



تنوع ژنتیکی صفات مختلف زراعی در ژنوتیپ‌های برنج (Oryza sativa L.)

نسیم رنج کش^۱، مرتضی سام دلیری^۲، پوریا مظلوم^۳، امیرعباس موسوی^۴، ولی‌الله رامه^۴

دریافت: ۹۷/۸/۵ پذیرش: ۹۸/۳/۲

چکیده

برنج یکی از مهمترین محصولات استراتژیک است که به عنوان غذای اصلی مردم در جهان به شمار می‌رود. در همین راستا آزمایشی با ۳۰ ژنوتیپ بومی و اصلاح شده برنج در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در مزرعه پژوهشی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری در سال ۱۳۹۵-۹۶ با چهار تکرار به اجرا درآمد. صفات مورد مطالعه، ارتفاع بوته، طول خوش، تعداد پنجه، تعداد کل دانه، تعداد دانه پر، تعداد دانه پوک، وزن هزار دانه، عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، شاخص کلروفیل و طول دوره رویش بود. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد بررسی اختلاف معنی‌داری دارند که بر وجود تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها دلالت دارد. نتایج مقایسات میانگین نشان داد که بیشترین میانگین تعداد کل دانه (۲۰۸/۵۰) و تعداد دانه پر در خوش (۱۸۸/۷۵) متعلق به ژنوتیپ کشوری بود. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که پنج مؤلفه اول، ۷۸/۰۵۰ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه نمودند. تجزیه خوش‌های به روش جفت گروه بدون وزن با میانگین حسابی (UPGMA) و با معیار فاصله اقلیدسی برای صفات مورد بررسی، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را در پنج گروه تفکیک کرد.

واژه‌های کلیدی: صفات کمی، عملکرد دانه، گروه‌بندی، تجزیه به مؤلفه اصلی، بای‌پلات

رنج کش، ن.، م. سام دلیر، ب. مظلوم، ا. موسوی و. رامه. ۱۳۹۹. تنوع ژنتیکی صفات مختلف زراعی در ژنوتیپ‌های برنج (Oryza sativa L.). مجله اکوفیزیولوژی گیاهی. ۴۲: ۶۵-۵۳.

۱- دانشجوی دکتری، گروه زراعت، واحد چالوس، دانشگاه آزاد اسلامی، چالوس، ایران- مسئول مکاتبات. ranjkesh.nasim@yahoo.com

۲- دانشیار، گروه زراعت، واحد چالوس، دانشگاه آزاد اسلامی، چالوس، ایران

۳- استادیار، گروه زراعت، واحد چالوس، دانشگاه آزاد اسلامی، چالوس، ایران

۴- دانشیار، گروه زراعی و باغی، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران

longistaminata) طی سال‌های ۲۰۱۲ و ۲۰۱۳ و در چهار منطقه کشور چین و در دو فصل (مرطوب و خشک) تحقیقی را انجام دادند. نتایج حاصل از تجزیه خوش‌های آنها ۷ گروه محیطی و ۶ گروه ژنتیکی را شناسایی کرد. آنها مشخص کردن که سه مؤلفه اصلی اول، به ترتیب ۴۲٪، ۱۹٪ و ۱۶٪ از مجموع مربیعات اثرات متقابل ژنتیک و محیط را تشکیل می‌دهد و نشان دادند که سه مؤلفه اصلی اول به ترتیب بیانگر پتانسیل عملکرد، تأخیر در خصوصیات فنولوژی و درصد تولید برنج رتون است. مظہری (۱۳۸۳) تنوع ژنتیکی ۱۰۵ لاین برنج را بر اساس ۱۷ صفت ارزیابی کرد. ایشان بعد از تجزیه به عامل‌ها، شش عامل اصلی که ۷۸٪ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه می‌کرد را به دست آورد که چهار عامل اول تحت عنوان‌های مورفولوژی گیاه، عملکرد و اجزای آن، فنولوژی و خصوصیات خوش‌نمایگذاری گردید. ابوذری گزاره‌رودی و همکاران (۱۳۸۷) با بررسی تنوع ژنتیکی و طبق‌بندی ۴۹ رقم برنج ایرانی و خارجی نشان دادند که ژنتیک‌های مورد مطالعه دارای اختلاف معنی‌داری با هم هستند. تجزیه خوش‌های به روش وارد برای داده‌های مزرعه‌ای، ژنتیک‌های مورد مطالعه را در چهار گروه قرار داد. بررسی‌های انجام شده بر اساس صفات کمی روی ۳۰ ژنتیک برنج (لاین امید بخش، اصلاح شده و بومی) نشان داد که ژنتیک‌ها در پنج خوش‌های اصلی قرار گرفتند. بیشترین میزان همبستگی نیز بین صفت وزن هزار دانه و صفت تراکم دانه در خوش‌مشاهده شد (شاهسواری، ۱۳۸۹).

پژوهش حاضر با هدف شناسایی و گروه‌بندی ژنتیک‌های مختلف برنج با صفات مطلوب در جهت گرینش و دست‌یابی به والدین مناسب برای طرح‌ریزی برنامه‌های بهنژادی از طریق دورگ‌گیری و همچنین به‌منظور درک بهتر روابط بین ذخایر توارثی ایرانی و ارقام بین‌المللی انجام شد.

مواد و روش

این پژوهش در مزرعه آموزشی پژوهشی داشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری واقع در ۹ کیلومتری جاده خزر آباد با مختصات جغرافیایی ۳۶ درجه و ۳۹ دقیقه عرض شمالی و ۵۳ درجه و ۴ دقیقه طول شرقی از نصف‌النهار گرینوچ و ارتفاع ۱۱ متر پایین‌تر از سطح دریا در سال زراعی ۹۵-۱۳۹۶ با تعداد ۳۰ ژنتیک بومی و اصلاح شده برنج با دارا بودن خصوصیات کمی مطلوب و طول دوره رویش مناسب در قالب طرح بلوك‌های کامل تصادفی در چهار تکرار به اجرا درآمد. قبل از کاشت، از خاک کرت‌های آزمایشی نمونه‌برداری و جهت اندازه‌گیری

مقدمه

برنج (Oryza sativa L.) مهم‌ترین منبع غذایی برای تمامی جمعیت جهان به شمار می‌آید. بیشترین تولید برنج مربوط به کشورهای آسیایی است. بیشترین مصرف برنج نیز مربوط به این کشورها بوده و میانگین سرانه آنها بیش از ۸۰ کیلوگرم در سال است (لستری و همکاران، ۲۰۱۰). به دلیل افزایش جمعیت و افزایش روزافزون مصرف برنج در ایران، اصلاح این گیاه با هدف بهبود عملکرد، اهمیت زیادی دارد. تعیین و اندازه‌گیری عملکرد ساده است، اما این صفت، به شدت تحت تأثیر عوامل محیطی قرار می‌گیرد. به طور کلی، هر واریته در محیط خاصی دارای پایداری عملکرد بیشتر است. اصلاح کنندگان گیاه سعی می‌کنند واریته‌هایی با پایداری عملکرد و سازگاری زیاد معرفی کنند؛ هر چند بیشتر صفات زراعی تابع عوامل محیطی‌اند. وجود اثر متقابل موجب پیچیده شدن ارزیابی ارقام و کاهش بازده ناشی از انتخاب می‌شود. بنابراین مطالعه اثر متقابل ژنتیک و محیط در برنامه‌های اصلاحی کاملاً ضروری است. گرچه اطلاعات کمی از پایداری عملکرد برنج در دسترس است، اعتقاد بر این است که عملکرد تا حد زیادی متأثر از مکان، نوع خاک و حاصلخیزی زمین است (مصطفوی و همکاران، ۱۳۹۳). محققین ۲۷ ژنتیک برنج را در چهار منطقه به مدت سه سال در شمال غنا کاشتند و به بررسی اثر متقابل ژنتیک در محیط عملکرد برنج و تشخیص ژنتیک‌هایی با عملکرد بالا و پایدار پرداختند. نتایج آن‌ها نشان بالای در عملکرد نشان داد که در محدوده ۰/۱۴-۵/۳۵ تن در هکتار متأثر از محیط، ژنتیک و سال بود. به طوری که عملکرد اثرات ژنتیک، محیط و اثر متقابل ژنتیک در محیط معنی‌دار بودند. همچنین آنان دریافتند که ژنتیک IR42 در میان محیط‌های دارای بیشترین متوسط عملکرد بود، اما ثبات (پایداری) عملکرد آن کم بود (کاسورا و همکاران، ۲۰۱۶). سینگ و همکاران (۲۰۱۶) در پژوهشی ۲۹ ژنتیک برنج را برای پایداری عملکرد و اجزای آن در سه محیط متفاوت مورد ارزیابی قرار دادند. آنها تفاوت‌های معنی‌داری را بین ژنتیک‌ها و محیط‌ها در دوازده صفت مورد مطالعه مشاهده کردند. آنها بیان کردند که هر دو جزء اثر متقابل ژنتیک - محیط معنی‌دار بود، که نشان‌دهنده آن است که هر دو جزء خطی و غیر خطی در اثر متقابل ژنتیک - محیط مؤثر هستند. اما بر اساس پارامترهای پایداری، هیچ ژنتیکی با عملکرد دانه بالا و پایدار در هر سه محیط شناسایی نشد. ژانگ و همکاران (۲۰۱۷) به منظور بررسی اثرات متقابل ژنتیک - محیط بر عملکرد دانه ۲۲ ژنتیک برنج چندساله حاصل از تلاقی O. sativa L. و

سموم مورد نظر برای آفات مانند کرم ساقه‌خوار نیز طبق پیش‌آگاهی قبلی در تمام سنین نشاء و مراحل رشدی مختلف به طور یکسان مورد استفاده قرار گرفت. تیمارهای مختلف با درج روی اتیکت‌های چوبی با برنامه‌ریزی قبلی به زمین اصلی طبق نقشه و طرح آزمایش مورد نظر انتقال یافت. صفات مورد ارزیابی عبارتند از: ارتفاع بوته، تعداد پنجه‌های بارور، طول خوش، تعداد کل دانه، تعداد دانه‌های پر و پوک در خوش، وزن هزار دانه، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه، شاخص برداشت، کلروفیل و طول دوره رویش بودند. اندازه‌گیری صفات، نمونه‌برداری و نحوه محاسبه صفات بر اساس روش استاندارد ارزیابی در مؤسسه تحقیقات بین‌المللی برنج فیلیپین انجام شد. تجزیه و مقایسه میانگین داده‌ها با استفاده از نرم افزار SAS نسخه ۹/۱ و با روش حداقل تفاوت معنی‌دار (LSD) صورت پذیرفت. جهت انجام تجزیه خوش‌ای 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.

تعدادی از پارامترهای خاک به آزمایشگاه آب و خاک انتقال داده شد و تجزیه خاک در آزمایشگاه انجام شد. جدول ۱ مشخصات خاک محل اجرای طرح را نشان می‌دهد. جهت سهولت مقایسه در این پژوهش، ژنوتیپ‌ها بر اساس شماره در جدول ۲ و به همراه شجراشان نشان داده شدند. به منظور آماده‌سازی زمین در بهمن ماه سال قبل شخم اول و شخم دوم یک ماه قبل از نشاکاری و تسطیح کرت‌ها و مرزبندی سه روز قبل از نشاکاری انجام شد. مقدار کود مورد نیاز هر کرت برابر توصیه کودی آزمایشگاه خاکشناسی مورد استفاده قرار گرفت، به طوری که 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 و جین اول و مابقی آن در زمان تشکیل اولین جوانه خوش در غلاف به خاک اضافه شد. مساحت هر کرت ۱۸ متر مربع و فاصله نشاها ۲۵ سانتی‌متر روی ردیف و ۲۵ سانتی‌متر بین ردیف و تعداد گیاهچه‌ها در هر کپه ۳ تا ۴ عدد بود. زمانی که نشاها در مرحله ۴-۳ برگی قرار داشتند، نشاکاری انجام شد. بعد از نشاکاری آبیاری به صورت منظم انجام گرفت و برای مهار علف‌های هرز بوتاکلر در زمان ۱۲-۳ روز بعد از نشاکاری به میزان ۳-۵ لیتر در هکتار بر روی سطح کرت‌ها پاشیده شد.

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

نیتروژن (دسی‌زیمنس بر متر)	هدايت‌الکتریکی اسیدیتیه خاک	فسفر	پتاسیم	آهن	روی	منگنز	ماده آلی	بافت خاک
(%)	(%)	(%)	(%)	(%)	(%)	(%)	(%)	(%)
رسی - سیلتی	۱/۸۴	۷/۲۲	۰/۰۲	۷/۲۰۹	۸/۷	۴/۲	۳/۷	۲/۰۱

ژنوتیپ‌ها از لحاظ صفات مورد بررسی است (جدول ۳). پاشا و همکاران (۲۰۱۱)، در بررسی تنوع ژنتیکی ۱۶ ژنوتیپ برنج پس برداشت که ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس صفات مختلف زراعی و مورفو‌بیولوژیکی اندازه‌گیری شده اختلاف معنی‌داری داشتند که حاکی از تنوع ژنتیکی میان ژنوتیپ‌ها بود.

نتایج و بحث

بر پایه نتایج تجزیه واریانس اختلاف معنی‌داری در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی در سطح احتمال یک درصد برای تمامی صفات مورد مطالعه به جز صفات وزن هزار دانه (در سطح احتمال ۰/۰۵ درصد) و شاخص برداشت (عدم معنی‌داری) مشاهده شد که این امر نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی کافی بین

جدول ۲- خاستگاه ژنوتیپ‌های برنج مورد مطالعه در این پژوهش

منشأ	شجره	نام ژنوتیپ	کد ژنوتیپ	منشأ	شجره	نام ژنوتیپ	کد ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	شجره
هند	واردادی	Doiar	G۱۶	آمل	مؤسسه برنج	طارم فیروزکنله لرقم	تابوانی	آمل	آمل یک
ایری، فیلیپین	واردادی	IR42	G۱۷	گیلان، ایران	صدری/IR8/دمسیاه	گیلان، ایران			سپید رود
ژاپن	واردادی	فوجی مینوری	G۱۸	گیلان، ایران	TNAV74516-1355				خرز
ایتالیا	واردادی	اوندا	G۱۹	ایری، فیلیپین	iryn83				pnd160-2-1
ایری، فیلیپین	iryn83	-۲۹۹-۱۳۴۲۹	G۲۰	آمل	مؤسسه برنج	حاصل لاین IR28	آمل دو	آمل	
ایری، فیلیپین	واردادی	IR36	G۲۱	هند (سونا)	واردادی	آمل سه			
مازندران، ایران	موتاسیون	تابش	G۲۲	ایری، فیلیپین	حاصل لاین IR62781-175	فجر			
ایری، فیلیپین	واردادی	IR24	G۲۳	چین	واردادی	usen			
مازندران، ایران	موتاسیون	پویا	G۲۴	مؤسسه برنج	انتخابی از نسلهای	۱۰۱ لاین	آمل	آمل	در حال تفکیک
ایری، فیلیپین	حاصل بasmاتی	کشوری	G۲۵	مازندران، ایران	آمل ۳/ستگ طارم	نعمت			
تایوان	واردادی	رقم تایچونگ	G۲۶	ایتالیا	واردادی	۳۶ رقم			
ایری، فیلیپین	واردادی	senyu-285	G۲۷	مازندران، ایران	آمل یک/IR24	دشت			
مازندران، ایران	دمسیاه/سنگ طارم	ندا	G۲۸	گیلان، ایران	دمسیاه/IR28	بخار			
خطای آزمایشی	انتخابی از لاین های ایرانی	چمپا	G۲۹	پاکستان-	واردادی	BA370		آمل	آمل یک
ضریب تغییرات	(CV%)	واردادی	G۳۰	ویتنام	واردادی	Tetep			ایری، فیلیپین

جدول ۳- تجزیه واریانس صفات مختلف مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های برنج

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 پر (X ₆)
تکرار	۳	۴۷/۹۲۲*	۴/۷۹۸ ns	۰/۶۸۷ ns	۳۰۹/۹۰۰*	۴۲۹/۱۳۳**	۹/۹۲۲ ns
تیمار	۲۹	۲۵۹۸/۷۹۹**	۷۹/۰۵۳**	۵۸/۳۷۰**	۲۹۴۲/۵۴۷**	۲۴۵۵/۷۴۸**	۱۴۹/۸۲۶**
خطای آزمایشی	۸۷	۱۳/۴۰۵	۳/۵۴۷	۱/۶۴۲	۸۲/۰۰۹	۹۱/۳۹۲	۶/۷۷۷
ضریب تغییرات	-						۱۴/۱۶
(CV%)		۲/۳۳	۱۰/۷۳	۴/۶۴	۶/۵۵	۷/۹۸	۷/۹۸

منابع تغییرات	درجه آزادی	وزن هزار دانه (X ₇)	بیولوژیک (X ₈)	عملکرد دانه (X ₉)	شاخص برداشت (X ₁₀)	شاخص (X ₁₁)	طول دوره رویش (X ₁₂)
تکرار	۳	۳۸/۲۳۷**	۱۲/۷۱۹ ns	۴/۷۹۲**	۱۵۹/۱۲۷**	۵/۰۳۴ ns	۹۷۳/۳۶۴**
تیمار	۲۹	۱۳/۱۷۶*	۳۱/۰۰۵**	۲/۴۹۱**	۱۵/۱۴۵ ns	۵/۲۷۷**	۱۵۳/۸۷۰**
خطای آزمایشی	۸۷	۸/۳۲۷	۸/۶۷۵	۰/۵۵۸	۲۳/۴۰۰	۲/۳۴۳	۷۸/۶۲۸
ضریب تغییرات	-		۱۷/۰۲	۱۲/۴۶	۱۳/۶۹	۴/۶۹	۷۴۸
(CV%)		۱۲/۹۵					

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

ژنوتیپ آمل یک (G1) با مقدار ۷۸/۵۰ کمترین تعداد دانه پر را در میان ژنوتیپ‌ها دارا بود که با ژنوتیپ ندا (G28) و واریته ۱۳۴۲۹-۱۲-۲۹۹-۱ (G20) به ترتیب به میزان ۷۹/۲۵ و ۸۵/۵۰ اختلاف معنی‌داری نداشت (جدول ۴). تعداد دانه پر یکی از اجزای عملکرد در برنج است که می‌تواند به عنوان معیاری جهت انتخاب ارقام و لاین‌های پر محصول برنج استفاده شود (منگ و همکاران، ۲۰۱۶). بالاترین تعداد دانه پوک در ژنوتیپ IR56 (G30) و با تعداد ۳۳/۲۵ بود و از طرفی کمترین تعداد دانه پوک در ژنوتیپ آمل ۱ (G1) و با تعداد ۶/۷۵ مشاهده شد که با ژنوتیپ IR36 (G21) با مقدار ۷۷/۵ و ژنوتیپ IR42 (G17) با مقدار ۹/۷۵ در یک سطح آماری قرار داشت (جدول ۴). صفت وزن هزار دانه دارای بیشترین مقدار ۲۵/۷۵ گرم) در ژنوتیپ آمل ۳ بود، در حالی که کمترین مقدار آن ۱۸/۲۲ گرم) به ژنوتیپ سپیدرود تعلق گرفت (جدول ۴). در اغلب مناطق وزن هزار دانه یکی از مهمترین و پایدارترین اجزای عملکرد است که نشان دهنده اختصاص بیشتر مواد فتوستزی به دانه‌ها است و تحت کنترل عوامل ژنتیکی است (محذثی، ۲۰۰۲). همچنین مشاهده شد که اختلاف بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفت طول دوره رویش دارای دامنه تغییرات ۲۳/۵۰ است که این موضوع نشان از تنوع بالا در این صفت بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه است. به طوریکه بیشترین میزان طول دوره رویش در ژنوتیپ آمل ۱ (G1) با ۱۴۴/۷۵ روز رویت گردید که با ژنوتیپ سپیدرود (G2) با ۱۴۴/۵۰ اختلاف معنی‌داری نداشت. این در حالی است که کمترین میزان طول دوره رویش در ژنوتیپ خزر (G3) با ۱۲۱/۲۵ روز مشاهده شد (جدول ۴). تفاوت میان ژنوتیپ‌های برنج عمدهاً به ماهیت ارقام نسبت داده می‌شود. چنین نتایج مشابهی را (آنیس و همکاران، ۲۰۱۶) نیز به دست آورده‌اند. لافیته و همکاران (۲۰۰۶)، زودرسی را به عنوان یکی از صفات مهم برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر عنوان نمودند. به عقیده آنها ارقام زودرس به دلیل توسعه سریع اندام‌های رویشی و وارد شدن به مرحله زایشی، بهدلیل استفاده بهینه از شرایط محیطی از قبیل رطوبت و دما، عملکرد بیشتری می‌تواند داشته باشد.

بر اساس نتایج مقایسات میانگین، بیشترین ارتفاع بوته در ژنوتیپ تابش (G22) به میزان ۱۸۳/۷۵ و کمترین ارتفاع بوته در ژنوتیپ آمل ۱ (G1) به میزان ۹۵/۷۵ سانتی‌متر مشاهده شد (جدول ۴). واریته‌های پابلند در مقابل خوابیدگی بوته حساس‌تر هستند که علاوه بر مشکلات برداشت، عملکرد را نیز کاهش می‌دهند. با توجه به اینکه ارقام پاکوتاه نسبت به خوابیدگی حساسیت کمتر نشان می‌دهند و محصول آنها آسیب‌پذیری کمتری دارند، لذا چنین ارقامی مورد توجه هستند (هنرثزاد، ۲۰۰۲). ایجاد ارقام پاکوتاه در برنج از اهمیت بسیار زیادی برخوردار است، به طوری‌که علاوه بر ایجاد مقاومت بیشتر در برابر خوابیدگی بوته‌ها، موجب انتقال سریع مواد غذایی از منبع به مقصد می‌شود (السرز و همکاران، ۲۰۰۴). آنیس و همکاران (۲۰۱۶) نیز ارقام پاکوتاه برنج را جزء مطلوب برای صفت ارتفاع گیاه ذکر کردند که با نتایج این تحقیق مطابقت دارد. بالاترین طول خوش در لاین ۱۰۱ (G9) با ۲۷ سانتی‌متر مشاهده شد که با ژنوتیپ‌های آمل ۳ (G6)، ندا (G28) و چمپا (G29) به ترتیب با مقادیر ۲۶/۲۵، ۲۴/۵۰ و ۲۶ سانتی‌متر در یک سطح آماری قرار داشت؛ در حالی که کمترین طول خوش در ژنوتیپ سپیدرود (G2) با مقدار ۸/۲۵ مشاهده شد (جدول ۴). گرچه طول خوش مستقیماً در محاسبه عملکرد نقشی ندارد ولی به عنوان یکی از صفات ارزیابی افزایش عملکرد مورد توجه است. معمولاً ارقامی با طول خوش بلندتر عملکرد بیشتری دارند (نوائی و همکاران، ۲۰۱۷). حداقل تعداد پنجه متعلق به واریته (G4) با ۳۵/۷۵ عدد بود که با ژنوتیپ‌های آمل ۱-2-1 (G16)، Doiar (G14)، BA370 (G5) و مقادیر ۳۴، ۳۵ و ۳۴/۲۵ در یک ردیف آماری قرار داشت و همچنین حداقل تعداد پنجه در ژنوتیپ آمل ۱ (G1) با تعداد ۱۹/۵۰ رویت شد (جدول ۴). قابلیت پنجه‌زنی در برنج یک صفت زراعی مهم برای تولید دانه محسوب می‌شود (حسین و همکاران، ۲۰۱۴). با توجه به مقایسه میانگین داده‌ها، مشخص شد که ژنوتیپ کشوری (G25) با ۲۰۸/۵۰ عدد، بیشترین تعداد کل دانه و ژنوتیپ آمل ۱ (G1) با ۸۵/۲۵ عدد کمترین تعداد کل دانه را دارا بودند که با ژنوتیپ ندا (G28) به میزان ۹۴/۲۵ اختلاف معنی‌داری نداشت (جدول ۴). کیشور و همکاران (۲۰۱۵) تعداد دانه در خوش را به عنوان یکی از صفات مهم مؤثر بر عملکرد معرفی و همبستگی مثبت و معنی‌داری بین عملکرد دانه و تعداد دانه در خوش گزارش نمودند. همچنین ژنوتیپ کشوری (G25) از نظر صفت تعداد دانه پر در خوش نیز با ۱۸۸/۷۵ عدد بیشترین مقدار را به خود اختصاص داد و

جدول ۴- مقایسه میانگین صفات مورد ارزیابی در منطقه موردنظر

زنوپ	(x ₁)	طول خوشة	ارتفاع بوتہ	طول دوره رویش	طول کلروفیل	شاخص کلروفیل	شاخص برداشت	شاخص برداشت	عملکرد دانه	عملکرد بیولوژیک	وزن هزار دانه پوک	تعداد دانه پر	تعداد دانه پر	تعداد کل دانه	تعداد پنجه	تعداد پنجه	(x ₁₂)
آمل یک	۹۷/۷۰ ^r	۱۲/۵ ^{ij}	۱۹/۰ ^q	۲۴/۶ ^{a-c}	۶/۹۷ ^{b-d}	۱۸/۲۶ ^{c-g}	۲۴/۴ ^{a-c}	۶/۷۵ ^q	۷/۸/۵ ^۱	۸۰/۲۵ ^۱	۱۶۳/۲۵ ^c	۲۶ ^{m-p}	۸/۲۵ ^k	۱۰۹ ^{op}	سپید رود		
آمل ۲	۱۲۷/۲۵ ^b	۳۱/۸۸ ^{d-g}	۳۸/۴۴ ^a	۵/۷۶ ^{f-k}	۱۵/۱۹ ^{f-j}	۱۸/۲۲ ^h	۲۱/۷۵ ^{d-g}	۱۴۱/۵۰ ^c	۱۶۳/۲۵ ^c	۲۶ ^{m-p}	۸/۲۵ ^k	۱۰۹ ^{op}					
آمل ۳	۱۳۴/۵۰ ^{a-e}	۳۳/۷۸ ^{a-d}	۳۸/۷۴ ^a	۷/۸۸ ^{b-f}	۱۷/۵۳ ^{c-h}	۲۰/۴۴ ^{c-h}	۱۲/۰ ^{op}	۹۵/۲۵ ^{jk}	۱۰۷/۷۵ ^k	۳۵/۷۵ ^a	۱۷/۷۵ ^{c-e}	۱۱۹/۵۰ ^{lm}	pnd160-2-1				
آمل ۴	۱۳۷/۷۵ ^{a-d}	۳۲/۷۷ ^{c-g}	۳۷/۷۵ ^a	۷/۷۵ ^{b-f}	۱۸/۴۳ ^{c-g}	۲۵/۷۵ ^a	۱۵/۰ ^{k-o}	۱۱۹/۷۵ ^{e-h}	۱۳۵/۲۵ ^{j-l}	۲۸/۲۵ ^a	۲۷/۲۵ ^a	۱۷۷ ^b					
آمل ۵	۱۳۹ ^{ab}	۳۱/۹۷ ^{d-g}	۳۵/۷۹ ^a	۷/۸۹ ^{b-e}	۱۹/۷۹ ^{b-e}	۲۳/۱۰ ^{a-f}	۲۰/۰ ^{e-i}	۱۲۱ ^{e-g}	۱۴۱/۵ ^{fg}	۳۲/۲۵ ^{d-g}	۱۳۵/۰ ^{h-j}	۱۳۴/۲۵ ^j					
آمل ۶	۱۳۸ ^{a-d}	۳۱/۹۷ ^{d-g}	۳۷/۷۵ ^a	۷/۷۷ ^{b-f}	۱۸/۴۲ ^{c-g}	۲۰/۳۵ ^{d-h}	۱۷/۲۵ ^{i-m}	۱۱۷/۵ ^{e-h}	۱۳۴/۷۵ ^{gh}	۳۰ ^{h-j}	۱۷/۵ ^{de}	۱۲۱/۲۵ ^l	Usen				
آین	۱۴۳/۵۰ ^{ab}	۳۳/۳۹ ^{a-e}	۳۵/۲۴ ^a	۵/۰۶ ^{g-l}	۱۵/۷۷ ^{d-j}	۲۰/۷۶ ^{c-h}	۱۴/۰ ^{l-o}	۱۱۱/۵ ^{f-i}	۱۲۶ ^{hi}	۲۸/۵ ^{jk}	۲۷ ^a	۱۵۵/۲۵ ^{ef}					
نعمت	۱۴۳/۲۵ ^{ab}	۳۰/۷۸ ^g	۳۴/۹۳ ^a	۷/۹۶ ^{b-d}	۱۹/۸ ^{a-d}	۲۲/۰ ^{a-h}	۲۱/۰ ^{e-h}	۱۲۷ ^{de}	۱۴۸/۵ ^{d-f}	۳۲/۵ ^{c-f}	۲۱ ^b	۱۵۴/۰ ^{e-g}					
رقم	۱۴۳/۷۵ ^{ab}	۳۲/۰ ^{d-g}	۳۵/۱۸ ^a	۵/۹۰ ^{e-j}	۱۶/۷ ^{d-j}	۲۰/۹۱ ^{b-h}	۱۸ ^{h-l}	۱۵۸/۵ ^b	۱۷۶/۵ ^b	۳۲/۵ ^{c-f}	۱۷ ^{d-f}	۱۴۸ ^{hi}	۳۴۶				
دشت	۱۴۲/۷۵ ^{ab}	۳۲/۸۴ ^{c-g}	۳۴/۷۲ ^a	۷/۱۹ ^{a-c}	۲۱/۷۰ ^{a-c}	۲۴/۷۷ ^{ab}	۲۵/۲۵ ^{cd}	۱۴۰/۴۵ ^c	۱۶۶ ^{bc}	۲۷/۵ ^{k-m}	۱۵/۲۵ ^{e-h}	۱۳۴/۵۰ ^j					
بخار	۱۳۸/۵۰ ^{a-c}	۳۱/۹۷ ^{d-g}	۳۵/۲۲ ^a	۵/۷۶ ^{g-l}	۱۷/۵ ^{d-j}	۲۴/۳۸ ^{a-d}	۱۴ ^{m-o}	۱۲۱/۷۵ ^{ef}	۱۳۵/۰ ^{gh}	۳۰/۵ ^{g-i}	۱۴۹/۷۵ ^{g-i}						
BA370	۱۳۸/۷۵ ^{a-d}	۳۱/۹۱ ^{d-g}	۳۳/۷۷ ^a	۷/۱۹ ^{c-h}	۱۹/۴۹ ^{c-e}	۲۳/۹ ^{a-e}	۱۴/۰ ^{l-o}	۱۴۴/۵ ^c	۱۰۹ ^{cd}	۳۴ ^{a-d}	۲۰/۵ ^b	۱۰۵ ^{pq}					
Tetep	۱۲۳/۷۵ ^{ef}	۳۲/۰ ^{v d-g}	۳۵/۷۳ ^a	۴/۷۴ ^{kl}	۱۳/۵۷ ^{h-j}	۲۳/۳۸ ^{a-f}	۱۸/۰ ^{g-k}	۹ ^{jk}	۱۱۵/۰ ^{i-k}	۲۷/۲۵ ^{k-n}	۱۹/۵ ^{b-d}	۱۵ ^{de}					
Doiar	۱۳۷ ^{a-e}	۳۲/۰ ^{c-g}	۳۷/۰ ^{۱ a}	۴/۷۱ ^۱	۱۳/۳۷ ^{ij}	۲۳/۳۸ ^{a-f}	۲۰/۰ ^{f-i}	۱۲۰ ^{e-g}	۱۴۰/۰ ^{fg}	۳۴/۲۵ ^{a-c}	۱۷/۷۵ ^{c-e}	۱۲۲ ^{kl}					
IR42	۱۳۳/۲۵ ^{a-f}	۳۲/۷۷ ^{c-g}	۳۳/۴ ^a	۵/۰۸ ^{g-l}	۱۷/۵۳ ^{d-j}	۲۲/۴ ^{a-g}	۹/۰۵ ^{pq}	۱۰۰/۰ ^{ij}	۱۱۰/۵ ^{jk}	۲۷ ^{m-p}	۲۱/۷۵ ^b	۱۴۵ ⁱ					
فوجی مینوری	۱۳۳/۷۵ ^{a-e}	۳۵/۳۷ ^a	۳۳ ^a	۴/۹۱ ^{j-l}	۱۵/۲۲ ^{f-j}	۲۲ ^{a-f}	۲۴ ^{c-e}	۱۲۰/۰ ^{e-g}	۱۴۴/۰ ^{e-g}	۳۱/۲۵ ^{f-h}	۱۵/۷۵ ^{e-h}	۱۱۰/۲۵ ^۰					
اوندا	۱۳۷/۲۵ ^{a-d}	۳۴/۷۵ ^{ab}	۳۴/۹۲ ^a	۵/۱۳ ^{h-l}	۱۵/۱۷ ^{g-j}	۲۳/۲۷ ^{a-f}	۱۵ ^{m-o}	۱۰ ^{g-j}	۱۲۲ ^{ij}	۲۶ ^{m-p}	۲۰/۲۵ ^{bc}	۱۶۵/۰ ^c					
IR36	۱۳۷/۲۵ ^{b-f}	۳۳/۷۷ ^{a-f}	۳۵/۷۸ ^a	۷/۱۲ ^{d-h}	۱۷/۱۳ ^{c-i}	۲۳/۴ ^{a-f}	۷/۷۵ ^q	۱۰۰/۰ ^{ij}	۱۰۸/۰ ^{jk}	۲۷ ^{k-n}	۱۷/۰ ^{de}	۱۴۹ ^{hi}					
تابش	۱۳۷/۲۵ ^{b-f}	۳۳/۲۵ ^{a-f}	۳۴/۹۷ ^a	۷/۰ ^{v d-i}	۱۷/۱۹ ^{c-i}	۲۳/۱۲ ^{a-f}	۲۹/۷۵ ^b	۱۲۷/۰ ^{de}	۱۰۷/۰ ^{c-e}	۳۳/۷۵ ^{b-d}	۱۶/۲۵ ^{e-g}	۱۸۳/۷۵ ^a					
IR24	۱۲۶/۲۵ ^{c-f}	۳۳/۹ ^{b-g}	۳۳/۷۸ ^a	۷/۶۴ ^{b-g}	۱۹/۰ ^{c-f}	۲۳/۳۰ ^{a-f}	۱۹/۷۵ ^{f-j}	۱۳۸/۰ ^{cd}	۱۸۵/۰ ^{cd}	۲۷/۰ ^{k-m}	۱۵/۷۵ ^j	۱۰۱/۰ ^{qr}					
پوریا	۱۲۷ ^{d-f}	۳۲/۰ ^{v d-g}	۳۳/۵۷ ^a	۵/۲۱ ^{h-l}	۱۵/۰۸ ^{e-j}	۲۰/۱۳ ^{c-h}	۱۳/۰ ^{n-p}	۹۷/۰ ^{jk}	۱۰۹/۰ ^{jk}	۲۵/۰ ^{n-p}	۱۴ ^{g-j}	۱۰۳ ^q					

۱۳۷/۷۵ ^{a-d}	۳۱/۲۹ ^{e-g}	۳۱/۷۲ ^a	۷/۳۹ ^{ab}	۲۳/۷۹ ^{ab}	۲۰/۸۰ ^{b-h}	۱۹/۷۵ ^{f-j}	۱۸۸/۷۵ ^a	۲۰۸/۵۰ ^a	۳۳/۵۰ ^{b-e}	g-j _{۱۳/۷۵}	۱۵۶/۷۵ ^{de}	کشوری
۱۳۷/۵۰ ^{a-d}	۳۱/۹۱ ^{d-g}	۳۲/۳۹ ^a	۵/۰ ^{i-l}	۱۵/۷۹ ^{d-j}	۲۰/۷۷ ^{a-h}	۲۵/۲۵ ^{cd}	۱۰۱/۲۵ ^{ij}	۱۲۷/۵۰ ^{hi}	۲۸/۷۵ ^{i-k}	e-h _{۱۵/۷۵}	۱۶۱/۷۵ ^{cd}	رقم تایچونگ ۶۵
۱۴ ^{ab}	۳۲/۱۷ ^{d-g}	۳۴/۲۸ ^a	۵/۱۰ ^{h-l}	۱۵/۲۱ ^{f-j}	۱۹/۷۷ ^{f-h}	۱۲/۲۵ ^{op}	۱۱۳/۲۵ ^{f-i}	۱۲۵/۵۰ ^{hi}	۳۱/۷۵ ^{e-h}	۱۷/۲۵ ^{d-f}	۱۷۵ ^b	senyu-285
۱۴۱/۵۰ ^{ab}	۳۳/ [*] _۴ ^{b-f}	۳۴/ [*] _۲ ^a	۸/ [*] _۴ ^a	۲۳/ [*] _۸ ^a	۲۳/ [*] _۴ ^{a-f}	۱۵ ^{k-o}	۷۹/۷۵ ^l	۹۴/۷۵ ^l	۲۶/۵۰ ^{l-o}	۲۴/۵۰ ^a	۱۵۴/۲۵ ^{e-g}	ندا
۱۴۲/۲۵ ^{ab}	۳۲/ [*] _۷ ^{d-g}	۳۷/۲۷ ^a	۴/۵۸ ^l	۱۲/۷۵ ^j	۲۲/۹۲ ^{a-f}	۱۶/۱۵ ^{j-n}	۱۵۰/۷۵ ^{bc}	۱۶۷/۷۵ ^{bc}	۲۴/۵۰ ^p	۲۷ ^a	۱۱۲/۵۰ ^{no}	چمپا
۱۴۲/۲۵ ^{ab}	۳۱/ [*] _۰ ^{fg}	۳۵/۹۸ ^a	۴/۹۱ ^{j-l}	۱۳/۸۴ ^{h-j}	۲۳/۵۴ ^{a-f}	۳۳/۷۵ ^a	۱۰۷/۵۰ ^{h-j}	۱۳۹/۷۵ ^{fg}	۳۱/۷۵ ^{e-h}	۱۷/۷۵ ^{c-e}	۱۵۱/۵۰ ^{f-h}	IR56

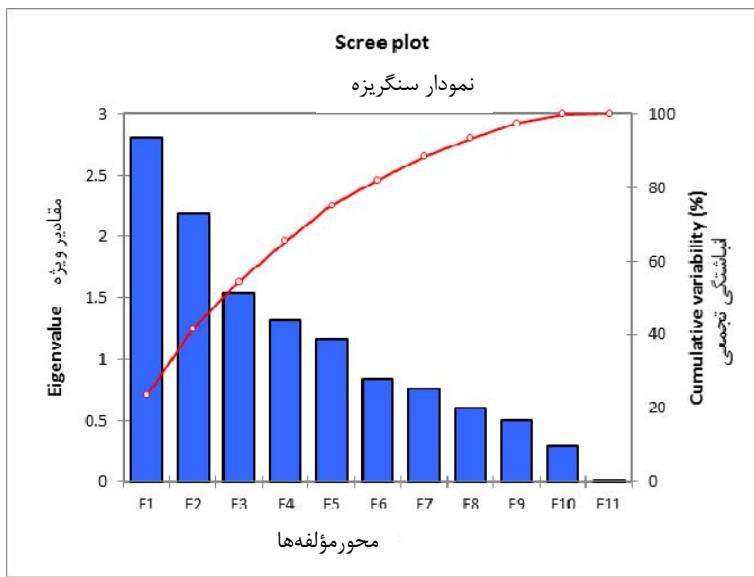
اصلی اول ۴/۱۵۶۹ درصد از کل تغییرات واریانس داده‌ها در مجموع را به خود اختصاص داده بودند. لذا به عنوان محورهای مختصات بای‌پلات^۱ انتخاب گردیده و بر این اساس موقعیت ژنوتیپ‌ها بر روی این نمودار مختصات که بیان‌کننده میزان همبستگی و مقدار توجیه صفات مورد مطالعه و ژنوتیپ‌ها توسط این دو عامل است، بررسی شد. همانگونه که از جدول مقایسه میانگین (جدول ۴) نیز بر می‌آید، ژنوتیپ شماره ۲۵ (کشوری) دارای بیشترین تعداد دانه کل و پر بوده و لذا در موقعیت مکانی قرار گرفته است که از نظر عامل اول (PC1) مثبت و بالاست. همانطور که در شکل ۲ مشاهده می‌شود بیشترین تجمع ژنوتیپ‌های با منشأ ایرانی در قسمت پایین و سمت چپ نمودار که معرف عملکرد بالاتر و ژنوتیپ‌های بومی در بخشی از نمودار که نشان‌دهنده صفات مورفولوژیک بالاتری هستند قرار گرفتند. سه صفت عملکرد بیولوژیک (X₈), عملکرد دانه (X₉) و طول دوره رویش (X₁₂) در نیمه بالایی سمت راست نمودار بای‌پلات نشانگر سهم بالای این صفات در تشکیل مؤلفه دوم هستند و به همین ترتیب مطابقت و هماهنگی این موضوع را می‌توان از مقادیر جدول ۵ به راحتی برداشت نمود. روش GGE-Biplot بطور همزمان اثر اصلی ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ در محیط را در اختیار قرار می‌دهد. این روش برخلاف مرسوم‌ترین روش چند متغیره تجزیه پایداری که تنها آثار متقابل ژنوتیپ در محیط را مورد توجه قرار می‌دهد، از آثار اصلی ژنوتیپ نیز استفاده می‌کند. این روش از طریق نمایش گرافیکی اثر متقابل ژنوتیپ در محیط به بهنژادگر کمک می‌کند تا به سادگی پایداری ژنوتیپ‌های مختلف و ترکیب پایداری با عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف را ارزیابی کرده، امکان بررسی روابط میان محیط‌ها و شناسایی محیط‌های هدف در برنامه‌های بهنژادی را به سادگی میسر سازد (یان و همکاران، ۲۰۰۱). با استفاده از GGE-Biplot، محیط‌های مورد بررسی به چندین گروه محیطی که از نظر واکنش به ژنوتیپ‌ها نسبتاً مشابه عمل می‌کنند، گروه‌بندی می‌شوند (شیری و بهرامپور، ۱۳۹۴). در تحقیقی که با هدف بررسی ۷۷ ژنوتیپ برنج بر اساس ۱۰ صفت زراعی-مورفولوژیک در مرکز برنج آفریقا در ایجادان^۲ نیجریه صوت گرفت، نتایج بیانگر آن بود که تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی (PCA) تا حدودی نتایج حاصل از تجزیه خوش‌های را تأیید کرد. در تحقیق آنها سه مؤلفه اصلی اول، ۶/۶۴٪ تغییرات کل را توجیه کردند که سهم PC1، PC2 و

تجزیه به مؤلفه اصلی ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات زراعی به منظور تعیین عامل‌های توجیه‌کننده صفات مورد بررسی، تجزیه به عامل‌ها بر اساس روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر مبنای مقادیر ویژه بزرگ‌تر از یک در نظر گرفته شد (شکل ۱). نمودار اسکری پلات تغییرات مقادیر ویژه را در ارتباط با عامل‌ها نشان می‌دهد که برای تعیین تعداد بهینه مؤلفه‌ها به کار می‌رود. در این تحقیق، می‌توان پنج عامل را به عنوان عوامل مهم که بیشترین نقش را در تبیین واریانس داده‌ها دارند، استخراج کرد. در نتیجه پنج عامل وارد مدل شدند که در مجموع ۷۸/۰۵۰ درصد از تنوع کل داده‌ها را توجیه کردند (جدول ۵). در این جدول میزان واریانس هر عامل (برحسب درصد) و اهمیت آن را در تفسیر تغییرات کلی داده‌ها نشان می‌دهد. واریانس مؤلفه‌های اول تا پنجم به ترتیب به میزان ۱۲/۸۳۲، ۱۸/۲۰۲، ۲۳/۳۶۷، ۱۸/۲۰۲، ۱۱/۰۰۴ و ۹/۶۴۶ درصد بود (جدول ۵). نتایج مربوط به مقادیر بار عامل در مؤلفه اول (PC1) نشان داد که عامل اول با توجیه ۲۳/۳۶۷ درصد از واریانس کل شامل صفاتی از قبیل ارتفاع بوته، تعداد پنجه، تعداد کل دانه، تعداد دانه پر، تعداد دانه پوک، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه و طول دوره رویش به ترتیب به میزان ۱۴۹، ۰/۶۶۴، ۰/۹۲۷، ۰/۸۸۱، ۰/۳۰۳، ۳۸۶، ۰/۵۴۱ و ۱۱۱ درجه مثبت و معنی‌دار و در مقابل صفات طول خوش، وزن هزار دانه، شاخص برداشت و شاخص کلروفیل در جهت منفی نقش داشتند (جدول ۵). با توجه به صفاتی که در این عامل در جهت مثبت دخیل هستند و همچنین با نظر به اینکه بیشترین ضرایب عاملی مثبت مربوط به تعداد کل دانه، تعداد پنجه، تعداد دانه پر و پوک می‌باشد، لذا این مؤلفه به دلیل تأثیر بسرا در صفات شکل و تعداد دانه در خوش قادر به تفکیک ژنوتیپ‌هایی با این خصوصیات خواهد بود. در مؤلفه دوم (PC2) با توجیه ۱۸/۲۰۲ درصد از واریانس کل صفاتی مانند طول خوش، وزن هزار دانه، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه و طول دوره رویش به ترتیب با میزان ۱۲۲، ۰/۴۰۴، ۰/۸۲۵ و ۰/۵۱۷ درجه مثبت، در صورتی که ضرایب منفی متعلق به صفاتی نظیر ارتفاع بوته، تعداد پنجه، تعداد کل دانه، تعداد دانه پر، تعداد دانه پوک، شاخص برداشت، شاخص کلروفیل شدند (جدول ۵).

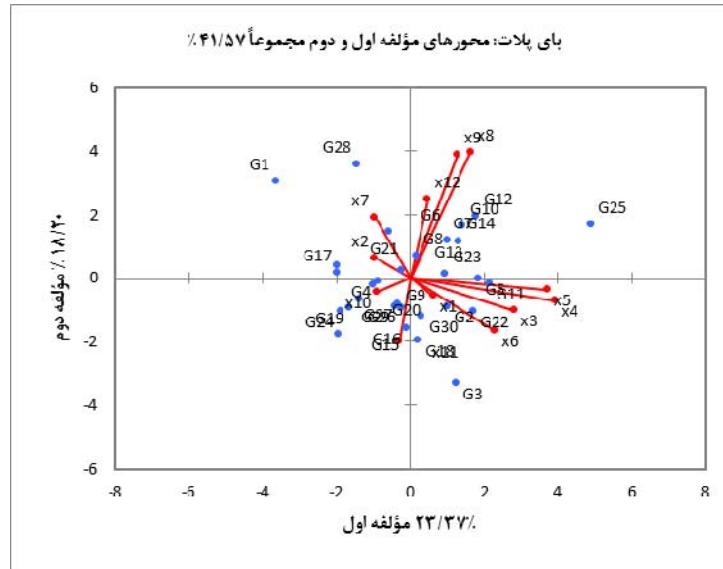
باتوجه به اینکه در عامل دوم صفات عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه دارای بالاترین ضرایب عاملی مثبت و همچنین از عامل اول بوده و به جهت اینکه این صفات از اهمیت بالایی برخوردار می‌باشند، لذا این عامل نیز به نام عامل عملکرد و اجزای اصلی عملکرد نامگذاری شد. با توجه به اینکه دو عامل

بیشترین تغییرات PC3 بودند. آنان اظهار داشتند که تجزیه و تحلیل اجزای اصلی قادر است سهم هر یک از مؤلفه‌ها یا تأثیر مستقل یک فاکتور خاص را به واریانس کل مشاهده شده در یک جمعیت داده شده در رابطه با صفات موردن علاقه پرورش دهنده مورد سنجش قرار دهد (آنیاوها و همکاران، ۲۰۱۸).

PC3 به ترتیب ۶٪، ۹٪، ۹٪ و ۱۲٪ از تغییرات کل بود. صفات عملکرد دانه، روزهای تا گلدهی و روزهای رسیدگی سهم قابل توجهی را به PC1 اختصاص دادند و روزهای رسیدگی دارای بیشترین وزن بودند. سطح برگ، ارتفاع بوته در زمان رسیدن و تعداد خوشها نیز بیشترین سهم تغییرات مشاهده شده بر اساس PC2 بود و تعداد پنجه در ۴۵ روز پس از کاشت



شکل ۱- نمودار سنگریزه مربوط به تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در ژنوتیپ‌های مختلف مورد مطالعه



شکل ۲- نمودار بای پلات مربوط به مؤلفه‌های اول و دوم بر اساس ژنوتیپ‌های مختلف مورد بررسی

صفات به کار گرفته شده در نمودار بای پلات شامل ارتفاع بوته (X_1)، طول خوشه (X_2)، تعداد پنجه (X_3)، تعداد دانه پر (X_4)، تعداد دانه کل (X_5)، تعداد دانه پوک (X_6)، وزن هزار دانه (X_7)، عملکرد بیولوژیک (X_8)، عملکرد دانه (X_9)، شاخص برداشت (X_{10})، شاخص کلروفیل (X_{11}) و طول دوره رویش (X_{12}) است)

جدول ۵- نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس صفات مختلف مورد بررسی

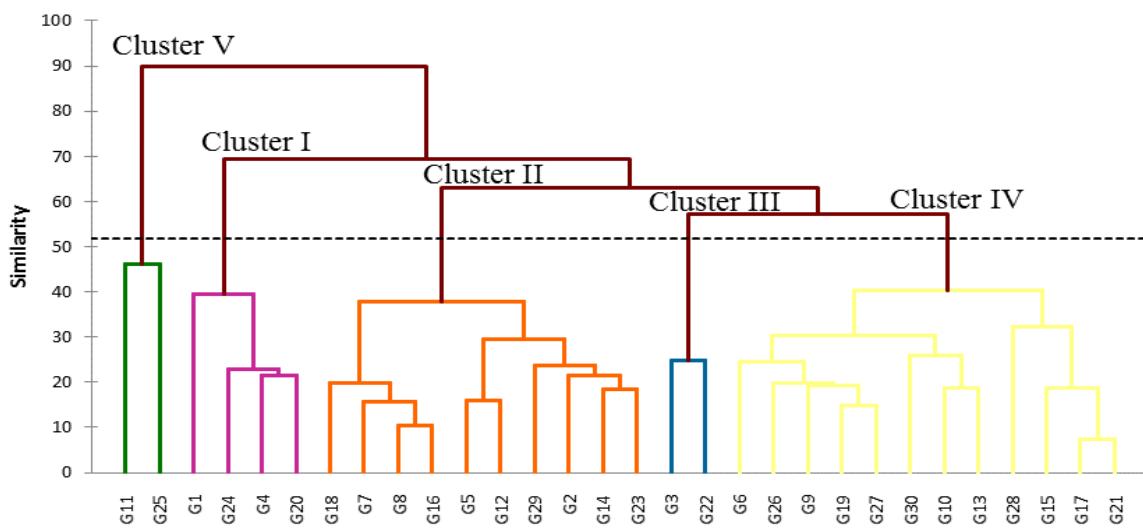
صفات	مؤلفه				
	اول	دوم	سوم	چهارم	پنجم
ارتفاع بوته (X ₁)	۰/۱۴۹	-۰/۱۱۷	۰/۷۵۶	۰/۰۳۰	۰/۲۲۳
طول خوشه (X ₂)	-۰/۲۳۰	۰/۱۳۲	۰/۷۵۳	-۰/۱۳۸	۰/۳۵۳
تعداد پنجه (X ₃)	۰/۶۶۴	-۰/۲۱۳	۰/۲۵۴	۰/۲۳۸	۰/۲۰۶
تعداد کل دانه (X ₄)	۰/۹۲۷	-۰/۱۴۷	-۰/۰۴۳	-۰/۰۳۰	-۰/۱۶۹
تعداد دانه پر (X ₅)	۰/۸۸۱	-۰/۰۷۵	-۰/۰۵۸	-۰/۱۴۹	۰/۰۹۸
تعداد دانه پوک (X ₆)	۰/۵۴۱	-۰/۳۴۷	۰/۰۴۵	-۰/۱۴۶	-۰/۲۶۴
وزن هزار دانه (X ₇)	-۰/۲۳۲	۰/۴۰۴	۰/۳۹۷	-۰/۲۳۰	-۰/۳۸۶
عملکرد بیولوژیک (X ₈)	۰/۳۸۶	۰/۸۲۶	۰/۰۴۸	۰/۳۵۲	-۰/۱۶۵
عملکرد دانه (X ₉)	۰/۳۰۳	۰/۸۱۵	-۰/۰۶۳	۰/۴۵۰	۰/۰۹۵
شاخص برداشت (X ₁₀)	-۰/۲۲۱	-۰/۰۹۱	-۰/۳۴۶	۰/۲۰۳	۰/۷۲۶
شاخص کلروفیل (X ₁₁)	-۰/۰۷۳	-۰/۴۱۸	۰/۱۹۳	۰/۶۸۴	-۰/۰۶۶
طول دوره رویش (X ₁₂)	۰/۱۱	۰/۵۱۷	-۰/۰۹۸	-۰/۰۳۲	۰/۳۷۹
مقادیر ویژه	۲/۸۰۴	۲/۱۸۴	۱/۵۴۰	۱/۳۲۱	۱/۱۵۷
واریانس نسبی (%)	۲۳/۳۶۷	۱۸/۲۰۲	۱۲/۸۳۲	۱۱/۰۰۴	۹/۶۴۶
واریانس تجمعی (%)	۲۳/۳۶۷	۴۱/۵۶۸	۵۶/۴۰۰	۶۵/۴۰۵	۷۵/۰۰۵

آمل ۳ (G6)، تایچونگ ۶۵ (G26)، لاین ۱۰۱ (G9)، اوندا (G19)، واریته ۲۸۵ senyu-285 (G27)، IR56 (G30)، G15 Tetep (G10)، پیجار (G13)، ندا (G12)، IR42 (G17)، IR36 (G21) در خوشه چهارم قرار گرفتند که مجموعاً ۴ درصد ژنتیپ‌ها را شامل شد. این گروه از نظر تعداد ژنتیپ‌ها، دارای بیشترین تعداد بوده است. ژنتیپ‌هایی که در یک گروه قرار می‌گیرند از نظر صفات اندازه‌گیری شده دارای تشابه ژنتیکی بیشتری نسبت به دیگر گروه‌ها می‌باشند (شکل ۳) و درنهایت ژنتیپ ۳۴۶ (G11) به همراه کشوری (G25) در خوشه پنجم قرار گرفتند که این خوشه نیز همانند خوشه سوم تنها ۶/۶ درصد ژنتیپ‌ها را در بر گرفت. تجزیه و تحلیل خوشه‌ای برای ۷۷ ژنتیپ برنج بر اساس ۱۰ صفت زراعی - موفولوژیک با استفاده از روش UPGMA، آنها را در سه گروه عمده دسته‌بندی کرد. به طوری که خوشه اول شامل ۲۸ ژنتیپ معادل ۳۶/۳۶٪ (کل ژنتیپ‌ها)، خوشه سوم دارای ژنتیپ معادل ۳۳/۷۷٪ (کل ژنتیپ‌ها) و خوشه دوم با دارا بودن ۲۳ ژنتیپ کوچکترین خوشه بود. محققین اعلام داشتند که خوشه‌بندی ژنتیپ‌ها حداقل رابطه بین محیط و تنوع را نشان می‌دهد (آنیاوها و همکاران، ۲۰۱۸). مجیدی مهر و خوش چهره (۱۳۹۶)، در تحقیقی با عنوان بررسی ژنتیپ‌های مختلف برنج با استفاده از تجزیه و تحلیل چند متغیره نشان دادند که نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش حداقل

تجزیه خوشه‌ای (کلاستر) ژنتیپ‌ها بر اساس صفات زراعی تجزیه خوشه‌ای به منظور اندازه‌گیری و تعیین فواصل ژنتیکی از نظر دوری و نزدیکی توده‌های موجود در یک مجموعه و گروه‌بندی آنها استفاده می‌شود. تفکیک ژنتیپ‌های مختلف حاصل از تجزیه خوشه‌ای مبتنی بر روش UPGMA بر اساس صفات مختلف مورد مطالعه در منطقه ساری در شکل ۳ نشان داده شد. بررش دندروگرام‌های حاصل بر اساس استراتژی قطع دندروگرام در سطحی که اختلاف بین سطوح گروه‌بندی زیاد باشد، صورت گرفت. دندروگرام (نمودار درختی) حاصل از تجزیه خوشه‌ای نشان داد که ۳۰ ژنتیپ مورد مطالعه بر اساس صفت اندازه‌گیری شده به پنج گروه مجزا تفکیک شدند. بدین ترتیب تعداد چهار ژنتیپ شامل آمل یک (G1)، پویا (G24)، واریته ۲-۱ (G4) واریته ۲-۲-۲۹۹-۱۳۴۲۹ (G20) در خوشه اول قرار گرفتند که مجموعاً ۱۳/۳ درصد ژنتیپ را در بر گرفت. گروه دوم شامل ۱۰ ژنتیپ با عنوان Doiar (G8)، Usen (G7)، فجر (G18)، مینوری (G16)، آمل ۲ (G5)، دشت (G12)، چمپا (G29)، سپیدرود (G23) در خوشه دوم جای BA370 (G14)، IR24 (G2) گرفتند که در مجموع ۳۳/۳ درصد ژنتیپ‌ها را به خود اختصاص داد. همچنین دو ژنتیپ خزر (G3) و تابش (G22) به طور مجزا در خوشه سوم تفکیک شدند که ۷/۶ درصد ژنتیپ را در خود جای دادند. علاوه بر این تعداد ۱۲ ژنتیپ به نام‌های

اجزای عملکرد با استفاده از تجزیه خوشهای، ارقام مورد مطالعه را به پنج گروه و ۱۳ ژنوتیپ تقسیم نموده و همچنین کنده‌لا و پنوار (۱۹۹۹)، تنوع ژنتیکی میان ۵۲ ژنوتیپ برنج را بررسی و آنها را بر اساس ۱۶ صفت کیفی و مورفو‌لوزیکی - زراعی به ۱۱ گروه تقسیم نمودند و نشان دادند که مابین ژنوتیپ‌ها تنوع زیادی وجود دارد که با نتایج آزمایش ما مطابقت دارد.

واریانس وارد بر مبنای فاصله اقلیدسی، از ۱۶ ژنوتیپ مورد مطالعه در این تحقیق در سه گروه مجزا قرار گرفتند که براساس دندوگرام حاصله، گروه اول با سه ژنوتیپ معادل ۳۰ درصد کل ژنوتیپ‌ها، گروه دوم با دو ژنوتیپ که ۲۰ درصد از کل ژنوتیپ‌ها و گروه سوم با ۵۰ درصد (بیشترین درصد ژنوتیپ‌ها) را در خود جای دادند. لیپینگ و جیانفای (۱۹۹۹)، با بررسی ۱۶۳ رقم بومی و ۱۶ رقم پر محصول تجاری جاپونیکا به منظور ارزیابی



شکل ۳- تفکیک ژنوتیپ‌های مختلف حاصل از تجزیه خوشهای مبتنی بر روش UPGMA بر اساس صفات مختلف

ژنوتیپ در محیط بودند. افزون بر این، ژنوتیپ‌های آمل ۱ (G₁)، خزر (G₃)، کشوری (G₂₅) و ندا (G₂₈) بیشترین فاصله را نسبت به مرکز بای‌پلات داشته که بهره‌مند از اثرات متقابل ژنوتیپ در محیط بیشتری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها بودند. در این پژوهش تجزیه خوشهای و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی موفق به تفکیک ژنوتیپ‌های برنج بر اساس صفات کمی شدند و ژنوتیپ‌های دارای صفات مشابه در گروه یکسان قرار گرفتند. نتایج حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و رسم بای‌پلات نیز همخوانی نسبتاً زیادی با گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشهای داشت.

نتیجه‌گیری

به طورکلی نتایج این پژوهش حاکی از تنوع مناسب در تمام صفات مورد بررسی در مجموعه ژنوتیپ مورد مطالعه بود. کلیه صفات مورد بررسی به جر شاخص برداشت، همگی تحت تأثیر تیمار قرار گرفتند. نتایج مقایسات میانگین نشان داد که بیشترین میانگین تعداد کل دانه و تعداد دانه پر در خوشه متعلق به ژنوتیپ کشوری (G₂₅) بود. ژنوتیپ‌های (G₄), آمل ۲ (G₅), بخار (G₁₃) و (G₂₃) IR24 نزدیکترین فاصله را با مرکزیت محور مختصات داشته که دارای حداقل اثر متقابل

منابع

- ابودری گرافودی، ا.، ر. هنرثزاد، و. م. ح. فتوکیان. ۱۳۸۷. بررسی تنوع ژنتیکی ارقام برنج با استفاده از داده‌های صفات مورفو‌لوزیکی، مجله پژوهش و سازندگی، جلد ۲۱، شماره ۱ (پی آیند ۷۸ در زراعت و باگبانی): ۱۱۰-۱۱۷.
- شاھسواری، ع. ۱۳۸۹. ارزیابی لاین‌های امیدبخش برنج بر اساس شاخص‌های مورفو‌لوزی، فیزیولوزی و اجزای عملکرد. دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، پایان‌نامه کارشناسی ارشد زراعت.
- شیری، م. و ت. بهرامپور، ۱۳۹۴. تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ در محیط با استفاده از روش GGE بای‌پلات در هیبریدهای ذرت دانه‌ای تحت شرایط مختلف آبیاری. تحقیقات غلات، ۱(۵): ۸۳-۹۴.

مظہری، م. ۱۳۸۳. بررسی تنوع ژنتیکی ارقام مختلف برنج بر اساس خصوصیات مورفولوژیکی، پایاننامه کارشناسی ارشد، دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان.

مصطفوی، م.، س. حسینی‌امینی، ص. و م. فیروزی. ۱۳۹۳. بررسی پایداری عملکرد دانه لاین‌ها و ارقام برنج با استفاده از روش امی (تأثیرات اصلی افزایشی و تأثیرات متقابل ضرب‌پذیر). علوم گیاهان زراعی ایران. ۴۵(۳): ۴۴۵-۴۵۲.

مجیدی‌مهر، ا.، و خوش‌چهره، ح. ۱۳۹۶. بررسی ژنوتیپ‌های مختلف برنج با استفاده از تجزیه و تحلیل چند متغیره. مجله علمی پژوهشی اکوفیزیلوژی گیاهی. ۳۰: ۱۲۸-۱۱۸.

- Anis, G., A. EL-Sabagh, A. Ghareb, and I. EL-Rewainy. 2016. Evaluation of promising lines in rice (*Oryza sativa L.*) to agronomic and genetic performance under Egyptian conditions. International Journal of Agronomy and Agricultural Research. 3: 52-57.
- Anyaoha, Ch., F. Adegbekingbe, U. Uba, B. Popoola, V. Gracen, S. Mande, E. Onotugoma, and M. Fofana. 2018. Genetic Diversity of Selected Upland Rice Genotypes (*Oryza sativa L.*) for Grain Yield and Related Traits. International Journal of Plant & Soil Science, 22(5):1-9.
- Hussien, A., E. Tavakol, D.S. Horner, M. Muñoz-Amatriaín, G. J. Muehlbauer, and L. Rossini. 2014. Genetics of tillering in rice and barley. The Plant Genome, 7(1).
- Honarnejhad, R. 2002. Study of correlation between some quantitative traits and grain yield in rice (*Oryza sativa L.*) using path analysis. Iranian Journal of Crop Sciences 4(1): 25-35. [In Persian with English Abstract].
- Katsura, K., Y. Tsujimoto, K.I. Matsushimac, W. Dogbed, and J.I. Sakagami. 2016. Genotype-by-environment interaction analysis of rice (*Oryza spp*) yield in a floodplain ecosystem in West Africa. European Journal of Agronomy, 73: 152–159.
- Kishore, N. S., T. Srinivas, U. Nagabhushanam, M. Pallavi, and S. K. Sameera. 2015. Genetic variability, correlation and path analysis for yield and yield components in promising rice (*Oryza sativa L.*) genotypes. Bangladesh Journal of Agriculture, 13(1): 99-108.
- Kandhola, S. S. and D.V.S. Panwar. 1999. Genetic divergence in rice, Annals of biology Ludhiana 15:135-39.
- Lafitte, H. R., Z. K. Li, C. H. M. Vijayakumar, Y. M. Gao, Y. Shi, J. L. Xu, B. Y. Fu, S. B. Yu, A. J. Ali, J. Domingo, R. Maghirang, R. Torres, and D. Mackill. 2006. Improvement of rice drought tolerance through backcross breeding: Evaluation of donors and selection in drought nurseries. Field Crops Research 97: 77-86.
- Lanceras, J. C., P. Griengrai, J. Boonrat, and T. Theerayut. 2004. Quantitative trait loci associated with drought tolerance at reproductive stage in rice. Plant Physiology 1: 384-399.
- Lestari, A. P., B. Abdollah, A. Junaedi, and H. Aswidinnoor. 2010. Yield stability and adaptability of aromatic new plant type (NPT) rice lines. Indonesian Journal Agronomy, 38(3): 199-204.
- Liping, D. and W. Jianfei. 1999. Analysis of main agronomic characters for japonica rice from taiho lake region, Journal of Nanjing Agricultural University 22:3 1-4.
- Meng, T. Y., H. H. Wei, L. I. Chao, Q. G. Dai, X. U. Ke, Z. Y. Huo, and H. C. Zhang. 2016. Morphological and physiological traits of large-panicle rice varieties with high filled-grain percentage. Journal of Integrative Agriculture, 15(8): 1751-1762.
- 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].
- Navea, I. P., M. S. Dwiyanti, J. Park, B. Kim, S. Lee, X. Huang, and J. H. Chin. 2017. Identification of quantitative trait loci for panicle length and yield related traits under different water and P application conditions in tropical region in rice (*Oryza sativa L.*). Euphytica, 213(2): 37.
- Pasha, M., F. Paknezhad, M. R. Ardakani, A. Mohadasi, and S. Bakhshipoor. 2011. Study of genetic diversity of rice genotypes based on morphological characteristics. Proceedings of 14th National Rice conference sari. February 28.
- Singh, S. K., A. Kumar, P. K. Bhati, S. Y. Dhuari, and A. Sharma. 2016. Stability analysis for grain yield and its component traits in rice. Oryza. 53(2): 187- 195.
- Yan, W. 2001. GGEbiplot A Windows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types of two-way data. Agron. J. 93: 1111-1118
- Zhang, S., J. Hu, C. Yang, H. Liu, F. Yang, J. Zhou, B. K. Samson, C. Boualaphanh, L. Huang, G. Huang, J. Zhang, W. Huang, D. Tao, D. Harnpichitvitaya, L. Wade, and F. Hu. 2017. Genotype by environment interactions for grain yield of perennial rice derivatives (*Oryza sativa L./Oryza longistaminata*) in southern China and Laos. Field Crops Research. 207: 62–70.

Genetic diversity of different agronomic traits in rice genotypes (*Oryza sativa L.*)

N. Ranjkesh¹, M. Sam Daliri², P. Mazloum³, A. Mousavi³, V. Rameeh⁴

Received: 2018-10-27 Accepted: 2019-5-27

Abstract

Rice is one of the most important strategic products that is considered to be the main food of the world. 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 replications in 2016-2017. The studied traits were 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, grain yield, harvest index, chlorophyll index and growth period. The results of analysis of variance showed that genotypes have a significant difference in terms of traits, which indicates the existence of genetic variation among genotypes. The results of mean comparisons showed that the highest mean of total number of grains (208/50) and number of filled grains in the cluster (188/75) belonged to the genotype of the Keshvari. The results of principal components analysis showed that the first five principal components accounted for about 78.050% of the total variation. The cluster analysis by Unweighted Pair Group Method with Arithmetic (UPGMA) and with the euclidean distance criterion for studied traits, genotypes studied were divided into five groups.

Key words: Quantitative traits, grain yield, grouping, partial component analysis, baiplat

1- Ph.D. Student, Department of Agronomy, chalous branch, Islamic Azad University, chalous, Iran

2- Associated professor, Department of Agronomy, Islamic Azad University, Chalous Branch, Chalous, Iran

3- Assistant professor, Department of Agronomy, Islamic Azad University, Chalous Branch, Chalous, Iran

4- Associate professor, Department of Agronomic and Horticulture Crops Research, Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Sari, Iran