاف معنی‌دار بودند. از سوی دیگر، ایران با کشورهای اروپایی و ترکیه اختلاف معنی‌داری نداشت و با تأخیر در گلدهی، موجب دیررسی می‌شود. همچنین نمونه‌های

هند، چین و آمریکا پس از پاکستان، با تسریع در گلدهی موجب زودرسی شدند و از نظر آماری تفاوت معنی‌داری با پاکستان نداشتند. بیشترین محتوای روغن (۳۷/۷۹ درصد) متعلق به نمونه‌های آمریکای با اختلاف معنی‌دار نسبت به سایر منشأهای جغرافیایی ظاهر شد. کمترین مقدار محتوای روغن (۲۷/۹۶ درصد)متعلق به نمونه‌های ایران بود، که با سایر منشأهای جغرافیایی اختلاف معنی‌داری نداشت. با توجه به نمودار، تنوع قابل توجهی برای عملکرد دانه در بین منشأهای مختلف وجود داشت. بیشترین میانگین عملکرد دانه به ترتیب متعلق به نمونه‌های پاکستان و آفریقا بودند و با سایرگروه‌ها اختلاف معنی‌داری داشتند. کمترین میانگین عملکرد به ترتیب متعلق به نمونه‌های چین و آمریکا بود. پراکنش ژنوتیپ‌های گلرنگ در گروه‌های مختلف رنگ گل از نظر ترکیبات اسید چرب، محتوای روغن و درصد پروتئین با استفاده از نمودار باکس‌پلات نشان داده شده است (شکل ۶- B). نتایج نشان داد که درصد اسید لینولئیک در گل‌های سفید رنگ بیشتر بود، هرچند با گل‌های زرد، نارنجی و قرمز اختلاف معنی‌داری نداشت. همچنین درصد اسید اولئیک در گل‌های سفید رنگ در کمترین مقدار وجود داشت و با رنگ‌های دیگر اختلاف معنی‌داری نداشت که با نتایج سایر محققان (Li *et al*., 2025; Li *et al*., 2023) همخوانی داشت. اسید استاریک، اسید پالمیتیک و نیز درصد محتوای پروتئین بین رنگ‌های مختلف گل رفتاری مشابه اسید اولئیک نشان دادند. بین رنگ گل از لحاظ محتوای روغن به عنوان صفت مهم در گلرنگ اختلاف معنی‌داری مشاهده شد. براساس محتوای روغن، ژنوتیپ‌های با گل‌های زرد دارای مقدار بالاتر و اختلاف معنی‌دار نسبت به ژنوتیپ‌های سفیدرنگ بودند، در حالی‌که، این اختلاف با ژنوتیپ‌های دارای گل‌های قرمز و نارنجی از نظر آماری معنی‌دار نبود. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس وضعیت خارداری (شکل ۶- C) نشان داد، ژنوتیپ‌های بدون خار دارای روز تا شروع گلدهی طولانی‌تری بودند و با ژنوتیپ‌های دارای خار بلند با کمترین روز تا گلدهی اختلاف معنی‌داری داشتند. همچنین محتوای روغن در ژنوتیپ‌های خاردار (خارهای کوتاه و بلند) بالا بوده و با انواع بدون خار اختلاف معنی‌داری داشتند. در مقابل، عملکرد دانه کمتر تحت تأثیر وضعیت خارداری قرار گرفت. با این حال، مقدار عملکرد در انواع بدون خار بیشتر بوده ولی بین گروه‌ها اختلاف معنی‌داری مشاهده نشد که با نتایج سایر مطالعات (Sajid *et al*., 2024) همخوانی داشت. این نتایج نشان می‌دهد که رنگ گل و خارداری می‌تواند به عنوان نشانگرهای فنوتیپی غیرمستقیم در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از نظر کمیت و کیفیت روغن مورد استفاده قرار گیرد (Erbaş and Mutlucan, 2023; Li *et al*., 2025; Li *et al*., 2023; Sajid *et al*., 2024).



شکل ٦- نشان‌دهنده نمود نسبی ۱۲۵ ژنوتیپ گلرنگ برای صفات روز تا شروع گلدهی (DFI)، محتوای روغن (OC) و عملکرد دانه (SY) بر اساس منشأ اصلی آن ها (A) و نیز وضعیت خارداری (C) و همچنین محتوای روغن (OC)، پروتئین (Pr) و ترکیبات اسید چرب شامل لینولئیک (LL)، اولئیک (OA)، پالمیتیک (PA) و استئاریک (SA) براساس رنگ گل (B)

Figure 6. Illustrates the relative performance of 125 safflower genotypes for traits such as days to flowering initiation (DFI), oil content (OC), and seed yield (SY) based on their origin source (A), along with thorniness (C), and additionally oil content (OC), protein (Pr), and fatty acid compositions including linoleic (LL), oleic (OA), palmitic (PA), and stearic (SA) based on flower color (B)

نتیجه‌گیری

نتایج حاصل از تحلیل‌های آماری مختلف، وجود تنوع ژنتیکی قابل‌توجهی را در میان ژنوتیپ‌های مورد بررسی تأیید کرد. این تنوع ژنتیکی، ظرفیت بالایی را برای انتخاب در جهت دستیابی به اهداف به‌نژادی فراهم می‌آورد. ژنوتیپ‌های خوشه‌های دوم به دلیل عملکرد بالا و گل‌دهی زودهنگام و ژنوتیپ‌های خوشهٔ پنجم به دلیل محتوای بالای روغن، می‌توانند به‌عنوان والدین مناسب در برنامه‌های تلاقی هدفمند مورد استفاده قرار گیرند. در مقابل، اگرچه ژنوتیپ‌های خوشه‌های سوم و چهارم در برخی صفات زراعی این پژوهش عملکرد مطلوبی نشان ندادند و حتی ارقام شاهد نیز در این خوشه‌ها قرار گرفتند، اما حذف آن‌ها از فرایند به‌نژادی منطقی به نظر نمی‌رسد. دلیل این امر آن است که این ژنوتیپ‌ها، علی‌رغم عملکرد پایین از نظر صفات زراعی، می‌توانند حامل آلل‌های ارزشمندی باشند که در بهبود مقاومت به تنش‌های زیستی و غیرزیستی مؤثر بوده و در برنامه‌های تلاقی هدفمند مورد استفاده قرار گیرند. بر این اساس، در مطالعات آتی، ارزیابی جامع ژنوتیپ‌ها از نظر صفات فیزیولوژیک و مولکولی ضروری است. افزون بر این، جهت بهبود کیفیت روغن به‌ویژه افزایش محتوای اسید اولئیک در روغن دانهٔ گلرنگ، ژنوتیپ‌های خوشه‌های اول و دوم به‌عنوان منابع ژنتیکی مناسب توصیه می‌شوند.

سپاس‌گزاری

بدین‌وسیله مراتب قدردانی و سپاس صمیمانه خود را از مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، بخش دانه‌های روغنی، کرج، به‌پاس فراهم آوردن شرایط پژوهشی مناسب و همکاری‌های ارزنده در اجرای بخش نخست رساله دکتری ابراز می‌داریم. بی‌تردید حمایت‌ها و مساعدت‌های آن مجموعه نقش بسزایی در پیشبرد اهداف تحقیقاتی داشته است.

References

Abd El-Baset, W. S., Almoselhy, R. I. M., & Abd-Elmageed, S. M. M. (2024). Physicochemical characteristics and nutritional value of safflower oil: A potential sustainable crop for Egypt. *The North African Journal of Food and Nutrition Research*, 8(18), 140-153. https://doi.org/10.51745/najfnr.8.18.140-153

Alahdadi, H., Yadavi, A., Dehnavi, M. M., & Balouchi, H. (2024). The effect of *Thiobacillus* spp. and bentonite sulfur application on the seed yield and physiological characteristics of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) under different irrigation regimes. *Plant Productions*, 48(1), 1-19. https://doi.org/10.22055/ppd.2024.47066.2174

Aminian, R., Karimzadeh Asl, K., Habibzadeh, F., & Baghbani Arani, A. (2019). The multivariate statistical methods to study the relationships among safflower traits under normal irrigation and drought stress conditions. *Plant Productions*, 42(2), 211-226. https://doi.org/10.22055/ppd.2019.23810.1527 [In Persian].

Amrutha, N. R., Murthy, P. S. K., & Reddy, J. P. (2025). Epoxidized safflower oil: synthesis and evaluation of its performance as bioplasticizer for polylactic acid films. *Industrial Crops and Products*, 224, 120360. https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2024.120360

Bakhshi, B., Nazari, M., & Valipour, M. B. (2025). Trait-guided selection for superior safflower genotypes: towards enhanced oil yield and composition. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 72(2), 1921-1935. https:// doi. org/ 10. 1007/ s10722- 024- 02069-1.

Bibi, F., & Rahman, A. (2023). An overview of climate change impacts on agriculture and their mitigation strategies. *Agriculture*, 13(8), 1508. https://doi.org/10.3390/agriculture13081508

Bradford, M. M. (1976). A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. *Analytical Biochemistry*, 72(1-2), 248-254. https://doi.org/10.1016/0003-2697(76)90527-3

Ciaramella, B. R., Corinzia, S. A., Cosentino, S. L., & Testa, G. (2022). Phytoremediation of heavy metal contaminated soils using safflower. *Agronomy*, 12(10), 2302. https://doi.org/10.3390/agronomy12102302

Deshmukh, S. N., Basu M. S., & Reddy, P. S. (1986). Genetic variability, character association and path coefficient analysis of quantitative traits in Virginia bunch varieties of groundnut. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 56, 816-821.

Dwivedi, S. L., Upadhyaya, H. D., & Hegde, D. M. (2005). Development of core collection using geographic information and morphological descriptors in safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52(7), 821-830. https://doi.org/10.1007/s10722-003-6111-8

Elfadl, E., Reinbrecht, C., & Claupein, W. (2009). Evaluation of phenotypic variation in a worldwide germplasm collection of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) grown under organic farming conditions in Germany. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 57(2), 155-170. https://doi.org/10.1007/s10722-009-9458-7

Erbaş, S., & Mutlucan, M. (2023). Investigation of flower yield and quality in different color safflower genotypes. *Agronomy*, 13(4), 956. https://doi.org/10.3390/agronomy13040956

Emongor, V. E., & Emongor, R. A., 2023. Safflower (*Carthamus tinctorius* L.). In *Neglected and Underutilized Crops*. CRC Press, Boca Raton, FL, USA, pp. 683–731.

Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). (2023). *FAOSTAT: Crops and livestock products.* FAOSTAT. https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL

Fan, K., Qin, Y., Hu, X., Xu, J., Ye, Q., Zhang, C., Ding, Y., Li, G., Chen, Y., Liu, J., Wang, P., Hu, Z., Yan, X., Xiong, H., Liu, H., & Qin, R. (2023). Identification of genes associated with fatty acid biosynthesis based on 214 safflower core germplasm. *BMC Genomics*, 24(1), 763. https://doi.org/10.1186/s12864-023-09874-5

Golkar, P., & Mokhtari, N. (2018). Molecular diversity assessment of a world collection of safflower genotypes by SRAP and SCoT molecular markers. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 24(6), 1261-1271. https://doi.org/10.1007/s12298-018-0545-0

International Board for Plant Genetic Resources (IBPGR). (1983). *Safflower descriptors.* Rome: International Board for Plant Genetic Resources. Retrieved from https://cgspace.cgiar.org/items/9f5ae2b7-32d0-40b2-9402-5d0d21dc80b7

Khan, M. A., von Witzke-Ehbrecht, S., Maass, B. L., & Becker, H. C. (2008). Relationships among different geographical groups, agro-morphology, fatty acid composition and RAPD marker diversity in Safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *Genetic Resources and Crop Evolution*, 56(1), 19-30. https://doi.org/10.1007/s10722-008-9338-6

Korkmaz, F. (2024). Safflower protein as a potential plant protein powder: optimization of extraction and spray-drying process parameters and determination of physicochemical and functional properties. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 104(12), 7408-7416. https://doi.org/10.1002/jsfa.13561

Kumar, G. P., Pathania, P., Goyal, N., Gupta, N., Parimalan, R., Radhamani, J., Gomashe, S. S., Kadirvel, P., & Rajkumar, S. (2023). Genetic diversity and population structure analysis to construct a core collection from safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm through SSR markers. *Agriculture*, 13(4), 836. https://doi.org/10.3390/agriculture13040836

Kumar, S., Ambreen, H., Variath, M. T., Rao, A. R., Agarwal, M., Kumar, A., Goel, S., & Jagannath, A. (2016). Utilization of molecular, phenotypic, and geographical diversity to develop compact composite core collection in the oilseed crop, safflower (*Carthamus tinctorius* L.) through maximization strategy. *Frontiers in Plant Science*, 7, 1554. https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01554

Kurt, C., Altaf, M. T., Liaqat, W., Nadeem, M. A., Cil, A. N., & Baloch, F. S. (2025). Oil content and fatty acid composition of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm. *Foods*, 14(2), 264. https://doi.org/10.3390/foods14020264

La Bella, S., Tuttolomondo, T., Lazzeri, L., Matteo, R., Leto, C., & Licata, M. (2019). An agronomic evaluation of new safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm for seed and oil yields under mediterranean climate conditions. *Agronomy*, 9(8), 468. https://doi.org/10.3390/agronomy9080468.

Li, W., Kim, E. G., Lee, D., Choi, Y. M., Lee, J. E., Lee, S., Lee, G. A., & Yoo, E. (2025). Flower color and seed coat color as a phenotypic marker: correlations with fatty acid composition, antioxidant properties, and metabolite profiles in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *International Journal of Molecular Sciences,* 26(7), 3105. https://doi.org/10.3390/ijms26073105

Li, W., Yoo, E., Sung, J., Lee, S., Hwang, S., & Lee, G. A. (2023). Distinct effects of seedc and flower colors on metabolite contents and antioxidant activities in safflower seeds. *Antioxidants (Basel)*, 12(4), 961. https://doi.org/10.3390/antiox12040961

Licata, M., Farruggia, D., Iacuzzi, N., Matteo, R., Tuttolomondo, T., & Di Miceli, G. (2023). Effects of genotype and climate on productive performance of high oleic *Carthamus tinctorius* L. under rainfed conditions in a semi-arid environment of Sicily (Italy). *Plants (Basel)*, 12(9), 1733. https://doi.org/10.3390/plants12091733

Mani, V., Lee, S. K., Yeo, Y., & Hahn, B. S. (2020). A metabolic perspective and opportunities in pharmacologically important safflower. *Metabolites*, 10(6), 253. https://doi.org/10.3390/metabo10060253

Mousavi Ojaq, S. M., Mozafari, H., Jabbari, H., & Sani, B. (2020). Evaluation of yield of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) genotypes under semi-arid conditions. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization*, 18(4), 270-277. https://doi.org/10.1017/s1479262120000301

Nurbekov, A., Kosimov, M., Islamov, S., Khaitov, B., Qodirova, D., Yuldasheva, Z., Khudayqulov, J., Ergasheva, K., & Nurbekova, R. (2024). No-till, crop residue management and winter wheat-based crop rotation strategies under rainfed environment. *Frontiers in Agronomy*, 6, 1453976. https://doi.org/10.3389/fagro.2024.1453976

Oliveira, A. J. d., Barelli, M. A. A., Oliveira, T. C. d., Sander, N. L., Azevedo, R. F., & Silva, C. R. d. (2023). Genetic variability in genotypes of safflower via SSR molecular marker. *Ciência e Agrotecnologia*, 47, e011922. https://doi.org/10.1590/1413-7054202347011922

Rahnama, A., Salehi, F., Meskarbashee, M., Mehdi Khanlou, K., Ghorbanpour, M., & Harrison, M. T. (2024). High temperature perturbs physicochemical parameters and fatty acids composition of safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *BMC Plant Biology,* 24, 1080. https://doi.org/10.1186/s12870-024-05781-3

Raihan, A. (2023). A review of the global climate change impacts, adaptation strategies, and mitigation options in the socio-economic and environmental sectors. *Journal of Environmental Science and Economics*, 2(3), 36-58. https://doi.org/10.56556/jescae.v2i3.587

Robinson, H. F., Comestock, R. E., & Harvey, P. H. (1949). Estimates of heritability and the degree dominance in corn. *Agronomy Journal*, 41, 353-359.

Sabaghnia, N., Ebrahimi, H., & Janmohammdi, M. (2024). Genetic variation among diverse safflower genotypes for some agro-morphological traits. *Ocl*, 31,17. https://doi.org/10.1051/ocl/2024015

Saddick, E. I., Nayel, U. A., & ELdahshan, E. E. (2024). Evaluation of shea butter supplementation in finishing lambs' diets. *Egyptian Journal of Nutrition and Feeds*, 27(2), 161-173. 10.21608/ejnf.2024.377413

Sajid, M., Munir, H., Rasul, F., & Hayat, M. A. B. (2024). Comparative assessment of yield, oil content and fatty acid composition of spiny and non-spiny safflowers. *Ocl*, 31,28. https://doi.org/10.1051/ocl/2024029

Salehi, F., Rahnama, A., Meskarbashee, M., Mehdi Khanlou, K., & Ghorbanpour, M. (2023). Physiological and metabolic changes of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) cultivars in response to terminal heat stress. *Journal of Plant Growth Regulations,* 42, 6585-600. https://doi.org/10.1007/s00344-023-10911-6

Terfa, G. N., & Gurmu, G. N. (2020). Genetic variability, heritability and genetic advance in linseed (*Linum usitatissimum* L.) genotypes for seed yield and other agronomic traits. *Oil Crop Science*, 5(3), 156-160. https://doi.org/10.1016/j.ocsci.2020.08.002

TonguÇ, M., ÖNder, S., & ErbaŞ, S. (2023). Variations in seed oil and chemical composition among the safflower genotypes (*Carthamus tinctorius* L.). *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 51(1), 13045-13045. https://doi.org/10.15835/nbha51113045

UPOV. 2017. Test guidelines for safflower (TG/134). Geneva: International Union for the Protection of New Varieties of Plants. Retrieved from https://www.upov.int/edocs/tgdocs/en/tg134.pdf

Zemour, K., Adda, A., Labdelli, A., Dellal, A., Cerny, M., & Merah, O. (2021). Effects of genotype and climatic conditions on the oil content and its fatty acids composition of *Carthamus tinctorius* L. seeds. *Agronomy*, 11(10), 2048. https://doi.org/10.3390/agronomy11102048