ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های بومی برنج (*Oryza sativa* L.) بر اساس صفات فیزیولوژیک

محمدرضا جعفری‌تلوباغی[1]، نسیم رنج‌کش[2] و مرتضی سام‌دلیری[3*](نویسنده مسئول)

۱- دکتری، گروه زراعت، واحد چالوس، دانشگاه آزاد اسلامی، چالوس، ایران، Talubaghi@iauc.ac.ir

۲- دکتری، گروه زراعت، واحد چالوس، دانشگاه آزاد اسلامی، چالوس، ایران، nasim.ranjkesh@iauc.ac.ir

۳*- دانشیار، گروه زراعت، واحد چالوس، دانشگاه آزاد اسلامی، چالوس، ایران، m.sam@iauc.ac.ir

تاریخ دریافت: مرداد ۱۳۹۹ تاریخ پذیرش: آذر ۱۳۹۹

Evaluation of Genetic Diversity of Rice (*Oryza sativa* L.) Genotypes Based on Physiological Traits

Mohammad Reza Jafari Talubaghi[1], Nasim Ranjkesh[2] and Morteza Sam Daliri[3*](Corresponding author)

1- Ph.D, Department of Agronomy, Chalus Branch, Islamic Azad University, Chalus, Iran, Talubaghi@iauc.ac.ir

2- Ph.D, Department of Agronomy, Chalus Branch, Islamic Azad University, Chalus, Iran, nasim.ranjkesh@iauc.ac.ir

3*- Associate Professor, Department of Agronomy, Chalus Branch, Islamic Azad University, Chalus, Iran, m.sam@iauc.ac.ir

Received: July 2020 Accepted: November 2020

چکیده

گیاه برنج یکی از مهمترین محصولات کشاورزی ایران و جهان است. بررسی اثر متقابل ژنوتیپ * محیط و شناسایی ارقام پایدار و پرمحصول در شرایط محیطی مختلف، اهمیت زیادی در اصلاح نبات دارد. در همین راستا آزمایشی با تعداد ۳۰ ژنوتیپ بومی برنج در قالب طرح بلوکهای کامل تصادفی با چهار تکرار در مزرعه پژوهشی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری در سال ۱۳۹۵-۹۶ به اجرا درآمد. یادداشتبرداری برخی صفات مهم زراعی و مورفولوژیکی، همچون ارتفاع بوته، طول خوشه، تعداد پنجه، تعداد کل دانه، تعداد دانه پر، تعداد دانه پوک، وزن هزار دانه، عملکرد اقتصادی، عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، شاخص کلروفیل و طول دوره رویش صورت پذیرفت. نتایج تجزیه واریانس حاکی از تفاوت معنی‌دار بین ژنوتیپها در سطح احتمال یک درصد برای تمامی صفات مورد بررسی بود. همچنین معنیدار بودن مقایسه میانگین تیمارها برای تمامی صفات مورفولوژیک مورد مطالعه، بیانگر وجود تنوع کافی برای تمامی خصوصیات مورد بررسی در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در منطقه ساری بود. تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA و با معیار فاصله اقلیدسی برای صفات مورد بررسی، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را در سه گروه تفکیک کرد. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که پنج مؤلفه اول ۸۲/۱۹۹ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه نمودند.

کلمات کلیدی: برنج، تنوع ژنتیکی، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه کلاستر، بای پلات

Abstract

Rice is one the most important crops in Iran and worldwide. Evaluating genotype × environment interaction effects and identifying stable and high performance varieties under different environmental conditions is very important in plant breeding. In this regard, an experiment was conducted with 30 native and modified rice genotypes in a randomized complete block design at research farm of Sari University of Agricultural Sciences and Natural Resources with four replication in 2016-2017. Record of some important crop and morphological traits, such as plant height, length of panicles, number of effective tillers, total number of grains, number of unfilled grains, number of filled grains, 1000-grain weight, biological yield, economic yield, harvest index, chlorophyll index and growth period it took place. The results of analysis of variance showed a significant difference between genotypes at the probability level of 0/1 percent for all studied traits.Also, the significance of the comparison of mean treatments for all morphological traits studied, Indicates a sufficient diversity for all studied specimens in the genotypes studied in Sari area.The cluster analysis by UPGMA method and with the Euclidean distance criterion for studied traits, genotypes studied were divided into three groups. The results of principal components analysis showed that the first five components justify the total data change of 82/199%.

Keywords: Bi plot, Cluster analysis, Genetic diversity, Principal component decomposition, Rice

مقدمه و کلیات

برنج (*Oryza sativa* L.) مهمترین منبع غذایی و منابع انرژی برای حدود نیمی از جمعیت جهان است که پس از گندم در رتبه دوم قرار دارد (Manjappa *et al*., 2014). تولید ارقام جدید پر محصول برنج که دارای پتانسیل عملکرد بالاتری هستند، پاسخی مناسب به تقاضای روزافزون این محصول و راهکار مناسبی برای بهبود امنیت غذائی در کشور به نظر میرسد. برنج بیش از ۲۱ درصد از نیاز کالری و ۱۵ درصد از نیاز پروتئین در کشورهای در حال توسعه را تامین می‌کند (Fitzgerald *et al*., 2009). پرورش و تطبیق ارقام برنج با افزایش پتانسیل عملکرد و رشد کوتاه مدت یک هدف مشترک از برای تمای اصلاحان نبات می‌باشد اما عملکرد برنج با صفات و خصوصیات محیطی متفاوت است. تأمین نیاز کشور به برنج در آینده با تکیه بر استفاده از روشهای اصلاح نباتات و تولید واریته‌های پرمحصول محقق میگردد. برای این منظور، متخصصین اصلاح نباتات باید اقدام به انتخاب صحیح والدین مورد استفاده در تلاقی نمایند که امری حساس و حیاتی میباشد. اهمیت این کار به خاطر آن است که عملکرد یک خصوصیت پیچیده و متشکل از اجزاء متعددی است که هر یک از آنها به صورت مثبت یا منفی بر عملکرد مؤثر بوده و عموماً به تغییرات محیطی و نوسانات جوی نیز بسیار حساس هستند (Singh and Joshi, 1966). بررسی تنوع بین ژنوتیپ‌های مختلف بر اساس صفات زراعی اهمیت ویژه‌ای دارد. در بررسی تنوع عموماً از تجزیه و تحلیل‌های چند متغیره به منظور توصیف و ارزیابی مواد ژنتیکی جهت بهره‌گیری بهینه و همچنین مطالعه روابط داخلی بین صفات استفاده میشود (Johnson, 1998). در مطالعه‌ای ۲۹ ژنوتیپ از نظر صفات عملکرد و اجزای آن و همچنین صفات موفولوژیکی در مزرعه تحقیقاتی موسسه برنج کشور در رشت مورد بررسی قرار گرفتند. تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر صفات بررسی شده دارای اختلاف معنی‌داری بودند. در پژوهشی نتایج بدست آمده از تجزیه به عامل‌ها مجموعا سه عامل اصلی و مستقل، ۷۷/۷۲ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه نمودند که این عامل‌ها شامل خصوصیات مورفولوژیک، عملکرد و اجزای آن و فنولوژیک نامگذاری شدند. در عامل عملکرد و اجزای آن صفات مهمی مانند عملکرد دانه، تعداد دانه پر در خوشه، تعداد دانه پوک در خوشه و وزن هزار دانه حضور یافتند که همبستگی بین این خصوصیات با عملکرد دانه معنی‌دار بود. همچنین در این تحقیق تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA ژنوتیپ‌های مورد تحقیق را در نُه گروه جایگذاری نمود (قربانی و همکاران، ۱۳۹۰). محققین در پژوهشی خصوصیات مورفولوژیک و کیفی لاین‌های امید بخش برنج را مورد مطالعه قرار دادند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که ژنوتیپ‌های برنج از نظر تمامی صفات مورد مطالعه دارای اختلاف معنی‌دار در سطح یک درصد بودند. در این آزمایش صفات تعداد پنجه بارور، عرض برگ پرچم، تعداد خوشه‌چه ثانویه، تعداد دانه در خوشه و تعداد دانه پر در خوشه همبستگی مثبت و معنی‌داری با صفت عملکرد دانه داشتند. همچنین تجزیه کلاستر، لاین‌های برنج مورد مطالعه را در سه خوشه مختلف قرار

داد (حسن‌نتاج جلودار، ۱۳۹۰). محققین در مطالعه‌ای در خصوص تنوع زیستی ذخایر توارثی برنج ایرانی به روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، شش مؤلفه نخست را که سهم ۷٤ درصدی از تغییرات کل را توجیه میکردند به عنوان مؤلفه‌های اصلی معرفی کردند. علاوه بر این، تجزیه کلاستر بر اساس صفات مورفولوژیک حاکی از وجود ٤ کلاستر در مطالعه آنها بود (Bagheri and *et al*., 2008). پژوهش حاضر با هدف شناسایی و گروه‌بندی ژنوتیپ‌های بومی برنج ایرانی با صفات مطلوب زراعی و بررسی تنوع موجود میان ژنوتیپ‌ها با استفاده از روش‌های آماری مناسب در منطقه طرح‌ریزی شد.

فرآیند پژوهش

این پژوهش در مزرعه آموزشی_پژوهشی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری واقع در ۹ کیلومتری جاده خزر آباد با مختصات جغرافیایی ۳٦ درجه و ۳۹ دقیقه عرض شمالی و ۵۳ درجه و ٤ دقیقه طول شرقی و ارتفاع ۱۱ متر پایین‌تر از سطح دریا در سال زراعی ۹٦-۱۳۹۵ با تعداد ۳۰ ژنوتیپ بومی برنج در قالب طرح بلوکهای کامل تصادفی در چهار تکرار به اجرا درآمد. به منظور آماده-سازی زمین، قبل از اجرای آزمایش و پس از گاورو شدن زمین به وسیله گاوآهن برگردان شخم زده شد. سپس جهت خرد شدن کلوخ‌ها و همچنین یکنواخت شدن وضعیت خاک مزرعه، زمین مذکور دیسک و ماله زده شد و آنگاه اقدام به نمونه‌گیری از خاک مزرعه در عمق ۳۰-۰ سانتی‌متر گردید و جهت اندازه‌گیری تعدادی از پارامترهای خاک به آزمایشگاه آب و خاک انتقال داده شد. نتایج تجزیه و تحلیل خاک محل اجرای طرح در جدول ۱ ارائه شده است. همچنین ژنوتیپ‌ها بر اساس شماره در جدول ۲ گردآوری شدند. براساس نتایج تجزیه خاک و توصیه کودی، اقدام به کودپاشی و پخش علف‌کش موردنیاز به طور یکنواخت در سطح مزرعه شد. به وسیله دیسک سبک، کود و علف‌کش با خاک مخلوط گردید. در مجموع از کود نیتروژن از منبع اوره، کود فسفر از منبع سوپرفسفات تریپل و کود پتاس از منبع سولفات پتاس استفاده شد. ۵۰ ٪ اوره، تمامی کود فسفات و پتاسیم به عنوان کود پایه پس از آماده نمودن زمین و قبل از نشاکاری به زمین داده شده، ۲۵٪ اوره مانده را همراه وجین اول و مابقی آن در زمان تشکیل اولین جوانه خوشه در غلاف به خاک اضافه شد برنج به روش نشایی کشت گردید. مساحت هر کرت ۱۸ متر مربع و نشاها به فواصل بوته ۲۵×۲۵ سانتی متر و به تعداد ۳ تا ۵ نشاء در کپه در کرت قرار گرفت. پس از اجرای آزمایش مطابق نقشه کاشت و سبز شدن و استقرار گیاهچه، عملیات داشت شامل کنترل آفات و سمپاشی علیه کرم‌ساقه خوار انجام شد. عملیات برداشت محصول پس از حذف اثر حاشیه، به‌صورت دستی و از چهار مترمربع در مرحله رسیدگی فیزیولوژیک انجام گرفت. در نهایت صفات مرتبط با عملکرد مانند: ارتفاع بوته، تعداد پنجه‌های بارور، طول خوشه، تعداد کل دانه، تعداد دانه‌های پر و پوک در خوشه، وزن هزار دانه، عملکرد بیولوژیک، عملکرد اقتصادی، شاخص برداشت، کلروفیل و طول دوره رویش اندازه‌گیری شد.. تجزیه واریانس و مقایسه میانگین داده‌ها با استفاده از نرم افزار SAS نسخه ۹/۱ و با روش حداقل تفاوت معنی‌دار (LSD) صورت پذیرفت. به منظور انجام

تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس ماتریس تشابه داده‌های حاصل از اندازه‌گیری ۱۲ صفات مورد بررسی و با استفاده از روش UPGMA در گروه‌های مختلفی جای گرفتند. رسم دندروگرام بر اساس معیار فاصله اقلیدسی و پلات دو بعدی بر پایه مؤلفه‌های اصلی با نرم‌افزار XLSTAT صورت گرفت.

بافت خاک Soil Texture	ماده آلی Organic Matter	منگنز Mn	روی Zn	آهن Fe	پتاسیم K	فسفر P	نیتروژن N	اسیدیته خاک pH	هدایت‌الکتریکی (دسی‌زیمنس بر متر) EC(dS.m-1)
	(٪)	(میلی‌گرم در کیلوگرم) (mg.kg-1)					(٪)		
رسی_سیلتی Silty-clay	۲/۰۱	۳/۲	۳/۷	٤/۲	۷/۲۰۹	۸/۷	۰/۰۲	۷/۲۲	۱/۸٤

جدول ۱- تجزیه فیزیکوشیمیایی خاک محل آزمایش در عمق ۳۰-۰ سانتی‌متری

Table 1- Physicochemical decomposition of test soil at a depth of 0-30 cm

جدول ۲- خصوصیات ژنوتیپ‌های برنج مورد ارزیابی در این آزمایش

Table 2 - Characteristics of rice genotypes evaluated in this experiment

شماره ژنوتیپ Genotype Number	نام ژنوتیپ Name of Genotype	شجره pedigree	منشأ Source or Origin	شماره ژنوتیپ Genotype Number	نام ژنوتیپ Name of Genotype	شجره pedigree	منشأ Source or Origin
$G_{۱}$	طارم محلی	رقم محلی	مؤسسه برنج آمل	$G_{۱٦}$	دمسیاه مشهد	رقم محلی	مشهد
$G_{۲}$	اهلمی طارم	رقم محلی	مؤسسه برنج آمل	$G_{۱۷}$	قشنگه	رقم محلی	تنکابن، مازندران
$G_{۳}$	سنگ طارم	رقم محلی	مازندران	$G_{۱۸}$	گرده	رقم محلی	مؤسسه برنج آمل
$G_{٤}$	موسی طارم	رقم محلی	فیروزکنده ، مازندران	$G_{۱۹}$	زیره بندپی	رقم محلی	بابل، مازندران
$G_{٥}$	میرطارم	رقم محلی	مازندران	$G_{۲۰}$	مهر	رقم محلی	فیروزکنده، مازندران
$G_{٦}$	طارم پاکوتاه	رقم محلی	مازندران	$G_{۲۱}$	هاشمی	رقم محلی	رشت، گیلان
$G_{۷}$	دیلمانی	رقم محلی	تنکابن، مازندران	$G_{۲۲}$	طارم ٦٠ روزه	رقم محلی	مازندران
$G_{۸}$	صدری	رقم محلی	مازندران	$G_{۲۳}$	هاشمی بابلسر	رقم محلی	مازندران
$G_{۹}$	رشتی	رقم محلی	فریدونکنار، مازندران	$G_{۲٤}$	سنگ جو	رقم محلی	گیلان
$G_{۱۰}$	رشتی سرد	رقم محلی	مازندران	$G_{۲٥}$	حسنی	رقم محلی	گیلان
$G_{۱۱}$	سالاری	رقم محلی	تنکابن، مازندران	$G_{۲٦}$	شاه پسند	رقم محلی	تنکابن، مازندران
$G_{۱۲}$	حسن سرایی	رقم محلی	قائم‌شهر، مازندران	$G_{۲۷}$	غریب	رقم محلی	غرب مازندران
$G_{۱۳}$	عنبربو	رقم محلی	فارس، شیراز	$G_{۲۸}$	طارم امیری	رقم محلی	مؤسسه برنج آمل
$G_{۱٤}$	آبجی بوجی	رقم محلی	بابل، مازندران	$G_{۲۹}$	عنبربو ایلام	رقم محلی	ایلام، خوزستان
$G_{۱٥}$	گرمه	رقم محلی	مازندران	$G_{۳۰}$	بینام	رقم محلی	گیلان، ایران

نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی در این آزمایش در تمامی صفات ارزیابی شده، همگی در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار می‌باشند (جدول ۳). نتایج بیانگر آن است که بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر صفات اندازه‌گیری شده تنوع کافی وجود دارد. با توجه به مقایسه میانگین داده‌ها مشخص گردید که ژنوتیپ شماره ۲۵ (حسنی) دارای بیشترین ارتفاع به میزان ۱۸۵/۵۰ سانتی‌متر بود. در صورتی‌که کمترین ارتفاع در ژنوتیپ شماره ۲۰ (مهر) به میزان ۱۰۷/۲۵ سانتی‌متر مشاهده شد که با ژنوتیپ شماره‌های ٤ (موسی طارم) و ۲ (اهلمی طارم) هر دو با مقدار ۱۰۸/۲۵ سانتی‌متر اختلاف معنی‌دار نداشت (جدول ٤). (گرده)، ۱۹ (زیره بندپی) و ۳۰ (بینام)، به ترتیب به میزان ۲٤/۵۰، ۲٤/۲۵ و ۲۱/۷۵، سانتی‌متر در یک سطح آماری قرار داشت. در مقابل کمترین طول خوشه در ژنوتیپ ۵ به میزان ۸/۷۵ مشاهده شد (جدول ٤). با توجه به گزارش‌های Kato و Yajima (۱۹۹۵)، مبنی بر اهمیت نسبی طول روز و درجه حرارت در هنگام پیدایش خوشه و میزان باروری و نیز مقدار بسیار متفاوت آن وابسته به رقم و شرایط محیطی، چنین برمی‌آید که پیدایش خوشه در شمال کشور بیشتر تابع میزان دمای دریافتی است. همچنین می‌توان گفت که همزمانی نمایان شدن خوشه با دمای زیاد محیط، یکی از فاکتورهای مهم در تعیین میزان باروری ارقام می‌باشد و باید انتخاب ارقامی که به خصوص از دیگر مناطق برنج‌خیز دنیا به استان وارد می‌شود، کاملاً مورد توجه قرار گیرد (علیرضا ترنگ و همکاران، ۱۳۹۲). حداکثر تعداد پنجه در ژنوتیپ ۲۷ (هاشمی بابلسر) با ۳۷/۲۵ عدد و حداقل تعداد پنجه در ژنوتیپ ۲ (اهلمی طارم) با ۲۱/۵۰ عدد مشاهده شد (جدول ٤). قابلیت پنجه‌زنی در برنج یک صفت زراعی مهم برای تولید دانه محسوب می‌گردد (Hussien *et al.*, 2014). بیشترین تعداد کل دانه متعلق به ژنوتیپ شماره ۲۹ (عنبربوایلام) با تعداد ۲۱۲/۷۵ بود که با ژنوتیپ‌های عنبربو(G13)، سالاری (G11) و طارم پاکوتاه (G6) به ترتیب با میزان ۱۹٦/۲۵، ۱۹۸/۷۵ و ۱۸۸/۷۵ اختلاف معنی‌داری نداشت و کمترین تعداد کل دانه متعلق به ژنوتیپ شماره ۲۲ (طارم ٦۰روزه) با ۸۷/۲۵ عدد بود (جدول ٤). بالاترین طول خوشه در ژنوتیپ شماره ۲۷ (غریب) به میزان ۲۵/۰۰ سانتی‌متر مشاهده شد که با ژنوتیپ‌های شماره ۱۸ بیشترین مقدار تعداد دانه پر در خوشه در ژنوتیپ شماره ۲۹ (عنبربوایلام) به میزان ۱۸۷/۷۵ مشاهده شد. در صورتی‌که کمترین تعداد دانه پر مربوط به ژنوتیپ شماره ۲۲ (طارم ٦۰ روزه) بوده است (جدول ٤). دامنه تغییرات تعداد دانه در خوشه ۱۱۵/۵۰ بود که نشان از تنوع بالا در این صفت بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه است. با توجه به اینکه تعداد دانه پر در خوشه و وزن هزار دانه از اجزای اصلی عملکرد در برنج می‌باشند، بنابراین افزایش هر یک از صفات به طور مستقیم می‌تواند موجب بهبود و افزایش عملکرد در دانه گردد (Rahimi and Rabiee, 2009). از آنجایی‌که وزن هزار دانه یکی از مهمترین اجزای عملکرد محسوب می‌شود که نشان‌دهنده انتقال بیشتر مواد فتوسنتزی به دانه است. در نتیجه با بررسی نتایج مقایسه میانگین مشخص

گردید که بیشترین وزن هزار دانه در ژنوتیپ شماره ٤ (موسی‌طارم) با ۲۵/۹۰۳ گرم و از سویی دیگر کمترین میزان صفت وزن هزار دانه در ژنوتیپ شماره ۳۰ (بینام) با ۱۹/٤٦۰ گرم مشاهده شد (جدول ٤). علاوه بر این نتایج مقایسه میانگین نشان داد که اختلاف چشمگیری بین ژنوتیپ‌های مختلف از نظر صفت عملکرد بیولوژیک وجود دارد. به طوری که بیشترین میزان صفت عملکرد بیولوژیک در ژنوتیپ۳۰ (بینام) با ۲٦/۷٥٦ تن در هکتار مشاهده شد که با ژنوتیپ شماره ۲۸ (طارم امیری) به میزان ۱٤/۹۰٥ تن در هکتار در یک سطح آماری قرار گرفت. در مقابل کمترین میزان صفت عملکرد بیولوژیک در ژنوتیپ شماره ۲٦ (شاه‌پسند) به میزان ۱۱/۷۰۰ تن در هکتار مشاهده شد (جدول ٥). بالاترین میزان شاخص برداشت در ژنوتیپ شماره ۲٦ (شاه‌پسند) با ٤۹/٤٤ درصد و از طرف دیگر کمترین میزان در ژنوتیپ شماره ۹ (رشتی) با ۳۷/٦۰ درصد مشاهده گردید (جدول ٤). علاوه بر این بیشترین شاخص کلروفیل در ژنوتیپ شماره ۱۹(زیره بندپی) با مقدار ٤۹/٤٤ و کمترین در ژنوتیپ شماره ۳۰ (بینام) به میزان ۳۰/٥۸ دیده شد (جدول ٤). همچنین مشاهده شد که اختلاف بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفت طول دوره رویش بسیار چشمگیر نبود. به‌طوریکه بیشترین میزان طول دوره رویش در ژنوتیپ شماره ٦ (طارم پا کوتاه) به میزان ۱٤۳/٥۰روز و کمترین در ژنوتیپ شماره ۲ (اهلمی طارم) به میزان ۱۲۲/۰۰ روز مشاهده شد (جدول ٤). محققین اعلام نمودند که ارقام زودرس نسبت به ارقام دیررس دارای راندمان تشکیل خوشه بیشتری هستند و تعداد کل دانه در خوشه به عنوان معیار خوبی برای وجود مخزن جهت دریافت مواد فتوسنتزی است، همچنین ارقام با طول خوشه بلندتر عملکرد بیشتری دارند (Mohaddesi, 2002).

جدول۳- تجزیه واریانس صفات مختلف مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های برنج مورد بررسی در منطقه ساری

Table 3 - Analysis of variance of different studied traits in studied rice genotypes in Sari region

منابع تغییرات	درجه آزادی	ارتفاع بوته (X_1)	طول خوشه (X_2)	تعداد پنجه (X_3)	تعداد کل دانه (X_4)	تعداد دانه پر (X_5)	تعداد دانه پوک (X_6)	وزن هزار دانه (X_7)	عملکرد بیولوژیک (X_8)	عملکرد اقتصادی (X_9)	شاخص برداشت (X_{10})	شاخص کلروفیل (X_{11})	طول دوره رویش (X_{12})
تکرار	۳	۱/۲۱۱ ns	۰/۲۳۳ ns	۲/۰۷۸ ns	۷۷۲/٦۰۰ ns	۷٤۷/۳۲۹ ns	۹/۰۷۸ ns	۹/۱٥٤ ns	۱۲/۷٤۹**	٥/۲٦۲**	٤٥/۷٤٦ ns	٤/۷۷۷ ns	۱۱٤/۸۹۷ ns
تیمار	۲۹	۱۷٥۹/٥۹۷**	٥٥/۱۱٦**	۱۳۹۲/۷۳۱**	٥۰۳۸/۰٦۹**	٥۰۱٦/۸۹۰**	۱۸٦۹/٥۹۹**	۱۲/۰٦٦**	۲/۷۲۱**	۰/٦٦۱**	۳۲/۳٥۲**	۳/٥٤٥**	۹۹/٦۷٥**
آزمایشی خطای	۸۷	۱۱/۱۱۹	٤/۷٥۱	۱/۸۱۹	۳۰۸/٥٥٤	۳۱٥/۸۰۸	٤/٦۷۰	٦۰۲۸	۰/۹٦۳	۰/۲۱۸	۱۸/٦۲۷	۱/۹٤۹	٤۷/۷٥۹
ضریب تغییرات (٪)	-	۲/٤۹۱	۱۲/۳۰۲	٤/۱٤٤	۱۲/۸۲۲	۱٤/۹۱٥	۱۲/۱۰٦	۱۰/۳۹٤	۷/٦۲۷	۸/۲٤۲	۹/۷٥٥	٤/۲٤٦	٤/۹٤۰

درصد. یک و پنج احتمال سطح در دار معنی اختلاف دار، معنی اختلاف عدم ترتیب ، * و **: به**ns**

جدول ٤- **مقایسه میانگین صفات مورد مطالعه در آزمایش**

Table 4- Comparison of the mean of the studied traits in the experiment

ژنوتیپ	ارتفاع بوته (X_1)	طول خوشه (X_2)	تعداد پنجه (X_3)	تعداد کل دانه (X_4)	تعداد دانه پر (X_5)	تعداد دانه پوک (X_6)	وزن هزار دانه (X_7)	عملکرد بیولوژیک (X_8)	عملکرد اقتصادی (X_9)	شاخص برداشت (X_{10})	شاخص کلروفیل (X_{11})	طول دوره رویش (X_{12})
طارم محلی	fg۱۳۸/۲۵	c-e۲۰/۵۰	hi۲۹	f-i۱۱۰/۷۵	d-h۹۹/۲۵	g-i۱۱/۵۰	a-g۲۳/۲۹	bc۱٤/۰۲	c-g۵/٤۹	f-h۳۹/۱۹	a-d۳۱/۰۹	ab۱٤۳/۷۵
اهلمی طارم	o۱۰۸/۲۵	g-j۱٦/۲۵	l۲۱/۵۰	f-i۱۱۵	d-h۱۰٤	hi۱۱	a-d۲۵/۱۷	d-f۱۲/۳۹	h٤/۷٦	gh۳۸/٦٤	cd۳۱/۹۳	b۱۲۲
سنگ طارم	e۱۵۱	c-h۱۸/۷۵	ij۲۷/۷۵	ef۱۳٦/۷۵	c-e۱۲۰	ef۱٦/۷۵	a-c۲۵/۳٤	c-f۱۲/۹٤	c-g۵/٤۳	c-h٤۲/۰۸	a-d۳۳/۰۲	b۱۲۸/۷۵
موسی طارم	o۱۰۸/۲۵	d-i۱۷/۷۵	k۲۵/۵۰	hi۹۳/۷۵	h۸۲/۲۵	g-i۱۱/۵۰	a۲۵/۹۰	c-f۱۳/۰۷	b-f۵/۷۸	a-g٤٤/۳٤	b-d۳۲/۲۱	ab۱۳۵/۲۵
میرطارم	n۱۱٤/۲۵	l۸/۷۵	c-e۳۳	g-i۱۰۲/۵۰	e-h۹۲/۷۵	ij۹/۷۵	a-d۲۵/۱۵	c-f۱۲/۸۸	b-f۵/۷۳	a-f٤٤/۷۸	a-c۳۳/۲۱	ab۱۳۵/۷۵
طارم پاکوتاه	de۱۵٤/۲۵	jk۱٤	d-f۳۲/۲۵	a-c۱۸۸/۷۵	a۱۷٤/۵۰	fg۱٤/۲۵	a-f۲٤/٤۰	d-f۱۲/۵۷	d-h۵/۳٦	b-h٤۲/۹۱	a-d۳۲/۷۱	a۱٤۳/۵۰
دیلمانی	ij۱۲۷	g-j۱٦	c۳۵	ef۱۳۳/۲۵	c-g۱۱۳/۵۰	c-e۱۹/۷۵	a-g۲۳/٦۲	c-f۱۲/۸۳	d-h۵/۳٦	c-h٤۱/۸۱	a-d۳۳/۱٦	a۱٤۲/۷۵
صدری	e۱۵۰/۲۵	f-j۱٦/۵۲	f-h۳۰/۷۵	bc۱۸۲/۷۵	a۱٦۸/۷۵	f-h۱٤	a-g۲۳/۲۸	c-f۱۲/۷۵	b-f۵/۵۷	a-g٤۳/۷٦	a-d۳۲/٦۸	ab۱۳٦
رشتی	c۱۵۹/۲۵	c-f۲۰	ij۲۸/۲۵	e-g۱۲۵/۷۵	d-h۹۸/۷۵	b۲۷	a-g۲۳/۸۰	c-f۱۲/۹۸	gh٤/۳۸	h۳۷/٦۰	a-d۳/٦۱	ab۱۳٦/۷۵
رشتی سرد	cd۱۵۸/۷۵	e-j۱۷/۵۰	i۲۸/۵۰	e-g۱۲۸/۷۵	d-h۱۰۷/۵۰	c۲۱/۲۵	a-e۲۵/۱۲	c-f۱۲/۸۳	f-h۵/۱٤	e-h٤/٤۳	a-d۳۲/٤	ab۱۳٤/۲۵
سالاری	l-n۱۱۷/۵۰	bc۲۱/۵۰	b۳٤/۷۵	ab۱۹۸/۷۵	a۱۷۹/۵۰	c-e۱۹/۲۵	a-e۲۵/۰۳	cf۱۲/٦۷	c-g۵/٤۵	b-h٤۳/۳۵	a-c۳۳/٤۳	ab۱۳۳/۵۰
حسن سرایی	ij۱۲۷	i-k۱٤/۷۵	jk۲٦/۲۵	bc۱۷۹	ab۱٦۲/۲۵	ef۱٦/۷۵	a-f۲٤/۵۳	d-f۱۲/۵۱	b-f۵/٦۹	a-e٤۵/٤۵	a-d۳۳/۱۵	ab۱۳۳/۷۵
عنبربو	l-n۱۱۷/۷۵	i-k۱٤/۷۵	k۲۵/۵۰	a-c۱۹٦/۲۵	a۱۸٤	g-i۱۲/۲۵	ab۲۵/٦۵	d-f۱۲/٤۱	b-f۵/۵۸	a-f٤٤/۹۷	ab۳٤/۲۳	ab۱۳٤
آبجی بوجی	kl۱۲۱/۷۵	f-j۱٦/۵۰	hi۲۹	e-g۱۲۹	d-h۱۱۰/۵۰	c-e۱۸/۵۰	a-g۲۳/٦۰	d-f۱۲/۲۸	b-f۵/٦۲	a-e٤۵/۷۷	a-c۳۳/۲۵	ab۱۳۹/۷۵
گرمه	mn۱۱٦	e-j۱۷/۵۰	i۲۸/۵۰	e-g۱۲۷/۷۵	d-h۱۰۰/۷۵	b۲۷	a-g۲۳/٤۵	cd۱۳/۳۰	b-e۵/۸۰	a-g٤۳/٦۷	a-c۳۳/٤۲	ab۱۳۹/۲۵
دمسیاه مشهد	hi۱۳۱	k۱۲/۲۵	g-i۲۹/۷۵	g-i۱۰۱/۲۵	gh۸۳/۲۵	de۱۸	a-f۲٤/۳۲	cd۱۳/۳۸	b-d۵/۹۳	a-g٤٤/٤۹	a-c۳۳/۵۲	a۱۳٦
قشنگه	jk۱۲٤/٤۵	b-d۲۱/۲۵	e-g۳۱/۵۰	e-g۱۲۷/۷۵	c-f۱۱۳/۷۵	f-h۱٤	a-d۲۵/۱۸	d-f۱۲/۲۹	b-f۵/٦۵	a-e٤٦/۲۱	a-e۳٤/۳۷	a۱٤۱/۲۵
گرده	b۱۷۲/۲۵	ab۲٤/۲۵	g-i۲۹/۵۰	ef۱۳۵/۲۵	cd۱۲۸/۵۰	j٦/۷۵	ab۲۵/۵۱	c-f۱۲/۷۳	b-e۵/۸۳	a-e٤۵/۷۱	a-c۳۳/۲۵	a۱٤۳
زیره بندپی	l-n۱۱۹/۵۰	ab۲٤/۵۰	ij۲۸/۲۵	de۱۵۱/۵۰	bc۱٤۰/۵۰	hi۱۱	a-c۲۵/٤٤	d-f۱۲/٤٦	b-d۵/۹۳	a-c٤۷/٦۱	a۳٤/۵۰	a۱٤۲/۲۵
مهر	o۱۰۷/۲۵	h-k۱۹/۷۵	k۲۵/۲۵	f-i۱۰۷/۷۵	e-h۹٦/۲۵	g-i۱۱/۵۰	a-d۲۵/۲۷	d-f۱۱/۸۹	b-f۵/۷۸	ab٤۸/۵۱	a۳٤/٤۰	a۱٤۲/۷۵
هاشمی	h۱۳۲/۲۵	d-h۱۹	k۲٤/۲۵	hi۹۳	h۸۱	g-i۱۲	a-h۲۲/۵٤	d-f۱۲/۵۳	b-d۵/۹٤	a-d٤۷/٤۸	b-d۳۲/۲۰	a۱٤۳
طارم ٦۰ روزه	gh۱۳۵/۲۵	c-g۱۹/۵۰	k۲۵/۵۰	i۸۷/۲۵	i۵۵/۲۵	a۳۲	d-h۲۱/۸۱	c-f۱۲/۸۰	b-d٦	a-d٤٦/۹۹	a-d۳۲/۹۳	a۱٤۱/۷۵
هاشمی بابلسر	b۱۷۰	c-e۲۰/۲۵	a۳۷/۲۵	bc۱۸۵	ab۱٦٤	cd۲۱	e-h۲۱/٦۵	c-e۱۳/۱۹	bc٦/۰۲	a-e٤۵/۹٤	a-d۳۲/۷۷	a۱٤۲
سنگ جو	f۱٤۰/۵۰	g-j۱٦	cd۳٤	f-h۱۱۹/۷۵	e-h۹۲/۵۰	b۲۷/۲۵	f-h۲۱/٤۵	c-e۱۳/۱۰	b-d۵/۹۰	a-f٤٤/۹۳	b-d۳۲/۱٦	a۱٤۱
حسنی	a۱۸۵/۵۰	i-k۱٤/۲۵	e-g۳۱/۵۰	f-i۱۰۸/۲۵	f-h۸۳/۵۰	b۲٤/۷۵	b-h۲۲/۲۰	f۱۲/۲۳	b-f۵/٦۵	a-e٤٦/۱۸	a-d۳۳	a۱٤۱/۲۵
شاه پسند	e۱۵۱/۵۰	i-k۱٤/۷۵	hi۲۸/۷۵	e-g۱۲۷/۲۵	d-h۱۰۸	c-e۱۹/۲۵	a-h۲۲/۷٦	d-f۱۱/۷۰	b-f۵/۷۹	a۴۹/٤٤	a-c۳۳/۲۵	a۱٤۲/۲۵
غریب	n۱۱۵/۲۵	a۲۵	i۲۸/۵۰	e-g۱۲٦	d-h۱۰٦/۷۵	c-e۱۹/۲۵	c-h۲۲/۰۳	d-f۱۲/۲۵	b-f۵/٦۲	a-e٤٦/۰٦	a-c۳۳/٦۸	ab۱۳۷
طارم امیری	l-n۱۱۸/۵۰	d-i۱۷/۷۵	d-f۳۲/۲۵	cd۱۷۰	bc۱۳۹	a۳۱	gh۲۰/٤۰	ab۱٤/۹۰	b٦/۱۹	d-h٤۱/٤۵	a-d۳۱/۲۵	ab۱٤۲/۵۰
عنبربو ایلام	k-m۱۲۱	i-k۱٤/۲۵	g-i۳۰	a۲۱۲/۵۰	a۱۸۵/۷۵	b۲٦/۷۵	f-h۲۱/۲۰	d-f۱۲/۱۸	e-h۵/۲۰	b-h٤۲/۹۳	a-d۳۲/٤۰	ab۱۳٦/۲۵
بینام	kl۱۲۱/۵۰	a-c۲۱/۷۵	k۲٤/۷۵	f-i۱۰۸/۷۵	e-h۹۸/۲۵	i۱۰/۵۰	h۱۹/٤٦	a۱۵/۷۵	a٦/۹۲	a-g٤٤/٤۵	d۳۰/۵۸	ab۱٤۱/۵۰

جدول ۵ -آماره‌های توصیفی مربوط به صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های مختلف برنج در منطقه ساری

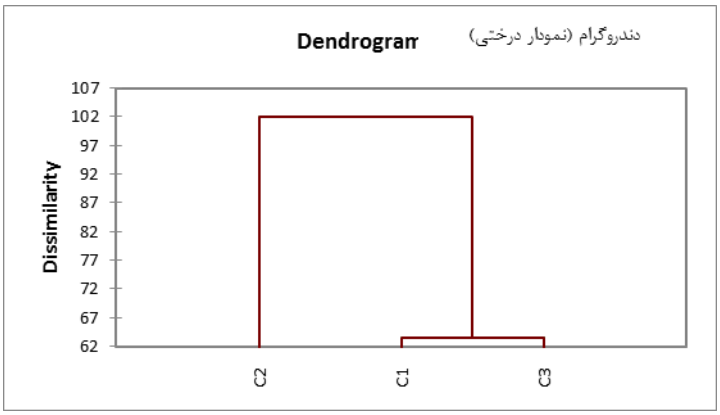
Table 5 - Descriptive statistics related to the studied traits in different rice genotypes in Sari region

صفات	کمینه	بیشینه	میانگین	خطای معیار
ارتفاع بوته (X_1)	۱۰۷/۲۵۰	۱۸۵/۵۰۰	۱۳۳/۸۵۰	۲۰/۹۷٤
طول خوشه (X_2)	۸/۷۵۰	۲۵	۱۷/۷۱۷	۳/۷۱۲
تعداد پنجه (X_3)	۲۱/۵۰۰	۳۷/۲۵۰	۲۹/۲۱۷	۳/۵۹۱
تعداد کل دانه (X_4)	۸۷/۲۵۰	۲۱۲/۵۰۰	۱۳۷	۳۵/٤۹۰
تعداد دانه پر (X_5)	۵۵/۲۵۰	۱۸۵/۷۵۰	۱۱۹/۱۵۰	۳۳/٤۱۵
تعداد دانه پوک (X_6)	٦/۷۵۰	۳۲	۱۷/۸۵۰	٦/۸۳۷
وزن هزار دانه (X_7)	۱۹/٤٦۰	۲۵/۹۰۳	۲۳/٦۲۱	۱/۷۳۷
عملکرد بیولوژیک (X_8)	۱۱/۷۰۰	۱۵/۷۵٦	۱۲/۸٦٤	۰/۸۲۵
عملکرد اقتصادی (X_9)	٤/۷٦۸	٦/۹۲۵	۵/٦۷۱	۰/٤۰۷
شاخص برداشت (X_{10})	۳۷/٦۰۰	٤۹/٤٤٤	٤٤/۲٤۲	۲/۸٤٤
شاخص کلروفیل (X_{11})	۳۰/۵۸۰	۳٤/۵۰	۳۲/۸۷۷	۰/۹٤۱
طول دوره رویش (X_{12})	۱۲۲	۱٤۳/۷۵۰	۱۳۸/٤۲۵	٤/۹۹۲

آماره‌های توصیفی شامل کمینه، بیشینه، میانگین و خطای معیار مربوط به صفات مختلف مورد مطالعه در جدول ۵ آمده است. این نتایج حاکی از وجود اختلاف بین ژنوتیپ‌ها بر مبنای صفات مختلف مورد ارزیابی در منطقه موردنظر می‌باشد. طبق جدول ۵ ازنظر کلیه صفات مورد ارزیابی، تنوع قابل توجهی در میان ژنوتیپ‌ها مشاهده شد. بیشترین تنوع موجود مربوط به صفت تعداد کل دانه با دامنه تغییرات ۱۳۰/۵۰ می‌باشد و از سوی دیگر کمترین تنوع محاسبه شده صفات مورد آزمایش متعلق به صفت عملکرد اقتصادی است. از نظر طول دوره رویش بین زودرس‌ترین و دیررس‌ترین ژنوتیپ ۲۱ روز اختلاف وجود دارد.

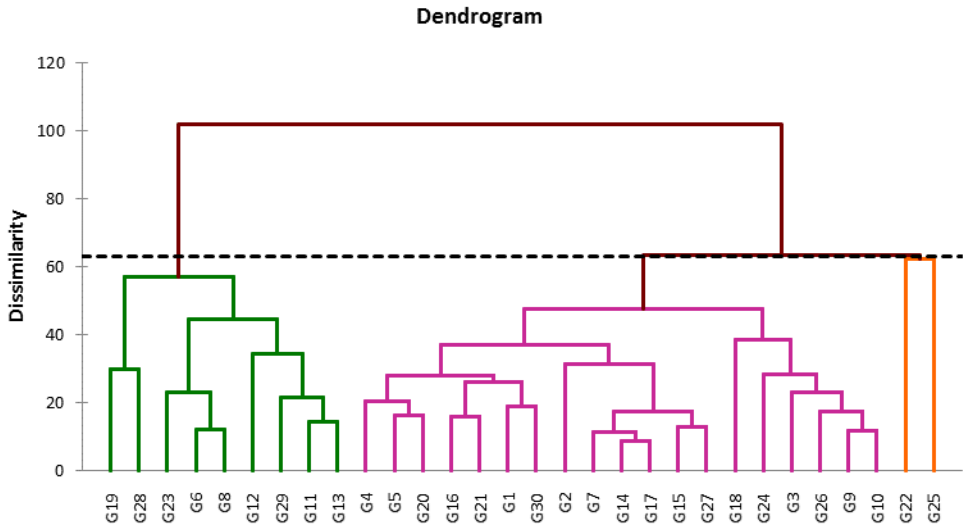
تجزیه خوشه‌ای (کلاستر): تجزیه خوشه‌ای (کلاستر) به منظور اندازه‌گیری و تععین فواصل ژنتیکی از نظر دوری و نزدیکی توده‌های موجود در یک کلکسیون و گروه بندی آنها استفاده میشود. تفکیک ژنوتیپهای مختلف حاصل از تجزیه کلاستر مبتنی بر روش UPGMA بر اساس صفات مختلف مورد مطالعه در منطقه موردنظردر شکل ۱ و ۲ نشان داده شد.

برش دندروگرام‌های حاصل بر اساس استراتژی قطع دندروگرام در سطحی که اختلاف بین سطوح گروه بندی زیاد باشد، صورت گرفت. نتایج حاصل از گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه نشان داد که تمامی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس ۱۲ صفت اندازه‌گیری شده به سه گروه مجزا تفکیک شدند. تعداد ۱۹ ژنوتیپ شامل طارم محلی (G_1)، اهلمی طارم (G_2)، سنگ طارم (G_3)، موسی طارم (G_4)، میرطارم (G_5)، دیلمانی (G_7)، رشتی (G_9)، بینام (G_{30})، رشتی سرد (G_{10})، آبجی بوجی (G_{14})، گرمه (G_{15})، دمسیاه مشهد (G_{16})، قشنگه (G_{17})، گرده (G_{18})، مهر (G_{20})، هاشمی (G_{21})، سنگ جو (G_{24})، شاه پسند (G_{26}) و غریب (G_{27}) در خوشه اول قرار گرفتند که مجموعاً ٦٣/٣ درصد ژنوتیپ را در بر گرفت. این گروه از نظر تعداد ژنوتیپ‌ها، دارای بیشترین تعداد بوده است. ژنوتیپ‌هایی که در یک گروه قرار می‌گیرند از نظر صفات اندازه‌گیری شده دارای تشابه ژنتیکی بیشتری نسبت به دیگر گروه‌ها می‌باشند (شکل ۱).



شکل ۱- خوشه‌های بدست آمده از تجزیه کلاستر مبتنی بر روش UPGMA بر اساس صفات مختلف مورد مطالعه

Fig 1- Clusters obtained from cluster analysis based on UPGMA method based on different studied traits



شکل ۲- تفکیک ژنوتیپ‌های مختلف حاصل از تجزیه کلاستر مبتنی بر روش UPGMA بر اساس صفات مختلف مورد مطالعه

Fig 2 - Separation of different genotypes obtained from cluster analysis based on UPGMA method based on different studied traits

به‌عبارتی این گروه نسبت به سایر گروه‌ها دارای بیشترین میزان تفاوت ژنتیکی بود. همچنین تعداد ۹ ژنوتیپ شامل طارم پاکوتاه (G6)، صدری(G8)، سالاری (G11)، حسن سرایی (G12)، عنبربو (G13)، زیره بندپی(G19)، هاشمی بابلسر (G23)، طارم امیری (G28) و عنبربو ایلام(G29) به‌طور مجزا در خوشه دوم تفکیک شدند که در مجموع ۳۰ درصد ژنوتیپ را در خود جای داد. علاوه بر این ژنوتیپهای طارم ٦٠ روزه (G_{22}) و حسنی (G_{25}) در خوشه سوم جای گرفتند که تنها ٦/٦ درصد ژنوتیپ را شامل شد. در مطالعه‌ای قنادها و همکاران (۱۳۷۷) نشان دادند که بین ژنوتیپهای مختلف بومی استان گیلان تنوع زیادی وجود دارد که با نتایج آزمایش ما مطابقت دارد. برای استفاده بهینه از پروژه‌های دورگ‌گیری در اصلاح نباتات باید والدین را با توجه به صفات مورد نظر در فاصله مناسبی از هم انتخاب نمود، در این راستا Brenner و همکاران (۲۰۱۰) اظهار داشتند که هر چه فاصله والدین بیشتر باشد شانس به دست آوردن تنوع افزایش میابد. قلیپور و همکاران (۱۳۸۳) در آزمایشی تعداد ۱۰۰ ژنوتیپ برنج را بر اساس صفات مورفولوژیک مورد ارزیابی قرار دادند، به گونه‌ای که در ۹ خوشه مجزا از هم تفکیک شدند. نتایج نشان داد که بین خوشه‌های حاصل از تجزیه کلاستر فاصله و تنوع مطلوب مشاهده شد که با نتایج ما مطابقت دارد. بررسیهای انجام شده بر اساس صفات کمی بر روی ۳۰ ژنوتیپ برنج (لاین امید بخش، اصلاح شده و بومی) نشان داد که ژنوتیپها در ۵ خوشه اصلی قرار گرفتند. تجزیه واریانس بین خوشه‌های به دست آمده حاصل از تجزیه کلاستر بر اساس روش وارد اختلاف معنیداری را نشان داد و تنوع بین ژنتیپهای مورد بررسی را تایید کرد. همچنین بیشترین میزان همبستگی بین صفت

وزن هزار دانه و صفت تراکم دانه در خوشه مشاهده شد (شاهسواری،۱۳۸۹).

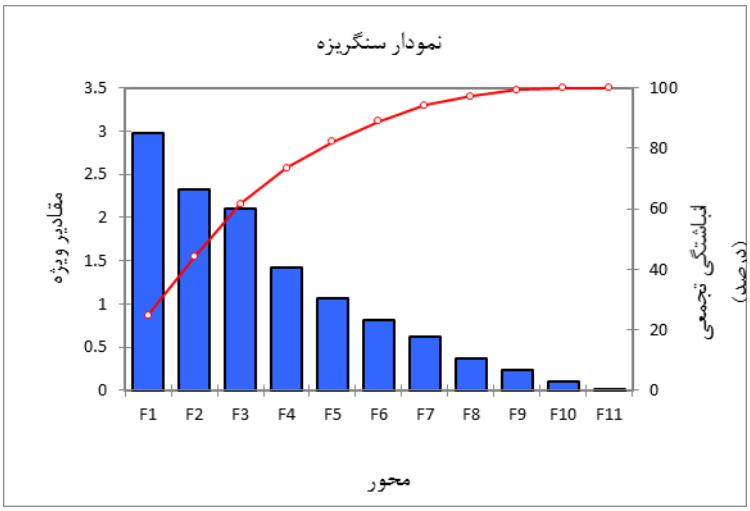
تجزیه به مؤلفه اصلی: تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به همراه رسم پلات دو بعدی برای مؤلفه‌ها روش چند متغیره دیگری است که برای مطالعه فاصله بین افراد مناسب میباشد. چنین روش‌های آماری اساس مطالعه بسیاری از محققین برای بررسی تنوع ژنتیکی ذخایر توارثی گیاهان قرار گرفته است (Manly, 1986). همانگونه که در جدول ٦ مشهود می‌باشد، به‌منظور تعیین عامل‌های توجیه‌کننده خصوصیات مورد بررسی، تجزیه به عامل‌ها بر مبنای مقادیر ویژه بالاتر از یک بر اساس تجزیه به مؤلفه های اصلی، پنج مؤلفه اول میزان 82/199 درصد از واریانس کل را به خود اختصاص دادند (جدول ۷). واریانس مؤلفه‌های اول تا پنجم به ترتیب به میزان 24/807، 19/298، 17/506، 11/772 و 8/816 درصد بود. مقادیر بار عامل در مؤلفه‌های مختلف در جدول ۷ نشان داده شد. نتایج مربوط به مقادیر بار عامل در مؤلفه اول (PCA_1) نشان داد که صفاتی نظیر تعداد دانه کل، تعداد دانه پر، وزن هزار دانه و شاخص کلروفیل به ترتیب به میزان ۰/٤۰۸، ۰/٤٦۹، 0/793 و 0/651 در جهت مثبت و در مقابل صفات عملکرد بیولوژیک، عملکرد اقتصادی و طول دوره رویش به ترتیب به میزان 0/737-، 0/717- و 0/559- در جهت منفی بیشترین نقش داشتند (جدول ۷). ضرایب عاملی مثبت در مؤلفه دوم (PCA_2) متعلق به صفاتی همچون ارتفاع بوته، تعداد پنجه، تعداد کل دانه، تعداد دانه پر، تعداد دانه پوک، عملکرد بیولوژیک و طول دوره رویش به ترتیب با میزان ۰/۳۷۵، 0/690، 0/800، 0/711، ۰/٤٦۸، ۰/۱٦۲ و۰/۰۹٦ بود. با توجه به اینکه در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، مؤلفه‌ها مستقل و غیرهمبسته هستند، بنابراین نقش مهمی در شناسایی جنبه‌های مختلف صفات و گزینش ارقام در برنامه‌های اصلاح نباتات ایفا میکنند. عدم همبستگی این مؤلفه‌ها به یکدیگر به دلیل اندازه‌گیری جنبه‌های مختلف داده‌ها بسیار مفید است (Rahimi and *et al*., 2009). الاقلی پور و محمد صالحی (۱۳۸۲) ارتباط ویژگیهای مختلف با عملکرد دانه در تعداد ۱۰۰ لاین و رقم از ارقام بومی و اصلاح شده برنج را مورد بررسی قرار دادند. نتایج حاصل از تجزیه به عاملها نشان داد که ٦ عامل اصلی و مستقل، ۸۷ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه می‌نمایند. زینلی‌نژاد (۱۳۷۹) تنوع ژنتیکی ۱۰۰ ژنوتیپ برنج را براساس خصوصیات مورفولوژیک بررسی و گزارش کرد که برای کلیه صفات مورد بررسی تنوع زیادی میان ژنوتیپها مشاهده گردید. در مطالعه وی تجزیه خوشه‌ای بر مبنای صفات مورفولوژیک، ژنوتیپها را در چهار گروه قرار داد. با توجه به اینکه دو عامل اصلی اول ٤۲/۳۱ درصد از کل تغییرات واریانس داده‌ها در مجموع را به خود اختصاص داده بودند، به عنوان محورهای مختصات بای‌پلات انتخاب گردیده و بر این اساس موقعیت ژنوتیپها بر روی این نمودار مختصات که بیان‌کننده میزان همبستگی و مقدار توجیه صفات مورد مطالعه و ارقام توسط این دو عامل میباشد، بررسی شد. به‌عبارت دیگر استفاده از مؤلفه اصلی اول و مؤلفه اصلی دوم برای بررسی و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها کافی بوده و نیاز به مؤلفه‌های دیگری نداشتیم. استفاده از روش‌های چند متغیره برای مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ *

محیط و شناسایی ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار برای هر محیط یک راهبرد سودمند است، زیرا ماهیت چند بعدی و پیچیده اثر متقابل ژنوتیپ * محیط را به‌خوبی تحلیل می‌نماید.

نتیجه‌گیری کلی

تجزیه کلاستر و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در این تحقیق موفق به تفکیک ژنوتیپ‌های برنج بر اساس صفات فیزیولوژیک شدند و ژنوتیپ‌های دارای صفات مشابه در گروه یکسان قرار گرفتند.

همچنین در این آزمایش مشخص گردید که بهره‌گیری از روش آماری میتواند در درک روابط اساسی میان متغیرها کارساز باشد.



شکل ۳- نمودار سنگریزه مربوط به تجزیه به مولفه‌های اصلی در ژنوتیپ‌های مختلف مورد مطالعه در منطقه ساری

Fig 3 - Pebble diagram related to principal component analysis in different genotypes studied in Sari region

جدول ٦- نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی بر اساس صفات مختلف مورد بررسی در منطقه ساری

Table 6- Results of principal components analysis based on different traits studied in Sari region

صفات	F1	F2	F3	F4	F5
ارتفاع بوته (X_1)	-۰/۱۱٤	۰/۳۷۵	۰/۱٤۸	۰/۵۰٦	۰/۵٦۸
طول خوشه (X_2)	-۰/۲۲٤	-۰/۰۳۸	۰/۱۳۱	-۰/۳۷۲	۰/٦۸۹
تعداد پنجه (X_3)	-۰/۰۵۳	۰/٦۹۰	۰/۳٤۷	۰/۲۳٦	۰/۰٤۵
تعداد کل دانه (X_4)	۰/٤۰۸	۰/۸۰۰	۰/۱۳۵	-۰/۳۷۰	-۰/۱۰۲
تعداد دانه پر (X_5)	۰/٤٦۹	۰/۷۱۱	۰/٤۵۲	-۰/٤۷۳	-۰/۰٤٤
تعداد دانه پوک (X_6)	-/۳۰۹	۰/٤٦۸	-۰/۰۸۸	۰/۵۳۱	-۰/۳۰۰
وزن هزار دانه (X_7)	۰/۷۹۳	-۰/۳٦٦	-۰/۰۱۱	-۰/۰۵۲	۰/۲۳٦
عملکرد بیولوژیک (X_8)	-۰/۷۳۷	۰/۱٦۲	-۰/۳۷۱	-۰/۳۹٦	۰/۰۳۱
عملکرد اقتصادی (X_9)	-۰/۷۱۷	-۰/۱۵٤	۰/٤۵٦	-۰/۳۷۸	-۰/۱۷۰
شاخص برداشت (X_{10})	-۰/۰۸۵	-۰/۳۲۸	۰/۸۷۲	-۰/۰۳۳	-۰/۲۱۰
شاخص کلروفیل (X_{11})	۰/٦۵۱	-۰/۱۸۳	۰/٦۲۰	۰/۰۸٤	-۰/۰۳۵
طول دوره رویش (X_{12})	-۰/۵۵۹	۰/۰۹٦	۰/٦۳٤	۰/۰۹۸	۰/۱۵۹
مقادیر ویژه	۲/۹۷۷	۲/۳۱٦	۲/۱۰۱	۱/٤۱۳	۱/۰۵۸
واریانس نسبی (٪)	۲٤/۸۰۷	۱۹/۲۹۸	۱۷/۵۰٦	۱۱/۷۷۲	۸/۸۱٦
واریانس تجمعی (٪)	۲٤/۸۰۷	٤٤/۱۰۵	٦۱/٦۱۱	۷۳/۳۸۳	۸۲/۱۹۹

منابع

۱) آلاقلیپور، م و محمد صالحی، م. س. ۱۳۸۲. تجزیه عاملی و ارتباط آن در ژنوتیپ‌های مختلف برنج. مجله نهال و بذر.ص ۸۶-۷۶.

۲) ترنگ، ع.، نصیری، م.، و بخشی پور، س. ۱۳۹۲. ارزیابی لاین-های جدید برنج بر اساس صفات کمی و کیفی. فصلنامه دانش نوین کشاورزی پایدار. جلد ۹. شماره ۱، ص ۲۱-۲۹.

۳) حسن‌نتاج جلودار، ا. ۱۳۹۰. بررسی خصوصیات مورفولوژیک و کیفی مرتبط با عملکرد لاین‌های امیدبخش برنج. دانشگاه زنجان، پایان‌نامه کارشناسی ارشد زراعت.

٤) زینلی‌نژاد، ک. ه. ۱۳۷۹. بررسی تنوع ژنتیکی ژرمپلاسم برنج بر روی صفات مورفولوژیکی با مارکر (RAPD). پایان نامه کارشناسی ارشد اصلاح نباتات. دانشگاه صنعتی اصفهان.

۵) شاهسواری، ع. ۱۳۸۹. ارزیابی لاین‌های امیدبخش برنج بر اساس شاخص‌های مورفولوژی، فیزیولوژی و اجزای عملکرد. دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، پایان‌نامه کارشناسی ارشد زراعت.

٦) قنادها، م.، صادقی، س.م. و صالحی، م. ۱۳۷۷. بررسی تنوع ژنتیکی برنج‌های بومی گیلان و تجزیه علیت عملکرد با اجزای آن. چکیده مقالات پنجمین کنگره زراعت و اصلاح نباتات ایران، موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر، صفحه ۱۳٦.

۷) قربانی، ح. سمیع‌زاده، ح. ربیعی، ب و قلی‌پور، م.۱۳۹۰. گروه-بندی ژنوتیپ‌های مختلف برنج با استفاده از تجزیه عامل و تجزیه خوشه‌ای. نشریه دانش کشاورزی و تولید پایدار. جلد ۲۱، شماره ۳، ص ۱٤-۹۰.

۸) قلی‌پور، م. محمد صالحی، م و عبادی، ع .۱۳۸۳. بررسی تنوع ژنتیکی و طبقه‌بندی ارقام مختلف برنج. شماره ٤، مجله علوم کشاورزی ایران.

9) Agahi, K., Fotokiyan, M.H., and Yunesi, Z.A. 2010. Study of heritability diversity correlation of important agronomic traits in some rice cultivars. Iran. J.Bio., 25(1): 97-110. (In Persian).

Int. J. Agri. Agri. R. Vol. 8, No. 3, p. 52-57.

10) Bagheri, N., Babaeian-Jelodar, N., and Hasan-Nataj, E. 2008. Genetic diversity of Iranian rice germplasm based on morphological traits. Iran. J. Field CropsRes. 6(2): 235-243.

11) Brenner, D. M., Baltensperger, D. D., Kulakow, P. A., Lehmann, J. W., Myers, R. L., Slabbert, M. M., and Sleugh, B. B. 2010. Genetic resources and breeding of Amaranthus. Plant Breeding Reviews, Volume 19, 227-285.

12) Fitzgerald, M.A. McCouch, R. and Hall, R.D. 2009. Not just a grain of rice: the quest for quality, *Trends in Plant Science*, 14: 133–139.

13) Hussien, A., Tavakol, E., Horner, D. S., Muńoz-Amatriaín, M., Muehlbauer, G. J., & Rossini, L. 2014. Genetics of tillering in rice and barley. *The Plant Genome*, *7*(1).

14) Johnson, D.E. 1998. Applied Multivariate Methods for Data Analysis. Dunbury.

15) Kato, T. and Yajima, M .1995. Association among characters related to yield sink capacity in space-planted rice.

Crop Science 36: 1135-1139.

16) Manly, F. 1986. Multivariate Statistical Methods. Chapman and Hall. 224p.

17) Manjappa Uday, G. Hittalmani. S. 2014. Association analysis of drought and yield related

traits in F2 population of Moroberekan/IR64 rice cross under aerobic condition. Int. J. Agril. Sci. Res.4(2), 79-88.

18) Mostafavi., K. Hosseini Imani., S. S . Zare, M. 2011. Stability analysis of rice genotypes based GGE bioplpt method in North of Iran. Journal of Applied Science Research 7(11):1690_1694.

18) Mohaddesi, A. 2002. Study of planting data, nitrogen fertilizer and plant density on yield and yield components

in rice. M.Sc. Thesis. Tehran University. 90 pp. [In Persian with English Abstract].

20) Rahimi, M., Ramezani, M., and Rabiee, B. 2009. Identification of elite lines and hybrids of rice using factor analysis. Pajouhesh and Sazandegi. 84: 78-85. (In Persian).
21) Singh, S.P. and Joshi, A.B. 1966. Line × tester analysis in relation to breeding for yield in linseed,Indian J. Genet. Plant Breed 26: 177-194.
22) Sadeghi, S.M., and Javidi, F. 2009. A study on genetic variation of endemic rices of Guilan. A meeting on Water, Soil, Agricultural Mechanization. M.Sc. Thesis, Islamic Azad University, Dezful Branch, Iran. (In Persian).
23) Sarawgi, A.K. and Rastogi, N.K. 1998. Genetic diversity for grain quality parameters in traditional rice (Oryza sativa L.). Accessions from Madhya Pradesh India. Tropical Agricultural Research and Extension, 1: 2 103-106.
24) Suadric, A., D. Simic and M. Vratric. 2006. Characterization of genotype by environment interactions in soybean breeding programs of South-East Europe. Plant Breeding, 125: 125-191.