



وزارت علوم، تحقیقات و فناوری
دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی (علمی)

ISSN 2228-6128

سال سیزدهم، شماره ۳۸، تابستان ۱۴۰۰

مندرجات

۱	ارزیابی شاخص‌های تحمل به شوری برخی از ژنوتیپ‌های کلزا (<i>Brassica napus</i> L.) ایراندخت منصوری، حمید زربینی، نادعلی بابائیان جلودار و علی پاکدین
۱۰	تجزیه ارتباطی صفات آگرومورفولوژیک در لاین‌های ذرت با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون IRAP و REMAP ساناز خلیقانی، علی غفاری آذر، رضا درویش‌زاده، دانیال کهریزی و هادی علیپور
۲۵	بررسی رابطه صفات عملکردی و فیزیولوژیکی با عملکرد ریشه و قند در هیبریدهای چندرقتند در شرایط نمرال و تنش شوری عبدالمجید خورشید و علی اکبر اسدی
۳۵	تأثیر کلمشی سین بر لقاؤه پلی‌پلوئیدی و خصوصیات مورفوفیزیولوژیکی جمعیت زینان (<i>Carum copticum</i> L.) منطقه جغرافیایی سیستان راحله اکبری، لایلا فعیمد و بهمن فاضلی‌نست
۳۶	بررسی تنوع مورفولوژیکی و فنولوژیکی برخی از ارقام وارداتی سویا با استفاده از روش تجزیه به عامل‌ها پرستو مجیدیان، سید علیرضا دلایی، بهرام مسعودی و حمید صادق کرمانی
۶۰	تجزیه پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های نخود (<i>Cicer arietinum</i> L.) با استفاده از روش AMMI سام برشکبور، محبت‌الله کریمی‌پاده، امیر میرزایی و محمد بهرینی
۷۱	ارزیابی تحمل به تنش خشکی در لاین‌های جو با استفاده از شاخص‌های تحمل مروانه اسلامی، ایرج بروسی، نسیم اهری‌زاد و جعفر جعفرزاده
۸۴	نقش قارچ <i>Penicillium chrysogenum</i> در گیاه کوه‌قزونگی تحت تنش شوری سهیلا آقایی زکری، داود حضاپور، مجید عنکبری سیاهویی و عبداللثی باقری
۹۵	ارزیابی تنوع آگرومورفولوژیکی نمونه‌های ژنتیکی بومی لوبیا چشم‌بلبلی مصومه یوراسماعیل، علی‌اکبر صامی‌نژاد، علی‌اکبر شیری و رضا سخاوت
۱۰۷	پایخ گیاهچه‌های هیبرید ذرت به تنش شوری با استفاده از سیستم دفاع آنتی‌اکسیدان بر روی ژل پلی‌اکریلامید انظم شکیب ایازر، سلیم فرزانه، شجاع مکارم‌زاده، روف سید شریفی و محمد حسن‌زاده
۱۱۶	استفاده از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SHC) به منظور گزینش هیبریدهای جدید افتابگردان با عملکرد بالا و خصوصیات زراعی مطلوب امیرقلی‌زاده، مهدی غفاری و فریاد شریفی
۱۲۳	غربال ژنوتیپ‌های سویا در مرحله گیاهچه تحت تنش شوری بهرام مسعودی
۱۳۸	اثر غنی‌سازی گندم با استفاده از مخلوط پاشی روی و آهن بر صفات کیفی و کمی در مراحل مختلف رشدی زهرا ابراهیمی، عباس بیانی، رحمت‌الله محمدی، حسین سپهری و علی راجعی کابری
۱۴۹	روایی باران‌رهای ژنتیکی، روابط بین صفات و کرومندی هیبریدهای جدید چندرقتند از لحاظ صفات کمی و کیفی در شرایط ابدگی طبیعی رایزومالیا مهدی خسری، حمزه حمزه، حامد منصور، تاروش کجالی، علی خلیلان، حمید سلطانی ابدلی، مساله شریفی و مژده کاکوش‌نژاد
۱۶۰	بررسی شاخص‌های تحمل به خشکی در لاین‌های لوبیا قوهر بهروز اسدی و سید محسن اسدی
۱۶۹	بررسی بیان برخی از ژن‌های مقاومت به بیماری بقی‌زده‌گی در گیاه نخود زراعی سیداحسینان، امید شفقیان، ناصر زارع، علیرضا تازی‌نژاد و مهدی شادری
۱۷۹	جزیه مسیور اتم متقابل ژنوتیپ - محیط و بررسی پایداری عملکرد لاین‌های امیدبخش جواهر اقلیم گرم علی براتی، حسن زالی، ایرج کتازاده، شریفی کوهکن، جبار جعفریان، مهدی جباری، ارش حسین‌پور، اکبر مرزوقیان، احمد قلی‌پور، امید بودینه و مصومه خیرگو
۱۹۳	ارزیابی تحمل به تنش خشکی در ارقام و لاین‌های پیشرفته گندم پاییزه علی رضا خانی‌زاده، وراحم رشیدی، علی رضا عیوبی، ابراهیم خلیل‌وند، بهروزیار و مهرداد یارنیا
۲۰۱	بررسی تأثیر صفات فنولوژیکی و ریخت‌شناسی بر عملکرد دانه اکتیپ‌های گاودانه با استفاده از تجزیه مسیر و بای‌پلات محمدرضا دلفانی، سیدرسول صفایی و فاطمه حسن‌پور
۲۲۲	ارزیابی تنوع درون و ارتباطی و پیشرفت اصلاحی حاصل از سلکسیون پدیگری - ماسال هر پتیه رقم لطیف (<i>Gossypium hirsutum</i> L.) عمران عالی‌شاه

«بسمه تعالی»

براساس مصوبه کمیسیون بررسی نشریات علمی کشور در جلسه مورخه ۱۳۸۹/۴/۱۶ که طی نامه شماره ۳/۱۱/۴۰۶۰ مورخه ۱۳۸۹/۴/۲۸ ابلاغ شد، با اعطای اعتبار علمی- پژوهشی به نشریه پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی (از سال اول شماره ۱ بهار ۸۸) موافقت به عمل آمد.

«فراخوان»

با توجه به اخذ اعتبار علمی- پژوهشی "پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی" از متخصصان و محققان ارجمند دعوت به عمل می‌آید، مقالات مرتبط با عناوین اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی گیاهی را جهت انتشار به آدرس پایگاه مجلات دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری (<http://jcb.sanru.ac.ir>) ارسال نمایند.

با تشکر

مدیر مسوول



وزارت علوم، تحقیقات و فناوری
دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

سال سیزدهم، شماره ۳۸، تابستان ۱۴۰۰

مندرجات

- ۱ ارزیابی شاخص‌های تحمل به شوری برخی از ژنوتیپ‌های کلزا (*Brassica napus L.*)
ایراندخت منصوری، حمید نجفی زرینی، نادعلی بابائیان جلودار و علی پاکدین
- ۱۰ تجزیه ارتباطی صفات آگرومورفولوژیک در لاین‌های ذرت با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون IRAP و REMAP
ساناز خلیفانی، علی غفاری آذر، رضا درویش‌زاده، دانیال کهریزی و هادی علیپور
- ۲۵ بررسی رابطه صفات عملکردی و فیزیولوژیکی با عملکرد ریشه و قند در هیبریدهای چغندر قند در شرایط نرمال و تنش شوری
عبدالمجید خورشید و علی‌اکبر اسدی
- ۳۵ تأثیر کلشی سین بر القاء پلی‌پلوئیدی و خصوصیات مورفوفیزیولوژیکی جمعیت زنیان (*Carum copticum L.*) منطقه جغرافیایی سیستان
راحله اکبری، لیلا فهمیده و بهمن فاضلی‌نسب
- ۴۶ بررسی تنوع مورفولوژیکی و فنولوژیکی برخی از ارقام وارداتی سویا با استفاده از روش تجزیه به عامل‌ها
پرستو مجیدیان، سید علیرضا دلیلی، بهرام مسعودی و حمید صادقی گرماردی
- ۶۰ تجزیه پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های نخود (*Cicer arietinum L.*) با استفاده از روش AMMI
پیام پزشکیپور، رحمت اله کریمی‌زاده، امیر میرزایی و محمد برزعلی
- ۷۱ ارزیابی تحمل به تنش خشکی در لاین‌های جو با استفاده از شاخص‌های تحمل
پروانه اسلامی، ایرج برنوسی، سعید اهری‌زاد و جعفر جعفرزاده
- ۸۴ نقش قارچ اندوفیت *Penicillium chrysogenum* در گیاه گوجه‌فرنگی تحت تنش شوری
سهیلا آقائی درگیری، داود صمصام‌پور، مجید عسکری سیاهویی و عبدالنبی باقری
- ۹۵ ارزیابی تنوع آگرومورفولوژیکی نمونه‌های ژنتیکی بومی لوبیا چشم‌بلبلی
معصومه پوراسماعیل، علی‌اکبر صانعی‌نژاد، علی‌اکبر قنبری و رضا سخاوت
- ۱۰۷ پاسخ گیاهچه‌های هیبرید ذرت به تنش شوری با استفاده از سیستم دفاع آنتی‌اکسیدان بر روی ژل پلی‌آکرلامید
اعظم شکیب آیلار، سلیم فرزانه، سجاد محرم‌نژاد، رئوف سید شریفی و محمد حسن‌زاده
- ۱۱۶ استفاده از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) به منظور گزینش هیبریدهای جدید آفتابگردان با عملکرد بالا و خصوصیات زراعی مطلوب
امیر قلی‌زاده، مهدی غفاری و فرناز شریعتی
- ۱۲۴ غربال ژنوتیپ‌های سویا در مرحله گیاهچه تحت تنش شوری
بهرام مسعودی
- ۱۲۸ اثر غنی‌سازی گندم با استفاده از محلول‌پاشی روی و آهن بر صفات کیفی و کمی در مراحل مختلف رشدی
زهرا ابراهیمی، عباس بیابانی، رحمت اله محمدی، حسین صبوری و علی راحمی‌کاربیزی
- ۱۴۹ ارزیابی پارامترهای ژنتیکی، روابط بین صفات و گروه‌بندی هیبریدهای جدید چغندر قند از لحاظ صفات کمی و کیفی در شرایط آلودگی طبیعی رایبومانیا
مهدی حسنی، حمزه حمزه، حامد منصور، داریوش فتح‌الله طالقانی، علی جلیلیان، جمشید سلطانی ایدلیکی، مستانه شریفی و مژده کاکوئی‌نژاد
- ۱۶۰ بررسی شاخص‌های تحمل به خشکی در لاین‌های لوبیا قرمز
بهروز اسدی و سید محسن سیدی
- ۱۶۹ بررسی بیان برخی از ژن‌های مقاومت به بیماری برق‌زدگی در گیاه نخود زراعی
سمیرا حسینیان، امید سفالیان، ناصر زارع، علیرضا تازی نژاد و مهدی داوری
- ۱۷۹ جزیه مسیر اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و بررسی پایداری عملکرد لاین‌های امیدبخش جو در اقلیم گرم
علی براتی، حسن زالی، ایرج لک‌زاده، شیرعلی کوهکن، جبار جعفری، مهدی جباری، آرش حسین‌پور، اکبر مرزوقیان، احمد قلی‌پور، امید پودینه و معصومه خیرگو
- ۱۹۳ ارزیابی تحمل به تنش خشکی در ارقام و لاین‌های پیشرفته گندم پاییزه
علی‌رضا خانی‌زاده، وراهرام رشیدی، علی‌رضا عیوضی، ابراهیم خلیل‌وند بهروزیار و مهرداد یارنیا
- ۲۱۰ بررسی تأثیر صفات فنولوژیکی و ریخت‌شناسی بر عملکرد دانه اکوتیپ‌های گاودانه با استفاده از تجزیه مسیر و بای‌پلات
محمدرضا دهقانی، سیدرسول صحافی و فائزه حسن‌پور
- ۲۲۲ ارزیابی تنوع درون واریته‌ای و پیشرفت اصلاحی حاصل از سلکسیون پدیگری - ماسال در پنبه رقم لطیف (*Gossypium hirsutum L.*)
عمران عالی‌شاه

پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

سال سیزدهم / شماره ۳۸
تابستان ۱۴۰۰

اسامی داوران مقالات در این شماره:

- دکتر لیلا آهنگر
استادیار دانشگاه گنبد کاووس
- دکتر عماد افخمی
پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری طبرستان
- دکتر نادعلی باقری
استادیار دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
- دکتر امین باقی‌زاده
دانشیار دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته کرمان
- دکتر علی پاکدین
استادیار پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان
- دکتر مسعود توحیدفر
دانشیار دانشگاه شهید بهشتی
- دکتر مسعود دهداری
دانشیار دانشگاه یاسوج
- دکتر محمدرضا راحمی
پژوهشگاه علوم و فنون هسته‌ای
- دکتر ولی‌الله رامنه
دانشیار مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی مازندران
- دکتر مهدی رحیمی
استادیار دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته کرمان
- دکتر غلامعلی رنجبر
دانشیار دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
- دکتر علیرضا رهی
دکتری اصلاح نباتات
- دکتر زینل زاده تیریزی
استادیار، سازمان تحقیقات، ترویج و آموزش کشاورزی، اردبیل (مغان)، ایران
- دکتر حبیب‌الله سوقی
استادیار بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان
- دکتر پیمان شریفی
استادیار دانشگاه آزاد اسلامی واحد رشت
- دکتر عمران عالیشاه
دانشیار مؤسسه تحقیقات پنبه کشور
- دکتر علی اکبر عبادی
استادیار مؤسسه تحقیقات برنج کشور
- دکتر فرهاد عزیزی
استادیار مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر
- دکتر محمدحسین فتوکیان
دانشیار دانشگاه شاهد
- دکتر لیلا فهمیده
دانشیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، ایران
- دکتر محسن فتحی سعدآبادی
استادیار مؤسسه تحقیقات پنبه کشور
- دکتر ولی‌الله قاسمی عمران
استادیار پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان
- دکتر امیرقلی‌زاده
استادیار بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان
- دکتر سید کمال کاظمی تبار
دانشیار دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
- دکتر کاوه لیموچی
دکتری باشگاه پژوهشگران جوان و نخبگان، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد دزفول
- دکتر مژگان مسچی باهوش
دکتری اصلاح نباتات
- دکتر پرستو مجیدیان
استادیار مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی مازندران
- دکتر سجاد محرم‌نژاد
استادیار پژوهشی سازمان تحقیقات، ترویج و آموزش کشاورزی استان اردبیل (مغان)
- دکتر اسد معصومی اصل
دانشیار دانشگاه یاسوج
- دکتر موسی‌الرضا وفایی تبار
استادیار مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان تهران
- دکتر آمنه سادات هاشمی
استادیار دانشگاه جامع علمی کاربردی استان مازندران

پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

صاحب امتیاز: معاونت پژوهش و فناوری دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

مدیر مسوول: قربانعلی نعمت‌زاده

سردبیر: غلامعلی رنجبر

مدیر اجرایی مجلات علمی - پژوهشی دانشگاه: رحمت عباسی

هیئت تحریریه:

- ارزانی، احمد
 - امید، منصور
 - بابائیان جلودار، نادعلی
 - باقری، عبدالرضا
 - ربیعی، بابک
 - رنجبر، غلامعلی
 - شاه نجات بوشهری، علی‌اکبر
 - کاظمی تبار، سید کمال
 - نعمت‌زاده، قربانعلی
- استاد، دانشگاه صنعتی اصفهان
استاد، دانشگاه تهران
استاد، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
استاد، دانشگاه فردوسی مشهد
استاد، دانشگاه گیلان
دانشیار، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
استاد، دانشگاه تهران
دانشیار، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
استاد، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

ویراستار علمی: غلامعلی رنجبر

صفحه آرایی: دفتر پژوهشنامه - فاطمه اسماعیلی

تیراژ: ۱۰۰ نسخه

قیمت: ۱۰۰۰۰۰ ریال

نشانی: ساری، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی، ص - پ ۵۷۸

تلفن و دورنگار: ۰۱۱-۳۳۶۸۷۴۳۷

پست الکترونیکی: journal@sanru.ac.ir

آدرس پایگاه: http://jcb.sanru.ac.ir

این نشریه دارای مجوز انتشار از وزارت فرهنگ و ارشاد اسلامی به شماره ۸۶۰۲۱ تاریخ ۱۳۹۸/۱۰/۲ است.
این پژوهشنامه مسوول آرا و نظریات مندرج در مقالات نیست.
مقالات دریافت شده برگردانده نمی‌شود.

پژوهشنامه در ویرایش علمی و ادبی مطالب آزاد است.

به نام خدا

راهنمای نگارش و تدوین مقالات در

پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

۱- اهداف

(۱) اشاعه و نشر نتایج تحقیقات و پژوهش‌های انجام شده در زمینه اصلاح گیاهان زراعی، (۲) کمک به توسعه و اعتلای دانش در زمینه اصلاح گیاهان زراعی و (۳) فراهم نمودن زمینه مناسب تبادل افکار و اطلاعات بین مراکز دانشگاهی و تحقیقاتی کشور در زمینه اصلاح گیاهان زراعی.

۲- موضوع مقالات

اصلاح نباتات، اصلاح برای تنش‌های زنده و غیرزنده محیطی، اصلاح موتاسیونی، اصلاح نباتات مولکولی و بیوتکنولوژی گیاهی و سایر موضوعات وابسته به اصلاح گیاهان زراعی.

۳- شرایط بررسی مقالات

این نشریه مقالات دریافتی با ویژگی‌های زیر را برای چاپ مورد بررسی قرار می‌دهد:

- در راستای موضوعات تعیین شده بالا باشد.
- حاصل مطالعات، تجربه‌ها و پژوهش‌های نویسنده(گان) باشد.
- نتیجه مرور گسترده و تحلیل یافته‌های پیشین باشد.
- مقاله قبلاً در نشریه دیگری چاپ نشده و یا زیر چاپ نباشد. حق چاپ پس از پذیرش مقاله برای نشریه محفوظ است و نویسنده(گان) نباید مقالات خود را به مجلات علمی-پژوهشی یا ترویجی دیگری (چه به زبان فارسی یا سایر زبان‌ها) ارسال نمایند.
- مقاله‌های ارسالی مطابق با راهنمای نگارش مجله آماده شده باشد. در صورت عدم رعایت راهنمای نگارش مقاله به داوران جهت ارزیابی علمی ارسال نخواهد شد.

۴- راهنمای نگارش

هیأت تحریریه پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی، رعایت دقیق دستورالعمل زیر را به عنوان شرایط پذیرش مقاله ضروری می‌داند:

بخش‌های مختلف مقاله به ترتیب شامل ۱- عنوان، ۲- چکیده فارسی، ۳- واژه‌های کلیدی، ۴- مقدمه، ۵- مواد و روش‌ها، ۶- نتایج و بحث، ۷- تشکر و قدردانی، ۸- منابع و ۹- چکیده به زبان انگلیسی می‌باشد.

۱- عنوان

عنوان مقاله باید خلاصه و گویا بوده و از ۲۵ کلمه تجاوز نکند.

۲- چکیده

چکیده فارسی و انگلیسی مجموعه فشرده و گویایی از مقاله با تأکید بر هدف، روش تحقیق و نتایج بوده و در یک پاراگراف پیوسته و حداکثر ۳۰۰ کلمه باشد. چکیده انگلیسی برگردان جامعی از چکیده فارسی باشد.

۳- واژه‌های کلیدی

واژه‌های کلیدی شامل حداقل پنج و حداکثر هشت کلمه مجزا درباره موضوع پژوهش بوده که در صورت امکان شامل کلمات موجود در عنوان نباشد. واژه‌های کلیدی انگلیسی در زیر چکیده انگلیسی و به ترتیب الفبایی معادل واژه‌های کلیدی فارسی آورده شود.

۴- مقدمه

مقدمه در برگیرنده بیان مسأله، معرفی و ضرورت تحقیق و اشاره به پژوهش‌های پیشین باشد و در آخر آن در یک جمله یا پاراگراف به هدف یا اهداف پژوهش انجام شده، اشاره شود.

۵- مواد و روش‌ها

به شرح کامل منطقه، محل و زمان اجراء، روش‌های نمونه‌گیری، مواد و وسایل بکار رفته، طرح آزمایش و روش‌های اندازه‌گیری و تجزیه و تحلیل آماری پرداخته شود.

۴-۶- نتایج و بحث

تمام نتایج کمی و کیفی تحقیق با استناد به جدول و شکل (منحنی، نمودار، تصویر یا عکس، نقشه) در این بخش ارائه شود. در همین قسمت نتایج به دست آمده با توجه به اهداف تحقیق و یافته‌های دیگران مورد بحث قرار گیرد. توصیه و پیشنهادهای تحقیقاتی نیز در این بخش گنجانده شود.

۴-۷- تشکر و قدردانی

نویسنده(گان) مقاله می‌توانند در این بخش از تأمین‌کنندگان بودجه و کمک‌کنندگان به انجام تحقیق سپاسگزاری نمایند (این بخش اختیاری است).

۴-۸- منابع

منابع مورد استفاده به صورت لاتین و به ترتیب حروف الفبای نام خانوادگی اولین نویسنده شماره‌گذاری شده و در انتهای مقاله آورده شود.

در صورت وجود چند نویسنده، پس از نوشتن نام خانوادگی و حرف اول نام نویسنده اول، برای سایر نویسندگان ابتدا حرف اول نام و سپس نام خانوادگی هر یک از آنان آورده شود.

به نام کامل مجلات اشاره شود. همچنین حرف اول هر کلمه در نام مجله به صورت بزرگ (Capital) باشد.

مکان مناسب نقطه، ویرگول، دو نقطه و فاصله مانند مثال‌های زیر مورد توجه قرار گیرد.

تنها حرف اول نخستین کلمه در عنوان منابع به صورت حرف بزرگ (Capital) باشد.

در متن مقاله، منابع مورد استفاده با ذکر شماره در داخل پرانتز معرفی شوند. بین شماره‌های منابع فاصله نباشد و فقط از ویرگول استفاده شود (۴،۲،۱۸).

به هنگام استناد به نام نویسنده(گان) در متن مقاله، شماره منبع در داخل پرانتز جلو نام نویسنده(گان) آورده شود و از اشاره به سال خودداری شود (ابراهیمی و همکاران (۴) در تحقیقی دریافتند که ...)

اگر نویسندگان منابع مورد استناد بیش از دو نفر باشند، در متن نام خانوادگی نویسنده اول را آورده و از کلمه "و همکاران" استفاده شود.

برای کتاب‌های ترجمه شده، نوشتن منبع بر اساس نام خانوادگی و نام مترجمین باشد.

در مورد کتاب به ترتیب: مؤلفین (مترجمین)، سال انتشار، عنوان کامل کتاب، شماره جلد، شماره ویرایش، ناشر، شهر و کشور ناشر و تعداد صفحات کتاب Taiz, L. and E. Zeiger. 2010. Plant Physiology. 5th edn. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, Massachusetts, USA, 782 pp.

۱- اگر فصلی از کتاب ویراستاری شده مورد استفاده قرار گرفت به ترتیب: نویسنده(گان) فصل، سال انتشار کتاب، عنوان فصل، رجوع به کتاب اصلی با کلمه: in؛ ویراستار (ویراستاران) کتاب با ed. یا eds. داخل پرانتز، عنوان کتاب، شماره صفحات فصل، ناشر، شهر و کشور ناشر.

Franklin, C.I. and R.A. Dixon. 1994. Initiation and maintenance of callus and cell suspension cultures. In: Dixon, R.A. and R.A. Gonzales (eds.) Plant cell culture, a practical approach. 1-25 pp., Oxford University Press, Oxford, UK.

در مورد مقاله به ترتیب: نویسنده(گان)، سال انتشار مقاله، عنوان مقاله، عنوان مجله، شماره جلد، شماره مجله در داخل پرانتز و اولین و آخرین صفحات مقاله در مجله.

Ratnayaka, H.H., W.T. Molin and T.M. Sterling. 2003. Physiological and antioxidant responses of cotton and spurred anoda under interference and mild drought. Journal of Experimental Botany, 54(391): 2293-2305.

در مورد مقالات کنفرانسی به ترتیب: نویسنده(گان)، سال انتشار، عنوان مقاله، عنوان کنفرانس، شماره صفحات، محل (شهر و کشور) برگزاری.

Clarke, H.J., F. Shan, G. Yan, J. Plummer and K. Siddique. 2002. Genetic diversity of chickpea and its wild relatives:

عناوین فارسی شکل‌ها با اندازه قلم 2 Mitra 11 و عناوین انگلیسی شکل‌ها با اندازه قلم 9 Times New Roman در پائین آنها ذکر شود. ذکر واحد (در سیستم متریک) و مقیاس برای جداول و شکل‌ها به زبان فارسی و انگلیسی ضروری است. جداول به صورت باز (تنها خطوط بالا و پایین آشکار باشند) طراحی شده و برای شکل‌ها کادر اطراف آن آورده نشود. تأکید می‌شود که مقیاس‌های عددی در محور افقی و عمودی شکل‌ها انگلیسی باشند.

– نام علمی گیاهان یا جانوران هم در متن و هم در منابع به صورت مورب (ایتالیک) باشد.

– معادل انگلیسی کلمات تخصصی به صورت زیرنویس در هر صفحه آورده شود.

۵- ارسال مقاله

– مقاله باید در دو نسخه مجزا یکی با نام نویسنده(گان) و دیگری بدون نام نویسنده(گان) از طریق پایگاه اینترنتی نشریه (<http://jcb.sanru.ac.ir>) ارسال شود. برای ارسال مقاله نخست فرم ثبت‌نام پایگاه تکمیل و سپس به بخش ارسال مقاله مراجعه گردد. همچنین فرم تعهده‌نامه را از سایت مجله دریافت و نسبت به تکمیل و ارسال آن اقدام فرمایید.

– ثبت نام و ارسال مقاله باید توسط مسوول مکاتبه مقاله انجام شود. مجله فقط به مسوول مکاتبه پاسخگو خواهد بود.

– مشخصات مقاله شامل عنوان مقاله، نام نویسنده(گان)، مرتبه علمی و وابستگی سازمانی آنها به همراه پست الکترونیکی و شماره تماس نویسنده مسوول باشد.

– پس از ارسال مقاله به مجله هر گونه تغییر در تعداد نویسندگان آن باید توسط نویسنده مسوول کتباً به مجله اعلام شود.

– مقالات دریافت شده ابتدا توسط هیأت تحریریه مورد بررسی کمی و کیفی قرار می‌گیرد و در صورتی که مناسب تشخیص داده شود (به شرط رعایت نکاتی که در این راهنمای نگارش آمده است)، برای ارزیابی به حداقل سه نفر از داوران صاحب‌نظر و ناشناس برای نویسنده(گان) در رشته مربوطه ارسال می‌شود.

– پذیرش و چاپ مقاله منوط به انجام تمام ویرایش‌های خواسته شده از طرف دفتر مجله می‌باشد.

۶- هزینه چاپ

– صدور نامه پذیرش نهایی مقاله و چاپ آن منوط به واریز مبلغ یک میلیون ریال (۱۰۰۰۰۰۰ ریال) از طریق سامانه پرداخت الکترونیکی مجله به شماره حساب ۸۳۲۸۷ نزد بانک تجارت شعبه بلوار خزر ساری (کد شعبه ۹۶۸۰) بنام حساب درآمد پژوهشی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری و ارسال کد رهگیری دریافتی از سامانه به آدرس ایمیل مجله (journal_sanru@yahoo.com) می‌باشد.

۷- اشتراک مجله

بهای اشتراک یک ساله جهت چهار شماره از مجله با احتساب هزینه پستی ۴۰۰۰۰۰ ریال می‌باشد. وجه اشتراک را به شماره حساب اشاره شده در بالا واریز و فیش واریزی را به آدرس ایمیل مجله که در بند شش ذکر شده است، ارسال نمایید.

the potential of DNA profiles. 12th Australasian Plant Breeding Conference, 204-206 pp., Perth, Australia.

– در مورد پایان نامه به ترتیب: نویسنده، سال، عنوان، مقطع پایان نامه (B.Sc., M.Sc., Ph.D.)، دانشگاه، شهر، کشور، تعداد صفحات.

Palanivel S. 1998. *In vitro* studies on groundnut (*Arachis hypogaea* L.) for crop improvement. PhD Thesis, Bharathidasan University, Tiruchirappalli, India. 156 pp.

– تمام منابعی که به فارسی چاپ شده‌اند با نوشتن (In Persian) در انتها از منابع غیر فارسی متمایز شوند.

Hatami, R., G.A. Ranjbar and S.K. Kazemitabar. 2011. Effect of medium type and hormonal compositions on callus induction, plantlet regeneration and rooting of Sesame (*Sesamum indicum* L.) cultivars. Journal of Crop Breeding, 3(8): 15-29. (In Persian)

– برای منابعی که توسط مؤسسه یا سازمان بدون ذکر نام افراد به چاپ رسیده می‌توان نام مؤسسه یا سازمان در ابتدا آورده شود یا این که از کلمه بی‌نام (Anonymous) استفاده شود.

– برای منابع اینترنتی آدرس کامل اینترنتی آن در انتهای منبع آورده شود.

– در صورت استفاده از منابعی که زیر چاپ هستند پس از نام نویسنده(گان) در داخل پرانتز از (in press) استفاده شود.

۴-۹- شیوه نگارش

– مقاله حداکثر در ۱۲ صفحه با یک خط فاصله (یک سانتی‌متر) به صورت دو ستونه (روزنامه‌ای با پهنای هر ستون هفت سانتی‌متر) و حاشیه سه سانتی‌متر در نرم افزار Word 2007 آماده شود. قلم 2 Mitra 12 برای متن فارسی و برای کلمات انگلیسی داخل متن از قلم Times New Roman 10 استفاده گردد.

– برای سایر بخش‌های مقاله نوع و اندازه قلم‌های زیر استفاده شود: (۱) عنوان فارسی 2 Mitra 14 و برجسته (Bold)، (۲) نام نویسنده(گان) 2 Mitra 11 و برجسته (Bold)، (۳) وابستگی سازمانی نویسنده(گان) 2 Mitra 9، (۴) متن چکیده فارسی 2 Mitra 10 و برجسته (Bold) و کلمات انگلیسی داخل متن چکیده Times New Roman 8 و برجسته (Bold)، (۵) سرتیتر بخش‌ها 2 Mitra 12 و برجسته (Bold) و زیر تیتر هر بخش 2 Mitra 11 و برجسته (Bold) که شماره‌گذاری نشده باشد، (۶) متن چکیده فارسی 2 Mitra 12 و کلمات انگلیسی داخل متن Times New Roman 10، (۷) در بخش چکیده انگلیسی عنوان مقاله Times New Roman 12 و برجسته (Bold)، اسامی نویسنده(گان) Times New Roman 11 و برجسته (Bold)، وابستگی سازمانی افراد Times New Roman 10، متن چکیده انگلیسی Times New Roman 11، تیتر چکیده و واژه‌های کلیدی Times New Roman 11 و برجسته (Bold).

– جداول و شکل‌ها بعد از توضیحات مربوطه بصورت غیرستونی در متن آورده شود و عناوین فارسی جداول با اندازه قلم 2 Mitra 11 در بالای آنها و عناوین انگلیسی جداول با اندازه قلم 9 Times New Roman و هم چنین



"مقاله پژوهشی"

ارزیابی شاخص‌های تحمل به شوری برخی از ژنوتیپ‌های کلزا (*Brassica napus* L.)

ایراندخت منصوری^۱، حمید نجفی زرنی^۲، نادعلی بابائیان جلودار^۳ و علی پاکدین^۴

۱- دانشجوی دکتری، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، (نویسنده مسوول: iranmansoori@yahoo.com)

۲ و ۳- دانشیار و استاد، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

۴- استادیار پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۷/۲ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۲/۲۱

صفحه: ۱ تا ۹

چکیده

تنش شوری از مهم‌ترین عوامل محدودکننده رشد و تولید گیاهان زراعی است. به منظور ارزیابی تحمل به تنش شوری ژنوتیپ‌های کلزا و شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل از طریق شاخص‌های تحمل تنش شوری، آزمایشی به صورت فاکتوریل بر پایه طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری انجام شد. فاکتورها شامل: ۳۰ ژنوتیپ کلزا و شوری در دو سطح صفر و ۱۲ دسی زیمنس بر متر از منبع کلرور سدیم (NaCl) بود. از بین ۳۰ ژنوتیپ مورد بررسی، ژنوتیپ‌های *Wesroona*، *Hyola 401*، *Ziho*، *Kunto*، *Jef Neuf*، *Alk* با توجه به دارا بودن مقادیر بالاتری از شاخص‌های تحمل و عملکرد بالاتر در شرایط نرمال و تنش به‌عنوان ژنوتیپ‌های متحمل و ژنوتیپ‌های *Lisandra*، *Starlight*، *Askaria*، *Burosemjanaja*، *Niro1*، *Sarigol* و *Niro2* به‌عنوان ژنوتیپ‌های حساس در نظر گرفته شدند. علاوه بر این، تجزیه بای‌پلات و تجزیه کلاستر نیز تاییدکننده نتایج فوق بود و در تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌ها به سه گروه تقسیم شدند. نتایج این پژوهش نشان می‌دهد که شاخص تحمل به تنش (STI)، میانگین حسابی بهره‌وری (MP) و میانگین هندسی بهره‌وری (GMP)، شاخص عملکرد (YI) و شاخص میانگین هارمونیک (HM) در انتخاب ژنوتیپ‌های متحمل موثر می‌باشند و شاخص تحمل به تنش (STI) از سایر شاخص‌ها موثرتر است.

واژه‌های کلیدی: شاخص تحمل، شاخص عملکرد، شوری، کلزا، میانگین حسابی

مقدمه

تنش‌های محیطی از جمله شوری همواره عامل کاهش کمیت و کیفیت محصولات زراعی بوده‌اند که این تغییرات در گونه‌های مختلف گیاهی و حتی وارته‌های مختلف، متفاوت است (۲). از آنجایی که بیشتر محصولات زراعی حساس به تنش شوری هستند، بنابراین امروزه شوری یک خطر جدی برای کشاورزی محسوب می‌شود (۸، ۲۰، ۱۰). مطالعات شوری نشان می‌دهد که بالا بودن غلظت نمک در محلول خاک، عملکرد گیاهان زراعی را به‌شدت کاهش می‌دهد (۱۶، ۲۰، ۳۲، ۳۵).

شور شدن خاک پدیده‌ای پیش‌رونده محسوب می‌شود به‌گونه‌ای که در دنیا حدود ۱۱ درصد از اراضی فاریاب تحت‌تأثیر درجات مختلفی از شوری قرار دارد (۹). کشت و کار در مناطق با خاک‌های شور مستلزم به‌کار بستن روش‌ها و اقدامات خاص است که در آن تراز مناسبی برای آب و املاح در نظر گرفته می‌شود تا کشاورزی به‌طور دائم بدون محدودیت و کاهش محصول امکان‌پذیر گردد (۱۶، ۳۱). لذا لازم است عوامل تحمل به شوری و اجزاء تنظیم‌کننده آنها در طی تنش شناسایی شود (۲۱، ۲۴). یکی از راه‌های اصلی برای تامین این هدف شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل به شوری است (۳۴، ۱۸). دانه‌های روغنی از مهم‌ترین محصولات کشاورزی هستند که از نظر اهمیت در ردیف دوم تولیدات کشاورزی جهان قرار می‌گیرند (۳۰، ۲۷، ۳۴). برای افزایش تولید دانه‌های روغنی در چند سال اخیر توجه خاصی به گیاه کلزا شده است.

تحقیقات نشان می‌دهد کلزا یکی از محصولات نسبتاً مقاوم به تنش خشکی و شوری است (۲۱، ۲۲، ۳۲). براساس تقسیم‌بندی آگراوال و همکاران (۱) کلزا در گروه گیاهان زراعی متحمل به شوری قرار دارد. سطح آستانه شوری برای آن ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر است و در شوری خاک ۱۴ دسی‌زیمنس بر متر دچار ۵۰ درصد افت عملکرد می‌گردد (۲۵). از ویژگی‌های خاص گیاه کلزا سازگاری آن با شرایط آب و هوایی اکثر نقاط کشور است که سبب شده است که توسعه کشت این گیاه به‌عنوان نقطه امید جهت تامین روغن گیاهی مورد نیاز کشور به‌شمار رود (۱۳، ۱۵، ۱۹، ۲۲، ۲۶).

هدف از شناسایی ارقام متحمل به شوری، معرفی ارقامی است که به‌طور نسبی در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌ها تنش را بهتر تحمل کنند و در شرایط یکسان، افت عملکرد کمتری داشته باشند (۴، ۵). شاخص‌های متفاوتی برای ارزیابی واکنش ژنوتیپ‌ها در شرایط محیطی مختلف و تعیین تحمل و حساسیت آنها ارائه شده است (۲۸، ۲۳). حسین و همکاران (۱۶) و فیشر و مورر (۱۱) شاخص تحمل TOL و شاخص متوسط بهره‌وری MP را معرفی کردند. مقدار زیاد TOL نشان‌دهنده حساسیت ژنوتیپ به تنش است، بنابراین انتخاب ژنوتیپ‌های متحمل به تنش براساس مقادیر کم TOL است (۳، ۱۱). فیشر و مورر (۱۱) شاخص حساسیت به تنش SSI را معرفی کردند که مقدار کمتر SSI نشان‌دهنده تغییرات کمی عملکرد یک ژنوتیپ در شرایط تنش و بدون تنش است، به‌عبارت دیگر با استفاده از این شاخص می‌توان، ژنوتیپ‌های حساس و متحمل را بدون توجه به پتانسیل عملکرد آنها

هدف از انجام این پژوهش ارزیابی تحمل به تنش شوری ژنوتیپ‌های کلزا و شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل از طریق شاخص‌های تحمل تنش و نیز محاسبه همبستگی بین شاخص‌های تحمل به تنش و نیز گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از نظر شاخص‌های محاسبه شده می‌باشد.

مواد و روش‌ها

به منظور ارزیابی تحمل به تنش شوری ژنوتیپ‌های کلزا و شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل از طریق شاخص‌های تحمل تنش شوری، آزمایشی در دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری در سال زراعی ۱۳۹۶-۱۳۹۵ و در داخل گلدان انجام شد. مواد گیاهی شامل ۳۰ ژنوتیپ کلزا بود که از مرکز توسعه کشت دانه‌های روغنی در ساری تهیه گردید (جدول ۱).

مشخص کرد (۱۲). استفاده از شاخص بهره‌وری متوسط MP که مقادیر زیاد آن نشان‌دهنده تحمل نسبی به تنش است، اغلب به گزینش ژنوتیپ‌های با عملکرد زیاد در شرایط عادی، ولی کم تحمل به شرایط تنش منجر می‌شود (۲۳،۴). طبق نظر اکثر پژوهش‌گران بهترین شاخص برای گزینش ژنوتیپ‌ها، شاخص تحمل به تنش (STI) است، زیرا قادر است ژنوتیپ‌هایی را که در هر دو محیط تنش و بدون تنش عملکرد زیادی دارند از ژنوتیپ‌هایی که فقط در محیط تنش یا فقط در شرایط عدم تنش عملکرد زیادی دارند، تفکیک کند (۱۲). نتایج آماری مربوط به شاخص‌های تحمل تنش دارای اهمیت بالایی است. زیرا جهت محاسبه آن‌ها، شرایط تنش و عدم تنش به‌طور همزمان در نظر گرفته می‌شوند (۲۵،۵).

جدول ۱- اطلاعات ژنوتیپ‌های مورد بررسی

Table 1. Information about the studied genotypes

شماره	کد بذر	نام	منشا	شماره	کد بذر	نام	منشا
۱	ARCB212	Falo	هلند	۱۶	ARCB148	Alaska	آلمان
۲	ARCB145	Lb1434	آلمان	۱۷	ARCB196	Gulliver	سوئد
۳	ARCB215	Hyola	سوئد	۱۸	ARCB173	Sombuck	آلمان
۴	ARCB104	Wesroona	آلمان	۱۹	ARCB222	Somalia arisa	آلمان
۵	ARCB136	Burosemjanaja	آلمان	۲۰	ARCB146	Ib1635	آلمان
۶	ARCB100	Bronowski	آلمان	۲۱	ARCB185	Topas	سوئد
۷	ARCB197	Alku	سوئد	۲۲	ARCB190	Kunto	سوئد
۸	ARCB119	Lisandra	سوئد	۲۳	ARCB160	Niro1	آلمان
۹	ARCB101	Jef Neuf	سوئد	۲۴	ARCB223	Savalot	هلند
۱۰	ARCB761	Sarigol	سوئد	۲۵	ARCB123	Askaria	آلمان
۱۱	ARCB147	Lb1632	آلمان	۲۶	ARCB162	Niro9	آلمان
۱۲	ARCB763	Record	آلمان	۲۷	ARCB125	Ziho	آلمان
۱۳	ARCB762	Option	آلمان	۲۸	ARCB759	RGS003	آلمان
۱۴	ARCB193	Starlight	سوئد	۲۹	ARCB152	Niro2	آلمان
۱۵	ARCB195	Regina	سوئد	۳۰	ARCB112	Kintol	آلمان

شوری در اوایل گلدهی صورت گرفت. برای جلوگیری از دست رفتن آب از زیر گلدانی استفاده شد و تا پایان فصل رشد، محلول نشست کرده در زیر گلدانی، مجدداً به گلدان‌ها برگردانده شد. در هفته اول گلدهی میزان سدیم و پتاسیم (میلی‌گرم در گرم) و گوگرد در برگ گیاه (میلی‌گرم بر کیلوگرم)، اندازه‌گیری شد.

برای محاسبه عملکرد کلزا، در مرحله رسیدگی فیزیولوژیکی دو بوته کلزا موجود در هر گلدان از سطح خاک قطع گردید و سپس بذور کلزا جدا گردیده و توزین شد و عملکرد بوته محاسبه گردید. نحوه محاسبه شاخص‌های تحمل به تنش به شرح زیر بود:

شاخص حساسیت به شوری (SSI) برای عملکرد دانه (۱۱):

$$SSI=1-(Y_s/Y_p)/SI$$

شاخص تحمل به تنش شوری (STI) برای عملکرد دانه هر ژنوتیپ (۱۱)

$$STI= Y_p-Y_s/(\bar{Y}_p)^2$$

شاخص تحمل (۱۷)

$$TOL= Y_p-Y_s$$

میانگین حسابی بهره‌وری یا متوسط عملکرد در هر دو شرایط (۱۷)

$$MP= Y_p+Y_s/2$$

آزمایش به‌صورت فاکتوریل بر پایه طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار انجام شد. فاکتورها شامل: ۳۰ ژنوتیپ کلزا و شوری در دو سطح صفر و ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر از منبع کلرور سدیم (NaCl) بود. برای تهیه این سطح شوری مقدار ۷/۰۳ گرم نمک طعام در یک لیتر آب حل گردید.

برای کاشت کلزا از گلدان‌های پلاستیکی به قطر ۳۰ و ارتفاع ۳۵ سانتی‌متر استفاده شد برای اینکه زهکشی با سهولت بیشتری انجام شود در کف تمام گلدان‌ها یک لایه شن ریز به‌عنوان فیلتر قرار داده شد. گلدان‌ها با ۵ کیلوگرم خاکی که از الک یک میلی‌متری عبور داده شده بود پر گردید و مقادیر معادل ۳۰۰ کیلوگرم کود اوره در هکتار در سه مرحله (یک سوم هنگام کاشت، یک سوم هنگام ریزش و یک سوم باقی‌مانده قبل از گلدهی) و ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار سولفات پتاسیم و ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار سوپر فسفات تریپل در هنگام کاشت به‌عنوان کود پایه اضافه شد.

بذور ژنوتیپ‌های مورد آزمایش، ضدعفونی شده با هیپوکلرید سدیم ۰/۵ درصد در گلدان‌ها کشت شد. تعداد ۱۰ عدد بذر در عمق ۱/۵ سانتی‌متر در هر گلدان کاشته شد. پس از استقرار کامل گیاهچه‌ها در مرحله چهاربرگی، ۲ بوته در هر گلدان حفظ و مابقی حذف شدند. در طول دوره رشد آبیاری هفتگی بسته به میزان رطوبت بستر انجام شد. اعمال تیمار

برخوردار است که با تحقیقات رامعه (۲۵) و شمس‌الدین سعید و فرحبخش (۲۹) نیز مطابقت دارد.

در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی، بیشترین میزان شاخص حساسیت به تنش (SSI)، مربوط به ژنوتیپ‌های شماره ۵، ۸، ۹، ۱۰، ۱۱، ۱۴، ۱۵، ۱۸، ۱۹ و ۲۳ بود. از نظر شاخص تحمل (TOL)، نیز ژنوتیپ‌های ۴، ۱۱، ۱۵، ۱۸، ۲۲، ۲۷ و ۲۸ از پایداری عملکرد نسبی بیشتری برخوردار بودند. بیشترین میزان میانگین حسابی بهره‌وری (MP)، میانگین هندسی بهره‌وری (GMP) نیز مربوط به ژنوتیپ‌های ۴، ۹، ۱۱، ۲۲، ۲۷ و ۲۸ بود.

تحقیقات انوار و همکاران (۴) در گندم، طاهری پور فرد و همکاران (۳۳) در جو و آنافلی و همکاران (۳) در کلزا نشان داد که شاخص‌های GMP، STI و MP نسبت به شاخص‌های YSI، SSI و TOL قدرت بهتری در گزینش ارقام در شرایط تنش و نرمال دارند. مقادیر بالای شاخص‌های STI، GMP، MP و HM در گیاهچه‌های برنج هفت روزه مقاوم به تنش شوری (۱۶) و نیز در ژنوتیپ‌های مقاوم به شوری برنج در مرحله گیاهچه‌ای گزارش و بر همستگی بالای این شاخص‌ها با یکدیگر و با Y_p و Y_s تاکید شده است (۲۱).

بالاترین میزان YSI در ژنوتیپ‌های ۷ و ۱۶ و بیشترین میزان Y_i در ژنوتیپ‌های ۷، ۱۷، ۲۲ و ۲۷ مشاهده شد. بالاترین میزان عملکرد در شرایط نرمال (Y_p) در ژنوتیپ‌های ۱۱، ۱۵، ۱۸، ۲۲، ۲۷، ۲۸ و ۳۰ و کمترین در ژنوتیپ‌های ۲۳، ۱۹، ۱۰، ۲۵، ۲۹ مشاهده شد.

بالاترین میزان عملکرد در شرایط شوری (Y_s) در ژنوتیپ ۲۲ و کمترین در ژنوتیپ‌های ۵، ۸، ۱۰، ۲۴، ۱۹، ۲۳ و ۲۹ بود. طبق نتایج، ژنوتیپ ۲۲ در هر دو شرایط شوری و نرمال دارای ثبات عملکرد بوده و بیشترین عملکرد را در هر دو شرایط نشان داد و ژنوتیپ‌های ۲۳ و ۲۹ کمترین عملکرد را در هر دو شرایط نشان دادند.

فرناندز (۱۲) ژنوتیپ‌ها را بر اساس عملکرد در شرایط تنش و بدون تنش به چهار گروه: A (عملکرد بالا در هر دو محیط)، B (عملکرد خوب فقط در شرایط بدون تنش)، C (عملکرد خوب فقط در شرایط تنش)، D (عملکرد ضعیف در هر دو محیط) تقسیم کرد. بر این اساس ژنوتیپ‌های ۴، ۱۱، ۷، ۲۲، ۲۷ و ۲۸ در گروه A و ژنوتیپ‌های ۳، ۵، ۹، ۱۰، ۱۵، ۲۵، ۲۶، ۳۰، ۱۸، ۱۵، ۱۲، ۱۳، ۱۴ و ۲۱ در گروه B و ژنوتیپ‌های ۱۷، ۱۶، ۲۰ و ۲۴ در گروه C و ژنوتیپ‌های ۱۰، ۱۹، ۲۳، ۲۵ و ۲۹ در گروه D قرار می‌گیرند.

میانگین هندسی بهره‌وری (۱۲)

$$MP = \sqrt{Y_p \times Y_s}$$

شاخص عملکرد (۱۴)

$$Y_i = \frac{Y_s}{Y_p}$$

شاخص پایداری عملکرد (۷)

$$YSI = \frac{Y_s}{Y_p}$$

در این معادلات Y_s عملکرد ژنوتیپ تحت تنش شوری، Y_p عملکرد ژنوتیپ تحت شرایط نرمال، \bar{Y}_s میانگین عملکرد ژنوتیپ تحت تنش شوری و \bar{Y}_p میانگین عملکرد ژنوتیپ تحت شرایط نرمال می‌باشد.

تجزیه‌های آماری شامل همبستگی پیرسون، به‌منظور بررسی ارتباط بین عملکرد با صفات موثر و مرتبط با تنش شوری و مقایسه آنها در شرایط نرمال و شوری، تجزیه به مولفه‌های اصلی و بای‌پلات، جهت کاهش حجم متغیرهای اولیه، توصیف و تشریح تنوع کل موجود در یک جامعه، تفسیر بهتر روابط و تعیین سهم صفات در تنوع کل و جهت تعیین الگوی تنوع ژنتیکی، و تجزیه خوشه‌ای جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و تعیین فاصله ژنتیکی بین آنها، با استفاده از نرم‌افزار XLSTAT نسخه ۲۰۱۷ انجام شد. تجزیه خوشه‌ای به‌روش حداقل واریانس وارد صورت گرفت.

نتایج و بحث

در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی، محاسبه شاخص تحمل به تنش (STI)، برای ژنوتیپ‌ها به ترتیب بیانگر تحمل بیشتر ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۲۲، ۲۷ و ۲۸ در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌ها بود. ژنوتیپ‌های ذکر شده ضمن احراز بالاترین مقادیر STI در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، از نظر میانگین عملکرد در شرایط تنش و در شرایط نرمال نیز از عملکرد بالایی برخوردار بودند. از طرفی، ژنوتیپ‌های شماره ۲، ۵، ۱۰، ۱۱، ۱۵، ۱۹، ۲۳، ۲۵ و ۲۹ نیز بر اساس این شاخص به‌عنوان حساس‌ترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند. این ژنوتیپ‌ها از نظر میانگین عملکرد در شرایط نرمال و تنش در گروه ژنوتیپ‌های کم محصول قرار داشتند و کمترین میزان عملکرد در هر دو شرایط محیطی (نرمال و تنش) مربوط به ژنوتیپ‌های ۲۳ و ۲۹ بود. با توجه به آنچه که بیان شد، نتیجه گرفته می‌شود که شاخص STI از نظر گزینش ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا در هر دو شرایط نرمال و تنش از کارایی بالایی

جدول ۲- میزان شاخص‌های تحمل به تنش شوری در ژنوتیپ‌های کلزا

Table 2. Salt tolerance indices in canola genotypes

ژنوتیپ	Yp	Ys	TOL	SSI	STI	MP	GMP	HM	YSI	YI
۱	۲/۶	۲/۱	-/۴	-/۸۵	-/۸۶	۲/۳	۲/۳۵	۲/۳۴	-/۸۲	۱/۰۷
۲	۲/۴	۲/۱	-/۳	-/۵۹	-/۷۸	۲/۲۵	۲/۳۴	۲/۲۴	-/۸۷	۱/۰۵
۳	۲/۷	۲/۱	-/۶	۱/۰۴	-/۹۱	۲/۴	۲/۴۱	۲/۳۹	-/۷۸	۱/۰۷
۴	۲/۸	۲/۳	-/۵	-/۸۵	۱/۰۰	۲/۵۵	۲/۵۳	۲/۵۲	-/۸۲	۱/۱۵
۵	۲/۵	۱/۷	-/۸	۱/۵۲	-/۶۶	۲/۱	۲/۰۶	۲/۰۲	-/۶۸	-/۸۵
۶	۲/۶	۲/۲	-/۴	-/۷۳	-/۸۹	۲/۴	۲/۳۹	۲/۳۸	-/۸۴	۱/۱۰
۷	۲/۷	۲/۳	-/۴	-/۷۰	-/۹۷	۲/۵	۲/۴۹	۲/۴۸	-/۸۵	۱/۱۵
۸	۲/۵	۱/۹	-/۶	۱/۱۴	-/۷۴	۲/۲	۲/۱۷	۲/۱۵	-/۷۶	-/۹۵
۹	۲/۸	۲/۱	-/۷	۱/۱۹	-/۹۱	۲/۴۵	۲/۴۲	۲/۴	-/۷۵	۱/۰۵
۱۰	۲/۲	۱/۴	-/۷	۱/۶۳	-/۵۱	۱/۸۵	۱/۸۰	۱/۷۷	-/۶۵	-/۷۳
۱۱	۲/۹	۲/۲	-/۷	۱/۱۴	-/۹۹	۲/۵۵	۲/۵۲	۲/۵۰	-/۷۵	۱/۱۰
۱۲	۲/۵	۲	-/۵	۱/۹۵	-/۷۸	۲/۲۵	۲/۳۳	۲/۲۲	-/۸	۱/۰۰
۱۳	۲/۴	۲	-/۴	-/۷۹	-/۷۵	۲/۲	۲/۱۹	۲/۱۸	-/۸۳	۱/۰۰
۱۴	۲/۵	۱/۸	-/۷	۱/۳۳	-/۷۰	۲/۱۵	۲/۱۲	۲/۰۹	-/۷۲	-/۹۰

ادامه جدول ۲- میزان شاخص‌های تحمل به تنش شوری در ژنوتیپ‌های کلزا

Continue the table 2. Salt tolerance indices in canola genotypes

ژنوتیپ	Yp	Ys	TOL	SSI	STI	MP	GMP	HM	YSI	YI
۱۵	۲/۹	۲/۱	-/۸	۱/۳۱	-/۹۵	۲/۵	۲/۴۶	۲/۴۳	-/۷۲	۱/۰۵
۱۶	۲/۳	۲	-/۳	-/۶۲	-/۷۱	۲/۱۵	۲/۱۴	۲/۱۳	-/۸۶	۱/۰۰
۱۷	۲/۶	۲/۲	-/۴	-/۷۳	-/۸۹	۲/۴	۲/۳۹	۲/۳۸	-/۸۴	۱/۱۰
۱۸	۲/۹	۲/۱	-/۸	۱/۳۱	-/۹۵	۲/۵	۲/۴۶	۲/۴۳	-/۷۲	۱/۰۵
۱۹	۲/۲	۱/۵	-/۷	۱/۵۱	-/۵۱	۱/۸۵	۱/۸۱	۱/۷۸	-/۶۸	-/۷۵
۲۰	۲/۴	۲	-/۴	-/۷۹	-/۷۵	۲/۲	۲/۱۹	۲/۱۸	-/۸۳	۱/۰۰
۲۱	۲/۴	۲/۱	-/۳	-/۵۹	-/۷۸	۲/۲۵	۲/۲۴	۲/۲۴	-/۸۷	۱/۰۵
۲۲	۲/۹	۲/۴	-/۶	۱/۰۳	۱/۰۲	۲/۵	۲/۵۶	۲/۵۴	-/۷۸	۱/۱۳
۲۳	۱/۶	۱/۲	-/۴	۱/۱۹	-/۳	۱/۴	۱/۳۸	۱/۳۷	-/۷۵	-/۶۰
۲۴	۲/۴	۲/۱	-/۳	-/۵۹	-/۷۸	۲/۲۵	۲/۲۴	۲/۲۴	-/۸۷	۱/۰۵
۲۵	3/2	۱/۷	-/۴	-/۹۰	-/۵۵	۱/۹	۱/۸۸	۱/۸۷	-/۸۰	-/۸۵
۲۶	۲/۵	۲/۱	-/۴	-/۷۶	-/۸۲	۲/۳	۲/۲۹	۲/۲۸	-/۸۴	۱/۰۵
۲۷	۲/۹	۲/۱	-/۵	-/۸۲	۱/۰۸	۲/۶۵	۲/۶۳	۲/۶۲	-/۸۲	۱/۲۰
۲۸	۲/۹	۲	-/۶	-/۹۸	۱/۰۴	۲/۶	۲/۵۸	۲/۵۶	-/۷۹	۱/۱۵
۲۹	۱/۷	۱/۲	-/۵	۱/۴۰	-/۳۱	۱/۴۵	۱/۴۲	۱/۴۰	-/۷۰	-/۶۰
۳۰	۲/۹	۲	-/۹	۱/۴۷	-/۹۰	۲/۴۵	۲/۴۰	۲/۳۶	-/۶۸	۱/۰۰

عدم تنش داشته باشد. بنابراین در این آزمایش، شاخص‌های STI، MP، GMP و HM به دلیل اینکه همبستگی بالایی با عملکرد در هر دو شرایط داشتند، شاخص‌های بهتری بودند (جدول ۳).

فرناندز (۱۲) همچنین بیان نمود که صرفاً با اتکا به یک شاخص نمی‌توان ارقام مقاوم و حساس را شناسایی کرد و بهترین شاخص باید ژنوتیپ‌های گروه A را از سایر گروه‌ها جدا کرده و همبستگی بالایی با عملکرد در شرایط تنش و

جدول ۳- ضرایب همبستگی بین شاخص‌های تحمل به شوری در ژنوتیپ‌های کلزا

Table 3. Correlation coefficients between salinity tolerance indices in canola genotypes

YI	YSI	HM	GMP	MP	STI	SSI	TOL	Ys	Yp
1									1
	1								0.85**
		1							0.41*
			1						0.07
				1					0.95**
					1				0.97**
						1			0.96**
							1		0.98**
								1	0.58**
									0.99**
									0.85**

* و **: به ترتیب یعنی معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

کردند و اطلاعات تمام صفات را در بر داشتند، لذا بای‌پلات بر اساس دو مؤلفه اول می‌تواند اطلاعات مفیدی را در اختیار ما قرار دهد.

از آنجایی که دو مؤلفه اول بر اساس نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (جدول ۴) دارای مقادیر ویژه بالاتر از یک بودند و در مجموع ۹۹/۸۴ درصد از تغییرات کل را توجیه

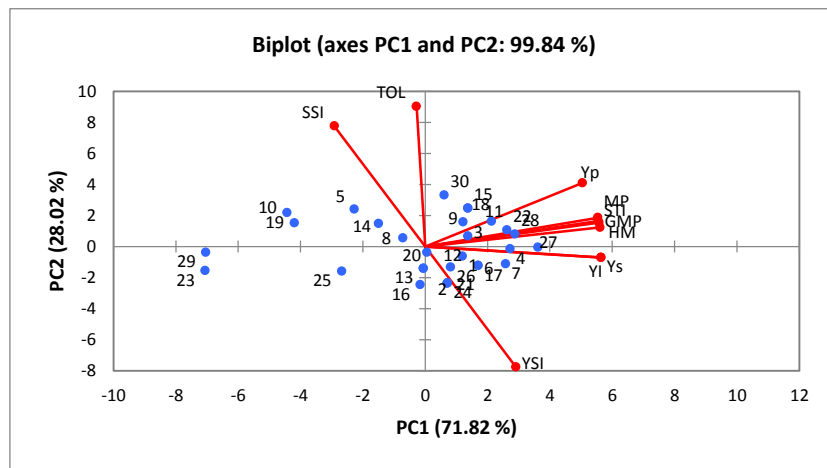
جدول ۴- تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با استفاده از شاخص‌های تحمل به تنش شوری در کلزا

Table 4. Analysis of the main components using salt tolerance indices in canola

مؤلفه‌های اصلی	مقادیر ویژه	درصد واریانس	واریانس تجمعی	Yp	Ys	TOL	SSI	STI	MP	GMP	HM	YSI	YI
PC1	۷/۱۸	۷۱/۸۲	۷۱/۸۲	-۰/۳۳	-۰/۳۷	-۰/۰۲	-۰/۱۹	-۰/۳۷	-۰/۳۷	-۰/۳۷	-۰/۳۷	-۰/۱۹	-۰/۳۷
PC2	۲/۸۰	۲۸/۰۲	۹۹/۸۴	۰/۲۷	-۰/۰۵	۰/۶۰	۰/۵۱	۰/۱۱	۰/۱۲	۰/۱۰	۰/۰۸	-۰/۵۱	-۰/۰۵

آنجایی که در شاخص‌های فوق بیشتر بودن شاخص‌ها به انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار و با عملکرد بالاتر مربوط می‌شود، لذا مؤلفه اصلی اول را می‌توان به‌عنوان مؤلفه تولید پایدار معرفی نمود. یعنی انتخاب نمودن ژنوتیپ‌های با مقدار بالای این مؤلفه ما را به عملکرد بیشتر و پایدارتر می‌رساند (۷،۱۵). بنابراین در بای‌پلات مذکور، ژنوتیپ‌های ۲۷، ۲۸، ۲۲ و ۴ به‌عنوان ژنوتیپ‌های متحمل و ژنوتیپ‌های ۲۳ و ۲۹ به‌عنوان ژنوتیپ‌های حساس در نظر گرفته می‌شوند. البته این نتایج توسط سایر تجزیه‌ها نیز تایید گردید.

در شکل ۱ ارتباط شاخص‌ها با مؤلفه‌ها را می‌توان مشاهده نمود. همانطور که در شکل دیده می‌شود، مؤلفه اول همبستگی مثبتی با عملکرد در شرایط نرمال و تنش و نیز شاخص‌های YI، HM، GMP، STI، MP و Ys دارد. این نتایج با یافته‌های موجاتی و همکاران (۲۳) و باسلاما و همکاران (۷) مطابقت دارد. شمس‌الدین سعید و فرحبخش (۲۹) و طاهری پور فرد و همکاران (۳۳) نشان دادند که شاخص‌های GMP، STI و MP نسبت به شاخص‌های YSI، SSI و TOL قدرت بهتری در گزینش ارقام در شرایط تنش و نرمال دارند. از



شکل ۱- تجزیه بای‌پلات با استفاده از شاخص‌های تحمل به تنش شوری در کلزا. ژنوتیپ‌ها با شماره نشان داده شده‌اند

Figure 1. Biplot analysis using salt tolerance indices in canola. Genotypes are shown by numbers

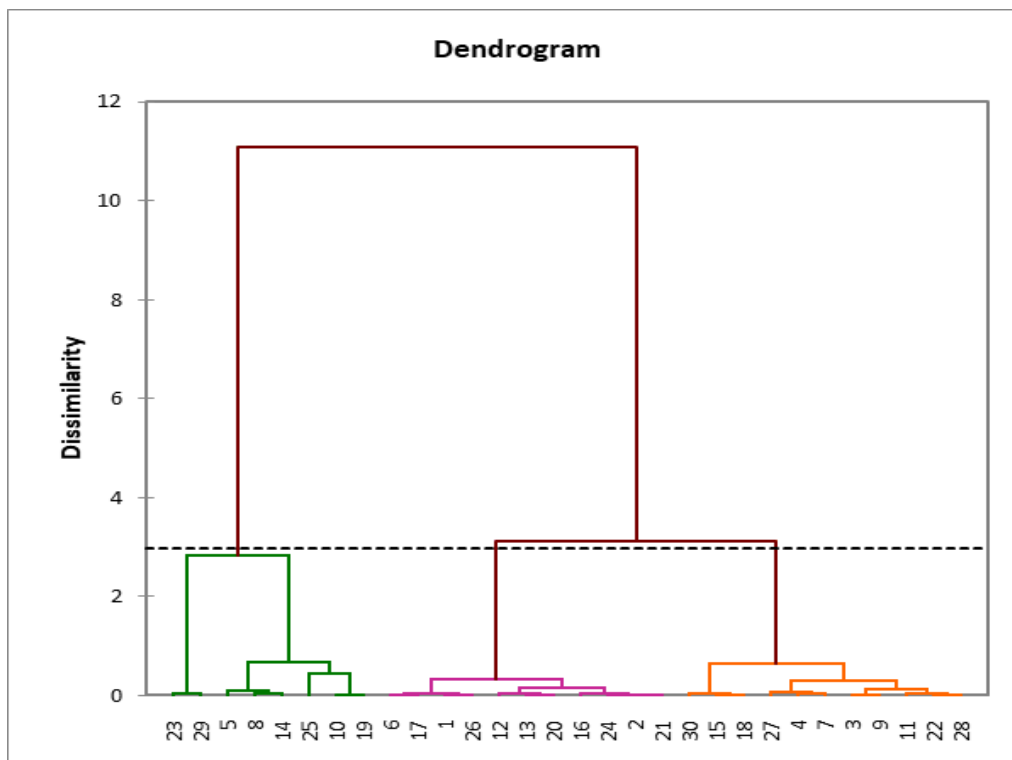
مطابقت دارد. از بین ۳۰ ژنوتیپ مورد بررسی، ژنوتیپ‌های (Hayola ۷(Alku)، ۲۷ (Kunto)، ۴(Wesroona) و ۳(401) (Lb1632)، ۱۱ (Jef Neuf)، ۹ (Kunto) و ۲۲ (RGS003) به‌عنوان ژنوتیپ‌های متحمل و ژنوتیپ‌های ۸ (Lisandra)، ۱۴ (Starlight)، ۲۹(Askaria) و ۲۳ (Niro2) نیز به‌عنوان ژنوتیپ‌های حساس در نظر گرفته شدند.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله از دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری جهت تامین امکانات اجرای این طرح سپاسگزاری می‌شود.

بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای می‌توان ژنوتیپ‌های مورد بررسی کلزا را به سه گروه مجزا دسته‌بندی کرد (شکل ۲). با توجه به اطلاعاتی که در تجزیه‌های قبلی آمد، گروه‌بندی موجود در این کلاستر تاییدکننده نتایج بخش‌های قبلی بود. به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های ۴، ۲۷ و ۲۸ که به‌عنوان ژنوتیپ‌های متحمل در نظر گرفته شده بودند، در اینجا نیز در یک گروه قرار گرفتند و از طرفی دیگر ژنوتیپ‌های ۲۳ و ۲۹ نیز که به‌عنوان ژنوتیپ‌های حساس در نظر گرفته شده بودند، در یک گروه جای گرفتند.

در مجموع با توجه به نتایج این پژوهش، می‌توان بیان نمود که شاخص‌های STI، MP، GMP، HM و YI به‌ویژه شاخص STI در انتخاب ژنوتیپ‌های متحمل بهتر از بقیه عمل نمودند که با یافته‌های تاری نژاد و همکاران (۳۲)



شکل ۲- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های کلزا بر اساس شاخص‌های تحمل به تنش شوری با روش حداقل واریانس وارد
Figure 2. Dendrogram of cluster analysis of canola genotypes based on salt tolerance indices by Ward minimum variance

منابع

1. Agarwal, P.K., P.S. Shukla, K. Gupta and B. Jha. 2013. Bioengineering for salinity tolerance in plants: state of the art. *Molecular Biotechnology*, 54: 102-123.
2. Ali, N., F. Javidfar, J.Y. Elmira and M.Y. Mirza. 2013. Relationship among yield components and selection criteria for yield improvement in winter rapeseed (*Brassica napus* L.). *Pakistan Journal of Botany*, 35(2): 167-174.
3. Anagholi, A., M.J. Rousta and A. Azari. 2016. Salt tolerance varieties of canola by using of tolerant indices. *Arid Biome Scientific and Research Journal*, 6(2): 1-9.
4. Anwar, J., G. Subhani, M. Hussain, J. Ahmad, M. Hussain and M. Munir. 2011. Drought tolerance indices and their correlation with yield in exotic wheat genotypes. *Pakistan Journal of Botany*, 43(3): 1527-1530.

5. Ashraf, M. 2014. Relationships between growth and gas exchange characteristics in some salt tolerant amphidiploids Brassica species in relation to their diploid parents. *Environmental and Experimental Botany*, 45: 155-163.
6. Ashraf, M. and T. McNeilly. 2004. Salinity tolerance in Brassica oil seeds. *Critical Reviews in Plant Science*, 23: 157-174.
7. Buslama, M. and W.T. Schapaugh. 1984. Stress tolerance in soybean. Part 1: elevation of three screening techniques for heat and drought tolerance. *Crop Science*, 24: 933-937.
8. Bybordi, A. 2010. Effects of Salinity on Yield and Component Characters in Canola (*Brassica napus* L.) Cultivars. *Noulaet Scientia Biologicae*, 2(1): 81-83.
9. FAO Statistical Year Book 2012. World Food and Agriculture. Food and Agriculture Organization of the United Nation, Rome, 366 pp.
10. FAO. 2014. Faostat FAO Rome. www.faostat.fao.org.
11. Fischer, R.A. and R. Maurer. 1978. Drought resistance in spring wheat cultivars. I., Grain yield response. *Australian Journal of Agricultural Research*, 29: 897-907.
12. Fernandes, G.C.J. 1992. Effective selection criteria for assessing stress tolerance. In: Kuo C.G. (Ed), proceeding of the international symposium on adaptation of vegetables and other food crop in temperature and water stress, publication, Tainan, Taiwan.
13. Ghaffari Nematabad, G. and B. Tahmasbpour. 2010. Evaluation of important cultivation traits in winter canola through factor analysis, 2: 27-28.
14. Gavuzzi, P., G. Delogu, G. Boggini, N. Di Fonzo and B. Borghi. 1993. Identification of bread wheat, durum wheat and barley cultivars adapted to dry areas of southern Italy. *Euphytica*, 68: 131-145.
15. Ghuge, S.A., A.N. Rai, B.G. Khandagale and S. Penna. 2011. Salt-induced stress responses of brassica (*Brassica juncea* L.) genotypes. *Arch. Agronomy and Soil Science*, 57: 127-136.
16. Hosseini, S.J., Z. Tahmasebi and H. Pirdashti. 2012. Screening of rice (*Oryza sativa* L.) genotypes for NaCl tolerance at early seedling stage. *International Journal of Agronomy and Plant Production*, 3(8): 274-283.
17. Hossain, A.B.S., A.G. Sears, T.S. Cox and G.M. Paulsen. 1990. Desiccation tolerance and its relationship to assimilate partitioning in winter wheat. *Crop Science*, 30: 622-627.
- Kazemeini, S.A., M.H. Alborzei Hagighi and H. Pirasteh-Anosheh. 2016. Evaluating salinity tolerance at different growth stages in rapeseed (*Brassica napus*). *Environmental Stresses in Crop Sciences*. 9(2): 185-193 [In Persian with English Summary].
18. Khayat, M., A.A. Rahnama and S. Lack. 2014. Assessment correlation, stepwise regression and Path coefficient analyses of yield associated traits in rapeseed (*Brassica napus* L.) cultivars for achieve genetic improvement. *Advances in Environmental Biology*, 8(24): 305-310.
19. Momeni, A. 2011. Geographical distribution and salinity levels of soil resources of Iran. *Iranian Journal of Soil Research*, 24(3): 203-215 (In Persian).
20. Mirdarmansouri, S., N. Babaeian and N. Bagheri. 2012. Evaluation of salt tolerance in Iranian rice genotypes in hydroponic system based on salt stress tolerance and sensitivity attributes. *Iranian Journal of Field Crops Research*, 9(4): 694-703 (In Persian).
21. Mohammadjani Asrami, M., H. Najafi Zarrini and S.R. Mousavi. 2014. Multivariate analysis of important morphological traits in some rapeseed (*Brassica napus* L.) Genotypes. *International journal of Agronomy and Agricultural Research*, 5(6): 9-14.
22. Muchate, N.S., G.C. Nikalje, N.S. Rajurkar, P. Suprasanna and T.D. Nikam. 2016. Plant salt stress: adaptive responses, tolerance mechanism and bioengineering for salt tolerance. *Botanical Review*, 82: 371-406.
23. Nemati, M. and A. Asghari. 2012. Evaluation of osmotic stress tolerance in hydroponics. *Journal of science and Technology of Greenhouse Culture*, 3(11): 19-30 (In Persian).
24. Rameeh, V. 2013. Multivariate analysis of some important quantitative traits in rapeseed (*Brassica napus* L.) advanced lines. *Journal of Oilseed Brassica*, 4(2): 75-82.
25. Rameeh, V. and N. Amoli. 2015. Relationship among yield and component characters in different planting dates of rapeseed genotypes. *Research on Crop Ecophysiology*, 10(2): 1724.
26. Semahegn Belete, Y. 2016. Genetic variability, correlation and path analysis studies in Ethiopian mustard (*B. carinata* A. Brun) genotypes. *International Journal of Plant Breeding and Genetics*, 5: 328-338.
27. Shabbazi, M. and A. Kiani. 2002. Determination of salinity tolerance threshold in commercial Canola varieties. AREO. Agricultural and Natural Research Center of Golestan province. Project, 117-12-20-77067 (In Persian).
28. Shamseddin Said, M. and H. Farhbakhsh. 2008. Study of quantitative and qualitative traits of canola yield under salinity stress conditions and identification of the best resistance index. *Journal of Agricultural Sciences and Technology*, 12(43): 78-65.
29. Shekhawat, K., S.S. Rathore, O.P. Premi, B.K. Kandpal and J.S. Chauhan. 2012. Advances in Agronomic management of Indian Mustard (*Brassica juncea* L. Czernj. Cosson). *Agronomy*, 10: 1-14.

30. Suzuki, N., R.M. Rivero, M. Shulaev, E. Blumwald and R. Mittler. 2014. Abiotic and biotic stress combinations. *New phytologist*, 203: 32-43.
31. Tarinejad, A., H. Gayomi, V. Rashidi, F. Farahvash and B. Alizade. 2012. Evaluation of Tolerance Rate of Canola Cultivar to Salinity Stress. *Sustainable Agriculture and Production Science*, 22(4.1): 29-43 (In Persian).
32. Taheripour Fard, Z., A. Izadi Darandi, H.A. Ghazvini, M. Ebrahimi and S.M.M. Mortazavian. 2015. Evaluation of end-season drought stress tolerance in barley genotypes using sensitivity and stress tolerance indices Breeding of Agronomic and Horticultural Crop, 3(1): 39-55.
33. Yousefi, F., P. Hasib, H. Roshanfekar and M. Meskarbashi. 2015. The study of the effects of salinity and drought stress on some physiological components of two canola genotypes (*Brassica napus* L.). in Ahvaz. *Plant Production. Journal of Agriculture*, 38: 25-34.
34. Zamani, Z., M.T. Nezami, D. Habibi and M.B. Khorshidi. 2010. Effect of quantitative and qualitative performance of four canola cultivars (*Brassica napus* L.) to salinity conditions. *Advanced in Environmental Biology*, 4(3): 422-427.

Evaluation of Salinity Tolerance Indices of Some Canola (*Brassica napus* L.) Genotypes

Irاندokht Mansoori¹, Hamid Najafe Zarrini², Nadali Babaean Jelodar³ and Ali Pakdin⁴

1- PhD student, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University

(Corresponding author: iranmansoori@yahoo.com)

2 and 3- Associate Professor and Professor, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University

4- Assistant Professor, Genetics and Agricultural Biotechnology Institute of Tabarestan (GABIT), Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Sari, Iran

Received: September 24, 2018

Accepted: May 11, 2019

Abstract

Salinity stress is one of the most important factors limiting the growth and production of crops. To evaluate salt tolerance of canola genotypes and identification of tolerant genotypes through salinity stress tolerance indexes, a factorial experiment was conducted based on randomized complete block design with three replications at Sari University of Agricultural Sciences and Natural Resources. Factors consisted of 30 rapeseed genotypes and salinity at zero and 12 dS/m sodium chloride sources (NaCl). Based on higher values of tolerance and yield indices in normal and stress conditions, genotypes of Westona, 401Hyola, Ziho, Jef Neuf, Kunto and Alk were considered as tolerant genotypes and genotypes of skaria, Starlight, Lisandra, Burosemjanaja Sarigol, Niro1 and Niro2 were considered as sensitive genotypes. In addition, biplot analysis and cluster analysis confirmed these results. In cluster analysis, genotypes were divided into three groups. The results of this study indicate that the stress tolerance index (STI), the mean productivity (MP) and the geometric mean productivity (GMP), yield index (YI) and average harmonic index (HM) can be effective in selection of tolerant genotypes and the stress tolerance index (STI) is more effective than the other indexes.

Keywords: Canola, Salinity, Sensitivity Index, Tolerance Index, Yield Index



"مقاله پژوهشی"

تجزیه ارتباطی صفات آگرومورفولوژیک در لاین‌های ذرت با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر تروترنسپوزون IRAP و REMAP

ساناز خلیفانی^۱، علی غفاری آذر^۲، رضا درویش‌زاده^۳، دانیال کهریزی^۴ و هادی علیپور^۵

۱- دانشجوی دکتری ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه ارومیه، ارومیه

۲- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی کشاورزی، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه ارومیه، ارومیه

۳ و ۴- استاد گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، استاد پژوهشکده زیست‌فناوری دانشگاه ارومیه، ارومیه، نویسنده مسوول: r.darvishzadeh@urmia.ac.ir

۵- استاد گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه رازی، کرمانشاه

۶- استادیار گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه ارومیه، ارومیه

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۳/۲۲ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۱/۲۷

صفحه: ۱۰ تا ۲۴

چکیده

ذرت (*Zea mays L.*) یکی از مهم‌ترین محصولات غذایی در سراسر جهان بوده و به عنوان گیاه مدل برای مطالعه ژنتیک صفات مختلف استفاده می‌شود. شناسایی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات کمی از موضوع‌های مهم حوزه ژنتیک و به‌نژادی است. در این مطالعه ۱۰۰ لاین خالص ذرت از لحاظ صفات آگرومورفولوژیک (ارتفاع بوته، ارتفاع بوته تا اولین بلال، طول و عرض برگ، سطح برگ، شاخص سطح برگ، تعداد بلال، میزان کلروفیل، وزن دانه در هر بوته، وزن چوب بلال، قطر ابتدای چوب بلال، قطر وسط چوب بلال، طول چوب بلال، وزن خشک بوته، تاریخ ظهور گل نر، تاریخ ظهور بلال اول و تاریخ ظهور بلال دوم) با طرح پایه کاملاً تصادفی با شش تکرار ارزیابی شدند. در آزمایش مولکولی پروفیل مولکولی لاین‌ها با هشت آغازگر نشانگرهای مبتنی بر تروترنسپوزون: IRAP و REMAP تهیه شد. هشت ترکیب آغازگر IRAP و REMAP ۴۰ مکان ژنی را تکثیر کردند. از این ۴۰ مکان، ۳۸ مکان ژنی (۹۵ درصد) چندشکلی نشان دادند. دامنه PIC در لاین‌های مورد مطالعه از ۰/۰۸۴ تا ۰/۳۸۳ Ac/Ds برای نشانگر Ac/Ds ۰/۳۸۳ برای نشانگر Pangrangja متغیر بود. فاصله ژنتیکی نی بین لاین‌های تهیه شده از مشهد و کرمانشاه ۰/۰۵۳، کرج و مشهد ۰/۰۳۶، کرمانشاه و کرج ۰/۰۳۲ برآورد شد. در تجزیه ساختار جمعیت بر اساس نشانگرهای مولکولی، ۱۰۰ لاین مورد مطالعه در دو زیر جمعیت (K=2) گروه‌بندی شدند. در تجزیه ارتباطی صفات آگرو-مورفولوژیک بر اساس دو روش GLM و MLM به ترتیب ۲۴ و ۱۲ ارتباط نشانگر-صفت شناسایی شد. در این تحقیق دو نشانگر مشترک (480) Heartbraker در صفات قطر ابتدای چوب بلال و طول چوب بلال و UBC878 × Ruda در صفات تعداد بلال و وزن دانه هم با مدل خطی عمومی و هم با مدل خطی مخلوط شناسایی شد. نتایج بدست آمده از این مطالعه، اطلاعات ارزشمندی در زمینه گزینش به کمک نشانگر و مبنای ژنتیکی صفات مورد مطالعه ارائه می‌دهد که می‌توان از این اطلاعات در گزینش افراد طی برنامه‌های به‌نژادی و تولید ارقام جدید با میزان عملکرد بالا بهره برد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه ارتباطی، تنوع ژنتیکی، ذرت، ساختار جمعیت، عدم تعادل پیوستگی، نشانگرهای آگاهی‌بخش

مقدمه

ذرت (*Zea mays L.*) با توجه به میزان و بازده فتوسنتزی بالا، یک فرآورده کشاورزی بارز است. این گیاه به‌عنوان یک منبع اصلی برای تأمین غذا برای انسان و دام و همچنین تهیه سوخت‌های زیستی و فیبر در برخی نقاط جهان استفاده می‌شود. ذرت همچنین یک گیاه مدل مهم برای مطالعات ژنتیک، سیتوژنتیک و ژنومیک عملکردی است (۵۸). تنوع ژنتیکی جوهر جهان بیولوژیک است و به‌عنوان منبعی از تغییرات طبیعی است که می‌تواند برای مقابله با چالش‌های مختلف در جهان مفید باشد (۲۲). در سطح توالی DNA، ژنوتیپ‌های ذرت دارای تنوع بیشتری نسبت به انسان، *Drosophila* و بسیاری از گیاهان وحشی هستند (۴). در سطح فنوتیپی تنوع برای صفات مرتبط با عملکرد مانند ارتفاع بوته، تاریخ ظهور گل نر، فاصله بین ظهور گل نر و بلال و همچنین پاسخ به شرایط متغیر محیطی در ذرت

مشاهده شده است (۴۴). اطلاعات در مورد تنوع و روابط بین افراد در ذرت برای گروه‌بندی هتروژیک و شناسایی الگوهای هتروژیک و ترکیبات امیدوارکننده برای بهره‌برداری از هتروژیس در برنامه‌های به‌نژادی ضروری است. پرورش‌دهنده‌گان و به‌نژادگران با بهره‌مندی از تنوع ژنتیکی برای تولید واریته‌های با صفات خاص اقدام می‌کنند.

پیشرفت در تکنولوژی نشانگرهای مولکولی باعث شده است تا این فناوری به‌طور مؤثری در تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی بسیاری از گونه‌های گیاهان زراعی از جمله ذرت و اصلاح ارقام جدید و برتر مورد استفاده قرار گیرد (۳۸). نشانگرهای مولکولی به‌طور گسترده‌ای در ذرت در مطالعات آنالیز فروانی‌های ژنوتیپی برای شناسایی انحرافات در مکان‌های فردی (۳۹)، برای توصیف تغییرات مولکولی درون یا بین جمعیت‌ها (۲۶، ۵۱)، ساخت درخت فیلوژنتیک (۳۲) و تعیین گروه‌های هتروژیک (۵۹، ۶۰، ۴۰) و

برای تایید ژن‌های نامزد یا شناسایی ژن‌های جدید است. در چند سال اخیر تجزیه ارتباطی به‌طور قابل توجهی در طیف گسترده‌ای از گیاهان مورد استفاده قرار گرفته است تا جایی که به‌نظر می‌رسد در حال حاضر در گیاهان قوی‌تر از انسان و حیوان مورد بهره‌برداری قرار می‌گیرد (۶۵). تجزیه ارتباطی با بررسی شجره‌نامه عمیق‌تر جمعیت به جای شجره‌نامه خانوادگی، از مزیت‌های؛ وضوح نقشه بالاتر، بهره‌مندی از تعداد آل بیشتر و استفاده از جمعیت مرجع گسترده‌تر و زمان تحقیق کمتر نسبت به تجزیه و تحلیل پیوستگی برخوردار است (۶۶). وضوح بالا به ساختار عدم تعادل پیوستگی یا ارتباط بین محل‌های پلی‌مورفیسم در جمعیت آزمون بستگی دارد (۴). تجزیه ارتباطی مبتنی بر عدم تعادل پیوستگی برای صفات مرتبط با عملکرد در سویا (۱۹)، برنج (۳۶)، کلزا (۸)، ذرت (۵۷، ۳۳، ۶۴)، نخود (۲۴) و جو (۲۷) انجام گرفته است. همچنین در ذرت، تجزیه ارتباطی برای شناسایی مکان‌های ژنی کاندیدای کنترل‌کننده صفات مورفولوژیکی یا متابولیکی مهم، مانند تحمل به خشکی (۵۶)، محتوای نشاسته (۲۸)، اجزای دیواره سلولی ساقه (۲۹)، ارتفاع گیاه (۳۰)، اندازه گل آذین نر (۵۷)، اندازه مریستم اپیکال ساقه (۳۱) و غیره با موفقیت مورد استفاده قرار گرفته است. هدف از این مطالعه بررسی تنوع ژنتیکی و شناسایی مکان‌های ژنی مرتبط با صفات مهم زراعی در لاین‌های ذرت با استفاده از نشانگرهای مولکولی مبتنی بر رتروترانسپوزون‌ها؛ IRAP و REMAP بود.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه تعداد ۱۰۰ لاین خالص ذرت از دانشگاه رازی کرمانشاه، مرکز تحقیقات کشاورزی خراسان رضوی و مؤسسه نهال و بذر کرج تهیه شده و در قالب طرح پایه کاملاً تصادفی با ۶ تکرار در مزرعه تحقیقاتی گروه تولید و ژنتیک گیاهی دانشگاه ارومیه تحت شرایط گلدانی کشت شدند. در هر گلدان تعداد دو عدد بذر کشت و پس از استقرار نمونه‌ها تعداد یک بوته در هر گلدان نگهداری شد. به‌منظور تهیه فنوتیپ افراد پس از مرحله گلدهی گیاهان، صفات زراعی مختلف از قبیل ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، ارتفاع بوته تا اولین بلال (سانتی‌متر)، طول و عرض برگ (سانتی‌متر)، سطح برگ (سانتی‌متر مربع)، شاخص سطح برگ، تعداد بلال، میزان کلروفیل (SPAD)، وزن دانه در هر بوته (گرم)، وزن چوب بلال (گرم)، قطر ابتدای چوب بلال (سانتی‌متر)، قطر وسط چوب بلال (سانتی‌متر)، طول چوب بلال (سانتی‌متر)، وزن خشک بوته (گرم)، تاریخ ظهور گل نر (روز)، تاریخ ظهور بلال اول (روز) و تاریخ ظهور بلال دوم (روز) اندازه‌گیری شدند.

بررسی ارتباط فاصله ژنتیکی با عملکرد هیبریدها (۷) مورد استفاده قرار گرفته‌اند. ذرت اولین یوکاریوتی بود که در طی اواسط قرن بیستم، در آن عناصر جا به جا شونده توسط باربارا مک‌کلینتاک کشف شد و به واسطه این کشف مفتخر به دریافت جایزه نوبل شد (۱۱). عناصر جابه‌جا شونده و بخصوص رتروترانسپوزن‌ها بیشترین سهم ژنوم ذرت را تشکیل می‌دهند (۱۵، ۵۳). عناصر جابه‌جا شونده از طریق تغییر تعداد کپی، بازآرایی و جایگاه‌های چند شکل، بیشترین تغییر ژنوم را بین لاین‌های ذرت ایجاد می‌کنند (۱۲، ۱۳). نشانگرهای مولکولی متعددی مبتنی بر رتروترانسپوزن‌ها طراحی و توسعه داده شده‌اند (۲۳). Ghonaim و همکاران (۱۷) برای بررسی تنوع ژنتیکی ژرم پلاسما ذرت از نواحی تکثیر شده بین رتروترانسپوزن‌ها (IRAP) استفاده کردند و توانستند ۵۸٪ پلی‌مورفیسم بین لاین‌های ذرت را آشکار نمایند. پیشرفت در ژنومیک منجر به شناسایی نشانگرهای DNA دیگر در ذرت در طی چند دهه گذشته، از جمله هزاران نشانگر ریزماهواره یا توالی‌های تکراری ساده (SSR) و اخیراً نشانگرهای چند شکلی تک‌نوکلئوتیدی (SNP) و حذف-درج (InDel) شده است. به لطف این پیشرفت‌ها در تکنولوژی نشانگرهای مولکولی، تعداد زیادی از ژن‌ها که جنبه‌های مختلف رشد گیاه یا مقاومت به تنش‌های زنده و غیرزنده را کنترل می‌کنند در ذرت شناسایی و کلون شده‌اند، که موارد با ارزشی برای اصلاح می‌باشند (۴۸، ۱۷).

با توجه به اینکه خزانه ژنی ذرت دارای درصد پلی‌مورفیسم بالایی است، متخصصان ژنتیک لازم است ارتباط بین پلی‌مورفیسم مولکولی و تنوع در صفات کمی را روشن نمایند (۴). به‌عبارتی با ترکیب نتایج مطالعات مربوط به بررسی‌های تنوع ژنتیکی در مجموعه‌های ژرم‌پلاسمی با داده‌های حاصل از بررسی‌های فنوتیپی به‌راحتی عوامل ژنی دخیل در تغییرات صفات کمی شناسایی می‌شوند. این مطالعات تحت عنوان تجزیه ارتباطی یا نقشه‌یابی عدم تعادل پیوستگی شناخته می‌شوند. تجزیه ارتباطی اجازه می‌دهد تعداد زیادی مکان پلی‌مورفیسم به‌طور همزمان ثبت فنوتیپی (ژنوتایپ) شده و چند شکل‌هایی که با تغییرات فنوتیپی ارتباط دارند مشخص شوند و بدین ترتیب درک ما از پیچیدگی صفات در گیاه به‌میزان قابل توجهی افزایش یابد (۴۹). موفقیت تجزیه ارتباطی به سطح و میزان تغییرات طبیعی حاصل از جهش و نوترکیبی در سطح جمعیت در طی نسل‌ها متکی است. بدین ترتیب برخلاف نقشه‌یابی پیوستگی، تجزیه ارتباطی از تمام جهش‌های طبیعی و نوترکیبی که در یک جمعیت معین در طول نسل‌های متمادی اتفاق افتاده است بهره‌مند می‌شود (۴۴، ۴). تجزیه ارتباطی به‌طور گسترده برای مطالعه اساس ژنتیکی صفات پیچیده در انسان و سیستم‌های حیوانی مورد استفاده قرار گرفته و روش بسیار مؤثر

جدول ۱- مشخصات لاین‌های اینبرد ذرت مورد بررسی

Table 1. The list of investigated maize inbred lines

کد ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	محل تهیه	شماره در بارلالت	زیر جمعیت	درصد عضویت به زیر جمعیت		مخلوط
					قرمز (۱)	سبز (۲)	
۱	Tenptato (White- First class)	مشهد	۱	قرمز	۷۳/۷	۲۶/۳	
۲	K1263-1388	مشهد	۲	مخلوط	۶۸/۲	۳۱/۸	✓
۴	36-N/M-K3653/2	مشهد	۳	سبز	۱۴/۷	۸۵/۳	
۵	89-4*	مشهد	۴	سبز	۲۵/۸	۷۴/۲	
۶	9/K1911	مشهد	۵	مخلوط	۵۹/۱	۴۰/۹	✓
۷	74*/1388	مشهد	۶	سبز	۱۱/۴	۸۸/۶	
۸	8/K1911	مشهد	۷	سبز	۱۱/۶	۸۸/۴	
۹	25*/89	مشهد	۸	سبز	۱۹/۱	۸۰/۹	
۱۰	K1264 /1	مشهد	۹	قرمز	۷۳/۳	۲۶/۷	
۱۱	48*1390	مشهد	۱۰	مخلوط	۶۹/۷	۳۰/۳	✓
۱۲	13/K19/1	مشهد (کرج)	۱۱	مخلوط	۵۸/۱	۴۱/۹	✓
۱۳	11K1910	مشهد (کرج)	۱۲	قرمز	۹۰/۶	۹/۴	
۱۴	5/K1911	مشهد (کرج)	۱۳	قرمز	۹۰/۷	۹/۳	
۱۵	4/K1911	مشهد (کرج)	۱۴	قرمز	۸۹	۱۱	
۱۶	7/K1911	مشهد (کرج)	۱۵	قرمز	۸۷/۷	۱۲/۳	
۱۷	6/K19/1	مشهد (کرج)	۱۶	قرمز	۸۴/۱	۱۵/۹	
۱۸	2K1911	مشهد (کرج)	۱۷	قرمز	۸۱/۸	۱۸/۲	
۱۹	55-N- K3640/S	مشهد	۱۸	قرمز	۸۰/۹	۱۹/۱	
۲۰	43*89 (Red cob corn)	مشهد	۱۹	قرمز	۹۳	۷	
۲۱	172*/89	مشهد	۲۰	قرمز	۹۰/۷	۹/۳	
۲۲	67*/88	مشهد	۲۱	قرمز	۸۵/۲	۱۴/۸	
۲۳	23*89	مشهد	۲۲	قرمز	۹۱/۶	۸/۴	
۲۴	10/K 19/1	مشهد (کرج)	۲۳	قرمز	۹۰/۷	۹/۳	
۲۵	1*/89 (Red cob corn)	مشهد	۲۴	قرمز	۸۸/۳	۱۱/۷	
۲۶	34*/1399	مشهد	۲۵	قرمز	۸۱	۱۹	
۲۷	20*1399	مشهد	۲۶	مخلوط	۶۲/۱	۳۷/۹	✓
۲۸	S2/QPM/SUKMA (Indonesia)	مشهد	۲۷	مخلوط	۶۵/۶	۳۴/۴	✓
۲۹	K19/1	مشهد	۲۸	قرمز	۸۸/۹	۱۱/۱	
۳۰	K166 B/89	مشهد	۲۹	مخلوط	۶۹/۶	۳۰/۴	✓
۳۱	163*/6/15	مشهد	۳۰	قرمز	۸۶	۱۴	
۳۲	KE70012/ 1-12 -1388	مشهد	۳۱	مخلوط	۶۸/۵	۳۱/۵	✓
۳۳	A679/420N89	مشهد	۳۲	قرمز	۸۸/۹	۱۱/۱	
۳۵	K18-B /1392 (Indonesia-Colombia)	مشهد	۳۳	قرمز	۸۶/۳	۱۳/۷	
۳۶	66*1388	مشهد	۳۴	مخلوط	۴۲/۳	۵۷/۷	✓
۳۷	70*1388	مشهد	۳۵	مخلوط	۴۰/۹	۵۹/۱	✓
۳۸	14*/89	مشهد	۳۶	قرمز	۸۴/۷	۱۵/۳	
۳۹	6*/88	مشهد	۳۷	مخلوط	۳۰/۸	۶۹/۲	✓
۴۰	3K19/1	مشهد	۳۸	مخلوط	۴۷/۴	۵۲/۶	✓
۴۱	K1263/1 (Sterilized)	مشهد	۳۹	مخلوط	۳۱	۶۹	✓
۴۲	1387/193/Chase*	مشهد	۴۰	مخلوط	۳۳	۶۷	✓
۴۳	K615/1	مشهد	۴۱	سبز	۱۸/۸	۸۱/۲	
۴۴	39*/89 (Sibcer)	مشهد	۴۲	مخلوط	۶۹/۷	۳۰/۳	✓
۴۵	16*/89	مشهد	۴۳	سبز	۷/۷	۹۲/۳	
۴۶	115*13981 (White cob corn)	مشهد	۴۴	سبز	۲۲/۱	۷۷/۹	
۴۷	138*/89	مشهد	۴۵	مخلوط	۴۲/۲	۵۷/۸	✓
۴۸	K19*/1392 (Isolate)	مشهد	۴۶	مخلوط	۳۶/۹	۶۳/۱	✓
۴۹	P13L2	مشهد	۴۷	مخلوط	۵۵/۹	۴۴/۱	✓
۸۶	Super sweet-1387 Basin	مشهد	۴۸	مخلوط	۵۴/۱	۴۵/۹	✓
۸۷	197/ Power Hense-S2	مشهد	۴۹	مخلوط	۴۱/۴	۵۸/۶	✓
۸۸	Challenged 1389/st	مشهد	۵۰	مخلوط	۳۲/۲	۶۷/۸	✓
۸۹	Sweet white/ 1390	مشهد	۵۱	قرمز	۸۰/۷	۱۹/۶	
۹۰	1390 Sweet 3151*	مشهد	۵۲	قرمز	۷۳/۲	۲۶/۸	
۹۱	52*Sweet	مشهد	۵۳	مخلوط	۶۲/۴	۳۷/۶	✓
۹۲	Popcorn-53 or 54 (Linear)	مشهد	۵۴	مخلوط	۵۵/۶	۴۴/۴	✓
۵۰	P19L17 Kahia	کرمانشاه	۵۵	مخلوط	۳۷/۲	۶۲/۸	✓
۵۱	P15L16	کرمانشاه	۵۶	سبز	۹/۷	۹۰/۳	
۵۲	P6L1	کرمانشاه	۵۷	سبز	۸/۱	۹۱/۹	
۵۳	P3L2	کرمانشاه	۵۸	سبز	۱۶	۸۴	
۵۴	P14L1 Kahia	کرمانشاه	۵۹	سبز	۱۱/۹	۸۸/۱	
۵۵	P19I3	کرمانشاه	۶۰	مخلوط	۳۲/۴	۶۷/۶	✓
۵۶	P9L3 Kahia	کرمانشاه	۶۱	مخلوط	۳۷/۱	۶۲/۹	✓
۵۷	P15 L16 Kahia	کرمانشاه	۶۲	سبز	۲۸/۴	۷۱/۶	
۵۸	P11L7	کرمانشاه	۶۳	سبز	۱۲/۶	۸۷/۴	
۵۹	P14L2	کرمانشاه	۶۴	سبز	۹/۶	۹۰/۴	
۶۰	P14L2	کرمانشاه	۶۵	قرمز	۷۵/۳	۲۴/۷	
۶۱	P10L5	کرمانشاه	۶۶	سبز	۲۲/۵	۷۷/۵	
۶۲	P16L6 Kahia	کرمانشاه	۶۷	سبز	۱۷/۱	۸۲/۹	
۶۳	P16L4 Kahia	کرمانشاه	۶۸	مخلوط	۵۸/۵	۴۱/۵	✓
۶۴	P15L4	کرمانشاه	۶۹	سبز	۱۳/۴	۸۶/۶	
۶۵	P1L4 (Dialell- Karaj)	کرمانشاه	۷۰	مخلوط	۶۱	۳۹	✓
۶۷	P11L6	کرمانشاه	۷۱	مخلوط	۶۹/۱	۳۰/۹	✓
۶۸	P9L6	کرمانشاه	۷۲	سبز	۹/۲	۹۰/۸	
۶۹	P13L3	کرمانشاه	۷۳	سبز	۱۶/۵	۸۳/۵	
۷۰	P3L11	کرمانشاه	۷۴	سبز	۱۵/۸	۸۴/۲	

ادامه جدول ۱

Cotiniued Table 1

۷۱	P3L1	کرمانشاه	۷۵	سبز	۷/۸	۹۲/۲	
۷۲	P10L7	کرمانشاه	۷۶	مخلوط	۴۳/۵	۵۶/۵	✓
۷۳	P16L12 Kahia	کرمانشاه	۷۷	مخلوط	۴۱/۷	۵۸/۳	✓
۷۴	p1L15 Kahia	کرمانشاه	۷۸	سبز	۱۹/۳	۸۰/۷	
۷۵	P19L5 Kahia	کرمانشاه	۷۹	سبز	۷/۳	۹۲/۷	
۷۶	P10L9	کرج	۸۰	سبز	۱۲/۲	۸۷/۸	
۷۷	K615/1a	کرج	۸۱	سبز	۱۵/۸	۸۴/۲	
۷۸	Mo17a	کرج	۸۲	سبز	۱۹/۳	۸۰/۷	
۷۹	OH43/1-42	کرج	۸۳	سبز	۲۹/۹	۷۰/۱	
۸۰	K12264/ 5-1	کرج	۸۴	سبز	۱۶/۴	۸۳/۶	
۸۱	R=59	کرج	۸۵	سبز	۱۱/۱	۸۸/۹	
۸۲	K615/1b	کرج	۸۶	مخلوط	۲۵	۶۵	✓
۸۳	B73	کرج	۸۷	سبز	۱۹/۲	۸۰/۸	
۸۴	OH43/1042 (Paternal)	کرج	۸۸	مخلوط	۴۳/۷	۵۶/۳	✓
۸۵	R59 (Paternal)	کرج	۸۹	سبز	۱۹/۶	۸۰/۴	
۹۳	W37a	کرج	۹۰	مخلوط	۳۰/۹	۶۹/۱	✓
۹۴	KS13	کرج	۹۱	مخلوط	۳۲/۵	۶۷/۵	✓
۹۵	R319	کرج	۹۲	سبز	۲۸/۲	۷۱/۸	
۹۶	R59 (Paternal)	کرج	۹۳	سبز	۱۸/۲	۸۱/۸	
۹۷	W153R	کرج	۹۴	قرمز	۸۷/۵	۱۲/۵	
۹۸	K1533 Popcorn	کرج	۹۵	قرمز	۷۷/۴	۷۷/۴	
۹۹	R59*R (Double cross- maternal)	کرج	۹۶	مخلوط	۶۱/۳	۳۸/۷	✓
۱۰۰	B73(RFC or CMS)	کرج	۹۷	قرمز	۷۸/۴	۲۱/۶	
۱۰۱	1264/ 1	کرج	۹۸	قرمز	۹۱/۵	۸۵	
۱۰۲	MO17b	کرج	۹۹	قرمز	۸۹/۵	۱۰/۵	
۱۰۳	ZK472221	کرج	۱۰۰	قرمز	۸۸/۹	۱۱/۱	

استخراج DNA

پس از رسیدن گیاهچه‌ها به مرحله چهار برگی از شش تکرار هر لاین یک نمونه برگی مخلوط تهیه شد. از نمونه‌های برگی هر لاین استخراج DNA به روش CTAB (Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide) انجام گرفت (۳۷). برای ارزیابی کیفیت و کمیت DNA و آگاهی از میزان خلوص و غلظت آن از الکتروفورز ژل آگارز (یک درصد) و اسپکتروفوتومتری استفاده شد. تعداد ۸ آغازگر رتروترانسپوزونی روی ۱۰۰ لاین ذرت از میان ۴۵ ترکیب آغازگر IRAP و ۱۰ ترکیب REMAP بر اساس مطالعات Kuhn و همکاران (۲۵) در ذرت انتخاب شدند (جدول ۲). واکنش PCR حاوی ۰/۵ میکرولیتر dNTP (۲۵mM)، ۰/۸ میکرولیتر MgCl_۲ (۵۰mM)، ۲ میکرولیتر بافر PCR (۱۰X)، یک میکرولیتر از هر کدام از آغازگرها با غلظت ۱۰ میکرومولار، ۰/۲۲ واحد آنزیم Taq DNA Polymerase، ۱۱/۵۸ میکرولیتر آب دوبار تقطیر شده و ۲۵ نانوگرم DNA ژنومی با استفاده از دستگاه ترموسایکلر (Applied Biosystem) انجام شد. برنامه دمایی دستگاه شامل یک چرخه دمای ۹۴°C به مدت ۴ دقیقه (برای واسرشته‌سازی اولیه)، ۳۶ چرخه دمایی شامل (واسرشته‌سازی به مدت ۳۰ ثانیه در دمای ۹۴°C + اتصال آغازگر به رشته الگو به مدت ۳۰ ثانیه (جدول ۲؛ که بسته به نوع آغازگر بین ۵۳°C الی ۶۰°C بود) + توسعه رشته جدید (گسترش) به مدت ۱۲۰ ثانیه در دمای ۷۲°C و سپس یک چرخه دمای ۷۳°C به مدت ۱۰ دقیقه (برای توسعه نهایی) بود. بهترین دما برای فعالیت آنزیم DNA Taq Polymerase که عمل پلی مریزاسیون یعنی اضافه کردن نوکلئوتیدهای آزاد به انتهای 3'-OH را انجام می دهد دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد است. محصولات PCR، روی ژل آگارز ۱/۷

درصد از همدیگر تفکیک شدند و برای مشاهده باندها نیز از روش رنگ‌آمیزی اتیدیوم بروماید استفاده شد.

تجزیه تحلیل داده‌ها

قطعات تکثیر شده حاصل از PCR بر اساس عدم حضور یا حضور قطعه مورد نظر به ترتیب به صورت صفر و یک امتیازدهی شدند و ماتریس صفر و یک حاصل در تجزیه‌های آماری مورد استفاده قرار گرفت. تعداد و درصد مکان‌های چند شکل با استفاده از نرم‌افزار PopGen 32 محاسبه گردید. خصوصیات مکان‌های تکثیر شده مانند ^۱Na (تعداد آلل)، ^۲Ne (تعداد آلل‌های مؤثر)، ^۳He (هتروزیگوسیتی مورد انتظار)، ^۴I (شاخص اطلاعات شانون)، ^۵h (شاخص تنوع ژنی نی) در لاین‌های مورد مطالعه با استفاده از نرم‌افزارهای GenAlex 6.051 (۴۵) و PopGen 32 (۶۶) محاسبه شد. برای بررسی تنوع بین و درون جمعیت‌ها تجزیه واریانس مولکولی با استفاده از نرم‌افزار GenAlex 6.051 محاسبه شد. سطح تمایز ژنتیکی (PhiPT) و همچنین میزان اطلاعات چند شکلی یا PIC، بر اساس فرمول زیر، با استفاده از نرم‌افزار GenAlex 6.051 محاسبه شدند.

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2$$

در این فرمول Pi فراوانی آلل نام در جمعیت است. برای تجزیه ساختار جمعیت و دسته‌بندی دقیق لاین‌ها به زیرجمعیت‌های مناسب و تشخیص ژنوتیپ‌های مختلط از روش Bayesian در نرم‌افزار Structure 2.3.4 استفاده شد (۴۶). در این روش با استفاده از داده‌های ژنوتیپی چندین جایگاه ژنی، افراد موجود در جمعیت به زیر گروه‌های همگن گروه‌بندی شدند. مقادیر اولیه ی K (زیر جمعیت‌های فرضی اولیه) بین ۱ تا ۱۰ در نظر گرفته شد و جهت افزایش دقت برای هر کدام از زیر جمعیت‌ها ۱۰ تکرار منظور گردید.

1- Number of alleles

2- Number of effective alleles

3- Expected heterozygosity

4- Shannon's information index

5- Nei's gene diversity

کمتر از ۰/۷ باشد به‌عنوان ژنوتیپ مخلوط در نظر گرفته می‌شود. شناسایی نشانگرهای مرتبط و دارای ارتباط معنی‌دار با صفات مورد ارزیابی، بر اساس مدل خطی عمومی^۳ (GLM) وابسته به ماتریس Q (ماتریس ضرایب ساختار جمعیت) و مدل خطی مخلوط^۴ (MLM) وابسته به ماتریس Q+K (ماتریس ضرایب ساختار جمعیت + ماتریس روابط خویشاوندی) جهت جلوگیری از ارتباط کاذب بین نشانگر- صفت، با استفاده از نرم‌افزار TASEEL 2.1 انجام گرفت.

طول دوره گرم کردن^۱ و تعداد تکرار MCMC^۲ برابر ۱۰۰۰۰۰ در نظر گرفته شد تا نمودار حداکثر درست‌نمایی حاصل شود. نرم‌افزار Structure برای هر مقدار K (تعداد واقعی زیر جمعیت‌ها) یک ماتریس به نام Qst را محاسبه می‌کند که این ماتریس شامل برآورد ضرایب احتمال عضویت هر ژنوتیپ به هر یک از زیر جمعیت‌ها است. مطابق این روش یک ژنوتیپ هنگامی می‌تواند به انتساب یک گروه در آید که درصد عضویت آن ۰/۷ یا بیشتر از آن باشد و در صورتی که درصد عضویت

جدول ۲- مشخصات و توالی آغازگرهای IRAP و REMAP مورد استفاده در تحقیق حاضر

Table 2. Characteristics and sequence of IRAP and REMAP primers used in the present research work

نام آغازگر	دمای اتصال (°C)	آغازگر پیشرو (۵'→۳')	آغازگر مکوس (۵'→۳')
GIEPUM	60	TGTGAATCATCTAGGCCCTTTGGT	-
Heartbreaker	56	TTCAGCTTTTTTCTGACCAGCTTTT	-
Pangrangja	59	CGATGATTTTTGGTGAATCGGCCAA	-
Ac/Ds	59	AGGGATGAAAGTAGGATGGGAAAAT	-
Misfit	58	CACTAGTAGAAAAGAGCTCAAAGCC	-
Huck× Ozymandias	60	TCGGGGACCATAATTAGGGGTACCC	TGGGGCGAAGGCAAAGACGCCACCC
Ruda×UBC878	53	GCTAATTGAGTTTTGGTGTTTGATG	GGATGATGGATGGA
Misfit×UBC817	53	CACTAGTAGAAAAGAGCTCAAAGCC	(CA)8A

افراد نقش بسزایی دارد. با توجه به میزان PIC و تعداد آلل، می‌توان بیان نمود که آغازگر Pangrangja مناسب‌ترین آغازگر برای بررسی تنوع ژنتیکی و تمایز ژنوتیپ‌ها می‌باشد. بالا بودن چند شکلی در این پژوهش (۹۵ درصد باند چند شکل) را می‌توان به کارایی بالای این نشانگرها و همچنین تعداد زیاد ژنوتیپ‌های مورد بررسی نسبت داد (۳۵). مقایسه دو شاخص هتروزیگوسیتی مورد انتظار تصحیح شده (UHe) و میزان اطلاعات چند شکلی نشان می‌دهد که نشانگرهای با هتروزیگوسیتی بالا دارای میزان اطلاعات چند شکلی بالا نیز هستند. این نکته بیانگر همبستگی بالای این دو شاخص است. بالاترین مقدار ۱۸۶/۱۷۲ Nm مربوط به ترکیب آغازگر Huck × Ozymandias و کمترین مقدار آن با ۳/۴۷۶ مربوط به آغازگر Ac/Ds بود. میانگین Nm ۵/۵۱ برآورد شد. به طور کلی اگر $Nm < 1$ باشد، شارش ژنی بین لاین‌ها کم و تمایز بین آنها بیشتر خواهد بود و اگر $Nm > 1$ باشد، شارش ژنی بالا و تمایز کم بین لاین‌ها وجود خواهد داشت. شاخص شانون (I) از ۰/۲۶۷ در آغازگر Ac/Ds تا ۰/۶۹ در ترکیب آغازگر Huck × Ozymandias متغیر بود. میانگین شاخص شانون ۰/۴۵۶ بدست آمد. میزان PIC و ضریب شانون بیانگر میزان پلی‌مورفیسم در بین ژنوتیپ‌هاست (۲۱). فاصله ژنتیکی نی بین لاین‌های تهیه شده از مشهد و کرمانشاه ۰/۰۵۳، کرج و مشهد ۰/۰۳۶، کرمانشاه و کرج ۰/۰۳۲ برآورد شد.

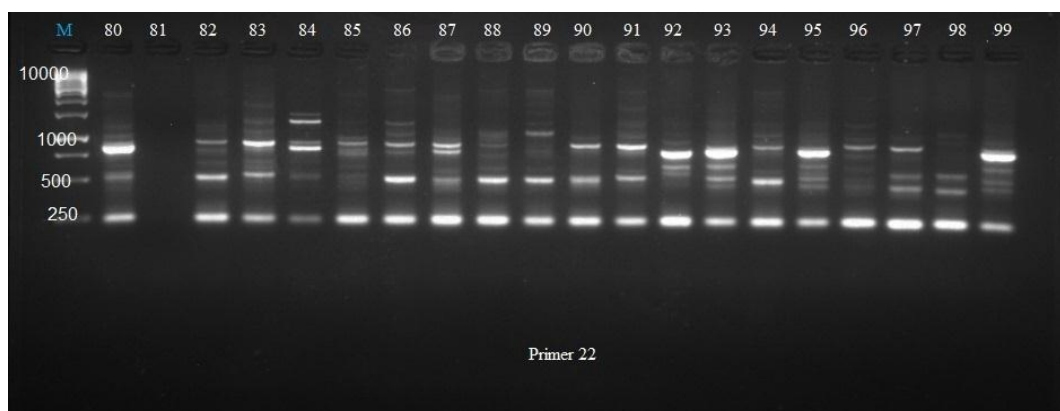
نتایج و بحث

در مطالعه حاضر، پروفیل مولکولی ۱۰۰ ژنوتیپ ذرت با ۸ ترکیب آغازگر مبتنی بر رتروترنسپوزون IRAP و REMAP تهیه شد (جدول ۳). هشت ترکیب آغازگر IRAP و REMAP ۴۰ مکان ژنی را تکثیر کردند. از این ۴۰ مکان، ۳۸ مکان ژنی (۹۵ درصد) چندشکلی نشان دادند. نمونه‌ای از پروفیل مولکولی افراد با یکی از آغازگرهای IRAP در شکل ۱ نشان داده است. تعداد آلل مؤثر از ۱/۲ در آغازگر Ac/Ds تا ۱/۷۶ در ترکیب Ruda×UBC878 بود. میانگین تعداد آلل مؤثر ۱/۵ برآورد شد. تعداد آلل مؤثر ۱ در مکان‌های ژنی AC/DS(۸۵۰) و AC/DS(۷۰۰) بیانگر وجود یک آلل با حداکثر اثر و ویژگی منحصر به فرد می‌باشد. آلل مؤثر ۱/۰۵ برای مکان ژنی UBC817*29(۱۳۰۰) نشان‌دهنده دو آلل با فراوانی آللی کاملاً متفاوت و وجود یک آلل نادر برای این مکان رتروترنسپوزونی است. دامنه PIC در لاین‌های مورد مطالعه از ۰/۰۸۴ برای آغازگر Ac/Ds تا ۰/۳۸۳ برای آغازگر Pangrangja متغیر بود. میانگین PIC در لاین‌های مورد مطالعه برابر ۰/۲۸۲ بود. میزان اطلاعات چند شکل (PIC)، یکی از شاخص‌های مهم جهت مقایسه نشانگرهای مختلف از لحاظ قدرت تمایز آنها می‌باشد. مقادیر بالای این شاخص دلالت بر چندشکلی بالا و وجود آلل یا آلل‌های نادر در جایگاه نشانگری است؛ که در تفکیک و تمایز

1- Burn-in
4- Mixed linear model

2- Markov Chain Monte Carlo (MCMC)

3- General linear model



شکل ۱- نمایی از ژل مربوط به الکتروفورز محصول PCR با استفاده از آغازگر Heartbreaker تعدادی از لاین‌های ذرت.
Figure 1. Picture of electrophoresis gel related to PCR with Heartbreaker primer on a number of maize lines

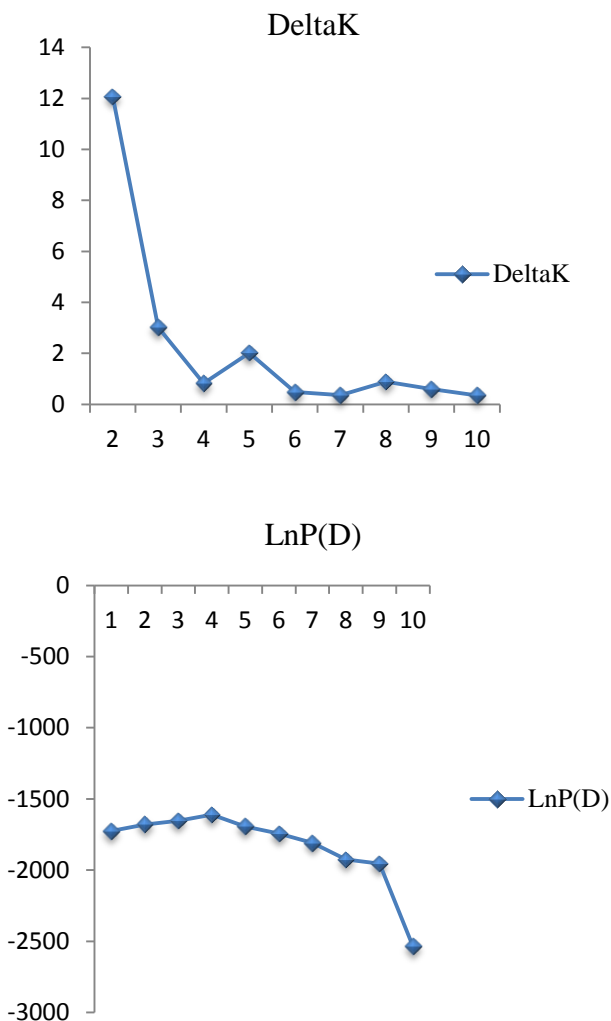
جدول ۳- تجزیه تنوع ژنتیکی در مکان‌های نشانگرهای رتروترانسپوزونی در لاین‌های ذرت مورد مطالعه
Table 3. Analysis of genetic diversity in retrotransposon based molecular markers loci in studied maize lines

PIC	UHe	Nm	I	H	Ne	Na	Sample size	Primer
۰/۳۵	۰/۳۵	۱۶/۰۸	۰/۵۶	۰/۳۹	۱/۷۶	۲	۹۸	Rudax×UBC878
۰/۲۳	۰/۲۳	۱۶/۴۷	۰/۴۰	۰/۲۶	۱/۴۳	۲	۹۷	Misfit×UBC817
۰/۱۹	۰/۱۹	۱۰۵/۷۶	۰/۳۹	۰/۲۵	۱/۳۸	۲	۱۰۰	Giepum
۰/۳۰	۰/۳۰	۸۱/۰۴	۰/۴۸	۰/۳۱	۱/۵۱	۲	۸۹	Heartbreaker
۰/۳۸	۰/۳۸	۱۳/۲۸	۰/۵۷	۰/۳۹	۱/۶۹	۲	۱۰۰	Pangrangja
۰/۰۸	۰/۰۸	۳/۴۸	۰/۳۷	۰/۱۶	۱/۲۱	۲	۹۸	Ac/Ds
۰/۳۴	۰/۳۴	۱۸۶/۱۳	۰/۶۹	۰/۳۳	۱/۵۸	۲	۹۶	Huck×Ozymandias
۰/۳۶	۰/۳۶	۱۳/۸۹	۰/۵۷	۰/۳۹	۱/۶۸	۲	۸۶	Misfit
۰/۲۸	۰/۲۸	۵/۵۱	۰/۴۶	۰/۳۰	۱/۵۱	۲	۹۶	Mean
۰/۱۰	۰/۱۰	۶۴/۹۵	۰/۲۱	۰/۱۶	۰/۳۴	۰/۲	۵/۱۸	St. Dev

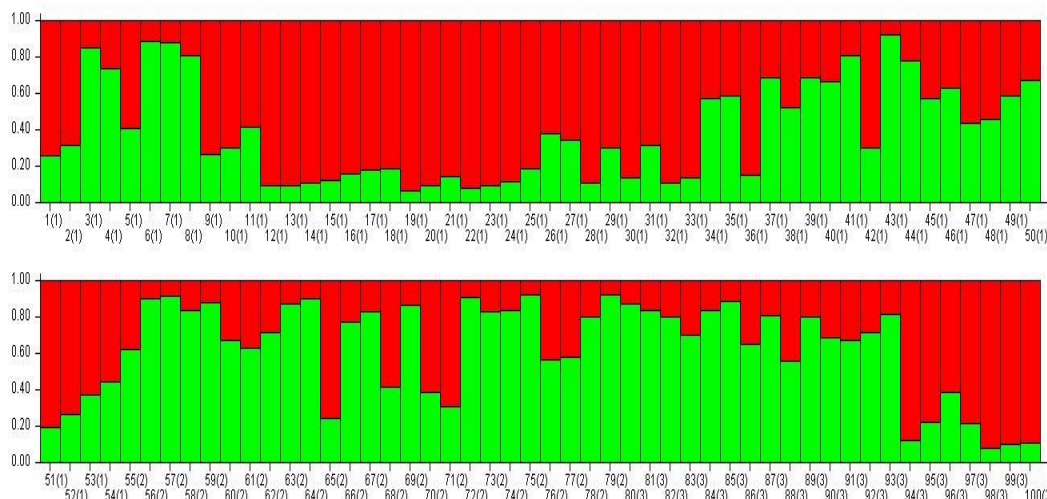
Na = Number of allele, Ne = Number of effective alleles = $1 / (p^2 + q^2)$, I = Shannon's information index = $-1 \times (p \times \ln(p) + q \times \ln(q))$, uHe = Unbiased expected heterozygosity = $(2N / (2N-1)) \times He$, H = Nei's gene diversity, Nm = Estimate of gene flow from GST or GCS = $0.5 \times (1 - GST) / GCS$.

اول، ۸ لاین (۱۴/۸ درصد) به زیر ساختار دوم و ۲۳ لاین (۴۲/۵۹ درصد) ساختاری مخلوط داشتند. از ۲۵ لاین متعلق به جمعیت کرمانشاه ۱ لاین (۴ درصد) به زیر ساختار اول، ۱۶ لاین (۶۴ درصد) به زیر ساختار دوم و ۸ لاین (۳۲ درصد) ساختار مخلوط داشت. از ۲۱ لاین مربوط به جمعیت کرج، ۶ لاین (۲۸/۵۷ درصد) به زیر ساختار اول، ۱۰ لاین (۴۷/۶۱ درصد) به زیر ساختار دوم و ۵ لاین (۲۳/۸ درصد) ساختاری مخلوط داشتند (شکل ۳). بررسی انتصاب لاین‌ها به زیر ساختارها توسط نرم افزار Structure نشان می‌دهد که گروه‌بندی لاین‌ها با الگوی خاصی از جمله منشأ لاین‌ها مطابقت ندارد.

تجزیه مؤثر ساختار جمعیت و دسته‌بندی دقیق افراد به زیر جمعیت‌های مناسب با روش بیزین در نرم‌افزار Structure انجام و ۲ زیر جمعیت احتمالی ($K=2$) در جمعیت لاین‌های ذرت مورد مطالعه شناسایی شد و به‌عنوان K بهینه در تخمین ساختار جمعیت و محاسبه ماتریس سهم عضویت افراد در هر کلاستر (ماتریس Q) در نظر گرفته شد (شکل ۲). از ۱۰۰ لاین ذرت، ۳۰ لاین به زیر ساختار اول (قرمز) و ۳۴ لاین به زیر ساختار دوم (سبز) تعلق داشتند. ۳۶ لاین نیز ساختار مخلوط داشتند؛ یعنی در هیچ کدام از زیر ساختارهای اول و دوم قرار نگرفتند. از ۵۴ لاین مربوط به جمعیت مشهد؛ ۲۳ لاین (۴۲/۵۹ درصد) به زیر ساختار



شکل ۲- تجزیه ساختار جمعیت و تعیین تعداد زیر جمعیت بهینه. محور عمودی شاخص K و محور افقی تعداد زیر جمعیت‌ها را نشان می‌دهد.
Figure 2. Population structure analysis and determination of optimal sub-population numbers. The vertical axis indicates the K index and the horizontal axis indicate the number of sub-populations.



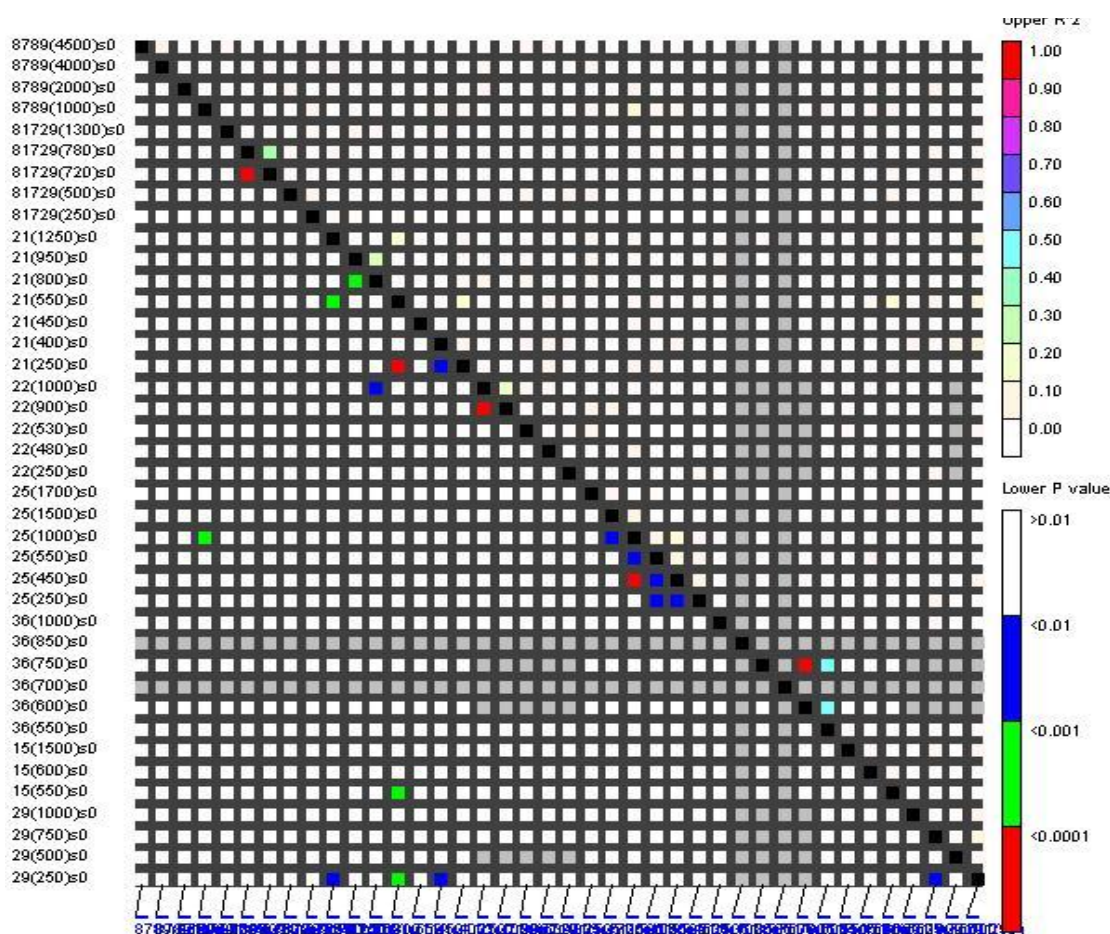
شکل ۳- تجزیه کلاستر مبتنی بر مدل Bayesian ۱۰۰ لاین ذرت بر اساس ۴۰ مکان رترورتنسپوزونی IRAP و REMAP (K=2). هر رنگ یک زیر جمعیت یا کلاستر را نشان می‌دهد. محور عمودی ضریب تعلق هر فرد به هر زیر جمعیت را نشان می‌دهد و اعداد در محور افقی کد ژنوتیپها را نشان می‌دهد. ژنوتیپها با رنگ‌های یکسان متعلق به یک زیر جمعیت است.

Figure 3. Bayesian based cluster analysis of 100 maize inbred lines based on 40 IRAP and REMAP markers (K=2). Each color represents a sub-population or cluster. The vertical axis shows the coefficient of belonging of each individual to each sub-population and the numbers in the horizontal axis show the code of the genotypes. Genotypes with the same colors belong to the same sub population.

بسیار قدرتمند است، زیرا می‌توان با انتخاب پانل نقشه‌یابی ارتباطی مناسب، میزان تفکیک را کنترل کرد: به عنوان مثال، بلوک LD در توده‌های بومی ذرت کمتر از ۱۰۰۰ جفت باز و در لاین‌های متنوع ذرت تقریباً به ۲۰۰۰ جفت باز افزایش می‌یابد، اما در لاین‌های تجاری می‌تواند تا ۱۰۰ kbp باشد (۵۴، ۶۶، ۹). بر اساس توالی‌یابی ژنوم ۲۷ اینبرد لاین متنوع، بیش از ۱۰۰ بلوک LD در اندازه‌های مختلف (از هزاران تا میلیون‌ها جفت باز) در ژنوم ذرت شناسایی شده است (۱۸). مطالعات در مورد میزان افت LD در گونه‌های مختلف گیاهی مانند ذرت (*Zea mays ssp. mays*) (۵۸، ۱۴، ۹، ۵۴، ۴۷)، جو (*Hordeum vulgare*) (۱۰)، سورگوم (*Sorghum bicolor*) (۲۰)، آراییدوپسیس (*Arabidopsis thaliana*) (۴۲، ۴۳) و گندم دوروم (*Triticum durum*) (۳۶)، نشان‌دهنده‌ی تنوع بسیار زیادی در میزان LD است.

عدم تعادل پیوستگی

از ۷۸۰ جفت مکان رترورتنسپوزونی مورد مقایسه، ۵۷/۴۳ درصد بر اساس شاخص r^2 (شاخص سنجش عدم تعادل) در عدم تعادل بودند ($r^2 \geq 0.1$, P-value ≤ 0.01). در گیاهان دگرگشن نسبت به گیاهان خودگشن عدم تعادل پیوستگی سریع‌تر کاهش می‌یابد این امر به علت تأثیر کم نوترکیبی در گیاهان خودگشن که از هموزیگوسیتی و خلوص بالا برخوردارند، هست (۲). افت LD (عدم تعادل پیوستگی) در ذرت به سرعت اتفاق می‌افتد. در مقابل تنوع LD در ذرت بسیار زیاد است؛ این امر به دلیل سرعت بالای نوترکیبی در این گونه گیاهی است (۵۰). افزایش میزان نوترکیبی منجر به تغییر شکل بخش‌های کروموزومی در قطعات کوچکتر، افت LD در فاصله‌های کوتاه در اطراف این مکان‌ها و همچنین وقوع همبستگی (ایجاد LD) بین مکان‌هایی می‌شود که از نظر فیزیکی نزدیک‌تر هستند؛ که این امر باعث وضوح بالاتر نقشه‌یابی می‌شود. تجزیه ارتباط به ویژه در ذرت



شکل ۴- پلات عدم تعادل پیوستگی (LD plot). قسمت بالای قطر نشان‌دهنده میزان عدم تعادل پیوستگی و قسمت پایین قطر P-value آماره عدم تعادل برای جفت نشانگرها را نشان می‌دهد.

Figure 4. Linkage disequilibrium plot (LD plot). The upper part of diagonal in figure shows the rate of linkage disequilibrium between pair of molecular markers loci and the lower part of diagonal shows their P-value.

مجموع ۱۲ مکان رتروترنسپوزونی IRAP و REMAP ارتباط معنی‌داری با ژن‌های کنترل‌کننده صفات نشان دادند ($P\text{-value} \leq 0.01$). از ۱۲ مکان شناسایی شده برای صفات، ۶ مکان همان مکان‌هایی بودند که در GLM نیز در رابطه با صفات شناسایی شدند. بر اساس MLM، ۱ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده ارتفاع بوته تا بلال، ۱ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده طول برگ، ۱ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده عرض برگ، ۲ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده سطح برگ، ۱ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده شاخص سطح برگ، ۱ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده تعداد بلال، ۱ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده میزان کلروفیل، ۱ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده وزن دانه در بوته، ۱ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده قطر ابتدای چوب بلال، ۱ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده قطر وسط چوب بلال، ۱ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده طول چوب بلال پیوستگی نشان دادند (جدول ۴). شناسایی ژن‌هایی که صفات مهم زراعی را کنترل می‌کنند برای

تجزیه‌ی ارتباطی

بر اساس نتایج بدست آمده از GLM، ۲۴ مکان رتروترنسپوزونی ارتباط معنی‌داری ($P\text{-value} \leq 0.01$) با عوامل کنترل‌کننده صفات مورد بررسی نشان دادند. از این تعداد ۱ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده ارتفاع بوته، ۲ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده ارتفاع بوته تا بلال، ۲ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده طول برگ، ۲ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده سطح برگ، ۲ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده صفت شاخص سطح برگ، ۳ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده تعداد بلال، ۳ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده وزن دانه در بوته، ۳ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده وزن چوب بلال، ۱ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده قطر ابتدای چوب بلال، ۲ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده طول چوب بلال، ۱ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده وزن خشک بوته، ۱ مکان با ژن‌های کنترل‌کننده تاریخ ظهور بلال دوم ارتباط معنی‌داری داشتند (جدول ۴). در تجزیه ارتباط با استفاده از MLM در

صفات آگرو-مورفولوژیک با استفاده از نشانگرهای حاصل از ۱۶ آگازگر ISSR انجام دادند. بر اساس MLM، تعداد ۲۵ جایگاه ISSR ارتباط معنی‌داری با صفات مورد مطالعه نشان دادند. در مطالعه ایشان، سه نشانگر با ارتفاع بوته، سه نشانگر با ارتفاع بوته تا بلال، یک نشانگر با طول برگ، دو نشانگر با تعداد بلال، دو نشانگر با وزن چوب بلال، دو نشانگر با قطر ابتدای چوب بلال، دو نشانگر با طول چوب بلال، دو نشانگر با قطر وسط چوب بلال، سه نشانگر با تاریخ ظهور گل نر، دو نشانگر با تاریخ ظهور بلال اول و سه نشانگر با وزن دانه پیوستگی نشان دادند. Mazaheri و همکاران (۴۱)، در تجزیه ارتباطی با ۹۴۲ اینبرد لاین ذرت برای صفات مربوط به بیوماس و آناتومی ساقه با رویکرد ژن‌های کاندید، در مجموع ۴، ۸، ۱ و ۳ نشانگر پیوسته با ارتفاع بوته، قطر ساقه، ضخامت پوست و تراکم دسته‌های آوندی شناسایی کردند. در مطالعه آنها روشن شد که ژن Zmm22 با کاهش ارتفاع بوته و کاهش تعداد کاکول‌های ذرت در ارتباط است و بررسی‌های بیشتر نشان داد که این ژن برای دو صفت فوق اثر پلیوتروپی دارد. Zhang و همکاران (۶۷) با استفاده از جمعیت لاین‌های خویش آمیخته نوترکیب، یک QTL مهم دخیل در تحمل شوری (ZmHKT1) شناسایی کردند و از آن به عنوان یک ژن جدید مهم در به‌نژادی ذرت برای بهبود تحمل شوری یاد کردند. تنوع فنوتیپی ایجاد شده در اثر این QTL ظاهراً با وجود درج LTR/Gypsy retrotransposon در ZmHKT1 ایجاد می‌شود، که منجر به تغییر عملکرد ZmHKT1 می‌شود.

در تجزیه ارتباطی امکان تعیین فاصله نشانگر از ژن کنترل کننده صفت نیست. این کار در تجزیه پیوستگی امکان‌پذیر است (Linkage analysis). در روش اخیر (تجزیه پیوستگی) از تلاقی دو والد جمعیت نقشه (مثلاً F_2 ، DH، RIL) تهیه و روی جمعیت نقشه، نقشه پیوستگی ژنتیکی (Genetic linkage map) با استفاده از نشانگر مولکولی تهیه می‌شود. بعد از شناسایی نشانگر پیوسته؛ مثلاً به روش تجزیه رگرسیون یا تجزیه واریانس، بر اساس مدل‌های ژنتیکی تک نشانگر (Single marker) یا مدل نشانگرهای جانبی (Flanking markers) فاصله QTL از نشانگر تعیین می‌شود.

بر اساس نتایج این مطالعه، برخی از نشانگرهای رتروترانسپوزونی میان برخی از صفات مشترک بود که از جمله آنها می‌توان به نشانگر Ruda×UBC878 که با صفات ارتفاع بوته تا بلال، طول برگ، سطح برگ، شاخص سطح برگ، تعداد بلال، وزن دانه، وزن چوب بلال، طول چوب بلال و تاریخ ظهور بلال دوم مرتبط بود، اشاره نمود. همچنین نشانگر Pangrangia با صفات ارتفاع بوته، ارتفاع بوته تا بلال، وزن چوب بلال و وزن خشک بوته پیوستگی نشان داد. نشانگر Heartbreaker(480) با صفات قطر ابتدای چوب بلال و طول چوب بلال، نشانگر Giepiaum(800) با صفات سطح برگ، تعداد بلال و نشانگر Misfit(750) با صفات طول برگ، عرض برگ و شاخص سطح برگ پیوستگی نشان دادند. وجود نشانگر مشترک می‌تواند در

برنامه‌های به‌نژادی ذرت ضروری است. در طی چند دهه گذشته، نقشه‌یابی QTL در بسیاری از مطالعات برای شناسایی ژن‌های کنترل‌کننده صفات فنوتیپی استفاده شده است. یک پانل ارتباطی ایده‌آل باید تا آنجا که ممکن است تنوع ژنتیکی داشته باشد، که اغلب برای تشریح تغییرات صفات پیچیده استفاده می‌شود (۶۸،۵). تنوع فراوان و اُفت سریع LD باعث می‌شود که ذرت به‌عنوان یک محصول ایده‌آل برای نقشه‌یابی ارتباطی باشد. نقشه‌برداری ارتباطی بر اساس عدم تعادل پیوستگی (LD) از طریق رویکردهای پویس ژنوم گسترده و ژن‌های کاندید، ابزاری قدرتمند برای کالبد شکافی صفات کمی در گیاهان فراهم می‌کند (۶۱،۶۲). Yu و Buckler (۶۶) به منظور بهبود نتایج و به عبارتی کاهش نتایج مثبت دروغین از MLM در مطالعات تجزیه‌ی ارتباطی صفاتی مانند زمان گل‌دهی، وزن و قطر خوشه در ذرت استفاده نمودند و نتایج دقیق‌تری را در مقایسه با GLM یا Q ارائه نمودند. Sa و همکاران (۵۲) تنوع ۴۰ لاین نرمال و ۴۰ لاین مومی ذرت را بر اساس ۱۰ صفت مورفولوژیکی و ۲۰۰ نشانگر SSR بررسی کردند؛ بر اساس نتایج حاصل از MLM چهار مکان ژنی SSR با چهار صفت مورد ارزیابی و بر اساس GLM ۷۲ مکان ژنی با صفات فنوتیپی در سطح احتمال یک درصد ارتباط معنی‌داری نشان دادند. در مطالعه ایشان دو نشانگر Phi099 و Umc1858 با شش صفت ارتباط معنی‌دار داشتند. در MLM کمترین مقدار R^2 (۱۸/۷۴) برای مکان umc1279 که با EW (وزن بلال) مرتبط بود، و بالاترین مقدار R^2 (۲۷/۶۶) برای مکان umc1858 که با صفت 100KW (وزن صد دانه) مرتبط بود، مشاهده شد که نشان می‌دهد این دو مکان ۱۸ الی ۲۷ درصد از تغییرات فنوتیپی این صفات را توجیه می‌کنند. چهار نشانگر umc1858، umc1645، umc2215 و umc1279، به ترتیب در هر دو مدل با $100KW^1$ (وزن صد دانه)، EH^2 (ارتفاع بلال)، EN^3 (تعداد بلال) و EW^4 (وزن بلال) مرتبط بودند. این نشان می‌دهد که نشانگرهای SSR مشخص شده ممکن است به عنوان نشانگرهای مولکولی مفید برای انتخاب برای عملکرد و صفات زراعی مهم به کار برده شوند. Van Inghelandt و همکاران (۵۵) ۱۵۳۷ اینبرد لاین ذرت را با استفاده از ۳۵۹ نشانگر SSR و ۸۴۴۴۴ نشانگر SNP ثبت ژنوتیپی (ژنوتایپ) نمودند؛ میانگین تعداد آلل و تنوع ژنی (D) برای SSRها بیشتر از SNPها بود. احتمال عضویت در ماتریس Q حاصل از Structure با SSRها بیشتر از آن با نشانگرهای SNP بود. همچنین نشان داده شد که نسبت تعداد SSRها و SNPهای مورد نیاز برای به دست آوردن برآوردهای D با دقت مشابه در سطح مختلف ثابت نیست. در مطالعه Liu و همکاران (۲۸) در مجموع ۲۱ پلی‌مورفیسم تک نوکلئوتیدی (SNP) با سه صفت دانه ذرت؛ طول (KL)، عرض (KW) و ضخامت (KT) در چهار محیط ارتباط داشتند. با استفاده از تجزیه ارتباطی و نقشه‌یابی پیوستگی، در مجموع ۷۳ ژن کاندیدا شناسایی شد که تنظیم کننده رشد بذر بودند. غفاری آذر و همکاران (۱۶) با ۱۰۰ لاین خالص ذرت مورد استفاده در مطالعه حاضر، تجزیه ارتباطی برای

1- Weight of 100 fresh kernels (100 KW)

4- Ear weight

2- Ear height

3- Number of ears

به‌نژادی گیاهان اهمیت زیادی دارد. نشانگرها در گزینش لاین‌های خالص از جمعیت در حال تفرق که از خودگشن کردن هیبریدهای تجاری بدست می‌آید و تا رسیدن به لاین‌های خالص ادامه می‌یابد مؤثر هستند (۶۳).

بهبود برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر (MAS) و تولید و انتخاب ژنوتیپ‌ها مفید باشد. شناسایی نشانگرهای مشترک به دلیل اینکه گزینش همزمان چند صفت زراعی را از طریق انتخاب به کمک نشانگرها امکان‌پذیر می‌سازد در برنامه‌های

جدول ۴- نتایج حاصل از تجزیه ارتباط با GLM و MLM در ذرت با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون ها
Table 4. Results of association analysis by GLM and MLM in maize inbred lines using retrotransposon-based markers

صفات	مکان	نوع نشانگر	GLM				MLM		
			F-Marker	P-Marker	P-adj_Marker	R ² -Model	R ² -Marker	F-Marker	P_Marker
ارتفاع بوته	Pangrangaia(1700)	IRAP	۱۳/۳۵	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۱۵	۰/۱۲	-	-
		REMAP	۸/۷۵	۰/۰۰	۰/۰۲	۰/۱۰	۰/۰۸	-	-
ارتفاع بوته تا بلال	Pangrangaia (1700)	IRAP	۷/۸۴	۰/۰۱	۰/۱۰	۰/۱۰	۰/۰۷	-	-
		Misfit(250)	-	-	-	-	-	۸/۲۶	۰/۰۱
		REMAP	۸/۶۰	۰/۰۰	۰/۰۵	۰/۱۰	۰/۰۸	۹/۱۹	۰/۰۰
طول برگ	Heartbraker (250)	IRAP	۸/۴۳	۰/۰۰	۰/۰۴	۰/۱۱	۰/۰۹	-	-
		IRAP	۹/۱۹	۰/۰۰	۰/۰۳	۰/۱۰	۰/۱۰	-	-
		REMAP	-	-	-	-	-	۶/۷۲	۰/۰۱
عرض برگ	UBC817* Misfit (1300)	IRAP	۸/۳۱	۰/۰۱	۰/۰۶	۰/۱۰	۰/۰۹	۶/۷۶	۰/۰۱
		Misfit (750)	-	-	-	-	-	-	-
سطح برگ	Giepum(800)	IRAP	۶/۴۸	۰/۰۱	۰/۲۹	۰/۱۰	۰/۰۶	-	-
		REMAP	-	-	-	-	-	۹/۸۹	۰/۰۰
		IRAP	۶/۳۸	۰/۰۱	۰/۳۴	۰/۱۰	۰/۰۶	-	-
شاخص سطح برگ	UBC878* Ruda (1000)	REMAP	-	-	-	-	-	۱۰/۸۷	۰/۰۰
		IRAP	۷/۹۰	۰/۰۱	۰/۰۸	۰/۰۹	۰/۰۹	-	-
		IRAP	۷/۴۲	۰/۰۱	۰/۱۳	۰/۰۸	۰/۰۸	-	-
		REMAP	۸/۱۰	۰/۰۱	۰/۰۸	۰/۰۸	۰/۰۸	۷/۱۱	۰/۰۱
تعداد بلال	UBC878* Ruda(4000)	IRAP	۱۱/۷۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۱۱	۰/۱۱	-	-
		REMAP	-	-	-	-	-	۸/۳۵	۰/۰۱
میزان کلروفیل	UBC817* Misfit (780)	IRAP	۶/۴۶	۰/۰۱	۰/۲۷	۰/۱۴	۰/۰۶	-	-
		AC/DS(1000)	-	-	-	-	-	-	-
وزن دانه	UBC878* Ruda(4000)	REMAP	۱۱/۵۹	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۱۷	۰/۱۰	۶/۲۲	۰/۰۱
		IRAP	۷/۱۷	۰/۰۱	۰/۱۸	۰/۱۷	۰/۰۷	-	-
		REMAP	۱۳/۰۶	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۲۲	۰/۱۱	-	-
وزن چوب بلال	Misfit (1000)	IRAP	۶/۸۷	۰/۰۱	۰/۲۴	۰/۲۱	۰/۰۷	-	-
		IRAP	۹/۳۱	۰/۰۰	۰/۰۳	۰/۲۰	۰/۰۸	-	-
قطر ابتدای چوب بلال	Heartbraker (480)	IRAP	۷/۴۳	۰/۰۱	۰/۱۲	۰/۱۰	۰/۰۸	۱۱/۷۶	۰/۰۰
		REMAP	-	-	-	-	-	۷/۹۳	۰/۰۱
قطر وسط چوب بلال	Giepum (550)	REMAP	-	-	-	-	-	-	-
		IRAP	۱۵/۰۳	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۱۹	۰/۱۳	-	-
طول چوب بلال	UBC878* Ruda (4000)	REMAP	۶/۵۲	۰/۰۱	۰/۲۲	۰/۱۲	۰/۰۷	۶/۹۷	۰/۰۱
		IRAP	۱۰/۹۷	۰/۰۰	۰/۰۱	۰/۱۳	۰/۱۰	-	-
وزن خشک بوته	Pangrangaia(1700)	IRAP	۱۳/۹۵	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۱۵	۰/۱۵	-	-
تاریخ ظهور بلال دوم	UBC878* Ruda (00)	IRAP	-	-	-	-	-	-	-

GLM: General linear model, MLM: Mixed linear model

از این پژوهش، نشانگرهای رتروترانسپوزونی IRAP و REMAP با صفات زراعی همبسته بودند. در هر دو مدل نقشه‌یابی ارتباطی تعدادی از نشانگرها بین صفات مشترک بودند. وجود نشانگر مشترک امکان گزینش همزمان چند صفت زراعی را از طریق انتخاب به کمک نشانگرها امکان‌پذیر می‌سازد که می‌توانند پس از انجام آزمایش‌های تکمیلی و تایید نتایج در برنامه‌های به‌نژادی مورد استفاده قرار گیرند.

نتیجه گیری

در بررسی تنوع ژنتیکی با نشانگرهای رتروترانسپوزونی پلی‌مورفیسم بالایی در بین لاین‌های مورد مطالعه مشاهده شد؛ به طوری که این نشانگرها ۳۸ (۹۵ درصد) مکان چند شکل تولید کردند. تجزیه ارتباطی با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون IRAP و REMAP با دو مدل GLM و MLM به ترتیب ۲۴ و ۱۲ نشانگر ژنی شناسایی نمود. طبق نتایج حاصل

منابع

1. Anderson, J.A., G.A. Churchill, J.E. Autrique and S.D. Tanksley. 1993. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. *Genome*, 36: 181-186.
2. Ataei, R., M. Gholamhoseini and V. Mohammadi. 2017. Association mapping in plants. *Crop Biotechnology*, 18: 25-37.
3. Agrama, H.A., G.C. Eizenga and W. Yan. 2007. Association mapping of yield and its components in rice cultivars. *Molecular Breeding*, 19: 341-356
4. Buckler, E.S., B.S. Gaut and M.D. McMullen. 2006. Molecular and functional diversity of maize. *Current Opinion in Plant Biology*, 9: 172-176.
- 5- Buckler, E. and M. Gore. 2007. An Arabidopsis haplotype map takes root. *Nature Genetics*, 39(9): 1056-1057.
6. Borba, T.C., R.P. Brondani, F. Breseghello, A.S. Coelho, J.A. Mendonça, P.H. Rangel and C. Brondani. 2010. Association mapping for yield and grain quality traits in rice (*Oryza sativa* L.). *Genetics and Molecular Biology*, 33: 515-524.
7. Betrán, F.J., J.M. Ribaut, D. Beck and D.G. De Leon. 2003. Genetic diversity, specific combining ability, and heterosis in tropical maize under stress and nonstress environments. *Crop Science*, 43(3): 797-806.
8. Cai, D., Y. Xiao, W. Yang, W. Ye, B. Wang, M. Younas, J. Wu and K. Liu. 2014. Association mapping of six yield-related traits in rapeseed (*Brassica napus* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 127: 85-96.
9. Ching, A., K.S. Caldwe, M. Jung, M. Dolan, O.S. Smith, S. Tingey, M. Morgante and A.J. Rafalski. 2002. SNP frequency, haplotype structure and linkage disequilibrium in elite maize inbred lines. *BMC Genetics*, 3: 19.
10. Caldwell, K.S., J. Russell, P. Langridge and W. Powell. 2006. Extreme population-dependent linkage disequilibrium detected in an inbreeding plant species, *Hordeum vulgare*. *Genetics*, 172: 557-567.13.
11. Döring, H.P. and P. Starlinger. 1984. Barbara McClintock's controlling elements: now at the DNA level. *Cell*, 39(2): 253-259.
12. Diez, C.M., E. Meca, M.I. Tenaillon and B.S. Gaut. 2014. Three groups of transposable elements with contrasting copy number dynamics and host responses in the maize (*Zea mays ssp. mays*) genome. *PLoS Genetics*, 10(4): e1004298.
13. Estep, M.C., J.D. DeBarry and J.L. Bennetzen. 2013. The dynamics of LTR retrotransposon accumulation across 25 million years of panicoid grass evolution. *Heredity*, 110(2): 194-204.
14. Ersoz, E.S., J. Yu and E.S. Buckler. 2009 Applications of linkage disequilibrium and association mapping in maize. *Molecular Genetic Approaches to Maize Improvement*, 978-3-540-68922-5.
15. Forestan, C., S. Farinati, R.A. Cigliano, A. Lunardon, W. Sanseverino and S. Varotto. 2017. Maize RNA PolIV affects the expression of genes with nearby TE insertions and has a genome-wide repressive impact on transcription. *BMC Plant Biology*, 17(1): 1-27.
16. Ghaffari Azar, A., R. Darvishzadeh, H. Hatami Maleki, D. Kahrizi, B. Darvishi and I. Bernoosi. 2018. Identification of Inter simple sequence repeat regions associated with agro-morphological traits in maize genome. *Cereal Research*, 8(1): 97-109.
17. Ghonaim, M., R. Kalendar, H. Barakat, N. Elsherif, N. Ashry and A.H. Schulman. 2020. High-throughput retrotransposon-based genetic diversity of maize germplasm assessment and analysis. *Molecular Biology Reports*, 47(3): 1589-1603.
18. Gore, M.A., J.M. Chia, R.J. Elshire, O. Sun, E.S. Ersoz, B.L. Hurwitz and E.S. Buckler. 2009. A first-generation haplotype map of maize. *Science*, 326(5956): 1115-1117.
19. Hu, Z., D. Zhang, G. Zhang, G. Kan, D. Hong and D. Yu. 2014. Association mapping of yield-related traits and SSR markers in wild soybean (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.). *Breeding Science*, 63: 441-449.
20. Hamblin, M.T., M.G. Salas Fernandez, A.M. Casa, S.E. Mitchell, A.H. Paterson and S. Kresovich. 2005. Equilibrium processes cannot explain high levels of short- and medium-range linkage disequilibrium in the domesticated grass *Sorghum bicolor*. *Genetics*, 171: 1247-1256.
21. Jannatdoust, M., R. Darvishzadeh, R. Ziaiefard, H. Azizi and E. Gholinezhad. 2015. Association mapping for grain quality related traits in confectionery sunflower (*Helianthus annuus* L.) using retrotransposon markers under normal and drought stress conditions. *Journal of Crop Biotechnology*, 9: 15-28.
22. Karik, Ü., M.A. Nadeem, E. Habyarimana, S. Ercisli, M. Yildiz, A. Yilmaz, S.H. Yang, G. Chung and F.S. Baloch. 2019. Exploring the genetic diversity and population structure of turkish laurel germplasm by the iPBS-retrotransposon marker system. *Agronomy Journal*, 9: 647.
23. Kalendar, R. and A. Schulman. 2006. IRAP and REMAP for retrotransposon-based genotyping and fingerprinting. *Nature Protocols*, 1: 2478-2484.
24. Kwon, S., A.F. Brown, J. Hu, R. McGee, C. Watt, T. Kisha, G. Timmerman-Vaughan, M. Grusak, K.E. McPhee and C.J. Coyne. 2012. Genetic diversity, population structure and genome-wide marker-trait

- association analysis emphasizing seed nutrients of the USDA pea (*Pisum sativum* L.) core collection. *Genes & Genomics*, 34: 305-320.
25. Kuhn, B.C., I. López Ribera, M.D.F. da Silva Machado and C.M. Vicent. 2014. Genetic diversity of Maize germplasm assessed by retrotransposon based markers. *Electrophoresis*, 35: 1921-1927.
 26. Legesse, B.W., A.A. Myburg, K.V. Pixley and A.M. Botha. 2007. Genetic diversity of African maize inbred lines revealed by SSR markers. *Hereditas*, 144: 10-17.
 27. Lorenz, A.J., J.G. Coors, C.N. Hansey, S.M. Kaeppler and N. de Leon. 2010. Genetic analysis of cell walls traits relevant to cellulosic ethanol production in Maize (*Zea mays* L.). *Crop Science*, 50: 842-852.
 28. Liu, N., Y. Xue, Z. Guo, W. Li and J. Tang. 2016. Genome-wide association study identifies candidate genes for starch content regulation in maize kernels. *Frontiers in Plant Science*, 7: 1046.
 29. Li, K., H. Wang, X. Hu, Z. Liu, Y. Wu and C. Huang. 2016. Genome-wide association study reveals the genetic basis of stalk cell wall components in maize. *PLoS One*, 11: e0158906.
 30. Li, X., Z. Zhou, J. Ding, Y. Wu, B. Zhou, R. Wang, J. Ma, S. Wang, X. Zhang, Z. Xia, J. Chen and J. Wu. 2016. Combined linkage and association mapping reveals QTL and candidate genes for plant and ear height in maize. *Frontiers in Plant Science*, 7: 89-97.
 31. Leiboff, S., X. Li, H. Hu, N. Todt, J. Yang, X. Li, X. Yu, G.J. Muehlbauer, M.C.P. Timmermans and J. Yu. 2015. Genetic control of morphometric diversity in the maize shoot apical meristem. *Frontiers in Plant Science*, 6: 8974.
 32. Lu, H. and R. Bernardo. 2001. Molecular marker diversity among current and historical maize inbreds. *Theoretical and Applied Genetics*, 103(4): 613-617.
 33. Mezouk, S., P.L. Dubreuil, M. Bosio, L. Décousset, A. Charcosset, S. Praud and B. Mangin. 2010. Effect of population structure corrections on the results of association mapping tests in complex maize diversity panels. *Theoretical and Applied Genetics*, 122: 1149-1160.
 34. Murray, M.G. and W.F. Thompson. 1980. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research*, 8: 4321-4325.
 35. Mokrani, L., L. Gentzbittel, F. Azanza, L. Fitamant, G. Al-Chaarani and A. Sarrafi. 2002. Mapping and analysis of quantitative trait loci for grain oil content and agronomic traits using AFLP and SSR in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 106: 149-156.
 36. Maccaferri, M., M.C. Sanguineti, E. Noli and R. Tuberosa. 2005. Population structure and long-range disequilibrium in a durum wheat elite collection. *Molecular Breeding*, 15: 271-290
 37. Murray, M.G. and W.F. Thompson. 1980. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research*, 8: 4321-4326.
 38. Mir Mohammadi Maibody, S.A.M and P. Golkar. 2019. Application of DNA molecular markers in plant breeding. *Plant Genetic Researches*, 6(1): 1-30.
 39. Messing, J., A.K. Bharti, W.M. Karlowski, H. Gundlach, H.R. Kim, Y. Yu and R.A. Wing. 2004. Sequence composition and genome organization of maize. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 101(40): 14349-14354.
 40. Melchinger, A.E. 1999. Genetic diversity and heterosis. *Genetics and exploitation of heterosis in crops*, 99-118.
 41. Mazaheri, M., M. Heckwolf, B. Vaillancourt, J.L. Gage, B. Burdo, S. Heckwolf and S.M. Kaeppler. 2019. Genome-wide association analysis of stalk biomass and anatomical traits in maize. *BMC Plant Biology*, 19(1): 1-17.
 42. Nordborg, M., J.O. Borevitz, J. Bergelson, C.C. Berry, J. Chory, J. Hagenblad, M. Kreitman, J.N. Maloof, T. Noyes, P.J. Oefner, E.A. Stahl and D. Weigel. 2002. The extent of linkage disequilibrium in *Arabidopsis thaliana*. *Nature Genetics*, 30: 190-193.
 43. Nordborg, M., T.T. Hu, Y. Ishino, J. Jhaveri, C. Toomajian, H. Zheng, E. Bakker, P. Calabrese, J. Gladstone, R. Goyal, M. Jakobsson, S. Kim, Y. Morozov, B. Padhukasahasram, V. Plagnol, N.A. Rosenberg, C. Shah, J.D. Wall, J. Wang, K. Zhao, T. Kalbfleisch, V. Schulz, M. Kreitman and J. Bergelson. 2005. The pattern of polymorphism in *Arabidopsis thaliana*. *PLoS Biology*, 3: e196.
 44. Park, J.Y., R.V. Ramekar, K.J. Sa and J.K. Lee. 2015. Genetic diversity, population structure, and association mapping of biomass traits in maize with simple sequence repeat markers. *Genes & Genomics*, 37: 725-735.
 45. Peakall, R. and P.E. Smouse. 2006. GENALEX 6: Genetic Analysis in Excel. *Population Genetic Software for Teaching and Research*. *Molecular Ecology Notes*, 6: 288-295.
 46. Pritchard, J.K., M. Stephens, N.A. Rosenberg and P. Donnelly. 2000. Association mapping in structured populations. *The American Journal of Human Genetics*, 67: 170-181.
 47. Palaisa, K.A., M. Morgante, M. Williams and A. Rafalski. 2003. Contrasting effects of selection on sequence diversity and linkage disequilibrium at two phytoene synthase loci. *Plant Cell*, 15: 1795-1806.

48. Prasanna, B.M., K. Pixley, M.L. Warburton and C.X. Xie. 2010. Molecular marker-assisted breeding options for maize improvement in Asia. *Molecular Breeding*, 26(2): 339-356.
49. Rafalski, A. and E. Ananiev. 2009. Genetic Diversity, Linkage Disequilibrium and Association Mapping. In: Bennetzen J.L., Hake S. (eds) *Handbook of Maize*. Springer, New York, NY.
50. Revilla, P., V.M. Rodríguez, A. Ordás, R. Rincen, A. Charcosset, C. Giauffret, A.E. Melchinger, C.C. Schön, E. Bauer, Altmann, T. Brunel, D. Moreno-González, J. Campo, L. Ouzunova, M. Álvarez, A. Ruíz, de, J.I. Galarreta, J. Laborde and A. Malvar. 2016. Association mapping for cold tolerance in two large maize inbred panels. *BMC Plant Biology*, 16: 127.
51. Reif, J.C., X.C. Xia, A.E. Melchinger, M.L. Warburton, D.A. Hoisington, D. Beck and M. Frisch. 2004. Genetic diversity determined within and among CIMMYT maize populations of tropical, subtropical, and temperate germplasm by SSR markers. *Crop Science*, 44(1): 326-334.
52. Sa, K.J., J.Y. Park, S.H. Choi, B.W. Kim, K.J. Park and J.K. Lee. 2015. Genetic diversity, population structure, and association mapping of agronomic traits in waxy and normal maize inbred lines. *Genetics and Molecular Research*, 14: 7502-7518.
53. SanMiguel, P., A. Tikhonov, Y.K. Jin, N. Motchoulskaia, D. Zakharov, A. Melake-Berhan and J.L. Bennetzen. 1996. Nested retrotransposons in the intergenic regions of the maize genome. *Science*, 274(5288): 765-768.
54. Tenaillon, M.I., M.C. Sawkins, A.D. Long, R.L. Gaut, J.F. Doebley and B.S. Gaut. 2001. Patterns of DNA sequence polymorphism along chromosome 1 of maize (*Zea mays* ssp. *mays* L.). *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98(16): 9161-9166. 50.
55. Van Inghelandt, D., A.E. Melchinger, C. Lebreton and B. Stich. 2010. Population structure and genetic diversity in a commercial maize breeding program assessed with SSR and SNP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 120: 1289-1299.
56. Wang, X., H. Wang, S. Liu, A. Ferjani, J. Li, J. Yan, X. Yang and F. Qin. 2016. Genetic variation in ZmVPP1 contributes to drought tolerance in maize seedlings. *Nature Genetics*, 48: 1233-41.
57. Wu, X., Y. Li, Y. Shi, Y. Song, D. Zhang, C. Li, E.S. Buckler, Y. Li, Z. Zhang and T. Wang. 2016. Joint-linkage mapping and GWAS reveal extensive genetic loci that regulate male inflorescence size in maize. *Plant Biotechnology Journal*, 14: 1551-1562.
58. Wallace, J.G., P.J. Bradbury, N. Zhang, Y. Gibon, M. Stitt and E.S. Buckler. 2014. Association mapping across numerous traits reveals patterns of functional variation in maize. *PLOS Genetics*, 10: e1004845.
59. Warburton, M.L., X. Xiachun, J. Crossa, J. Franco, A.E. Melchinger, M. Frisch, and D. Hoisington. 2002. Genetic characterization of CIMMYT inbred maize lines and open pollinated populations using large scale fingerprinting methods. *Crop Science*, 42(6): 1832-1840.
60. Warburton, M.L., J.C. Reif, M. Frisch, M. Bohn, C. Bedoya, X.C. Xia and S. Taba. 2008. Genetic diversity in CIMMYT nontemperate maize germplasm: landraces, open pollinated varieties, and inbred lines. *Crop Science*, 48(2): 617-624.
61. Xia, X.C., J.C. Reif, D.A. Hoisington, A.E. Melchinger, M. Frisch and M.L. Warburton. 2004. Genetic diversity among CIMMYT maize inbred lines investigated with SSR markers: I. Lowland tropical maize. *Crop Science*, 44(6): 2230-2237.
62. Xia, X. C., J.C. Reif, A.E. Melchinger, M. Frisch, D.A. Hoisington, D. Beck and M.L. Warburton. 2005. Genetic diversity among CIMMYT maize inbred lines investigated with SSR markers: II. Subtropical, tropical midaltitude, and highland maize inbred lines and their relationships with elite US and European maize. *Crop Science*, 45(6): 2573-2582.
63. Xu, Y. 2010. *Molecular plant breeding*. Cabi.
64. Xue, Y., M.L. Warburton, M. Sawkins, X. Zhang, T. Setter, Y. Xu, P. Grudloyma, J. Gethi, J.M. Ribaut, W. Li, X. Zhang, Y. Zheng and J. Yan. 2013. Genome-wide association analysis for nine agronomic traits in maize under well-watered and water-stressed conditions. *Theoretical and Applied Genetics*, 126: 2587-2596.
65. Yan, J., M. Warburton and J. Crouch. 2011. Association mapping for enhancing maize (*Zea mays* L.) genetic improvement. *Crop Science*, 51: 433-449.
66. Yu, J. and E.S. Buckler. 2006. Genetic association mapping and genome organization of maize. *Current Opinion in Biotechnology*, 17: 155-160.
67. Zhang, M., Y. Cao, Z. Wang, Z.Q. Wang, J. Shi, X. Liang and C. Jiang. 2018. A retrotransposon in an HKT1 family sodium transporter causes variation of leaf Na⁺ exclusion and salt tolerance in maize. *New Phytologist*, 217(3): 1161-1176.
68. Zhu, C., M. Gore, E.S. Buckler and J. Yu. 2008. Status and prospects of association mapping in plants. *The Plant Genome*, 1(1).

Association Analysis of Agromorphological Traits in Maize Lines using Retrotransposon Based Markers IRAP and REMAP

Sanaz Khalifani¹, Ali Ghaffari Azar², Reza Darvishzadeh^{3,4*}, Danial Kahrizi⁵ and Hadi Alipour⁶

1- PhD Student in Genetics and Plant Breeding, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Urmia University, Urmia

2- Graduated M.Sc. Student in Agricultural Biotechnology, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Urmia University, Urmia

3 and 4- Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Urmia University, Urmia and Professor, Institute of Biotechnology, Urmia University, Urmia

(Corresponding author: r.darvishzadeh@urmia.ac.ir)

5- Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Razi University, Kermanshah

6- Assistant Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Urmia University, Urmia

Received: June 11, 2020

Accepted: April 16, 2021

Abstract

Maize (*Zea mays* L.) is one of the most important food crops worldwide and is widely used as genetic research material for studying various traits. Identification of genetic loci controlling quantitative trait is an important subject in genetics and breeding programs. In the present study, 102 maize inbred lines was evaluated for agro-morphological traits (plant height, plant height until first ear, leaf length, leaf width, leaf surface, leaf area index, ear number, chlorophyll content, grain weight per plant, cob's dry weight, cob's diameter in first part, cob's diameter in middle part, cob's length, plant dry weight, days to tassel emergence, days to first ear emergence, days to second ear emergence) in completely randomized design with six replications. In the molecular experiment, 8 retrotransposon-based molecular markers primers was used for preparing the molecular profile of lines. Eight IRAP and REMAP primer combinations amplified 40 gene loci. Thirty-eight out of 40 loci (95%) showed polymorphism. The PIC values in the studied lines ranged from 0.084 for Ac/Ds to 0.383 for Pangrangja marker. The Nei's genetic distance between lines prepared from Mashhad and Kermanshah was 0.053, between lines from Karaj and Mashhad was 0.036 and between lines from Kermanshah and Karaj was 0.032. In the analysis of population structure based on molecular markers, 102 studied lines were grouped into two subpopulations ($K = 2$). In the association analysis of agro-morphological traits based on two GLM and MLM methods, 24 and 12 marker-trait relationships were identified, respectively. In this study, two common markers; Heartbraker (480) in cob's diameter in first part and cob's length and UBC878 × Ruda in ear number and grain weight per plant were identified with both general linear and mixed linear models. This information can be used in selecting individuals during tobacco breeding programs and developing varieties with high yield and performance.

Keywords: Association analysis, Genetic diversity, Informative markers, Linkage disequilibrium, Maize, Population structure



"مقاله پژوهشی"

بررسی رابطه صفات عملکردی و فیزیولوژیکی با عملکرد ریشه و قند در هیبریدهای چغندر قند در شرایط نرمال و تنش شوری

عبدالمجید خورشید^۱ و علی اکبر اسدی^۲

۱- مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی آذربایجان غربی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ارومیه، ایران (نویسنده مسول: majidkhor1347@gmail.com)

۲- مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان زنجان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، زنجان، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۰۳/۲۴ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۲/۱۹

صفحه: ۲۵ تا ۳۴

چکیده

به منظور تعیین ارتباط میان برخی صفات فیزیولوژیکی و عملکردی در چغندر قند تحت تنش شوری و نرمال، تعداد ۲۸ ژنوتیپ حاصل از تلاقی بین فول سیب ۸۰۰۱ با سینگل کراس‌های نرعیقیم مولتی ژرم C2 و نرعیقیم منوژرم ۲۳۱×۲۶۱، به همراه دو رقم شاهد در دو محیط به صورت جداگانه در ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی میاندوآب به صورت بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار کشت گردید. روابط بین این صفات با عملکرد ریشه و قند با استفاده از همبستگی، تجزیه رگرسیون و تجزیه علیت تحت تنش شوری و نرمال مورد بررسی قرار گرفت. در شرایط نرمال عملکرد ریشه با عملکرد قند خالص همبستگی مثبت و با عیار قند و نسبت پتاسیم به سدیم همبستگی منفی نشان داد. در شرایط تنش شوری بین عملکرد ریشه با عملکرد قند، عملکرد قند خالص، نسبت پتاسیم به سدیم و محتوای آب نسبی برگ همبستگی مثبت و با میزان سدیم و قند ملاس همبستگی منفی مشاهده شد. تغییر شرایط محیطی باعث تغییر در روابط بین عملکرد ریشه و برخی صفات شد. نتایج تجزیه رگرسیون و علیت نشان داد که در شرایط نرمال اگر عملکرد ریشه متغیر تابع باشد، صفات عملکرد قند خالص و عیار قند تغییرات موجود را توجیه می‌کنند به طوری که در تجزیه علیت، عملکرد قند خالص بیشترین اثر مستقیم مثبت و عیار قند بیشترین اثر مستقیم منفی را بر روی عملکرد ریشه داشتند. ولی وقتی عملکرد قند متغیر تابع باشد، صفات میزان پتاسیم، میزان نسبی آب از دست رفته و ازت مضره تغییرات موجود را توجیه می‌کنند و از بین این صفات ازت مضره بیشترین اثر مستقیم مثبت و دو صفت دیگر بیشترین اثر مستقیم منفی را بر روی عملکرد قند دارند. در نقطه مقابل در شرایط تنش شوری، اگر عملکرد ریشه متغیر تابع باشد، صفات عملکرد قند، عملکرد قند خالص، خلوص شربت و عیار قند تغییرات موجود را توجیه می‌کنند که عملکرد قند خالص بیشترین اثر مستقیم مثبت و عملکرد قند دارای بیشترین اثر منفی و مستقیم بر روی عملکرد ریشه داشتند. ولی وقتی عملکرد قند متغیر تابع باشد، صفات عملکرد قند خالص و خلوص شربت تغییرات موجود را توجیه می‌کنند و عملکرد قند خالص بیشترین اثر مستقیم مثبت را بر روی عملکرد قند داشت.

واژه‌های کلیدی: تجزیه رگرسیون، تجزیه علیت، صفات فیزیولوژیکی

مقدمه

بین صفات مورفولوژیکی و عملکرد ریشه و قند در چغندر قند استفاده کرده‌اند (۲۵،۲۰،۱۴،۹).

تجزیه ضرایب مسیر (علیت) روشی برای تفکیک ضرایب همبستگی به اثرات مستقیم و غیرمستقیم صفات است که می‌تواند اطلاعات مفیدی را از نحوه تأثیرپذیری صفات بر یکدیگر و روابط بین آن‌ها فراهم کند. سهم هر جزء عملکرد در توجیه عملکرد کل می‌تواند به طور مستقیم نیز تحت تأثیر بقیه اجزا قرار گیرد. ارتباط بین عملکرد و مؤلفه‌های آن پیچیده است و بدیهی است که برخی از صفات تغییرات عملکرد را بهتر از بقیه توجیه می‌کنند (۱۲). متخصصین اصلاح نباتات تجزیه علیت را بیشتر به عنوان ابزاری برای ارزیابی اهمیت صفات مؤثر بر عملکرد و تعیین سهم اجزای عملکرد بکار می‌برند. محققین زیادی از این روش برای بررسی رابطه بین صفات در چغندر قند استفاده کرده‌اند (۲۶، ۱۸، ۷، ۱۵، ۲۳). نصری و همکاران (۱۵) در مطالعه همبستگی صفات و تجزیه علیت عملکرد کمی و کیفی چغندر قند گزارش نمودند که عملکرد ریشه با صفات درصد قند خالص و ناخالص همبستگی منفی و با دیگر صفات مورد بررسی همبستگی مثبت نشان داد. همچنین با استفاده از مدل رگرسیون گام‌به‌گام مشخص نمودند که صفات وزن خشک ریشه، وزن تر کل، وزن تر برگ و وزن تر طوقه حدود ۹۹

بهبود عملکرد ریشه و قند از طریق به‌نژادی و بهبود اجزای آن می‌تواند از روش‌های کارآمد در برنامه‌های اصلاحی چغندر قند باشد و بررسی روابط بین اجزای عملکرد ریشه و قند با عملکرد در این راستا نقش مهمی را ایفا می‌کند.

ضریب همبستگی معیاری از ارتباط بین صفات می‌باشد. این ضریب در شناسایی صفات مهم می‌تواند به عنوان شاخص گزینشی مهم مورد استفاده قرار گیرد و همچنین در شناسایی صفاتی که دارای اهمیت ناچیز یا فاقد اهمیت در برنامه‌های گزینشی می‌باشند مفید می‌باشد (۶). از طرف دیگر تجزیه رگرسیون نیز یکی از پر استفاده‌ترین روش‌های آماری است که برای تجزیه و تحلیل داده‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرد، زیرا روابط بین متغیرها را به سادگی و به صورت مفهومی بیان می‌کند. به طور کلی، تجزیه رگرسیون مجموعه‌ای از روش‌ها است که برای کمک به درک رابطه بین گروهی از متغیرها مورد استفاده قرار می‌گیرد (۲۷). از آنجایی که در رگرسیون چند متغیره اثرات متقابل در بین متغیرها وجود دارد. ممکن است یک متغیر در کنار برخی از متغیرها معنی‌دار باشد، اما در کنار برخی دیگر از متغیرها معنی‌دار نباشد. به همین علت لازم است متغیرهای مهمی را که تأثیر معنی‌داری بر عملکرد دارند انتخاب شوند. محققین زیادی از این روش در بررسی رابطه

این پژوهش به منظور ارزیابی عوامل مؤثر بر عملکرد ریشه و قند چغندر قند بر اساس همبستگی، رگرسیون گام به گام و تجزیه علیت روی چغندر قند در شرایط نرمال و تنش شوری در آذربایجان غربی صورت گرفت.

مواد و روش‌ها

به منظور تعیین میزان همبستگی و ارتباط بین صفات عملکردی و فیزیولوژیکی مؤثر در گزینش در جهت افزایش عملکرد کمی و کیفی برای شرایط نرمال و شور، ۲۸ هیبرید حاصل از تلاقی بین فول سیب ۸۰۰۱ با سینگل کراس‌های نرعقیم مولتی ژرم C2 و نرعقیم منوژرم ۲۳۱*۲۶۱، به همراه دو رقم شاهد (در مجموع ۳۰ ژنوتیپ)، در دو آزمایش تحت تنش شوری (در سطح شوری ۱۸/۸۴ دسی‌زیمنس بر متر) و نرمال در مزرعه ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی میاندوآب به صورت بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار کشت شدند. ایستگاه میاندوآب در موقعیت جغرافیایی ۴۶ درجه و ۹۰ دقیقه طول شرقی و ۳۶ درجه و ۵۸ دقیقه عرض شمالی و در ارتفاع ۱۳۱۴ متری از سطح دریای آزاد واقع شده است. خاک محل آزمایش دارای بافت سیلتی لومی با pH برابر ۸/۵ می‌باشد. این منطقه از نظر تقسیمات آب و هوایی دارای رژیم دمایی فریک (متوسط دمای سالانه خاک بین ۸ الی ۱۵ درجه سانتی‌گراد) و رژیم رطوبتی نیمه خشک است. برخی از خصوصیات فیزیکی و شیمیایی خاک مزرعه محل انجام آزمایش در جدول ۱ و بعضی از خصوصیات شیمیایی، فیزیکی و نتایج کیفی آب منطقه در جدول ۲ آورده شده است. هر کرت آزمایشی شامل سه ردیف به طول هفت متر و فاصله بین ردیف‌ها ۵۰ سانتیمتر بوده و بذور ژنوتیپ‌های مورد بررسی به صورت دستی بر روی ردیف‌ها کشت شدند. تمامی عملیات زراعی از قبیل آبیاری و وجین علف هرز از زمان کاشت تا استقرار کامل گیاه (مرحله ۶ تا ۸ برگی) برای هر دو آزمایش نرمال و تحت تنش شوری به صورت یکسان انجام شد.

درصد از تغییرات عملکرد ریشه را تبیین می‌کنند و با استفاده از تجزیه علیت نشان دادند که صفت وزن تر برگ بالاترین اثر مستقیم مثبت را بر روی عملکرد ریشه داشت. شریفی (۲۳) در بررسی همبستگی و تجزیه علیت عملکرد شکر سفید با برخی صفات تحت رژیم‌های آبیاری مختلف در ژنوتیپ‌های چغندر قند نشان داد که در شرایط نرمال، صفات درصد قند، میزان سدیم، ضریب استحصال و دمای سایه‌انداز گیاهی اثرات مستقیم بالایی بر عملکرد شکر سفید نشان دادند، در مقابل در شرایط تنش ملایم علاوه بر صفات ذکر شده، پتانسیل اسمزی و فشاری دارای اثرات مستقیم بالایی بودند. در شرایط تنش شدید به‌غیر از نیتروژن و دمای سایه‌انداز گیاهی، سایر صفات تقریباً دارای اثرات مستقیم بالایی بر عملکرد شکر سفید بودند. فتوحی و همکاران (۷) در تجزیه علیت تحت شرایط نرمال و تنش شوری در ژرم پلاسما چغندر قند نشان دادند که در شرایط نرمال صفات درصد پوشش سبز و تراکم بوته ۵۶ درصد و در شرایط شوری چهار متغیر سدیم، پتاسیم، درصد پوشش سبز و تراکم بوته ۷۸ درصد از تغییرات عملکرد ریشه را تبیین می‌کنند همچنین تجزیه علیت برای صفت عملکرد ریشه به‌عنوان متغیر تابع نشان داد که در شرایط بدون تنش درصد پوشش سبز دارای اثر مستقیم مثبت و معنی‌دار و در شرایط تنش شوری پتاسیم و درصد پوشش سبز دارای اثر مثبت و مستقیم بر روی عملکرد ریشه بودند. یونان و همکاران (۲۶) با مطالعه همبستگی بین صفات مهم زراعی و عملکرد ریشه در چغندر قند و تفکیک آن‌ها به اثرات مستقیم و غیرمستقیم نشان دادند که صفت وزن برگ دارای اثر مستقیم و قابل ملاحظه بر روی عملکرد ریشه است و می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی به‌عنوان معیار گزینش جهت بهبود عملکرد ریشه در چغندر مورد توجه قرار گیرد. نتایج بررسی اودا سوهیر (۱۸) نشان داد که وقتی عملکرد قند به‌عنوان صفت تابع در نظر گرفته می‌شود عملکرد ریشه و درصد ساکارز دارای بیشترین اثر و سایر صفات دارای اثرات ناچیز و قابل اغماض هستند.

جدول ۱- خصوصیات فیزیکی و شیمیایی خاک محل آزمایش (شرایط نرمال و تنش شوری)

Table 1. Physical and chemical properties of test soil (normal conditions and salinity stress)

بافت خاک	پتاسیم PPM	فسفر PPM	کلسیم PPM	آمونیم PPM	نیترات PPM	منیزیم PPM	کربن آلی %	مواد خثی شونده %	اسیدیته	هدایت الکتریکی Ds/m
نرمال	۴۱۷	۱۲/۱۶	۵/۳۳	۱۲/۴۲	۲۰/۶۷	۲/۶	۱/۴۱	۰/۱۸	۷/۹	۱/۲
شوری	۲۵۰	۸/۳	۱۴	-	-	۱۶	۰/۷۲	۱۱	۸/۵	۱۸/۸۴

جدول ۲- کیفیت آب آبیاری محل انجام آزمایش

Table 2. Irrigation water quality at the test site

pH	Ec Ds/m	CO ₃ ²⁻	HCO ₃ ⁻	Cl ⁻	SO ₄ ²⁻	Mg ²⁺	Ca ²⁺	K ⁺	Na ⁺
۸/۴	۰/۵۴۸	-	۴/۴	۱/۲	۱/۲	۳/۲	۱۵	-	۳/۷

(واحد آنیون‌ها و کاتیون‌ها بر حسب میلی‌اکی‌والان بر لیتر است)

در این رابطه WF وزن تازه برگ، WT وزن تورژسانس برگ و WD وزن خشک برگ می‌باشد.

میزان نسبی آب از دست‌رفته برگ بر حسب گرم آب از دست‌رفته با استفاده از فرمول زیر (رابطه ۲) محاسبه شد (۲۷):

$$RWL = [(FW - WW) / DW] \times [(t_1 - t_2) / 60] \quad \text{رابطه ۲}$$

صفات اندازه‌گیری شده

مقدار نسبی آب برگ بر حسب درصد به روش مورانت مانسیو و همکاران (۱۳) با استفاده از دیسک‌های برگی و فرمول زیر (رابطه ۱) اندازه‌گیری شد.

$$RWC = [(WF - WD) / (WT - WD)] \times 100 \quad \text{رابطه ۱}$$

در شرایط نرمال عملکرد ریشه با عملکرد قند خالص همبستگی مثبت و با عیار قند و نسبت پتاسیم به سدیم همبستگی منفی نشان داد (جدول ۳). در شرایط تنش شوری بین عملکرد ریشه با عملکرد قند، عملکرد قند خالص، نسبت پتاسیم به سدیم و محتوای آب نسبی برگ همبستگی مثبت و با میزان سدیم و قند ملاس همبستگی منفی مشاهده شد (جدول ۳). تغییر شرایط محیطی باعث تغییر در روابط بین عملکرد ریشه و برخی صفات شده است به عنوان مثال همبستگی بین عملکرد ریشه و نسبت پتاسیم به سدیم در شرایط نرمال منفی و در شرایط شوری مثبت است.

عیار قند در هر دو شرایط با میزان ازت مضره، درصد قند قابل استحصال و خلوص شربت همبستگی مثبت و با ضریب قلیائیات همبستگی منفی نشان داد. همچنین در شرایط نرمال با میزان سدیم و نسبت سدیم به پتاسیم همبستگی مثبت و با عملکرد ریشه و قند ملاس همبستگی منفی نشان داد (جدول ۳). وجود رابطه منفی بین وزن ریشه و عیار قند مانع از اصلاح همزمان عملکرد و عیار قند چندر قند می‌گردد (۴، ۲۴).

در شرایط نرمال و تنش شوری عملکرد قند خالص با عملکرد ریشه همبستگی مثبت داشت ولی تنها در شرایط تنش شوری با عملکرد قند، نسبت پتاسیم به سدیم و خلوص شربت همبستگی مثبت و با عملکرد قند، قند ملاس و میزان سدیم همبستگی منفی نشان داد (جدول ۳).

در شرایط نرمال همبستگی خاصی بین عملکرد قند با بقیه صفات مشاهده نشد ولی در شرایط تنش شوری با عملکرد ریشه، عملکرد قند خالص، نسبت سدیم به پتاسیم، درصد قند قابل استحصال و خلوص شربت همبستگی مثبت و با میزان سدیم و قند ملاس همبستگی منفی نشان داد (جدول ۳). رنجی و پرویزی آلمانی (۲۱) نتیجه گرفتند که عملکرد ریشه، درصد قند و شکر سفید در هکتار با یکدیگر و همچنین با ازت، سدیم و پتاسیم همبستگی دارند. در تحقیق این افراد، عملکرد قند در هکتار همبستگی مثبتی با عملکرد ریشه داشت و در اراضی شور عملکرد قند تحت تأثیر عملکرد ریشه و درصد قند بود. طبق نظر آن‌ها کاهش عملکرد ریشه موجب بالا رفتن درصد قند شده و این معیار به نوبه خود منجر به بالا رفتن شکر سفید در هکتار می‌شود در صورتی که در اراضی معمولی شکر سفید بیشتر تحت تأثیر عملکرد ریشه بوده و همبستگی درصد قند با ازت به صورت منفی است. این محققین همچنین بیان نمودند ازت مضره با سدیم و پتاسیم همبستگی مثبت دارد.

در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری همبستگی مثبتی بین میزان سدیم با ضریب قلیائیات، قند ملاس، ازت مضره و همبستگی منفی با نسبت پتاسیم به سدیم، درصد قند قابل استحصال و خلوص شربت مشاهده شد. در شرایط نرمال همبستگی منفی با عیار قند نیز وجود داشت. همچنین در تنش شوری نیز همبستگی مثبت با قند ملاس و همبستگی منفی با عملکرد ریشه، عملکرد قند، عملکرد قند خالص، نسبت پتاسیم به سدیم، درصد قند قابل استحصال و خلوص شربت دیده شد (جدول ۳). وجود رابطه منفی بین میزان

که در آن FW وزن تر برگ، WW وزن پژمردگی، DW وزن خشک، t₁ زمان لازم برای پژمردگی و t₂ زمان لازم برای خشک شدن است.

شاخص شادابی برگ (گرم بر گرم وزن خشک) حاصل تفاضل وزن خشک برگ از وزن تر برگ بر سطح برگ می‌باشد (۱۷). وزن ویژه برگ (گرم بر سانتی‌متر مربع) از تقسیم وزن خشک برگ بر سطح برگ، بر حسب گرم بر سانتی‌متر مربع به دست آمد (۱۹). پس از شستشوی ریشه‌ها و توزین آن‌ها، خمیر ریشه (پلپ) تهیه شد. عملکرد قند (تن در هکتار) به روش پلاریمتری، مقدار پتاسیم و سدیم (میلی اکی‌والان گرم در ۱۰۰ گرم خمیر ریشه) به روش فلیم‌فتومتری و مقدار ازت مضره (میلی‌اکی‌والان گرم در ۱۰۰ گرم خمیر ریشه) به روش عدد آبی اندازه‌گیری شدند. درصد قند در ملاس با استفاده از فرمول راینفلد و همکاران (۲۲) برآورد و عملکرد قند ناخالص SY (تن در هکتار، رابطه ۳)، ضریب استحصال قند WSC (درصد، رابطه ۴) و عملکرد قند خالص WSY (تن در هکتار، رابطه ۵) توسط روابط زیر محاسبه شد. رابطه ۳:

$$\text{عملکرد ریشه} \times \text{درصد قند ناخالص} = \text{SY}$$

رابطه ۴:

$$\text{ضرایب قند در کارخانه} + \text{درصد قند ملاس} - \text{درصد قند} = \text{WSC}$$

رابطه ۵:

$$\text{درصد قند خالص} \times \text{عملکرد ریشه} = \text{WSY}$$

برای تعیین مقادیر درصد قند، سدیم، پتاسیم و نیتروژن از دستگاه رفاکومتور بتالایزر نوع OR-KERNCHN مرکب از بخش‌های پلاریمتر، فتومتر و فلیم‌فتومتر استفاده گردید.

آلکالینته یا ضریب قلیائیات AC (درصد) نمونه‌های مورد آزمایش بر مبنای رابطه پولاخ (رابطه ۶) محاسبه شد. K میزان پتاسیم، Na میزان سدیم و N ازت مضره

$$\text{رابطه ۶: } AC = K + Na/N$$

شربت بر مبنای رابطه زیر (رابطه ۷) صورت گرفت. رابطه ۷:

$$100 \times \frac{\text{درصد قند خالص یا قابل استحصال}}{\text{درصد قند ناخالص یا کل}} = \text{خلوص شربت}$$

میزان قند ملاس از طریق مقادیر به دست آمده مربوط به میزان‌های سدیم، پتاسیم و نیتروژن موجود در ریشه توسط کامپیوتر و بر اساس فرمول راین فیلد و همکاران (۲۲) (رابطه ۸) محاسبه گردید.

رابطه ۸:

$$\text{ازت} - 0.094 + (\text{سدیم} + \text{پتاسیم}) \times 0.334 = \text{میزان قند ملاس}$$

پس از جمع‌آوری داده‌ها و آزمودن نرمال بودن، رابطه بین صفات از طریق تجزیه همبستگی، تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام و تجزیه علیت در دو شرایط نرمال و شوری با استفاده از نرم‌افزارهای SAS و SPSS بررسی گردید.

نتایج و بحث

بررسی همبستگی بین صفات

سدیم و صفات کیفی چغندر قند توسط برادران فیروزآبادی و همکاران (۱) نیز گزارش شده است.

در شرایط نرمال بین صفت میزان پتاسیم با نسبت پتاسیم به سدیم و قند ملاس همبستگی مثبتی وجود داشت. همچنین در شرایط تنش شوری نیز بین این صفت با قند ملاس همبستگی مثبت و با محتوای آب نسبی همبستگی منفی دیده شد (جدول ۳). سدیم و پتاسیم هر دو جزء مواد غیر قندی محلول در چغندر قند می‌باشند که غلظت آن‌ها تحت تنش افزایش و در نتیجه کیفیت ریشه کاهش می‌یابد (۱۱). به نظر می‌رسد در شرایط شور با ایجاد محیط رقابتی بین جذب سدیم و پتاسیم، ژنوتیپ‌هایی که توان جذب پتاسیم بیشتری نسبت به سدیم داشته باشند، با ایجاد تعادل اسمزی بهتر باعث افزایش عملکرد ریشه و در نتیجه عملکرد قند می‌شوند (۱۱). برادران فیروزآبادی و همکاران (۱) نیز به اهمیت نقش مهم‌تر سدیم نسبت به بقیه مواد محلول غیر قندی تحت تنش اشاره کرده‌اند.

در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری بین صفت نسبت پتاسیم به سدیم با درصد قند قابل استحصال و خلوص شربت همبستگی مثبت و با قند ملاس و میزان سدیم همبستگی منفی وجود داشت. همچنین در شرایط نرمال با عیار قند، میزان پتاسیم، ازت مضره همبستگی مثبت و با عملکرد ریشه و ضریب قلیائیات همبستگی منفی دیده شد. به همین ترتیب در شرایط شوری نیز با عملکرد ریشه، عملکرد قند و عملکرد قند خالص نیز همبستگی مثبتی مشاهده شد (جدول ۳). نیازیان و همکاران (۱۶) همبستگی بین قند ملاس و درصد قند قابل استحصال را منفی و بسیار معنی‌دار نشان دادند. به نظر گورهام (۱۰) نسبت پتاسیم به سدیم وابستگی نزدیکی با میزان ورود نمک دارد و همبستگی آن با تحمل به نمک در واقع، تنظیم انتخابی یون است و سدیم می‌تواند جایگزین پتاسیم برای جذب شود. به اعتقاد برسان و همکاران (۳) مکانیسم‌های مشابهی ممکن است برای هر دو یون انجام پذیرد. سطوح پتاسیم در بافت‌های توسعه‌یافته در اکثر گونه‌های گیاهی با تحمل به نمک ارتباط دارد. همچنین به نظر کلارک و همکاران (۵) ممکن است که شاخص پتاسیم به سدیم با تحمل به شوری ارتباط داشته باشد. به نظر می‌رسد در داخل گیاهان هالوفیت یک همبستگی مثبت بین میزان ورود سدیم و تحمل به نمک وجود داشته باشد.

در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری بین ازت مضره با عیار قند و درصد قند قابل استحصال همبستگی مثبت و با ضریب قلیائیات همبستگی منفی مشاهده شد. همچنین در شرایط نرمال بین این صفت با میزان سدیم و نسبت سدیم به پتاسیم همبستگی مثبت و با خلوص شربت همبستگی منفی دیده شد. در شرایط تنش شوری نیز بین ازت مضره با محتوای آب ازدست‌رفته برگ همبستگی منفی مشاهده شد (جدول ۳). رنجی و پرویزی آلمانی (۲۱) همبستگی درصد قند با ازت را به صورت منفی گزارش و نشان دادند که ازت مضره با سدیم و پتاسیم همبستگی مثبت دارد.

در شرایط نرمال بین ضریب قلیائیات با میزان سدیم و قند ملاس همبستگی مثبت و با ازت مضره، درصد قند قابل استحصال و خلوص شربت همبستگی منفی مشاهده شد. همچنین در شرایط تنش شوری همبستگی مثبت با محتوای آب ازدست‌رفته برگ و همبستگی منفی با عیار قند، عملکرد قند خالص، عملکرد قند، ازت مضره و درصد قند قابل استحصال دیده شد (جدول ۳).

در هر دو شرایط نرمال و تنش درصد قند قابل استحصال با عیار قند، نسبت پتاسیم به سدیم و خلوص شربت همبستگی مثبت و با میزان سدیم، ازت مضره، ضریب قلیائیات و قند ملاس همبستگی منفی داشت (جدول ۳). در هر دو شرایط نرمال و تنش خلوص شربت با عیار قند، نسبت پتاسیم به سدیم و درصد قند قابل استحصال همبستگی مثبت و با صفات میزان سدیم و قند ملاس همبستگی منفی نشان داد. همچنین در شرایط نرمال با ازت مضره و ضریب قلیائیات همبستگی منفی و در شرایط تنش با عملکرد قند همبستگی مثبت مشاهده شد (جدول ۳).

در هر دو شرایط نرمال و تنش قند ملاس با میزان سدیم و میزان پتاسیم همبستگی مثبت و با صفات نسبت پتاسیم به سدیم، درصد قند قابل استحصال و خلوص شربت همبستگی منفی نشان داد. همچنین در شرایط نرمال با ضریب قلیائیات همبستگی مثبت و با عیار قند همبستگی منفی مشاهده شد. به همین ترتیب در شرایط تنش نیز با عملکرد ریشه، عملکرد قند و عملکرد قند خالص همبستگی منفی مشاهده شد (جدول ۳). از آنجا که ناخالصی‌های ازت مضره، پتاسیم و سدیم در درصد قند ملاس تاثیر دارند و با افزایش میزان این ناخالصی‌ها قند ملاس نیز افزایش می‌یابد در نتیجه همبستگی این صفات با درصد قند ملاس مثبت و معنی‌دار شده است.

جدول ۳- همبستگی صفات در شرایط نرمال و شور (پای مثلث پایین نرمال و پای مثلث بالا تنش شوری)

Table 3. Correlation between traits in normal and Saline conditions (Low triangle of normal conditions and high triangle of salinity stress)

SLW	LA	Suc I	RWL	RWC	Ms	Pur	WSC	Alk	N	K/Na	K	Na	WSY	SY	SC	RY	
۰/۲۴	۰/۰۶	۰/۳۴	۰/۲۸	۰/۳۷*	-۰/۳۹*	۰/۲۲	۰/۰۵	-۰/۰۸	-۰/۰۴	۰/۴۸**	-۰/۱۴	-۰/۵۱**	۰/۹۷**	۰/۸۹**	-۰/۱۷	۱	RY
۰/۱۴	-۰/۱۴	۰/۰۹	-۰/۳۲	-۰/۳۱	۰/۰۵	۰/۵۸**	۰/۸۶**	-۰/۷۷**	۰/۷۱**	۰/۲۵	۰/۲	-۰/۱۳	۰/۰۷	۰/۲	۱	-۰/۳۷*	SC
۰/۲۶	۰/۰۶	۰/۲۶	۰/۱۹	۰/۲۹	-۰/۵۴**	۰/۵۷**	۰/۴۵*	-۰/۳۱	۰/۱۵	۰/۶۱**	۰/۱۹	-۰/۶۷**	۰/۹۶**	۱	۰/۱۵	-۰/۲	SY
۰/۲۷	۰/۰۳	۰/۳۱	۰/۲	۰/۳۱	-۰/۳۹**	۰/۳۶	۰/۲۶	-۰/۲۷	۰/۱۴	۰/۵۴**	-۰/۱۲	-۰/۵۶**	۱	-۰/۱۱	۰/۳۲	۰/۷۶**	WSY
-۰/۲۴	-۰/۱۶	-۰/۲۵	-۰/۱۸	-۰/۲	۰/۸**	-۰/۷۶**	-۰/۵۳**	۰/۱۵	۰/۰۲	-۰/۸۳**	۰/۲	۱	-۰/۱۲	-۰/۱۹	-۰/۵۷**	۰/۲۷	Na
-۰/۲۴	۰/۰۶	-۰/۲۹	-۰/۲۳	-۰/۳۹*	۰/۵۸**	-۰/۳۲	-۰/۱	-۰/۳۳	۰/۴	۰/۳۳	۱	-۰/۰۶	-۰/۱۸	-۰/۱	۰/۱۲	-۰/۲۶	K
۰/۰۸	۰/۱۶	۰/۰۷	۰/۰۷	۰/۰۹	-۰/۴۵*	۰/۵۵**	۰/۴۵*	-۰/۳۳	۰/۲۴	۱	۰/۵۹**	-۰/۸**	۰/۰۳	۰/۰۴	۰/۵۸**	-۰/۳۶*	K/Na
۰/۰۹	-۰/۱۳	-۰/۱۴	-۰/۴۶*	-۰/۲۲	۰/۳۵	۰/۱۶	-۰/۴۵*	-۰/۹۵**	۱	۰/۵۱**	۰/۲۳	۰/۵۸**	۰/۱۹	۰/۳۳	۰/۴۴*	-۰/۱۲	N
۰/۰۸	۰/۱۱	۰/۱۲	۰/۴۲*	۰/۲۲	-۰/۱۷	-۰/۳۳	-۰/۶**	۱	-۰/۹۱**	-۰/۶۳**	-۰/۰۸	۰/۸۳**	-۰/۱۶	-۰/۳۱	-۰/۵۵**	۰/۲۳	Alk
۰/۲۱	-۰/۰۷	۰/۰۴	-۰/۱۱	-۰/۱۵	-۰/۴۷**	۰/۹**	۱	-۰/۶۶**	-۰/۴۶*	۰/۶**	-۰/۰۸	-۰/۷۶**	۰/۳۲	۰/۱۹	۰/۹۵**	-۰/۳۳	WSC
۰/۲	۰/۰۷	۰/۱	۰/۰۷	۰/۰۳	-۰/۷۶**	۱	۰/۹۲**	-۰/۷۳**	-۰/۴۶*	۰/۵**	-۰/۳	-۰/۸۵**	۰/۳۲	۰/۲	۰/۷۶**	-۰/۲۱	Pur
-۰/۱۷	-۰/۱	-۰/۲۴	-۰/۳۳	-۲۴	۱	-۰/۹**	-۰/۶۹**	۰/۶۳**	۰/۳۱	-۰/۳۹*	۰/۴۹**	۰/۸۴**	-۰/۱۹	-۰/۱۹	-۰/۴۲*	۰/۱	Ms
-۰/۰۶	۰/۱۵	۰/۰۶	۰/۲	۱	-۰/۱	۰/۰۱	-۰/۰۸	۰/۱۳	۰/۲۳	-۰/۲۳	-۰/۲۳	۰/۰۵	-۰/۱۸	۰/۰۴	-۰/۱۴	-۰/۰۸	RWC
۰/۰۳	۰/۳۹*	۰/۲	۱	-۰/۱۹	۰/۰۴	-۰/۰۸	-۰/۰۶	۰/۲۱	-۰/۱۶	-۰/۲۲	-۰/۲۴	۰/۲	۰/۰۴	-۰/۲۹	-۰/۰۶	۰/۰۹	RWL
۰/۹۱**	-۰/۴۲*	۱	۰/۲	۰/۰۸	۰/۰۵	۰/۰۳	۰/۱۴	۰/۰۹	۰	-۰/۰۴	۰/۰۱	۰/۰۵	۰	۰/۱۱	۰/۲	-۰/۱۵	Suc I
-۰/۵۴**	۱	۰/۰۲	۰/۲۹	۰/۲۵	-۰/۱۳	۰	-۰/۱۲	۰/۰۶	-۰/۱۱	-۰/۲	-۰/۲۷	۰/۰۲	-۰/۱۲	۰/۱	-۰/۲۱	۰/۰۲	LA
۱	-۰/۳۳	۰/۶**	-۰/۳۹*	۰/۰۶	۰/۱۵	۰	۰/۱۳	۰/۰۵	۰/۰۴	۰/۰۶	۰/۱۸	۰/۰۶	۰/۰۵	۰/۲۴	۰/۲۳	-۰/۱۳	SLW

RY: عملکرد ریشه، SC: عیار قند، WSY: عملکرد قند خالص، SY: عملکرد قند، Na: میزان سدیم، K: میزان پتاسیم، K/Na: نسبت پتاسیم به سدیم، N: ازت مضره، Alk: ضریب قلیانیت، WSC: درصد قند قابل استحصال، Pur (Purity): خلوص شربت، MS: درصد قند ملاس، RWC: محتوای آب نسبی، RWL: میزان نسبی آب ازدست‌رفته برگ، Suc I: شاخص شادابی برگ، LA: مساحت سطح برگ، SLW: وزن ویژه برگ،

تجزیه رگرسیون

برای تفکیک نقش اجزای تشکیل دهنده صفات اندازه‌گیری شده، از روش رگرسیون گام‌به‌گام استفاده شد در گام اول متغیر عملکرد ریشه به‌عنوان متغیر تابع و سایر متغیرها به‌عنوان متغیر مستقل در نظر گرفته شدند. همین وضعیت برای عملکرد قند نیز تکرار شد. برای هر یک از متغیرهای مستقل فاکتور تورم واریانس (VIF) محاسبه و معلوم گردید که بین متغیرهای مستقل، هم‌خطی وجود ندارد. بنابراین تمامی صفات مورد مطالعه در هر دو شرایط محیطی و هر دو متغیر عملکرد ریشه و عملکرد قند وارد مدل شدند. نتایج به‌صورت زیر بود.

شرایط نرمال: وقتی عملکرد ریشه به‌عنوان متغیر تابع در نظر گرفته شد (جدول ۴) صفات عملکرد قند خالص و عیار قند در مجموع ۹۹ درصد از تغییرات ریشه را توجیه نموده و اثر معنی‌داری بر آن داشتند. ولی وقتی عملکرد قند به‌عنوان متغیر تابع در نظر گرفته شد (جدول ۵) صفات عملکرد ازت مضره، میزان آب ازدست‌رفته برگ و میزان پتاسیم در مجموع ۸۳ درصد از تغییرات ریشه را توجیه نموده و تمامی صفات اثر معنی‌داری بر آن داشتند. در هر دو متغیر تابع، صفات یکسانی وارد مدل نمی‌شوند.

شرایط تنش: وقتی عملکرد ریشه به‌عنوان متغیر تابع در نظر گرفته می‌شود (جدول ۴) صفات عملکرد قند خالص، عیار قند، عملکرد قند، خلوص شربت و میزان ازت مضره در مجموع ۹۹ درصد از تغییرات ریشه را توجیه می‌کنند و به‌غیر از صفت ازت مضره بقیه صفات اثر معنی‌داری روی عملکرد ریشه دارند. ولی وقتی عملکرد قند به‌عنوان متغیر تابع در نظر گرفته

می‌شود (جدول ۵) تنها صفات عملکرد قند خالص و خلوص شربت وارد مدل شده و ۹۸ درصد تغییرات را توجیه کرده و هردوی صفات معنی‌دار بودند. با توجه به نتایج صرف داشتن همبستگی با صفت متغیر مستقل دلیلی برای داشتن رابطه با این صفت نخواهد بود. غفاری و همکاران (۸) با استفاده از تجزیه رگرسیون نشان دادند که عملکرد ریشه، عیار قند، میزان سدیم و پتاسیم بیش از ۹۹ درصد تغییرات عملکرد شکر سفید را در شرایط تنش خشکی توجیه می‌کنند. واحدی و همکاران (۲۵) با استفاده از روش تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام دریافتند زمانی که عملکرد ریشه به‌عنوان متغیر تابع در نظر گرفته می‌شود صفات عملکرد شکر سفید، عملکرد شکر، عیار قند و شکر قابل استحصال در مجموع ۹۹/۹۱ درصد از تغییرات ریشه را توجیه نموده و اثر معنی‌داری بر آن دارند. قاسمی و همکاران (۹) روی ارقام مونوزرم چغندر قند نشان دادند که در بهترین مدل برازش شده، متغیرهای میانگین قطر ریشه در مرحله استقرار و رشد برگ، سطح مخصوص برگ در مرحله استقرار، وزن خشک ریشه در مرحله استقرار و وزن خشک دم برگ در مرحله توسعه ریشه بیشترین تاثیر معنی‌دار را روی عملکرد قند سفید داشتند. در این مدل ضریب تبیین مدل ۹۸/۴ درصد محاسبه شد، به‌عبارت‌دیگر ۹۸/۴ درصد از تغییرات عملکرد شکر سفید ارقام تجاری مونوزرم مورد مطالعه با تغییرات صفات ذکر شده قابل توجیه بودند، به‌طوری‌که از بین این متغیرها، میانگین قطر ریشه و وزن خشک ریشه در مراحل ذکر شده دارای اثرات مثبت و وزن خشک دم برگ و سطح ویژه برگ دارای اثرات منفی بر عملکرد قند خالص بودند.

جدول ۴- رگرسیون گام‌به‌گام صفات با عملکرد ریشه در شرایط شوری و نرمال

شرایط شوری				شرایط نرمال			
منبع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات	R ² Adjust	منبع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات	R ² Adjust
رگرسیون	۵	۲۴۹/۶**	۰/۹۹	رگرسیون	۲	۴۶۹/۴**	۰/۹۹
باقیمانده	۱۰	۰/۴۲		باقیمانده	۱۳	۰/۱۵۱	
کل	۱۵			کل	۱۵		
صفت وارد شده به مدل				صفت وارد شده به مدل			
ضریب رگرسیون		ضریب رگرسیون		ضریب رگرسیون		ضریب رگرسیون	
ضریب ثابت		۱۰/۳۳** ± ۲/۶۷		ضریب ثابت		۷۰/۹۶** ± ۱/۴۱	
WSY		۷/۲۹** ± ۰/۵۹		WSY		۷/۴۶** ± ۰/۱۰۲	
SC		-۰/۷۶** ± ۰/۱۶		SC		-۵/۲۹** ± ۰/۱۰۳	
SY		-۳/۵۷** ± ۰/۹۷					
Pur		-۰/۱۰۱* ± ۰/۰۴۷					
N		-۰/۲۱۵ ± ۰/۱۳۹					

SC: عیار قند، WSY: عملکرد قند خالص، SY: عملکرد قند، N: ازت مضره، Pur: خلوص شربت

جدول ۵- رگرسیون گام‌به‌گام صفات با عملکرد قند در شرایط نرمال و شوری

شرایط شوری				شرایط نرمال			
منبع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات	R ² Adjust	منبع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات	R ² Adjust
رگرسیون	۲	۱۱/۱۲**	۰/۹۸	رگرسیون	۳	۱/۴۵۶**	۰/۸۲۳
باقیمانده	۱۳	۰/۰۱۷		باقیمانده	۱۲	۰/۲۸۷	
کل	۱۵			کل	۱۵		
صفت وارد شده به مدل				صفت وارد شده به مدل			
ضریب رگرسیون		ضریب رگرسیون		ضریب رگرسیون		ضریب رگرسیون	
ضریب ثابت		-۲/۱۳** ± ۰/۲۰۵		ضریب ثابت		۸/۶۴** ± ۲/۰۸	
WSY		۰/۶۰۲** ± ۰/۰۲		N		-۰/۶۹۶** ± ۰/۲۶۷	
Pur		۰/۰۳۶** ± ۰/۰۰۴		RWL		-۱/۴۳** ± ۰/۸۶۵	
				K		-۰/۴۰۹** ± ۰/۰۳	

WSY: عملکرد قند خالص، K: میزان پتاسیم، N: ازت مضره، Pur: خلوص شربت، RWL: میزان نسبی آب ازدست‌رفته برگ

تجزیه علیت

منفی بالایی بر عملکرد ریشه می‌باشد. صفات عملکرد قند، خلوص شربت و ازت مضره از طریق عملکرد قند خالص دارای بیشترین اثر غیرمستقیم مثبت بر روی عملکرد ریشه هستند که این اثر غیرمستقیم برای عملکرد قند چشمگیر است. همچنین صفات عملکرد قند خالص و خلوص شربت از طریق صفت عملکرد قند دارای بیشترین اثر غیرمستقیم منفی بر روی عملکرد ریشه هستند.

وقتی عملکرد قند به‌عنوان صفت وابسته در نظر گرفته شد (جدول ۷) عملکرد قند خالص و خلوص شربت دارای بیشترین اثر مثبت و مستقیم بر روی عملکرد قند بودند. همچنین خلوص شربت از طریق عملکرد قند خالص دارای اثر غیرمستقیم مثبت بر روی عملکرد قند می‌باشد.

نصری و همکاران (۱۵) نشان دادند که صفت وزن تر برگ بالاترین اثر مستقیم مثبت را بر روی عملکرد ریشه داشت. بشیری و همکاران (۲) در شرایط نرمال عملکرد ریشه، درصد قند خالص و ازت مضره و تحت شرایط شوری صفات درصد قند خالص و ازت مضره را به‌عنوان تأثیرگذارترین صفات بر عملکرد قند خالص معرفی کردند. شریفی (۲۳) در بررسی همبستگی و تجزیه علیت عملکرد شکر سفید با برخی صفات تحت رژیم‌های آبیاری در ژنوتیپ‌های چغندر قند نشان داد در شرایط بدون تنش، درصد قند، سدیم، ضریب استحصال و دمای سایه‌انداز گیاهی اثرات مستقیم بالایی بر عملکرد شکر سفید نشان دادند، در شرایط تنش ملایم علاوه بر صفات ذکر شده، پتانسیل اسمزی و فشاری دارای اثرات مستقیم بالا بودند. در شرایط تنش شدید به‌غیر از نیتروژن آمینه و دمای سایه‌انداز گیاهی، سایر صفات تقریباً دارای اثرات مستقیم بالایی بر عملکرد شکر سفید بودند.

شرایط نرمال: با در نظر گرفتن عملکرد ریشه به‌عنوان صفت وابسته (جدول ۶) مشاهده شد که عملکرد قند خالص دارای بیشترین اثر مستقیم مثبت و عیار قند دارای بیشترین اثر مستقیم منفی بر روی عملکرد ریشه بودند. همچنین عیار قند از طریق عملکرد قند خالص دارای اثر غیرمستقیم مثبت و عملکرد قند خالص از طریق عیار قند دارای اثر غیرمستقیم منفی روی عملکرد ریشه بودند. وقتی عملکرد قند به‌عنوان صفت وابسته در نظر گرفته شد میزان ازت مضره دارای اثر مستقیم مثبت و محتوای آب ازدست‌رفته برگ و میزان پتاسیم دارای اثر مستقیم منفی روی عملکرد قند بودند. اثر غیرمستقیم قابل‌توجهی در هیچ‌کدام از صفات مشاهده نشد. یونان و همکاران (۲۶) نشان دادند که صفت وزن برگ دارای اثر مستقیم و فراوان بر روی عملکرد ریشه است و می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی به‌عنوان معیار گزینش جهت بهبود عملکرد ریشه در چغندر مورد توجه قرار گیرد. واحدی و همکاران (۲۵) با انجام تجزیه علیت مشاهده کردند صفات عملکرد قند ناخالص و درصد قند خالص دارای اثر مثبت مستقیم و صفات عیار قند و عملکرد قند خالص دارای اثر مستقیم منفی و معنی‌دار بر عملکرد ریشه بودند. نتایج تجزیه علیت بر اساس مطالعات اودا سوهیر (۱۸) هنگامی که عملکرد قند به‌عنوان صفت تابع در نظر گرفته شد، نشان داد عملکرد ریشه و درصد ساکارز دارای بیشترین اثر و سایر صفات دارای اثرات ناچیز و قابل‌اغماض می‌باشند.

شرایط تنش شوری: با در نظر گرفتن عملکرد ریشه به‌عنوان صفت وابسته (جدول ۷) مشاهده شد که عملکرد قند خالص دارای بیشترین اثر مثبت و مستقیم بر روی عملکرد ریشه است. همچنین صفت عملکرد قند دارای اثر مستقیم

جدول ۶- تجزیه علیت برای عملکرد ریشه و قند در شرایط نرمال

Table 6. Path analysis for root and sugar yield under normal conditions

عملکرد ریشه (Root Yield) صفات			
همبستگی	SC	WSY	WSY
۰/۷۶	-۰/۲۱۵	۰/۹۷۵	۰/۳۰۸
-۰/۳۷۴	-۰/۶۸۲		
عملکرد قند (Sugar Yield) صفات			
همبستگی	k	RWL	N
۰/۳۲۹	-۰/۰۵۸	۰/۰۴۸	-۰/۳۳۹
-۰/۲۹۲	۰/۰۶	-۰/۲۹۷	-۰/۰۵۵
-۰/۰۹۷	-۰/۲۴۸	۰/۰۷۲	-۰/۰۷۹

اعدادی که مشخص شده‌اند اثرات مستقیم می‌باشند.

WSY: عملکرد قند خالص، K: محتوای پتاسیم، RWL: میزان نسبی آب ازدست‌رفته برگ، N: ازت مضره، SC: عیار قند

جدول ۷- تجزیه علیت برای عملکرد ریشه و قند در شرایط شوری

Table 7. Path analysis for root and glucose yield under saline conditions

عملکرد ریشه (Root Yield) صفات					
همبستگی	N	Pur	SY	SC	WSY
۰/۹۶۶	-۰/۰۰۷	۰/۰۳۵	-۰/۰۴۶	-۰/۰۱۲	۱/۴۱۱
-۰/۱۶۶	-۰/۰۲۵	۰/۰۵۶	-۰/۰۹۶	-۰/۱۳۶	۰/۰۹۵
۰/۱۸۶	-۰/۰۰۷	۰/۰۵۵	-۰/۴۷۹	-۰/۰۳۷	۱/۲۵۴
۰/۲۱۹	-۰/۰۰۸	۰/۰۹۶	-۰/۲۷۴	-۰/۱۰۸	۰/۵۱۲
-۰/۰۳۷	-۰/۰۴۹	۰/۰۱۵	-۰/۰۷۲	-۰/۱۳۳	۰/۲۰۱
عملکرد قند (Sugar Yield) صفات					
همبستگی	Pur	WSY	WSY	Pur	Pur
۰/۹۶	۰/۰۹۳	۰/۱۶۷	۰/۱۶۷	۰/۳۱۵	۰/۳۱۵
۰/۵۷۲	۰/۲۵۷	۰/۲۵۷	۰/۲۵۷	۰/۲۵۷	۰/۲۵۷

اعدادی که مشخص شده‌اند اثرات مستقیم می‌باشند.

WSY: عملکرد قند خالص، SC: عیار قند، SY: عملکرد قند، N: ازت مضره، Pur: خلوص شربت

نتیجه گیری

صفات یکسانی بر عملکرد ریشه و قند چغندر قند تاثیرگذار هستند و اصلاح در جهت افزایش این صفات قادر است عملکرد ریشه و قند بوته را به نحو مطلوبی افزایش دهد. ذکر این نکته ضروری است که با توجه به کمی بودن صفات و اثر بالای محیط بر آنها و همچنین به دلیل این که ارقام مورد مطالعه برای اولین بار در شرایط آب و هوایی منطقه مورد آزمایش کشت شده اند، لذا جهت قضاوت بهتر و ارزیابی دقیق تر اثر محیط همراه با بررسی روند تغییرات صفات، تکرار آزمایش در مناطق مختلف و در محیط‌های با سطح شوری متفاوت ضروری به نظر می‌رسد.

به طور کلی تجزیه‌های چند متغیره تصویر مفیدی برای درک ارتباطات عملکرد و صفات مهم وابسته در تمامی گیاهان زراعی از جمله چغندر قند تحت شرایط تنش‌های زیستی و غیرزیستی ارائه می‌دهند. بر اساس نتایج حاصل، در شرایط نرمال، صفات عملکرد قند، عیار قند، میزان ازت، میزان پتاسیم و میزان نسبی آب ازدست‌رفته بر روی عملکرد ریشه و قند تاثیرگذار هستند ولی در شرایط تنش شوری صفات عملکرد قند، عیار قند، عملکرد قند خالص، ازت مضره و خلوص شربت بیشترین تاثیرگذاری را بر عملکرد قند و ریشه نشان دادند. مشاهده می‌شود که تنها با اختلاف یک یا دو

منابع

1. Baradaran Firouzabadi, M., N. Farrokhi and M. Parsaeyan. 2011. Sequential path analysis of some yield and quality components in sugar beet grown in normal and drought conditions. *Italian Journal of Agronomy*, 6: 44-51.
2. Bashiri, B., T. Mir Mahmoodi and K. Fotohi. 2015. Evaluation of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) genotypes for their trait associations under saline conditions. *Journal of Crop Ecophysiology*, 9(2): 243-258.
3. Bressan, R.A., N.K. Singh, A.K. Handa, A. Kononowicz and P.W. Hasegawa. 1985. Stable and unstable tolerance to NaCl in cultured tobacco cells. In: M. Freeling, (ed.) *UCLA Symposium Plant Genetics List*. New York, NY, USA, 755-769.
4. Campbell, L.G. and D.F. Cole. 1986. Relationship between taproot and crown characteristics and yield and quality traits in sugar beets. *Agronomy Journal*, 78: 971-973.
5. Clark, M.S., J.M. Luna, N.D. Stone and R.R. Youngman. 1993. Habitat preferences of generalist predators in reduced-tillage corn, *Journal of Entomological Science*, 28: 404-416.
6. Escribano, M.R., V. Santalla and A.M. De Ron. 1997. Genetic diversity in pod and seed quality traits of common bean populations from northwestern Spain. *Euphytica*, 93: 71-81.
7. Fotohi, K., M. Mesbah, S.Y. Sadeghian Motahar and A.Z. Ranji. 2010. Path analysis under normal and salt stress conditions in sugar beet germplasm. *Journals of Sugar Beet*, 26(1): 1-13 (In Persian).
8. Ghafari, E., A. Rajabi, A. Izadi Darbandi, F. Rozbeh and R. Amiri. 2016. Evaluation of new sugar beet monogerm hybrids for drought tolerance. *Journal of Crop Breeding*, 8(17): 8-16 (In Persian).
9. Ghasemi, H., R. Mohammadian, H. Noushad and M. Danaee. 2010. The study of the effects of some of the morphological and physiological traits on the function of white sugar of six monogerm varieties of sugar beet. *Giyah va Zist Bum*, 23: 67-80 (In Persian).
10. Gorham, J. 1993. Genetics and physiology of enhanced K/Na discrimination. In P. Randall. (eds). *Genetic aspects of plant mineral nutrition*. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, Netherlands, 151-159
11. Harvey, C.W. and J.V. Dutton. 1993. Root quality and processing. In: Cooke D.A. and R.K. Scott (eds). *The Sugar Beet crop*, London: Chapman and Hall, 571-617.
12. Mansourfar, K. 2008. *Advanced Statistical Methods using Applied Software*. University of Tehran, Second Edition 459 pp.
13. Morant-Manceau, A., E. Pradier and G. Tremblin. 2004. Osmotic adjustment, gas exchanges and chlorophyll fluorescence of a hexaploid triticale and its parental species under salt stress. *Journal of Plant Physiology*, 161: 25-33.
14. Nabizadeh, E. and K. Fotohi. 2018. Study of relationships among qualitative and quantitative traits in sugar beet genotypes infected with rhizoctonia. *Journal of Crop Breeding*, 10(27): 94-103 (In Persian).
15. Nasri, R., A. Kashani, F. Paknejad, M. Sadeghi-Shojae, and S. Ghorbani. 2012. Correlation and path analysis of qualitative and quantitative yield in sugar beet in transplant and direct sowing methods in saline lands. *Journal of Agronomy and Plant Breeding*, 8: 213-226 (In Persian).
16. Niazian, M., A. Rajabi, R. Amiri, M.R. Orazizadeh and H. Sharifi. 2011. Study of relationship factors affecting root yield and sugar content in sugar beet genotypes o-type for fall planting. *Plant Production Journal*, 35(2): 135-115.
17. Ober, E.S., M.L. Bloa, C.J.A. Clark, A. Royal, K.W. Jaggard and J.D. Pidgon. 2005. Evaluation of physiological traits as indirect selection criteria for drought tolerance in sugar beet. *Field Crops Research*, 91: 231-249.
18. Ouda Sohier, M.M. 2005. Yield and quality of sugar beet as affected by planting density and nitrogen vaughan; D Linehan. *Plant and Soil*, 44: 445-449.
19. Rajabi, A., H. Griffiths, E.S. Ober, W. Kromdijk and J.D. Pidgeon. 2008. Genetic characteristics of water-use related traits in sugar beet, *Euphytica*, 160: 175-187.

20. Rajabi, A., M. Moghadam, F. Rahimzadeh, M. Mesbah and Z. Ranji. 2002. Evaluation of genetic diversity in sugar beet (*Beta vulgaris* L.) populations for agronomic traits and crop quality. Iranian Journal of Agricultural Science, 33(3): 553-567 (In Persian).
21. Ranji, Z.A. and M. Parvizi Almani. 1996. Screening sugar beet progeny lines for salinity tolerance by comparing potential productivity and stress coefficient under saline and normal soils. Journals of Sugar Beet, 12(1): 2-19 (In Persian).
22. Reinefeld, E., A. Emmerich, G. Baumgarten, C. Winner, and U.M. Beig. 1974. Zur voraussage des melassezuckers aus rübenanalysen. Zucker, 27: 2-15.
23. Sharifi, M. 2014. Correlation and path analysis performance traits under irrigation regimes white sugar with some sugar beet genotypes. Journal of Plant Ecophysiology, 16(17): 74-88 (In Persian).
24. Theurer, J.C. 1979. Growth patterns in sugar beet production, Journal of the American Society of Sugar beet Technologists, 20(4): 342-367.
25. Vahedi, S., M. Mesbah, V. Yousefabadi, R. Amiri, M.R. Bihamta and M. Dehghan Shoar. 2006. Study on the relation between agronomic traits and root morphology and determination of traits affecting root yield and sugar content in monogerm germplasm of sugar beet. Journal of Sugar Beet, 22(2): 19-34 (In Persian).
26. Younan, N.Z., M.H. El-Deeb and M.A. El-Manhaly. 1990. Path coefficient analysis of total soluble solids and root weight in sugar beet (*Beta vulgaris* L.). Minufiya. Journal of Agricultural Research, 15(2): 1921-1929.
27. Zinali, H., E. Naser-Abadi, H. Hossein-zadeh, R. Chugan and M. Sabokdast. 2004. Factor analysis on hybrid of cultivar grain maize, Iranian Journal of Agriculture Science, 36(4): 895-902 (In Persian).

Investigation of Relationship between Physiological and Yield Traits by Root and Sugar Yield in Sugar Beet Hybrids under Normal and Salinity Stress Conditions

Abdolmajid Khorshid¹ and Ali Akbar Asadi²

1- Agriculture and Natural Resources Research Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Urmia, Iran, (Corresponding author: majidkhor1347@gmail.com)

2- Crop and Horticultural Science Research Department, Zanjan Agriculture and Natural Resources Research and Education Center (AREEO), Zanjan, Iran.

Received: June 13, 2020

Accepted: May 9, 2021

Abstract

To determine the relationship between some physiological and yield traits under salinity stress conditions and screening quantitative indices of salinity tolerance, 28 sugar beet (*Beta vulgaris* L.) genotypes derived from the cross between full-sib 8001 with multigerm male-sterile single cross C2 and male-sterile monogerm 231×261 with two control varieties were tested in a randomized complete block design with three replications under salinity and normal conditions at Miandoab Agricultural and Natural Resources Research Station. Relationships between traits with root and sugar yield were investigated using correlation, regression and path analysis. Under normal conditions, root yield showed positive correlation with pure sugar yield and negative correlation with sugar content and potassium to sodium ratio. Under salinity stress conditions, positive correlation was observed between root yield and sugar yield, pure sugar yield, potassium to sodium ratio and relative water content of leaves and negative correlation with sodium content and molasses sugar. Changes in environmental conditions caused change in the relationship between root yield and some traits. The results of regression and path analysis showed that under normal conditions if root yield was variable, sugar content and white sugar yield traits justified the changes, thus, in path analysis white sugar yield had the most positive and direct effect and sugar content had the most direct and negative effect on root yield. However, when sugar yield was variable, the traits potassium content, the relative amount of water loss, and nitrogen content justified the changes and among these traits, nitrogen content had the most positive direct effect and the other two traits had the most negative direct effect on sugar yield. On the contrary, under saline condition, if root yield was variable, sugar yield, white sugar yield, syrup purity, and sugar content explained the changes and white sugar yield had the most positive direct effect and sugar yield had the most negative direct effect on root yield. But, when sugar yield is variable, pure sugar yield and syrup purity justify the changes and white sugar yield had the most positive direct effect on sugar yield.

Keyword: Path analysis, Physiologic traits, Regression analysis



"مقاله پژوهشی"

تأثیر کلشی سین بر القاء پلی‌پلوئیدی و خصوصیات مورفوفیزیولوژیکی جمعیت زنیان (*Carum copticum* L.) منطقه جغرافیایی سیستان

راحله اکبری^۱، لیلا فهمیده^۲ و بهمن فاضلی‌نسب^۳

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی کشاورزی، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، ایران

۲- دانشیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران

(نویسنده مسؤل: l.fahmideh@gau.ac.ir)

۳- عضو هیئت علمی گروه پژوهشی زراعت و اصلاح نباتات، پژوهشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۰۵/۶ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۱۱/۴

صفحه: ۲۵ تا ۴۵

چکیده

زنیان، متعلق به تیره خانواده چتریان، اسانس آن حاوی تیمول، پاراسیمن، آلفا پینن، کارواکرول است و دارای خاصیت ضد میکروبی و قارچ‌کشی است. القاء پلی‌پلوئیدی با استفاده از مواد شیمیایی جهش‌زا به عنوان یکی از روش‌های اصلاح گیاهان دارویی جهت افزایش میزان تولید متابولیت‌های ثانویه آنها مورد استفاده می‌گیرد. جهت بررسی اثرات القاء پلی‌پلوئیدی جمعیت زنیان سیستان آزمایشی به صورت فاکتوریل در قالب طرح کاملاً تصادفی با استفاده از غلظت‌های مختلف کلشی سین (۰/۲، ۰/۵، ۰/۷۵ و ۱ گرم در لیتر) و مدت زمان اعمال تیمار (۶، ۱۲ و ۱۸ ساعت) انجام شد. پس از پلی‌پلوئید کردن و تعیین بهترین غلظت و زمان اعمال تیمار کلشی سین، گیاهان تتراپلوئید به همراه شاهد کشت شدند و برخی صفات مورفولوژیک، فیزیولوژیک و بیوشیمیایی گیاهان تتراپلوئید شده و گیاهان شاهد مورد بررسی قرار گرفتند. نتایج این پژوهش نشان داد که غلظت ۰/۵ گرم در لیتر و مدت زمان ۶ ساعت، بهترین تیمار جهت القاء پلوئیدی در گیاه زنیان بود. تعداد کروموزوم‌های گیاهان دیپلوئید برابر با ۱۸ عدد و در گیاهان تتراپلوئید برابر با ۳۶ عدد بود بنابراین می‌توان بیان کرد که کلشی سین به طور مؤثری قابلیت القاء پلی‌پلوئیدی در گیاه زنیان را دارد. نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که القاء تتراپلوئیدی بر صفات ارتفاع بوته، قطر ساقه، تعداد گل، تعداد شاخه جانبی، قطر ریشه، وزن تر، کلروفیل a و b، کارتنوئید، پراکسیداز، کاتالاز، پروتئین کل و فلاونوئید معنی‌دار بود و گیاهان تتراپلوئید (تیمار شده) از نظر صفات فیزیولوژی (کلروفیل a، آنتوسیانین، آسکوربات پراکسیداز، کاتالاز، فنل و کارتنوئید) و مورفولوژی (تعداد شاخه جانبی، ارتفاع گیاه، تعداد برگ، طول و عرض برگ و وزن تر و خشک) نسبت به گیاهان شاهد برتری داشتند. با توجه به نتایج حاصله از این تحقیق پیشنهاد می‌شود که این روش اصلاحی به‌عنوان روشی مناسب می‌تواند برای گیاه زنیان مورد استفاده قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی، تتراپلوئیدی، رنگی‌ده‌های فتوسنتزی، محتوای فنلی، محتوی فلاونوئیدی

مقدمه

زنیان با نام علمی (*Carum copticum*) متعلق به خانواده چتریان (*Apiaceae*) است علفی یکساله و بی‌کرک به ارتفاع ۳۰ تا ۹۰ سانتی‌متر (کمتر از یک متر) پر شاخ و برگ، که به‌حالت خودرو در نواحی شرقی هند، ایران و مصر می‌روید، برگ‌هایی با پهنک منقسم به بریدگی‌های نازک و ظریف و گل‌ها با گلبرگ‌هایی به رنگ سفید و کوچک و همچنین مجتمع به صورت چتر مرکب دارد. قسمت مورد استفاده این گیاه میوه آن است (۱۶).

تعداد کروموزوم موجود در این گیاه $2n=2x=18$ می‌باشد (۱۳). زنیان در مرحله رویشی ظاهری شبیه به گیاه شوید دارد. گلدهی از اواخر فصل بهار شروع و همزمان با رشد رویشی ادامه می‌یابد (۳۱،۳۰). گیاه زنیان دارای اسانس روغنی حاوی تیمول، پارا-سیمن، آلفا-پینن، کارواکرول است (۲۲). مقداری از آن یعنی ۳۵ تا ۶۰ درصد اسانس را تیمول تشکیل می‌دهد. اسانس آن شامل: بتا-پینن، گاما-تریپینن، بتا-تریپینن است که مخلوط آن‌ها به‌طور تجاری تحت عنوان تیمن شناخته می‌شود (۴). از جمله ترکیبات شیمیایی دیگر گیاه زنیان، پروتئین، چربی و کاتیون‌های مانند سدیم، پتاسیم، آهن،

کلسیم، منیزیم و روی است (۲۲). خاصیت ضد میکروبی زنیان مربوط به ترکیب تیمول و خاصیت ضد اسپاسم آن مربوط به اسانس فرار آن است (۲۵).

امروزه تأکید اصلی و هدف اختصاصی متخصصان، یافتن گونه‌های جدید گیاهی، توسعه استعدادها و ژنتیکی و همچنین یافتن شیوه‌هایی برای افزایش مواد مؤثره گیاهان دارویی است (۴۱). القاء پلی‌پلوئیدی استفاده از مواد شیمیایی جهش‌زا به‌عنوان یکی از روش‌های اصلاح گیاهان دارویی به‌منظور افزایش قابلیت تولید متابولیت‌های ثانویه مورد استفاده قرار می‌گیرد (۱۰). مهم‌ترین و کاربردی‌ترین روش‌های اصلاحی شامل دورگ‌گیری، موتاسیون و پلی‌پلوئیدی است (۱۴، ۱۸). القاء پلی‌پلوئیدی روشی است که اغلب در گیاهان موجب تولید واریانت‌هایی جدید با کیفیت مجزا می‌شود و از طرف دیگر از طریق دو برابر شدن سطح کروموزومی، افزایش تعداد نسخه‌های ژنی بیان‌کننده و افزایش جثه گیاه ممکن است موجب بیشتر شدن ترکیبات ثانویه و دارویی آن بشود (۵۵). تولید گیاهان تتراپلوئید از گیاهان دیپلوئید می‌تواند در رشد و نمو، عملکرد و همچنین کمیت و کیفیت مواد مؤثره گیاهان دارویی مؤثر باشد (۱۷). پلی‌پلوئیدی باعث افزایش سازگاری

مواد و روش‌ها

بذر جمعیت سیستان گیاه زنیان از شرکت پاکان بذر اصفهان تهیه و جهت مطالعات سیتوژنتیکی در پژوهشگاه زیست‌فناوری دانشگاه زابل مورد مطالعه قرار گرفت. به منظور به دست آوردن مریستم انتهایی ریشه، بذرها در ظروف پتری‌دیش حاوی کاغذ صافی مرطوب انتقال و بعد از افزودن آب مقطر، در ژرمیناتور تحت شرایط کنترل رطوبت ۳۸ درصد، دمای ۲۴ درجه سانتی‌گراد و دوره نوری ۱۴ ساعت روشنایی و ۱۰ ساعت تاریکی با شدت نور ۱۰۰۰۰ لوکس قرار داده شدند. بعد از چهار روز بذرها جوانه زده با ریشه‌هایی به طول ۱/۵ تا ۲ سانتی‌متر آماده تیمار بودند. برای تیمار کردن از محلول کلشی‌سین با غلظت‌های ۰/۲، ۰/۵، ۰/۷۵ و ۱ گرم در لیتر در سه مدت زمان ۶، ۱۲ و ۱۸ ساعت استفاده شد (۵).

مشاهده و شمارش کروموزوم‌ها، بلافاصله بعد از اتمام مدت زمان تیمار صورت گرفت. در مرحله پیش تیمار از محلول (۰/۰۰۲ میکرو مولار) ۸- هیدروکسی کینولین به مدت ۵ ساعت، تثبیت (محلول کارنوی-۲ مرکب از اتانول ۹۶ درصد، کلروفرم ۱۰ درصد و اسید استیک ۳۰ درصد به نسبت ۱:۳:۶) به مدت ۲۴ ساعت در دمای اتاق، هیدرولیز اسید کلریدریک 1N به مدت ۲۰ دقیقه و سپس رنگ‌آمیزی ریشه‌ها با استورسین برای مشاهدات میکروسکوپی استفاده شد. قسمت انتهایی نوک ریشه با یک قطره اسیداستیک ۴۵٪ روی اسلاید گذاشته و لامل روی آن گذاشته می‌شود تا ضمن خروج رنگ‌های اضافی سلول‌های مریستمی نیز در یک سطح پخش شوند (۳۴).

عکس‌برداری از نمونه‌های تهیه شده با استفاده از روش تحلیل تصویری با بزرگنمایی ۱۸۷۷ برابر انجام شد، به طوری که تصاویر کروموزومی از طریق *Color Video Camera* که بر روی میکروسکوپ نوری مدل *Olympus* نصب شده بود به مانیتور منتقل و ضبط شد. تصاویر تهیه شده به برنامه *Photoshop (Version 1.04)* منتقل شد. از هر تیمار تعداد ۱۰ اسلاید و از هر اسلاید تعداد ۵ سلول انتخاب شد و شمارش کروموزوم آن‌ها انجام شد. و به این صورت در دو گروه طبقه‌بندی شدند: ۱- سلول‌های دیپلوئید که تغییر تعداد کروموزوم نشان ندادند ۲- سلول‌های تتراپلوئید که تعداد کروموزوم آنها دو برابر تعداد کروموزوم دیپلوئید بود. در ادامه داده‌های هر گروه دیپلوئید و تتراپلوئید براساس درصد محاسبه شد.

بعد از تعیین بهترین دز و زمان اعمال کلشی‌سین (غلظت ۰/۵ گرم بر لیتر در مدت زمان ۶ ساعت) برای القاء پلی‌پلوئیدی که با انجام عمل اسکواش و شمارش کروموزومی حاصل شد، بذور با کلشی‌سین تیمار شدند. ابتدا بذور پس از ضدعفونی با هیپوکلریت سدیم ۱۵ درصد، در پتری‌دیش حاوی ۰/۵ گرم در لیتر کلشی‌سین روی کاغذ صافی به مدت ۶ ساعت در جایی تاریک منتقل گردید. پس از اعمال تیمار مورد نظر، بذرها در دو گروه بذرها تیمار نشده (شاهد) و بذرها تیمار شده با کلشی‌سین با استفاده از آب مقطر استریل شست‌وشو داده شده و در گلدان‌های حاوی کوکوپیت، خاک‌برگ و خاک معمولی منطقه منتقل شدند. در هر گلدان

گیاه به شرایط محیطی نامساعد از جمله خشکی و شوری می‌شود. ضمناً افزایش در خصوصیات سطح ژنومی (نسخه‌های ژنی) ممکن است با تأثیر بر انعطاف‌پذیری، تنوع فنوتیپی، هتروزیس، بنیه (درشتی اندام رویشی)، انجام وظیفه متفاوت نسخه‌های تکراری ژن در اندام مختلف و حتی تأثیر در نحوه تولید مثل گیاه سبب برتری پلی‌پلوئید نسبت به دیپلوئید شود (۳۷).

کلشی‌سین ($C_{22}H_{25}O_6N$) یک ماده محرک و با هدف ایجاد پلی‌پلوئیدی در گیاهان مورد استفاده قرار می‌گیرد (۱۹). کلشی‌سین یک ترکیب آلکالوئیدی است که از بذر پدازه و گل‌های گیاه گل حسرت (*Colchicum autumnale*) استخراج می‌شود (۲۱). کلشی‌سین مانع از ایجاد رشته‌های دوکی در طی تقسیم سلولی از طریق جلوگیری از پلیمریزاسیون میکروتوبول‌ها با پیوند به زیر واحدهای پروتئینی توبولین و تغییر شکل آن‌ها شده و در نتیجه منجر به دو برابر شدن تعداد کروموزوم‌ها در سلول می‌شود (۷). این ترکیب نسبت به مواد جهش‌زای دیگر تغییرات مورفولوژیکی بیشتر و میزان موتاسیون بالاتری را ایجاد می‌کند (۴۵، ۴۹).

در بررسی امکان القاء پلوئیدی در بنفشه آفریقایی ارزیابی صفات ظاهری نشان داد گیاهان دیپلوئید و تتراپلوئید از نظر خصوصیات مورفولوژیکی رویشی و صفات زایشی با یکدیگر متفاوت هستند به طوری که گیاهچه‌های تیمار شده با ماده‌ی القایی، پا کوتاه‌تر، برگ‌های پهن‌تر و ضخیم‌تر، دم برگ قطورتر، پر گل‌تر، پر برگ‌تر و دارای گل‌های درشت‌تر بودند که علت این تفاوت‌ها در مقدار هورمون اکسین که مسوول رشد می‌باشد است (۶). در بررسی کشت بافت و القاء پلی‌پلوئیدی کالوس گیاه *Morinda officinalis* بیشترین میزان القاء پلی‌پلوئیدی از تیمار ۵۰۰ میلی‌گرم در لیتر کلشی‌سین به مدت ۵ روز به دست آمده و در مقایسه با گیاهان پلی‌پلوئید و دیپلوئید، رشد ریشه در پلی‌پلوئیدها افزایش یافته است (۲۹). در تحقیقی به منظور بررسی تأثیر تیمار کلشی‌سین بر گیاه شنبلیله گزارش شد که غلظت و مدت زمان تیمار کلشی‌سین و اثر متقابل آن‌ها به صورت معنی‌داری بر اتو تتراپلوئید شدن شنبلیله تأثیر داشت و غلظت ۰/۵ گرم در لیتر با مدت تیمار ۱۲ ساعت بهترین نتیجه را داشت همچنین نتایج نشان داد که تغییر سطح پلوئیدی با کلشی‌سین از دیپلوئیدی به تتراپلوئیدی به صورت معنی‌داری بر کلیه صفات مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی شنبلیله (به جز وزن تر و خشک گیاه) اثر داشت (۹).

هدف از این تحقیق، مطالعه امکان ایجاد گیاهان تتراپلوئید زنیان با استفاده از غلظت‌های مختلف و زمان‌های مختلف تیمار با کلشی‌سین و بررسی خواص سیتوژنتیکی (تعداد کروموزوم)، مورفولوژیکی (ارتفاع بوته، قطر ساقه اصلی و فرعی، تعداد گل، تعداد شاخه جانبی، ارتفاع گیاه، قطر ریشه، وزن تر، طول برگ و عرض برگ)، رنگیزه‌های فتوسنتزی (کلروفیل a، b، کل و کارتنوئید)، آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی (کاتالاز و پراکسیداز) و اندازه‌گیری میزان فنل کل، فلاونوئید، پروتئین کل و آنتوسیانین گیاهان تتراپلوئید ایجاد شده و گیاهان شاهد بود.

جهت اندازه گیری میزان فنل کل به یک میلی لیتر محلول رویی سانتریفیوژ شده، یک میلی لیتر اتانول ۹۵ درصد اضافه گردید و با آب مقطر، حجم محلول به ۵ میلی لیتر رسانده شد. سپس ۰/۵ میلی لیتر معرف فولین ۵۰ درصد و یک میلی لیتر کربنات سدیم ۵ درصد به آن اضافه گردید. مخلوط حاصل به مدت یک ساعت در تاریکی گذاشته شد و سپس جذب هر نمونه در طول موج ۷۲۵ نانومتر خوانده شد و با استفاده از منحنی استاندارد گالیک اسید (شکل ۱ بخش A)، غلظت ترکیبات فنلی کل برحسب میلی گرم در گرم وزن تر محاسبه گردید. رسم منحنی استاندارد فنل کل در غلظت‌های ۰، ۵۰، ۱۰۰، ۲۵۰ و ۳۵۰ میلی گرم در لیتر صورت گرفت (۳۸).

برای اندازه گیری میزان فلاونوئید کل به ۵۰۰ میکرو لیتر از هر عصاره ۱/۵ میلی لیتر متانول (۸۰٪)، ۱۰۰ میکرو لیتر محلول آلومینیوم کلراید (۱۰٪)، ۱۰۰ میکرو لیتر محلول اتانول ۱۰۰٪ و ۱ میلی لیتر آب مقطر اضافه شد. جذب مخلوط بعد از گذشت ۴۰ دقیقه در طول موج ۴۱۵ نانومتر نسبت به شاهد (بلانک) اندازه گیری شد. شاهد حاوی تمام ترکیبات ذکر شده در بالا بود اما به جای عصاره، همان حجم متانول ۸۰٪ به آن اضافه شده بود. برای رسم منحنی استاندارد از کوئرستین استفاده شد (شکل ۱ بخش B). میزان فلاونوئید کل عصاره‌ها بر اساس میلی گرم معادل کوئرستین بر گرم وزن خشک گیاه گزارش شد (۱۳).

تهیه معرف بیوره: به منظور تهیه معرف بیوره، ۰/۱ گرم کوماسی بریلیانت بلو G250 در ۵۰ میلی لیتر اتانول ۹۶ درجه به مدت یک ساعت با کمک همزن مغناطیسی (مگنت) در تاریکی به خوبی حل شد. سپس ۱۰۰ میلی لیتر اسید فسفریک ۸۵ درصد قطره قطره به آن اضافه شد و در پایان حجم کل محلول به کمک آب مقطر به یک لیتر رسانده شد. محلول حاصل با کاغذ صافی واتمن شماره یک صاف گردید (۱۶).

سنجش پروتئین استاندارد و ارزیابی میزان پروتئین کل: برای ارزیابی و تعیین مقدار فعالیت آنزیم، لازم است ارزیابی دقیقی از میزان کل پروتئین موجود در عصاره مورد آزمایش، صورت گیرد. بدین منظور از روش بردفورد (۱۱) به شرح زیر استفاده گردید.

یک گرم بافت تر در یک هاون چینی محتوی سه میلی لیتر بافر فسفات ۵۰ میلی مولار با pH ۷/۲ سائیده شد. عصاره حاصل به مدت ۱۵ دقیقه در سانتریفیوژ یخچال دار در ۱۴۰۰۰ g و دمای ۴ درجه سانتی گراد قرار گرفت. سپس مقدار ۰/۱ میلی لیتر عصاره پروتئینی (محلول روبی) به لوله‌های آزمایش منتقل و پنج میلی لیتر معرف بیوره افزوده و سریعاً ورتکس شد. پس از دو دقیقه و قبل از یک ساعت جذب آن‌ها با دستگاه اسپکتروفوتومتر در طول موج ۵۹۵ نانومتر خوانده شد و غلظت پروتئین با استفاده از منحنی استاندارد آلومین گوی محاسبه و بر حسب میلی گرم بر گرم وزن تر محاسبه گردید.

اندازه گیری آنتوسیانین: جهت اندازه گیری آنتوسیانین ۰/۱ گرم از بافت برگ تازه را در هاون چینی با ۱۰ میلی لیتر متانول اسیدی (متانول خالص و اسید کلریدریک خالص به نسبت حجمی ۹:۱) کاملاً سائیده و عصاره در لوله آزمایش

پنج بذر قرار داده شد و گیاهان با فاصله دو روز آبیاری شدند و در شرایط گلخانه رشد و نمو یافتند.

صفات مورفولوژیکی مانند ارتفاع گیاه، طول و عرض برگ (با خطکش مدرج و برحسب سانتی متر)، تعداد شاخه جانبی، تعداد گل، تعداد برگ، وزن تر و خشک بوته، قطر ساقه اصلی و فرعی، قطر ریشه (توسط کولیس برحسب میلی متر) اندازه گیری شد.

اندازه گیری صفات فیزیولوژیکی

تهیه بافر Ice-Cold: این محلول شامل؛ ۲۰۰۰ میکرو لیتر محلول بافر پتاسیم فسفات ۱۰۰ میلی مولار با pH=۷ (برای تهیه محلول پتاسیم فسفات از دو نمک K_2HPO_4 (جرم حجمی ۱۷۴/۲) و KH_2PO_4 (جرم حجمی ۱۳۶/۰۸۶) استفاده و به این صورت که ابتدا محلول ۱ مولار از هر کدام از این نمک‌ها تهیه شد. سپس ۱۰ سی سی از هر کدام برداشته، مخلوط و به حجم ۱۰۰ سی سی رسانده شد و pH آن روی ۷ تنظیم شد)، ۲۰ میکرو لیتر EDTA 0.1 mM و سپس ۱۹۸۰ میکرو لیتر آب دو بار تقطیر بود (۱۶).

استخراج عصاره آنزیمی: برای اندازه گیری آنزیم‌ها، ۰/۱ گرم از بافت سبز برگ برداشت و با ۴ سی سی بافر Ice-cold در هاون سرد کاملاً سائیده و به صورت همگن درآمدند (۱۱). مخلوط همگن از کاغذ صافی عبور و به مدت ۱۵ دقیقه در ۱۶۰۰۰ دور با استفاده از دستگاه سانتریفیوژ یخچال دار سانتریفیوژ شدند. سپس فاز بالایی به عنوان عصاره آنزیمی (پروتئینی) برای سنجش فعالیت آنزیمی استفاده گردید (۱۶).

آنزیم کاتالاز: جهت اندازه گیری فعالیت آنزیم کاتالاز، به ترتیب به ۷۵۰ میکرو لیتر عصاره آنزیمی، مقدار ۱۵۰۰ میکرو لیتر آب دو بار تقطیر به کووت کوارتز اضافه شد و به هنگام اندازه گیری آنزیم، ۷۵۰ میکرو لیتر پراکسید هیدروژن ۷۰

میلی مولار به مخلوط واکنش اضافه شد. تغییرات جذب در ۲۴۰ نانومتر به مدت ۶۰ ثانیه در ۲۵ درجه سانتی گراد با استفاده از اسپکتروفوتومتر قرائت شد. تغییرات جذب به دست آمده در زمان یک دقیقه، به ضریب خاموشی مولی این واکنش که برابر $۳۶\text{mM}^{-1}\text{cm}^{-1}$ است تقسیم و فعالیت آنزیمی بر حسب واحد در گرم وزن تر بیان شد (۴۶،۸).

آنزیم پراکسیداز (PX): جهت اندازه گیری فعالیت آنزیم پراکسیداز، سه میلی لیتر مخلوط واکنش شامل؛ ۲۳۹۰ میکرو لیتر بافر فسفات سدیم ۵۰ میلی مولار (PH=۶/۵)؛ ۲۴۰ میکرو لیتر گایاکول ۱ درصد و ۲۴۰ میکرو لیتر پراکسید هیدروژن ۰/۳٪ و ۱۳۰ میکرو لیتر عصاره آنزیمی استفاده شد. فعالیت آنزیم پراکسیداز بر اساس میزان اکسید شدن گایاکول در طول موج ۴۷۰ نانومتر و با استفاده از ضریب خاموشی $۶/۲۶\text{cm}^{-1}$ تعیین شد (۴۳).

اندازه گیری میزان فنل کل و فلاونوئید: ۰/۱ گرم اندام هوایی در ۵ میلی لیتر اتانول ۹۵ درصد سائیده و به مدت ۷۲-۲۴ ساعت در تاریکی به منظور سنجش ترکیبات فنلی کل و فلاونوئید کل نگهداری و سپس در ۴۰۰۰ دور به مدت ۲۰ دقیقه سانتریفیوژ شدند.

نتایج و بحث

نتایج پلی‌پلوئیدی حاصل از تیمار با کلشی سین

پس از مطالعه و عکس‌برداری از اسلاید نمونه شاهد، عدد کروموزومی در زنیان $2n=18$ به‌دست آمد (شکل ۲A) که مشابه با نتایج تعدادی از محققان می‌باشد (۲۳، ۱۴). نتایج حاصل از بررسی سطح پلوئیدی گیاه تیمار شده با سطوح مختلف کلشی سین در سه زمان مختلف با استفاده از شمارش کروموزومی بررسی شد (شکل ۲B).

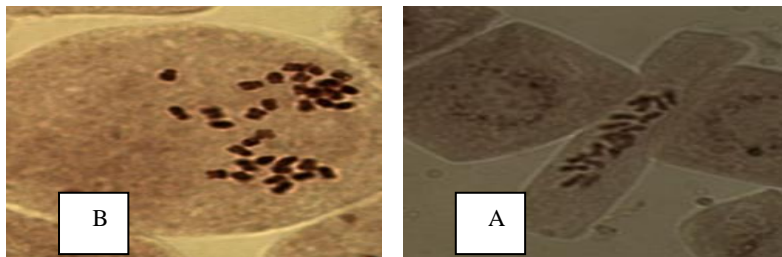
نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان‌داد که غلظت‌های مختلف کلشی سین و مدت زمان اعمال تیمار بر درصد پلی‌پلوئیدی شدن بذر زنیان جمعیت سیستان معنی‌دار بود (جدول ۱). نتایج مقایسه میانگین داده‌ها نشان داد که بیشترین میزان تتراپلوئیدی برای جمعیت سیستان مورد مطالعه، در غلظت ۰/۵ گرم بر لیتر در مدت زمان ۶ ساعت مشاهده و سایر غلظت‌های پایین‌تر و بالاتر تأثیر غیر معنی‌داری بر این فاکتور داشتند (شکل ۲) در تحقیقی نیز بهترین زمان اعمال تیمار (۶ ساعت) و بهترین غلظت کلشی سین (۰/۵ گرم) جهت القاء پلی‌پلوئیدی در ریحان ذکر شده است (۳۶) که با تحقیق حاضر مشابهت داشت. همچنین در تحقیق دیگری (۹) بهترین غلظت کلشی سین (۰/۵ گرم در لیتر) به‌صورت معنی‌داری بر اتوتتراپلوئید شدن شنبلیله تأثیر داشت که با تحقیق حاضر مشابهت داشت. همچنین در سایر تحقیقات نیز غلظت مؤثر برای القای پلوئیدی را در گیاهان مختلف بین ۰/۰۰۰۶ تا ۳ درصد گزارش کرده‌اند، غلظت تأثیرگذار بسته به نوع گیاه، روش تیمار و مدت زمان تیمار تفاوت دارد (۱۵).

سریع‌دار ریخته شد و به‌مدت ۱۰ دقیقه با سرعت ۴۰۰۰ دور در دقیقه سانتریفیوژ و جذب محلول رویی در طول موج ۵۵۰nm اندازه‌گیری شد. غلظت با استفاده از فرمول زیر و با در نظر گرفتن ضریب خاموشی (E) ۳۳۰۰۰ سانتی‌متر بر مول و نتایج بر حسب میکرو مول بر گرم وزن تر ارائه شد (۴۰).

اندازه‌گیری رنگیزه‌های فتوسنتزی و کارتنوئید: جهت اندازه‌گیری کلروفیل و کارتنوئید مقدار ۰/۱۲۵ گرم از بافت تر برگ با ۵ میلی‌لیتر استون ۸۰ درصد خرد شد. مخلوط به‌دست‌آمده به‌مدت ۱۰ دقیقه در ۶۰۰۰ دور در دقیقه سانتریفیوژ گردید و در نهایت، قسمت بالایی عصاره جدا و حجم آن به ۸ میلی‌لیتر رسانده شد. اندازه‌گیری با استفاده از روش اسپکتروفتومتری انجام گرفت و برای کلروفیل a، b و کارتنوئید به‌ترتیب در طول موج‌های ۶۶۳ و ۶۴۵ و ۴۷۰ نانومتر خوانده شد (۳۲).

تجزیه و تحلیل آماری

داده‌های حاصله از بررسی‌های کروموزومی به‌صورت فاکتوریل بر پایه طرح کاملاً تصادفی با ۳ تکرار و پس از اتمام داده‌برداری برای داده‌های مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی حاصله دو گروه شاهد و تیمار، براساس طرح کاملاً تصادفی با ۳ تکرار تجزیه واریانس و سپس مقایسه میانگین با روش LSD در سطح احتمال پنج درصد انجام شد. جهت انجام تجزیه‌ها و رسم شکل، از نرم‌افزارهای SAS (نسخه ۹/۱) و Excel استفاده شد. با توجه به اینکه اکثر داده‌های حاصل از شمارش تتراپلوئیدی به‌دست‌آمده در این تحقیق بر اساس درصد بودند، برای اینکه داده‌ها دارای توزیع نرمال باشند، از تبدیل داده جذری $X_1 = \sqrt{X_2}$ استفاده شد. در مواردی هم که صفر وجود داشت از تبدیل $X_1 = \sqrt{X_2 + 0.5}$ استفاده گردید.



شکل ۱- تصاویر کروموزومی قبل و بعد از تیمار با کلشی سین: A؛ دیپلوئید و B؛ تتراپلوئید

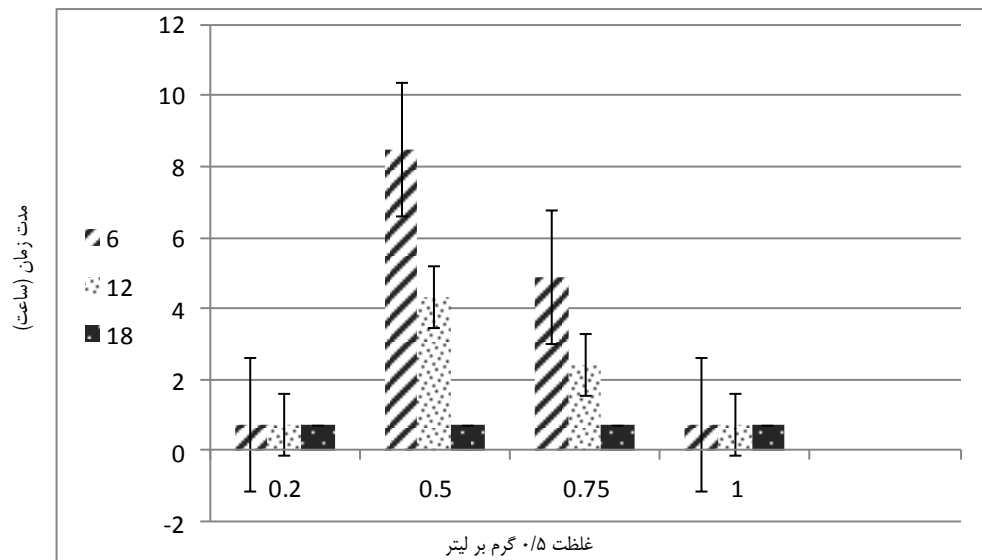
Figure 1. Chromosomal images before and after treatment with colchicine: A; Diploid and B; Tetraploid

جدول ۱- نتایج تجزیه واریانس القاء پلی‌پلوئیدی در گیاه زنیان پس از تیمار با کلشی سین در زمان‌های مختلف

Table 1. variance analysis of polyploidy induction in Ajowan plant after treatment with colchicine at different times

منابع تغییرات	درجه آزادی	پلی پلوئیدی %
زمان	۴	۲۶/۱۷**
غلظت	۲	۲۱/۵۰**
زمان × غلظت	۸	۹/۲۸**
خطا	-	۰/۳۴
ضریب تغییرات	-	۱۱/۳۹
ضریب تبیین	-	۰/۹۵

ns ** و *: به ترتیب عدم اختلاف معنی‌دار، اختلاف معنی‌دار در سطح ۱ و ۵ درصد



شکل ۲- اثر متقابل غلظت و مدت زمان تیمار کلشی سین بر درصد پلی پلوئیدی گیاه زنبان
Figure 2. Interaction of concentration and duration of colchicine treatment on polyploidy percentage of Ajowan

اختلاف معنی داری نداشتند که با نتایج مطالعه حاضر همخوانی دارد.

ارتفاع: بر اساس نتایج مقایسه میانگین داده‌ها، تیمار کلشی سین روی ارتفاع گیاه موثر بود و با افزایش سطح پلیوئیدی ارتفاع گیاه افزایش یافت (جدول ۳). در برخی موارد انگیزش پلی پلوئیدی در گیاهان ارتفاع بوته را افزایش داد که طبق نتایج که Birami همکاران (۹) تیمار کلشی سین باعث افزایش ارتفاع بوته شنبلیله نسبت به گیاه شاهد گردید و همچنین در انگیزش پلی پلوئیدی در گیاه *Carom Coptium* توسط نوری و همکاران (۴۲) گیاهان تتراپلوئید به صورت معنی داری بلندتر از گیاهان دیپلوئید بودند که مطابق نتایج مطالعه حاضر است، اما در برخی موارد انگیزش پلی پلوئیدی سبب کاهش ارتفاع گیاهان شده است (۲۸).

ارزیابی ویژگی‌های مورفولوژیکی گیاهان شاهد و گیاهان تیمار شده زنبان

نتایج تجزیه واریانس نشان داد که گیاهان شاهد و تیمار شده با کلشی سین از نظر اغلب صفات فنوتیپی مورد بررسی دارای تفاوت‌های معنی دار بودند (جدول ۲). همچنین نتایج مقایسه میانگین نیز برای صفات مورد بررسی به شرح زیر می‌باشد (جدول ۳).

قطر ریشه: با آنکه قطر ریشه گیاه با افزایش سطح پلیوئیدی افزایش یافته بود اما این افزایش از نظر آماری معنی دار نبود (جدول ۳). در تحقیقات مختلف (۴۷،۳۵) گزارش شده که ریشه‌های گیاهان پلی پلوئید قطورتر از گیاهان دیپلوئید می‌باشند در حالیکه نتایج Birami و همکاران (۹) نشان داد، قطر ریشه گیاهان دیپلوئید و تتراپلوئید شنبلیله

جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس صفات مورفولوژیک گیاه زنبان پس از تیمار با کلشی سین
Table 2. Results of analysis of variance of morphological traits of Ajowan after treatment with colchicine

منابع تغییر	df	تعداد گل	تعداد شاخه جانبی	ارتفاع گیاه	تعداد برگ	قطر ریشه	قطر ساقه اصلی
تیمار	۱	۲۳۶۰/۲*	۱۶/۳۶**	۶۴۰/۲**	۲۴**	۰/۳۸۱ ^{ns}	۰/۰۲۵ ^{ns}
خطا	۴	۴۲۶/۲	۲/۳۶	۲/۲۶	۱۹/۱۳	۰/۰۲۱۶	۰/۰۱۸۳
ضریب تغییرات	-	۲۰/۲	۲۴/۲	۴/۲۱	۲۱/۱۶	۱۳/۰۷	۱۳/۳
منابع تغییر	df	قطر ساقه فرعی	طول برگ	عرض برگ	وزن تر	وزن خشک	
تیمار	۱	۰/۰۲۶ ^{ns}	۰/۱۵۵ ^{ns}	۰/۰۹۱ ^{ns}	۰/۵۱*	۰/۰۴۳*	
خطا	۴	۰/۰۲۱	۰/۰۴۷	۰/۲۹۸	۰/۰۲	۰/۰۰۸	
ضریب تغییرات	-	۹/۴۲	۱۷/۶	۱۴/۰۲	۶/۰۷	۸/۹۱	

ns و * و ** به ترتیب عدم اختلاف معنی دار، اختلاف معنی دار در سطح ۵ و ۱ درصد

جدول ۳- مقایسه میانگین صفات مورفولوژی گیاهان دیپلوئید و تتراپلوئید

Table 3. Comparison of mean morphological traits of diploid and tetraploid plants

سطح پلوئیدی	قطر ریشه	ارتفاع گیاه	تعداد شاخه جانبی	قطر ساقه اصلی	قطر ساقه فرعی	تعداد برگ	طول برگ	عرض برگ	وزن تر بوته	وزن خشک بوته	تعداد گل
شاهد	۱ ^a	۱۹/۶۷ ^b	۵/۶۶ ^b	۰/۴۳ ^a	۰/۲۶ ^a	۱۹/۳۳ ^b	۳/۳۶ ^a	۱/۸۶ ^a	۱/۵۰ ^b	۰/۷۸ ^b	۱۱۳/۶۶ ^a
۰/۵ گرم بر لیتر	۱/۱۶ ^a	۳۷/۶۷ ^a	۷/۳۳ ^a	۰/۷۰ ^a	۰/۳۶ ^a	۲۲/۶۷ ^a	۱/۸۶ ^a	۲/۴۶ ^a	۱/۹۷ ^a	۰/۹۷ ^a	۸۵/۶۶ ^b

در هر ستون میانگین‌های دارای حروف مشترک در سطح پنج درصد اختلاف معنی‌داری ندارند.

وزن تر و خشک بوته: در این پژوهش با ایجاد تتراپلوئیدی، وزن تر و خشک بوته گیاهان تتراپلوئید در سطح بالاتر از گیاهان دیپلوئید قرار گرفت (جدول ۳). افزایش وزن تر و خشک گیاهان تتراپلوئید نسبت به گروه شاهد می‌تواند به دلیل دو یا سه شاخه بودن درصد بالایی از گیاهان تتراپلوئید، بیشتر بودن میانگین سطح و ضخامت برگ‌ها و یا به دلیل افزایش فتوسنتز و افزایش کارایی آن، بهبود روابط آبی و هورمونی باشد که باعث افزایش مواد ذخیره‌ای بالاتر در برگ‌ها شد (۲۷) و همچنین گزارش شده (۲۹) که افزایش سطح پلوئیدی به‌طور معنی‌داری وزن تر و خشک اندام هوایی را در گیاهان تتراپلوئید پروانوش افزایش داده است.

تعداد گل: در طی آزمایش کاهش تعداد گل در گیاه تتراپلوئید نسبت به دیپلوئید مشاهده گردید (جدول ۳). گزارش شده که در گیاه ریحان با دو برابر کردن کروموزوم‌ها تعداد گل کم شده است (۲۶) که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت داشت. توجه این صفت می‌تواند به این دلیل باشد که مرحله گلدهی در گیاهان پلی‌پلوئید در قیاس با انواع دیپلوئید دیرتر آغاز شده اما طول مدت گلدهی در آن‌ها بیشتر است (۲۴).

نتایج بررسی خصوصیات فیزیولوژیکی گیاهان شاهد و گیاهان تیمار شده

پس از بررسی نتایج خصوصیات فیزیولوژیکی گیاهان شاهد و گیاهان تحت تیمار کلسی‌سین، نتایج تجزیه واریانس نشان داد که در تمامی صفات فیزیولوژیکی مورد مطالعه به جزء میزان آنتوسیانین، پراکسیداز و کاتالاز بین گیاهان شاهد و گیاهان تیمار شده با کلسی‌سین تفاوت معنی‌دار وجود داشت (جدول ۴). همچنین نتایج مقایسه میانگین نیز نشان داد که تفاوت‌هایی به شرح زیر وجود دارد (جدول ۵):

محتوای کلروفیل: نتایج نشان داد (جدول ۵) که میزان کلروفیل a در برگ نمونه‌های تتراپلوئید (۱۷۹/۵۵ میلی‌گرم در گرم وزن تر برگ) نسبت به نمونه‌های دیپلوئید (۱۲۴/۶۸ میلی‌گرم در گرم وزن تر برگ) بیشتر بود اما میزان کلروفیل b در برگ نمونه‌های تتراپلوئید (۳۱۶/۴۵ میلی‌گرم در وزن تر برگ) نسبت به نمونه‌های دیپلوئید (۳۶۷/۶۶ میلی‌گرم در گرم وزن تر برگ) کمتر بود. از آنجا که فرض بر آن است که با دو برابر شدن ژنوم، فعالیت متابولیکی، سنتز rRNA و نسخه-برداری افزایش می‌یابد در نتیجه این افزایش می‌تواند بر میزان تنفس، فعالیت ژنی، تنوع و میزان فعالیت آنزیم‌ها و انتقال الکترون در فتوسنتز تأثیر داشته باشد (۴۸، ۳۳، ۱۲). حتی گزارش شده (۱) افزایش سطح پلوئیدی موجب افزایش تعداد کلروپلاست در برگ و نهایت افزایش فتوسنتز می‌شود. نتایجی که بیرامی و همکاران (۹) گیاهان تتراپلوئید نشان داد

تعداد شاخه جانبی: گیاهان تتراپلوئید از نظر تعداد شاخه جانبی بیشتر از گیاهان شاهد بودند (جدول ۳). افزایش تعداد شاخه فرعی در این تحقیق نیز در اثر افزایش سطح پلوئیدی حاصل شد که با نتایج پژوهشی که بر روی گیاه *Colophospermum mopane* انجام شده بود (۵۰)، مطابقت داشت.

قطر ساقه اصلی و فرعی: نتایج حاصل از مقایسه قطر ساقه اصلی و فرعی در بین گیاهان دیپلوئید و تتراپلوئید نشان داد که گیاهان شاهد بالاتر از گیاهان تتراپلوئید بودند اما اختلاف معنی‌داری مشاهده نشد (جدول ۳). نتایج متفاوتی در تحقیقات مختلف به‌دست‌آمده است بطوریکه نتایج تحقیقاتی که بر روی گیاهچه پروانه (*Colophospermum mopane*) (۵۰) و هندوانه (۵۲) انجام شده بود که با تحقیق حاضر مغایرت داشت. در بررسی و مقایسه ویژگی‌های کمی گیاهان تتراپلوئید شده با تیمار کلسی‌سین با گیاهان دیپلوئید، برخی صفات کمی به لحاظ اینکه این صفات توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شوند و تحت تأثیر محیط هستند، نتایج متفاوتی مشاهده می‌شود.

تعداد برگ: در این مطالعه افزایش سطح پلوئیدی باعث افزایش تعداد برگ در گیاهان تتراپلوئید نسبت به گیاهان دیپلوئید شد (جدول ۳). در تحقیقی که روی گل دندروبیوم تیمار شده با کلسی‌سین در محیط کشت بافت انجام شد، بهترین غلظت ۰/۷۵ درصد به مدت ۱۴ ساعت معرفی گردید که سبب کاهش زاویه برگ و افزایش عرض و رنگ برگ‌ها و همچنین افزایش تعداد برگ در گیاهان تتراپلوئید نسبت به گیاهان شاهد شد (۵۱).

طول و عرض برگ: در اغلب گیاهان تتراپلوئید برگ‌های اولیه دارای ظاهری نابهنجار بودند اما برگ‌های بعدی ایجاد شده ظاهر طبیعی داشتند. طول برگ در گیاهان دیپلوئید بالاتر از گیاهان تتراپلوئید بود و عرض برگ در گیاهان تتراپلوئید بالاتر از گیاهان دیپلوئید بود، اما از نظر آماری اختلاف معنی‌دار نبود (جدول ۳). در گیاه شقایق (۳۹) و گیاه بادرشبو (۴۴) گزارش کردند که انگیزش تتراپلوئیدی علاوه بر تعداد برگ، در بسیاری از موارد بر رنگ، شکل، ضخامت و افزایش عرض و اندازه دندانه‌های برگ این گیاهان تأثیر می‌گذارد. بنابراین به نظر می‌رسد که افزایش سطح پلوئیدی هسته اغلب باعث تغییرات آناتومی و ساختاری در گیاهان می‌شود و هر یک با توجه به نوع گونه با یک فنوتیپ ظاهر می‌شوند. افزایش سطح برگ با وجود کاهش طول برگ در نمونه‌های تتراپلوئید را می‌توان به افزایش عرض برگ در گیاهان پلی‌پلوئید نسبت به گیاهان دیپلوئید نسبت داد.

(جدول ۵). گزارش مبنی بر کاهش یا افزایش میزان آنتوسیانین با تیمار با کلشی سین در گیاه تتراپلوئید نسبت به گیاه دیپلوئید یافت نشد.

که میزان کلروفیل در گیاهان تتراپلوئید شنبلیله نسبت به گیاهان دیپلوئید افزایش داشته که با نتایج ما همخوانی دارد. **آنتوسیانین:** با افزایش سطح پلوئیدی محتوای آنتوسیانین در گیاهان تتراپلوئید نسبت به گیاهان دیپلوئید تغییری ایجاد نشد

جدول ۴- نتایج تجزیه واریانس صفات فیزیولوژیک گیاه زینان پس از تیمار با کلشی سین

Table 4. Results of analysis of variance of physiological traits of Ajowan after treatment with colchicine

منابع تغییر	df	کلروفیل a	کلروفیل b	کارتونوئید	آنتوسیانین	پراکسیداز
تیمار	۱	۸۱۲۴/۹**	۳۴۲۵/۷**	۳۶۲۵/۶**	۲/۶۶ ^{ns}	۲/۳۴ ^{ns}
خطا	۴	۳۴/۹	۸/۹۹	۱۲/۳	۴/۱۶	۳/۲۲
ضریب تغییرات	-	۱۰/۸۷	۷/۵۶	۹/۳	۸/۱	۱۰/۶
منابع تغییر	df	کاتالاز	فنل کل	پروتئین کل	فلاونوئید	
تیمار	۱	۱/۵۲ ^{ns}	-/۰۰۰۵۳**	-/۰۳۴۵**	۴/۵۳	
خطا	۴	۵/۴۵	۳/۲۸	۰/۰۰۴	۲/۲۸	
ضریب تغییرات		۹/۴۲	۵/۴۲	۶/۳۷	۸/۶	

ns، * و **؛ به ترتیب عدم اختلاف معنی دار، اختلاف معنی دار در سطح ۵ و ۱ درصد

جدول ۵- مقایسه میانگین صفات فیزیولوژی گیاهان دیپلوئید و تتراپلوئید

Table 5. Comparison of mean physiological traits of diploid and tetraploid plants

سطح پلوئیدی	کلروفیل a	کلروفیل b	کارتونوئید	آنتوسیانین	پراکسیداز	کاتالاز	فنل کل	پروتئین کل	فلاونوئید
شاهد	۱۲۴/۶ ^b	۳۶۷/۶ ^a	۹۴/۱۸ ^a	-/۰۰۰۰۷۶۶ ^a	-/۰۰۰۰۲۳۳ ^a	-/۰۰۰۶۶۶ ^a	۲/۶۳ ^a	۱/۳۸۶ ^b	۲/۶۳ ^a
۰/۵ گرم بر لیتر	۱۷۹/۵ ^a	۳۱۶/۴ ^b	۱۶/۱۳ ^b	-/۰۰۰۰۶۶ ^a	-/۰۰۰۰۲۰۰ ^a	-/۰۰۱۳۶۶ ^a	۲/۰۷ ^b	۱/۵۹۰ ^a	۱/۷۴ ^b

در هر ستون میانگین‌های دارای حروف مشترک در سطح پنج درصد اختلاف معنی داری ندارند.

دیگر (۳) گزارش شده که گیاهان تیمار شده لیمو ترش با کلشی سین میزان کارتونوئید بیشتری نسبت به گیاهان دیپلوئید داشته اما شرایطی مانند دما، شدت پرتو و میزان آب در دسترس در طول فصل رشد نیز بر میزان کارتونوئید تأثیرگذار است. همچنین طبق گزارش (۲۰) گیاهان ریحان تیمار شده با کلشی سین میزان کارتونوئید بیشتری نسبت به گیاهان شاهد (دیپلوئید) داشتند.

نتیجه گیری کلی

نتایج این پژوهش نشان داد که کاربرد غلظت ۰/۵ گرم در لیتر کلشی سین با مدت زمان ۶ ساعت، در بین تیمارهای مورد استفاده در این تحقیق بهترین تیمار جهت القاء پلوئیدی در گیاه زینان می‌باشد. همچنین بررسی‌های بیشتر و مقایسه بین خصوصیات مورفولوژیک و فیزیولوژیک گیاهان دیپلوئید و تتراپلوئید نشان داد که گیاهان تتراپلوئید از نظر صفات کمی از قبیل تعداد شاخه جانبی، ارتفاع گیاه، تعداد برگ، وزن تر بوته و همچنین کلروفیل a و پروتئین کل نسبت به گیاهان دیپلوئید برتری داشتند، بنابراین می‌توان گفت که پلوئیدی با تغییرات ساختاری، نموی، فیزیولوژیک و بیوشیمیایی گسترده‌ای در گیاهان همراه است که نتیجه آن ایجاد تنوع گسترده برای انتخاب است. ایجاد تنوع در صفات مختلف گزینه‌های جدیدی برای اصلاح‌گران ایجاد می‌کند تا بسته به هدف که ممکن است کاربردهای متفاوت دارویی، زینتی، مقاومتی و به خصوص آن دسته از گیاهانی که از اندام رویشی آنها به‌طور تجاری استفاده می‌شود، داشته باشد.

فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی: تجزیه و تحلیل داده‌های حاصل از اثر تیمار با کلشی سین بر میزان فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی اختلاف معنی داری نشان نداد (جدول ۵). در حالیکه در گیاه سورگوم آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی در گیاهان تتراپلوئید افزایش معنی داری نسبت به گیاهان دیپلوئید نشان داد (۵۳).

میزان فنل و فلاونوئید کل: بر اساس نتایج حاصله، در گیاه زینان، افزایش سطح پلوئیدی باعث کاهش میزان فنل و فلاونوئید کل گیاهان تیمار شده با کلشی سین نسبت به گیاهان شاهد شده است (جدول ۵). با مقایسه گیاهان دیپلوئید و تتراپلوئید برای میزان فنل کل، گیاهان دیپلوئید (با میانگین ۲/۶۳۳) برتر از گیاهان تتراپلوئید (۲/۰۷) خود بودند. میزان فلاونوئید در دیپلوئیدها (۲/۶۳) بالاتر از گیاهان تتراپلوئید (۱/۷۴) نبود (جدول ۴). در بابونه (*Chamomilla recutita*) محتوای فلاونوئید بیشتر به‌عنوان یک نتیجه از پلی‌پلوئیدی عنوان شده است (۵۴) و در تحقیق دیگری (۲) نیز گزارش شد که افزایش سطح پلوئیدی اثر معنی داری در میزان فنل و فلاونوئید گیاهان تتراپلوئید لیمو ترش نسبت به گیاهان دیپلوئید نداشت که با نتایج تحقیق حاضر همخوانی دارد.

محتوای پروتئین کل و کارتونوئید: نتایج نشان داد که با افزایش سطح پلوئیدی میزان پروتئین کل در گیاهان تتراپلوئید افزایش یافت ولی افزایش سطح پلوئیدی سبب کاهش میزان کارتونوئید گیاهان تتراپلوئید نسبت به گیاهان دیپلوئید شد (جدول ۵). در بعضی گونه‌ها مانند نیلوفر پیچ و تربچه (۵۶) پروتئین کل بیش از دو برابر افزایش یافته است و در تحقیقی

منابع

1. Abdoli, M., A. Moieni and H.N. Badi. 2013. Morphological, physiological, cytological and phytochemical studies in diploid and colchicine-induced tetraploid plants of *Echinacea purpurea* (L.). *Acta Physiologiae Plantarum*, 35(7): 2075-2083.
2. Afshar, M.M., Z. Omid, K.R. Purakbari and A.A. Asadi. 2013. The effect of polyploidy on some anatomical and antioxidant characteristics of *Citrus aurantifolia* Journal of Plant Research (Iranian Journal Of Biology), 26(3): 238-246.
3. Afshar Mohammadian, M., R. Pour Akbari, Z. Omid, F. Ghanati and A. Torang. 2012. The effect of induced polyploidy on morphological and physiological traits of lemon (*Citrus aurantifolia* L.). *Plant Biology Journal*, 12: 13-24.
4. Ahmand, Z., L. Fahmideh and B. Fazeli-Nasab. 2017. Genetic Evaluation of *Cumin* and *Caraway* Using *Eryngium planum* Microsatellite Markers. *Scientific Journal Management System*, 8(2): 59-71.
5. Altrock, S., A. Fonseca and A. Pedrosa-Harand. 2011. Chromosome identification in the Andean common bean accession G19833 (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). *Genet Mol Biol*, 34(3): 459-463.
6. Amiri, A., M. Taghizadeh, M. Shoor, H. Nemati and A. Tehranian Far. 2013. Investigating the Possibility of Inducing Polyploidy in African Violets Using Colchicine in Reciprocal Seedlings of the African Violet (*Saintpaulia ionantha*). In Eighth Iranian Horticultural Sciences Congress, Hamadan, 3256-3295.
7. Arzani, A. and N.L. Darvey. 2001. The effect of colchicine on triticales anther-derived plants: Microspore pre-treatment and haploid-plant treatment using a hydroponic recovery system. *Euphytica*, 122(2): 235-241.
8. Beers, R.F. and I.W. Sizer. 1952. A spectrophotometric method for measuring the breakdown of hydrogen peroxide by catalase. *Journal of Biological Chemistry*, 195(1): 133-140.
9. Birami kohi, A., L. Fahmideh and M. Riasat. 2016. Evaluation of Morphologic and Physiologic Traits of Sistan's Native Fenugreek (*Trigonella foenum graecum*) under Colchicine Treatments. *Journal of Crop Breeding*, 8(18): 153-159.
10. Borgheei, S.F., H. Sarikhani, M. Chaichi and A. Kashi. 2010. In vitro induction of polyploidy in lemon balm (*Melissa officinalis* L.). *Scientific Journal Management System*, 26(3): 283-295.
11. 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.
12. Byrne, M.C., C.J. Nelson and D.D. Randall. 1981. Ploidy effects on anatomy and gas exchange of tall fescue leaves. *Plant Physiology*, 68(4): 891-893.
13. Chang, C.C., M.H. Yang, H.M. Wen and J.C. Chern. 2002. Estimation of total flavonoid content in propolis by two complementary colorimetric methods. *Journal of Food and Drug Analysis*, 10(3): 178-182.
14. Cheema, A.K. 2018. Plant Breeding its Applications and Future Prospects. *International Journal of Engineering Technology Science and Research*, 5(3): 88-94.
15. Das, A.B., A. Das, C. Pradhan and S.K. Naskar. 2015. Genotypic variations of ten Indian cultivars of *Colocasia esculenta* var. antiquorum Schott. evident by chromosomal and RAPD markers. *Caryologia*, 68(1): 44-54.
16. Davari, A., M. Solouki and B. Fazeli-Nasab. 2018. Effects of jasmonic acid and titanium dioxide nanoparticles on process of changes of phytochemical and antioxidant in genotypes of *Satureja hortensis* L. *Eco-Phytochemical Journal of Medicinal Plants*, 5(4): 1-20 (In Persian).
17. De Smet, R., E. Sabaghian, Z. Li, Y. Saeys and Y. Van de Peer. 2017. Coordinated Functional Divergence of Genes after Genome Duplication in *Arabidopsis thaliana*. *The plant cell* 29(11): 2786-2800.
18. Dehdari, A. 2014. Cytogenetical evaluation of canola cultivars and two wild species of Brassica. *Journal of Cellular and Molecular Researches*, 26(4): 446-461.
19. Dhooghe, E., K. Van Laere, T. Eeckhaut, L. Leus and J. Van Huylenbroeck. 2011. Mitotic chromosome doubling of plant tissues in vitro. *Plant cell, tissue and organ culture*, 104(3): 359-373.
20. Esmailhasani, M., M. Mirzaii, R. Omidbeygi and M. Fathigharehbaba. 2010. Autotetraploidy Effect on quantitative and qualitative properties of essential oils and herb basil. *Iranian Journal of Horticultural Science*, 41: 111-118.
21. Fathi, S., S. Masiha and J. Panahandeh. 2011. Duplication of L3-layer chromosomes of *solanum commersonii* diploid cultivars and *S. aureus* strain hybrids (*S. acaule* × *S. phureja*) using different doses of colchicine. In 7th Iranian Horticultural Science Congress. Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran.
22. Fazeli-nasab, B. and Z. Fooladvand. 2016. A Review on Iranian *Carum copticum* (L.): Composition and Biological Activities. *European Journal of Medicinal Plants*, 12(1): 1-8.
23. Gendy, A.S., M.A. Abdelkader, N.Z. El-Naggar and H.A. Elakkad. 2018. Effect of intercropping systems and NPK foliar application on productivity and competition indices of black cumin and fenugreek. *Current Sci. Int*, 7(3): 387-340.

24. Ghotbi Ravandi, E., E. Dehghan, A. Estaji and H. Naghdi Badi. 2014. Increasing the Production of Valuable Phytopharmaceutical Compounds by Chromosome Manipulation: Perspectives and Techniques of Induction and Selection of Polyploid Plants. *Journal of Medicinal Plants*, 2(50): 11-26.
25. Haghiroalsadat, F., M. Azhdari, F. Oroojalian, M. Omidi and M. Azimzadeh. 2015. The Chemical Assessment of Seed Essence of Three Native Medicinal Plants of Yazd Province (*Bunium Premium*, *Cuminum Cyminum*, *Trachyspermum Copticum*) and the Comparison of Their Antioxidant Properties. *SSU_Journals*, 22(6): 1592-1603.
26. Hasanzadeh, E., S. Rezazadeh, S. Shamsa, R. Dolatabadi and J. Zarringhalam. 2010. Review on phytochemistry and Therapeutic properties of Fenugreek (*Trigonella foenum-graceum*). *Journal of Medicinal Plants*, 2(34): 1-18.
27. Hosseini, B. and S. Javanbakht. 2017. Effects of in vitro polyploidy induction on some morphological, physiological and biochemical traits of *Salvia leriifolia* Benth. *Scientific Journal Management System*, 25(1): 24-42.
28. Hosseini, H., M. Chehrazi, D. Nabati Ahmadi and M. Mahmoodi Soresani. 2012. Polyploidy stimulation in *catharanthus roseus* cv. alba and changes in phenotypic characteristics. In First national conference on sustainable development strategies. Tehran, Ministry of Interior of Iran.
29. Hosseini, H., M. Chehrazi, D. Nabati Ahmadi and M. Mahmoodi Soresani. 2015. Induction of autotetraploidy in Madagascar periwinkle (*Catharanthus roseus* cv. Rosea) by colchicine treatment in order to induce diversity of morph-physiological and phenology traits. *journal of Plant Process and Function*, 3(9): 1-10.
30. Jani pour, L., L. Fahmideh and B. Fazeli-Nasab. 2018. Genetic assessment of some populations of the medicinal plant Caraway (*Carum carvi*) using RAPD and ISSR markers. *Journal of Iranian Plant Ecophysiological Research* 12(48): 78-91.
31. Janipour, L., L. Fahmideh and B. Fazeli-Nasab. 2018. Genetic evaluation of different population of Cumin (*Cuminum cyminum* L.) using DNA molecular markers. *Journal of Cellular and Molecular Researches* 31(1): 16-32.
32. Khalili, H. and F. Baghbani-arani. 2017. Green Synthesized of Silver Nanoparticles Using *Artemisia tschernieviana* Extract and Evaluation of Cytotoxicity Effects on Human Colon Cancer (HT29) and Normal (HEK293) Cell Lines. *Journal of Ilam University of Medical Sciences*, 25(2): 91-100.
33. Kondorosi, E., F. Roudier and E. Gendreau. 2000. Plant cell-size control: growing by ploidy? *Current Opinion in Plant Biology*, 3(6): 488-492.
34. Lacerda, L.P., G. Malaquias and A.P. Peron. 2014. Antiproliferative action of aqueous extracts of *Hymenaea stigonocarpa* Mart. (Fabaceae) on the cell cycle of *Allium cepa* L. *An Acad Bras Cienc*, 86(3): 1147-1150.
35. Lin, M., Q. Wu, S. Zheng and H. Tian. 2011. Tissue culture and polyploidy induction of *Morinda officinalis*. *China journal of Chinese Materia Medica*, 36(17): 2325-2328.
36. Malekzadeh Shafaroudi, S., A. Ghani, M. Habibi and A. Amiri. 2012. The Study of Autotetraploidy Induction in Basil (*Ocimum basilicum*) by Colchicines Treatment. *Journal Of Horticulture Science*, 25(4): 461-469.
37. Mansouri, H. and M. Bagheri. 2015. The Effect of Polyploidy Induction on Some Growth Parameters in *Cannabis sativa* L. *Journal of Plant Process and Function* 4(13): 113-120.
38. Meda, A., C.E. Lamien, M. Romito, J. Millogo and O.G. Nacoulma. 2005. Determination of the total phenolic, flavonoid and proline contents in Burkina Fasan honey, as well as their radical scavenging activity. *Food chemistry*, 91(3): 571-577.
39. Milo, J., A. Levy, D. Palevitch and G. Ladizinsky. 1987. Thebaine content and yield in induced tetraploid and triploid plants of Papaver bracteatum Lindl. *Euphytica*, 36(2): 361-367.
40. Nadernejad, N., A. Ahmadimoghadam, J. Hossyinifard and S. Poorseyedi. 2013. Study of the rootstock and cultivar effect in PAL activity, production of phenolic and flavonoid compounds on flower, leaf and fruit in Pistachio (*Pistacia vera* L.). *Iranian Journal of Plant Biology*, 5(15): 95-109.
41. Naghavi, M.R., M. Mardi, H.A. Ramshini and B. Fazeli-Nasab. 2004. Comparative analyses of the genetic diversity among bread wheat genotypes based on RAPD and SSR markers. *Iran. Journal of Biotechnol*, 2(3): 195-202.
42. Noori, S.A.S., M. Norouzi, G. Karimzadeh, K. Shirkoool and M. Niazian. 2017. Effect of colchicine-induced polyploidy on morphological characteristics and essential oil composition of ajowan (*Trachyspermum ammi* L.). *Plant cell, tissue and Organ Culture*, 130(3): 543-551.
43. Normohammadi, S., N. Ghaderi and T. Javadi. 2018. Morpho-physiological Responses of Strawberry (*Fragaria× ananassa*) to Exogenous Salicylic Acid Application under Drought Stress. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 17: 167-178.
44. Omidbaigi, R., S. Yavari, M.E. Hassani and S. Yavari. 2010. Induction of autotetraploidy in dragonhead (*Dracocephalum moldavica* L.) by colchicine treatment. *Journal of Fruit and Ornamental Plant Research*, 18(1): 23-35.
45. Omran, A. and B. Mohammad. 2008. Polyploidization effect in two diploid cotton (*Gossypium herbaceum* L. and *G. arboreum* L.) species by colchicine treatments. *African Journal of Biotechnology*, 7(2): 102-108.

46. Panahi, Y., G.H. Alishiri, S. Parvin and A. Sahebkar. 2016. Mitigation of systemic oxidative stress by curcuminoids in osteoarthritis: results of a randomized controlled trial. *Journal of Dietary Supplements*, 13(2): 209-220.
47. Piromya, R. and P. Kermanee. 2013. Occurrence of tetraploidy in colchicine-treated physic nut (*Jatropha curcas* Linn.). *Kasetsart Journal (Nat. Sci.)*, 47: 23-29.
48. Randall, D.D., C.J. Nelson and K.H. Asay. 1977. Ribulose biphosphate carboxylase: altered genetic expression in tall fescue. *Plant Physiology*, 59(1): 38-41.
49. Rauf, S., I.A. Khan and F.A. KHAN. 2006. Colchicine-Induced Tetraploidy and Changes in Allele Frequencies in Colchicine-Treated Populations of Diploids Assessed with RAPD Markers in *Gossypium arboreum* L. *Turkish Journal of Biology*, 30(2): 93-100.
50. Rubuluza, T., R. Nikolova, M. Smith and K. Hannweg. 2007. *In vitro* induction of tetraploids in *Colophospermum mopane* by colchicine. *South African Journal of Botany*, 73(2): 259-261.
51. Sarathum, S., M. Hegele, S. Tantivivat and M. Nanakorn. 2010. Effect of concentration and duration of colchicine treatment on polyploidy induction in *Dendrobium scabrilingue* L. *European Journal of Horticultural Science*, 75(3): 123-127.
52. Sari, N., K. Abak and M. Pitrat. 1999. Comparison of ploidy level screening methods in watermelon: *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. and Nakai. *Scientia Horticulturae*, 82(3-4): 265-277.
53. Sotude Ardabili, G., R. Asgari Zakaria and N. Zare. 2014. Polyploidy induction and its effects on some morpho-physiologic characteristics in sorghum (*Sorghum bicolor* cv. KFS2). *Iranian Journal of Crop Sciences*, 16(2): 151-164.
54. Švehlíková, V. and M. Repčák. 2000. Variation of apigenin quantity in diploid and tetraploid *Chamomilla recutita* (L.) Rauschert. *Plant Biology*, 2(4): 403-407.
55. Thao, N.T.P., K. Ureshino, I. Miyajima, Y. Ozaki and H. Okubo. 2003. Induction of tetraploids in ornamental *Alocasia* through colchicine and oryzalin treatments. *Plant cell, tissue and Organ Culture*, 72(1): 19-25.
56. Yan, P., Y.Y. Xu, X.W. Zhu, L. Zhe, Y.Q. Gong, X. Liang, M.Y. Gong and L.W. Liu. 2014. Molecular characterization and expression profiles of myrosinase gene (RsMyr2) in radish (*Raphanus sativus* L.). *Journal of Integrative Agriculture*, 13(9): 1877-1888.

Effect of Colchicine on Polyploidy Induction and Morphophysiological Characteristics of Ajowan (*Carum copticum* L.) Population of Sistan Geographical Area

Raheleh Akbari¹, Leila Fahmideh² and Bahman Fazeli Nasab³

1- M.Sc. Student of Biotechnology, Department of Plant Breeding and Biotechnology, University of Zabol, Zabol, Iran

2- Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran (Corresponding author: l.fahmideh@gau.ac.ir)

3- Faculty Member, Department of Agriculture and Plant Breeding, Agricultural Research Institute, Zabol University, Zabol, Iran

Received: July 27, 2020

Accepted: February 2, 2021

Abstract

Ajowan (*Carum copticum* L.) is a plant in the umbellifer family *Apiaceae*. It's essential containing thymol, parasiman, and alpha-pinene, carvacrol, which has antimicrobial and fungicidal properties. Polyploidy induction, one of the herbal remediation methods, is used to increase the production of secondary metabolites by using mutagenic chemicals. To investigate the effects of polyploidy induction on the population of Sistan Ajowan an experiment was conducted in a completely randomized design with a randomized design using the colchicine factor (0.2, 0.5, 0.75 and 1 g/l) and period Treatment (6, 12 and 18 h). To obtain the best concentration and time duration of colchicine treatment, the tetraploid plants were cultivated with control plants. Some morphological, physiological, and biochemical were studied. Analysis of variance showed that tetraploid induction was significant for plant height, stem diameter, flower number, lateral branch number, root diameter, fresh weight, chlorophyll a and b, carotenoid, peroxidase, catalase, total protein, and flavonoid. The results of this study showed that the best treatment for ploidy induction was obtained at 0.5 g L⁻¹ and duration of 6 h. The number of chromosomes in diploid plants was 2 and in tetraploid plants were 4, so it can be concluded that colchicine is capable of inducing polyploidy in mating plants. . Results showed that tetraploid (treated) plants were physiologically (chlorophyll a, anthocyanin, ascorbate peroxidase, catalase, phenol, and carotenoid) and morphological (lateral branch number, plant height, leaf number, leaf length and width, and fresh weight). And dry) were superior to control plants. This breeding method can also be used for mating plants.

Keywords: Antioxidant enzymes, Tetraploid, Photosynthetic pigments, Phenolic and flavonoid contents



"مقاله پژوهشی"

بررسی تنوع مورفولوژیکی و فنولوژیکی برخی از ارقام وارداتی سویا با استفاده از روش تجزیه به عامل‌ها

پرستو مجیدیان^۱، سید علیرضا دلیلی^۲، بهرام مسعودی^۳ و حمید صادقی گرماردی^۴

۱- استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران، (نویسنده مسوول: parastoomajidian63@gmail.com)

۲- استادیار، بخش تحقیقات گیاهپزشکی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران

۳- استادیار، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

۴- استادیار، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

تاریخ دریافت: ۹۹/۱۲/۹ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۲/۱۰

صفحه: ۴۶ تا ۵۹

چکیده

این پژوهش به منظور گروه‌بندی و ارزیابی ۱۲۴ ژنوتیپ مختلف سویا با گروه رسیدگی متفاوت از نظر صفات ریخت‌شناسی و فنولوژیکی به صورت طرح آگمنت با ۴ رقم شاهد تار، ساری، ویلیامز و سحر در ۶ بلوک در ایستگاه تحقیقات کشاورزی بایع کالا- مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران اجرا شد. هر ژنوتیپ در یک خط ۳ متری با فاصله ردیف ۶۰ سانتی‌متر و فاصله بین دو بوته ۵-۳ سانتی‌متر کاشته شد. نتایج تجزیه به مولفه‌ها نشان داد که ۴ مولفه مجموعاً ۷۰/۰۸۰ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه کردند. نتایج حاصل از بای پلات نشان داد که اکثر صفات مربوط به عملکرد، اجزای عملکرد و صفات فنولوژیکی به جز درصد پروتئین در دو ناحیه قرار گرفتند که از این طریق می‌توان به منظور اصلاح ژنوتیپ‌ها از طریق صفات مد نظر اقدام کرد. به علاوه بر اساس نتایج تجزیه کلاستر حاصل از صفات مرتبط با مولفه‌های اول و دوم، ژنوتیپ‌های سویا مورد مطالعه در ۲ گروه دسته‌بندی شدند که گروه اول و دوم شامل ژنوتیپ‌هایی با گروه رسیدگی زودرس، میزان روغن بالا و اجزای عملکرد و میزان پروتئین پایین و گروه ۳ با تیپ رسیدگی دیررس، میزان روغن پایین و اجزای عملکرد و میزان پروتئین بالا بود. به طور کلی بر اساس تنوع صفات موجود در کلکسیون مورد مطالعه و با توجه به هدف تحقیق، می‌توان از ارقام سویا مورد مطالعه در برنامه‌های اصلاحی استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: روش وارد، صفات زراعی، گروه‌بندی

مقدمه

سویا با نام علمی (*Glycine max L.*) گیاهی روز کوتاه، خودگشن و از خانواده بقولات می‌باشد. این گیاه غنی از روغن (۱۸٪) و پروتئین گیاهی (۴۴٪) محسوب می‌شود (۱۸). در میان سایر محصولات زراعی اصلی، بیشترین افزایش سالانه سطح تولید جهانی را در طی ۴۰ سال گذشته داشته است. مهم‌ترین مناطق کشت سویا در ایران شامل استان‌های گلستان، مازندران و اردبیل می‌باشند که در میان استان‌های مذکور استان مازندران با سطح زیر کشت ۳۹۹۰ هکتار رتبه سوم را بعد از استان گلستان در سال ۹۷ به خود اختصاص داده است (آمارنامه جهاد کشاورزی مازندران، ۹۷).

در برنامه‌های اصلاح نباتات، وارد کردن ارقام تجارتي مناسب از خارج یکی از سریع‌ترین روش‌های اصلاح گیاهان خودگشن محسوب می‌شود که این ارقام در طی مراحل ارزیابی در صورت سازگار بودن با محیط و مناطق کشت و برتری آن‌ها از نظر میزان عملکرد نسبت به ارقام شاهد می‌توانند بعد از تکثیر مورد کشت قرار گیرند (۱۷). در این راستا، صفات زراعی متعددی مورد بررسی قرار می‌گیرد که شناخت روابط بین این صفات و برهم‌کنش بین آن‌ها برای اصلاح‌گران اهمیت بسیاری دارد. از آنجایی که عملکرد دانه سویا از نظر اقتصادی بسیار حائز اهمیت می‌باشد، استفاده از روش‌های تجزیه و تحلیلی که بدون از بین بردن مقدار زیادی از اطلاعات مفید، تعداد صفات موثر در عملکرد را کاهش

دهند، برای پژوهشگران با ارزش هستند (۶). در این خصوص استفاده از همبستگی میان صفات متداول است، ولی همبستگی‌ها رابطه علت و معلولی بین صفات را بیان نمی‌کنند، زیرا در حقیقت این ارتباطات را تعدادی عامل ناشناخته پدید می‌آورند (۲۱). زمانی که در نظر است متغیر پاسخ با توجه به گروهی از متغیرهای دیگر پیشگویی شود، از رگرسیون چندگانه استفاده می‌گردد. در این راستا، عملکرد دانه به‌عنوان متغیر پاسخ و دیگر صفات زراعی به‌عنوان پیشگویی‌کننده در نظر گرفته می‌شوند (۱۳). کارایی رگرسیون چندگانه به‌علت مواجه شدن با مسئله هم‌راستایی بین صفات و محدودیت در بیان روابط علت و معلولی بین تعداد زیادی از صفات مورد تردید است. برای فائق آمدن بر مشکلات رگرسیون و همبستگی چندگانه از تجزیه عامل‌ها استفاده می‌گردد. تجزیه عامل‌ها روش چند متغیره قدرتمندی است که برای برآورد اجزای عملکرد، استخراج زیر مجموعه‌ای از متغیرهای همسان، شناخت مفاهیم اساسی داده‌های چند متغیره، شناخت ارتباطات زیستی و کاربردی موجود بین صفات، کاهش تعداد زیادی از صفات همبسته به تعداد کمی از عامل‌ها و تشریح همبستگی‌های بین متغیرها به کار برده می‌شود. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی حالت خاصی از تجزیه به عامل‌ها است که در این حالت، تجزیه بدون چرخش فاکتورها انجام می‌گیرد. هدف از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی یافتن ترکیباتی از p متغیر جهت ایجاد شاخص‌های مستقل

در مطالعه دیگر، تنوع ژنتیکی و روابط صفات زراعی در ژنوتیپ‌های سویا تحت شرایط آبیاری نرمال و تنش کم آبی ارزیابی شد (۲۳). بر اساس نتایج نمودار بای‌پلات، ژنوتیپ‌های D42×Will82، Chaleston×Mustang/12، L6-P79، DI-74 و D42.I9 از نظر عامل‌های مربوط به عملکرد تحت شرایط آبیاری نرمال و تنش کم آبی مقادیر بالایی نشان دادند که می‌توان از آن‌ها به‌عنوان ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا تحت شرایط آبیاری نرمال و تنش کم آبی یاد کرد. تجزیه به مؤلفه‌ها به‌عنوان یک روش آماری چند متغیره می‌تواند برای گروه‌بندی و رتبه‌بندی تعداد کثیری از صفات، ارتباط دادن آن‌ها به تعداد کمی از مؤلفه‌ها، تعیین ارتباطات بین اجزای عملکرد و ساختارهای مورفولوژیک معین، شناخت مفاهیم غیرقابل اندازه‌گیری یا صفات پنهانی موثر بر عملکرد، شاخص‌های موثر و مفید را در اهداف به‌نژادی شناسایی نماید (۲۳). در تحقیقی، سازگاری و پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های سویا از طریق تجزیه AMMI و GGE بای‌پلات بررسی شد. بر اساس معیار بای‌پلات ژنوتیپ‌های G18 (Williams×Steel/L4) و G20 (شاهد Williams) به‌ترتیب با عملکرد ۲۸۶۵ و ۲۹۲۷ کیلوگرم در هکتار به‌عنوان مطلوب‌ترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند (۳). در مطالعه دیگر، روابط بین عملکرد و اجزای آن در ژنوتیپ‌های مختلف سویا (*Glycine max L.*) با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره بررسی شد. در نتایج تجزیه به عامل‌ها نیز چهار عامل مستقل از هم، مجموعاً ۹۹/۹۲ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه نمودند. عامل اول با ۹۶/۷۱ درصد از واریانس کل را توجیه نمود که به‌عنوان عامل عملکرد نام‌گذاری شد (۱۰).

هدف از این تحقیق بررسی روابط فنولوژیکی و مورفولوژیکی موثر در ساختار ارقام وارداتی سویا از نظر عملکرد و دیگر صفات با استفاده تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به‌منظور استفاده از آن‌ها در برنامه‌های به‌نژادی آتی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

این آزمایش در سال ۱۳۹۹-۱۳۹۸ در ایستگاه تحقیقات کشاورزی بایع کالا واقع در مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی مازندران انجام گرفت. آزمایش به‌صورت طرح آگمنت با ۱۲۴ ژنوتیپ سویا متعلق به بانک ژن گیاهی کشور استرالیا و آلمان در قالب طرح آگمنت با چهار رقم شاهد (ساری، سحر، ویلیامز و تلار) در ۶ بلوک اجرا شد. بذور پس از آغشته شدن با باکتری تثبیت‌کننده ازت کاشته شدند. این ژنوتیپ‌ها شامل ارقام وارداتی و ارقام حاصل از برنامه‌های اصلاحی داخل کشور بودند. هر ژنوتیپ روی یک خط ۳ متری با فاصله ردیف ۶۰ سانتی‌متر و فاصله بین دو بوته ۵-۳ سانتی‌متر کاشته شد. در طی دوره رشد، اقدام به سه بار وجین دستی شد. عملیات کوددهی، مبارزه با آفات و بیماری‌ها بر اساس عرف منطقه انجام شد. اندازه‌گیری صفات با استفاده از ۵ بوته تصادفی از وسط هر کرت انجام پذیرفت. صفاتی که در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفتند عبارت بودند از تعداد روز تا گلدهی، روز تا غلاف‌دهی، روز تا شروع پر شدن دانه، روز تا پر شدن دانه، روز تا شروع رسیدگی، روز

(غیرهمبسته) می‌باشد. عدم همبستگی بین این شاخص‌ها یک ویژگی مفید است، زیرا عدم همبستگی به این معنی است که شاخص‌ها جنبه‌های متفاوتی از داده‌ها را اندازه‌گیری می‌نمایند (۲۸).

قبل از انجام تحلیل مؤلفه‌های اصلی الزام است دو موضوع بررسی گردند: (۱) کفایت نمونه‌برداری: برای اطمینان از مناسب بودن داده‌ها برای تحلیل مؤلفه‌های اصلی، از ضریب KMO استفاده می‌گردد (۱۴)، (۲) رابطه قوی بین متغیرها که توسط آزمون مربع کای بارتلت (همان آزمون کرویت بارتلت) بررسی می‌شود (۴). از اساسی‌ترین اقدامات در تحلیل مؤلفه‌های اصلی، انتخاب مؤلفه‌ها است. مؤلفه‌هایی که دارای ارزش ویژه یا بزرگتر از آن باشند، به‌عنوان مؤلفه اصلی انتخاب می‌شوند. همچنین از معیار انتخاب (SC) به‌منظور انتخاب و تفسیر ویژگی‌های مهم و کنترل‌کننده بیشترین تغییرات در هر مؤلفه استفاده می‌گردد

فاضلی و همکاران (۹) با بررسی ارتباط صفات مورفولوژیک با عملکرد دانه و تنوع آنها در لاین‌های موتانت نسل چهارم سویا با استفاده از روش تجزیه به عامل‌ها نشان دادند که چهار عامل مستقل از هم، مجموعاً ۸۸/۱۴ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه نمودند که عامل اول ۳۸/۸۹ درصد از واریانس کل را توجیه نمود و به‌عنوان عامل عملکرد نام‌گذاری شد. در مطالعه دیگر، مجیدیان و همکاران (۱۵) ارقام و لاین‌های خالص وارداتی سویا از نظر برخی خصوصیات زراعی و مقاومت به بیماری فیتوفترایی به‌صورت مقدماتی مورد ارزیابی قرار گرفتند که نتایج بیانگر وجود چهار عامل مستقل از هم مجموعاً ۸۸/۱۴ درصد از تغییرات کل داده‌ها که عامل اول ۳۸/۸۹ درصد از واریانس کل را توجیه نمود و به‌عنوان عامل عملکرد نام‌گذاری شد. در تحقیق دیگر، روابط بین عملکرد و اجزاء آن در لاین‌های امید بخش سویا ارزیابی شد (۱۲). نتایج تجزیه علیت مشخص کرد که عملکرد دانه در بوته، شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیکی دارای بیشترین اثرات مستقیم مثبت و صفات تعداد دانه در بوته و وزن صد دانه دارای اثرات غیر مستقیم مثبت بالایی بر عملکرد سویا بودند. در مطالعه‌ای، مسعودی و همکاران (۲۰) تجزیه به عامل‌های صفات مورفولوژیک و فنولوژیک در سویا را مورد ارزیابی قرار دادند (۲۰). نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد ۸۴ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کنند. این عامل‌ها با توجه به صفاتی که شامل شدند، تحت عنوان خصوصیات فنولوژیکی، عملکرد و اجزای آن، عامل ارتفاع، خصوصیات مغز بذر یا کیفیت، و عامل قدرت باروری نام‌گذاری شدند. تجزیه به عامل‌ها تعداد زیادی از متغیرهای همبسته را به تعداد کمتری عامل کاهش داد. تجزیه خوشه‌ای جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها کلیه ژنوتیپ‌ها را به سه گروه طبقه‌بندی کرد. به‌طورکلی نتیجه‌گیری شد که ارقام گروه یک شامل ارقام زودرس و با ارتفاع و عملکرد و اجزای عملکرد پایین، ارقام گروه دوم شامل ارقام متوسط رس و ارقام گروه سوم شامل ارقام دیر رس و با ارتفاع و عملکرد و اجزای عملکرد بالا می‌باشند (۲۰).

استفاده شد. در هر عامل اصلی و مستقل ضرایب عاملی ۰/۳ به بالا معنی‌دار در نظر گرفته شدند. بزرگ‌ترین ضریب عاملی در هر عامل یا مجموعه‌ای از صفات معنی‌دار که در یک عامل از نظر مورفولوژیکی و یا فنولوژیکی متمایز و مهم بودند، برای نامگذاری عامل‌ها مورد استفاده قرار گرفت. برای تهیه ماتریس ضرایب عاملی، آن تعداد از عامل‌ها که ریشه مشخصه بزرگ‌تر از یک بود انتخاب شدند. نمودار بای‌پلات و تجزیه کلاستر با استفاده نرم‌افزار Stat Graphics بر اساس روش وارد (Ward's) و فاصله متریک مربع اقلیدسی (Squared Euclidean) ترسیم شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس شاهدها نشان داد که اختلاف معنی‌داری بین صفات مرتبط با عملکرد و اجزای آن در بین بلوک‌ها وجود ندارد و لذا هیچگونه تصحیحی روی صفات برای اثر بلوک ضروری به نظر نمی‌رسد (جدول ۱).

تا رسیدگی، زیست‌توده، ارتفاع بوته، تعداد گره ریشه، تعداد شاخه فرعی، تعداد غلاف در شاخه فرعی، تعداد کل غلاف، تعداد غلاف بدون بذر، تعداد بذر در غلاف، وزن بذرهای هر بوته، وزن صددانه، درصد روغن و پروتئین بودند. اندازه‌گیری میزان روغن و پروتئین با استفاده از دستگاه مدل Lumex Infralum FT-12 NIR ساخت شرکت سازنده Spectron انجام شد.

به‌منظور تعیین وضعیت یکنواختی زمین آزمایشی، تجزیه واریانس یک‌طرفه شاهدها برای کلیه صفات عملکرد و اجزای آن در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با استفاده از نرم‌افزار SPSS نسخه ۱۶ انجام شد. جهت بررسی کفایت نمونه و کافی بودن حجم نمونه‌ها در تجزیه و تحلیل آماری عاملی از آزمون KMO و بارتلت با استفاده از نرم‌افزار SPSS نسخه ۱۶ استفاده شد که شاخص بالای ۰/۷ مورد تایید بود. برای انجام تجزیه عامل‌ها از نرم‌افزار Stat Graphics نسخه ۱۸-۶۴ و با استفاده از تکنیک تجزیه به مولفه‌های اصلی

جدول ۱- تجزیه واریانس شاهدها برای تمامی صفات مورد مطالعه

Table 1. The analysis of variance of control samples for all studied traits

Pr>F	میانگین مربعات	درجه آزادی	منابع تغییر
۰/۰۰۵۹۸	۴۹۵/۳۰۸۷	۵	تکرار
۰/۰۰۱۷	۱۴۹۹/۶۰۴**	۳	تیمار
	۱۸۱/۰۶۸۵	۱۵	خطا
۴۰/۴۴۲۸۲			ضریب تغییرات (%)

** معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد

۷/۹۵۰ درصد از تغییرات داده‌ها بزرگ‌ترین ضرایب را در صفات تعداد غلاف‌های پوچ، وزن بذر هر بوته و تعداد روز تا گلدهی نشان داد (جدول ۲).

در پژوهشی، تنوع صفات زراعی در تیپ‌های رشدی متفاوت سویا با استفاده از تجزیه به مولفه‌های اصلی بررسی شد. نتایج تجزیه به مولفه‌ها نشان داد که در ژنوتیپ‌های با تیپ رشدی محدود، نیمه‌محدود و نامحدود به ترتیب ۴، ۵ و ۶ مؤلفه مجموعاً به ترتیب ۸۹/۷۵، ۸۲/۷۵ و ۸۲/۹۵ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه کردند. از لحاظ عملکرد در بین ژنوتیپ‌های رشد محدود، نیمه‌محدود و نامحدود به ترتیب ژنوتیپ‌های Alianka، Dorekswie A2 و B-121 دارای بالاترین عملکرد دانه در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی در بای‌پلات حاصل از مؤلفه اول و دوم بودند (۱۳). در پژوهش دیگر، نتایج تجزیه همبستگی ۵۶ ژنوتیپ سویا نشان دادند که عملکرد دانه دارای همبستگی‌های مثبت و معنی‌دار با تعداد روز تا گلدهی و رسیدگی، ارتفاع گیاه، تعداد غلاف در گیاه می‌باشد. تجزیه به مولفه‌های اصلی نشان داد که صفات تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع گیاه، تعداد غلاف در گیاه بیشترین تنوع بین ژنوتیپ‌ها را توجیه می‌کنند. در اولین مولفه اصلی صفات تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع گیاه و تعداد غلاف در گیاه دارای بیشترین ضرایب بودند (۵).

تجزیه به مولفه‌های اصلی سهم مهم‌ترین صفات را در تنوع ژنتیکی کل توصیف می‌کند. تجزیه به مولفه‌های اصلی کاربردهای مختلفی دارد، برای مثال، مطالعه تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها که منجر به شناسایی و انتخاب امیدبخش‌ترین

در این مطالعه، قبل از اقدام به تحلیل آماری عاملی، کافی بودن حجم نمونه‌ها با استفاده از آزمون KMO و بارتلت ارزیابی شد و نتایج بیانگر بالاتر بودن شاخص KMO برابر با ۰/۷۹۶ بود. به علاوه، مقدار آماره بارتلت (۱/۹۷۳E۳) در سطح احتمال یک‌درصد معنی‌دار بود. این نتایج نشان داد که تحلیل مولفه‌های اصلی می‌تواند برای کاهش تعداد داده و متغیرهای مورد مطالعه سودمند باشد. نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد که در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه تعداد ۴ مؤلفه که دارای ریشه مشخصه بزرگ‌تر از یک بودند مجموعاً ۷۰/۰۸۰ درصد از کل واریانس متغیرها را توجیه کردند (جدول ۲). عامل اول ۳۲/۸۳۵ درصد از تغییرات متغیرها نشان داد و بزرگ‌ترین ضرایب عاملی آن متعلق به تعداد روز تا غلاف‌دهی، تعداد روز تا شروع پر شدن دانه، تعداد روز تا پر شدن دانه، تعداد روز تا شروع رسیدگی، تعداد روز تا رسیدگی و میزان روغن بود. در این جداول میزان واریانس هر عامل که نشان‌دهنده اهمیت آن عامل در نشان‌دادن بخشی از واریانس کل صفات مورد بررسی به صورت درصد بیان شده‌است. با توجه به ضرایب بزرگی که این عامل برای صفات فوق‌الذکر نشان داد، نام این مولفه عامل فنولوژیکی بوته نامگذاری شد. عامل دوم ۱۶/۷۹۲ درصد از تغییرات داده‌ها را نشان داد که بزرگ‌ترین ضرایب آن شامل صفات تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی، تعداد کل غلاف‌ها و تعداد بذر در غلاف بود. در عامل سوم، ۱۲/۵۰۲ درصد از تغییرات داده‌ها مشاهده شد که بزرگ‌ترین ضرایب آن در تعداد غلاف‌های پوچ، وزن بذر هر بوته و تعداد روز تا گلدهی مشاهده شد. عامل چهارم با

ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین باعث بیشترین تنوع در بین ژنوتیپ‌ها بوده است (۲). تجزیه همبستگی صفات مورد بررسی در تحقیق ایشان نشان داد که عملکرد دانه بیشترین همبستگی مثبت را با صفت تعداد غلاف در گیاه داشته است و بیشترین همبستگی منفی را با ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین داشت. تجزیه علیت نیز نشان داد که ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین بیشترین اثر مستقیم منفی را روی عملکرد دارد (۲).

ژنوتیپ‌ها برای کشت و توسعه می‌گردد. به‌علاوه، از این طریق می‌توان اهمیت نسبی ویژگی‌های تنوع کل در دسترس در میان ژنوتیپ‌ها را ارزیابی کرد. همچنین، تجزیه به مولفه‌های اصلی در مطالعات سازگاری و پایداری می‌تواند مدنظر قرار گیرد، از این جهت که ژنوتیپ‌هایی با پتانسیل کاشت تحت شرایط رشدی اختصاصی می‌توانند شناسایی شوند (۷). اندوور و همکاران (۲۰۱۳) با بررسی ۱۷ ژنوتیپ سویا، بوسیله تجزیه به مولفه‌های اصلی نتیجه‌گیری کردند که صفات تعداد غلاف در گیاه، عملکرد دانه، ارتفاع گیاه و

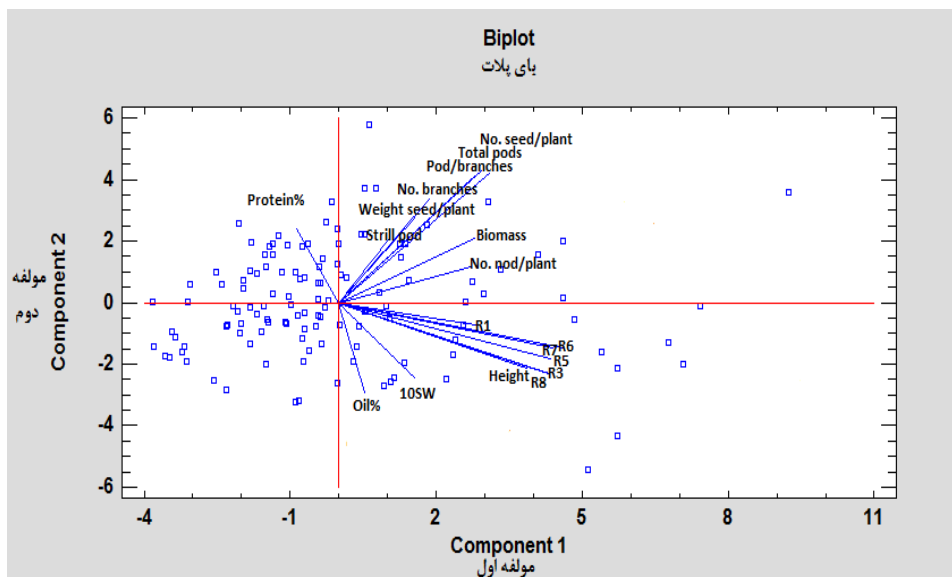
جدول ۲- نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های سویا

Table 2. The principle component analysis for all studied traits in soybean genotypes

صفات	مولفه اول	مولفه دوم	مولفه سوم	مولفه چهارم
تعداد روز تا گلدهی	-۰/۳۳۲۹۹۷	-۰/۱۳۱۴۷	-۰/۰۲۶۶۲۳۵۳	-۰/۱۰۷۱۴۷
تعداد روز تا غلاف‌دهی	۰/۳۵۷۱۳۶	-۰/۱۹۳۶۵۶	-۰/۰۰۴۶۱۸۶۵	-۰/۰۳۶۶۵۶۴
تعداد روز تا شروع پر شدن دانه	۰/۳۴۸۱۳۸	-۰/۲۳۱۵۲۹	۰/۰۰۷۳۶۰۵۴	۰/۰۶۲۶۶۸۹
تعداد روز تا پر شدن دانه	۰/۳۵۲۹۴۸	-۰/۲۰۶۶۱۸	۰/۰۰۸۹۲۸۴۹	۰/۱۲۸۹۶۶
تعداد روز تا شروع رسیدگی	۰/۳۳۶۲۵۵	-۰/۲۲۵۱۴۹	-۰/۰۰۰۱۲۶۶۲۳	۰/۱۷۶۹۸۸
تعداد روز تا رسیدگی	۰/۳۱۱۵۴۹	-۰/۱۷۸۳۳۹	-۰/۰۱۰۹۷۸۵	۰/۲۲۲۵۰۹
ارتفاع	۰/۱۸۹۹۸۷	-۰/۳۳۸۸۰۲	۰/۳۳۳۱۰۴	-۰/۲۷۵۵۴۹
تعداد گره بوته	۰/۱۸۱۷۶۹	-۰/۱۱۴۰۵۶	-۰/۲۱۴۹۱۵	-۰/۴۲۱۴۰۷
تعداد شاخه‌های فرعی	۰/۱۴۸۴۷۷	۰/۳۰۸۰۸۵	۰/۰۵۷۸۹۳۹	۰/۰۶۹۱۴۶۷
تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی	۰/۲۲۷۵۷۵	۰/۴۱۴۰۰۳	۰/۰۶۳۴۱۸۹	۰/۰۶۵۸۸۰۳
تعداد کل غلاف‌ها	۰/۲۴۱۰۴۸	۰/۴۱۳۴۱۸	۰/۱۳۱۸۱۳	-۰/۰۲۷۳۴۷۳
تعداد غلاف‌های بدون بذر	-۰/۷۱۱۱۸۳	-۰/۲۲۲۸۷۱	۰/۲۷۸۱۷۴	۰/۱۰۷۰۵۲
تعداد بذر در بوته	۰/۲۱۰۶۰۵	-۰/۴۲۴۷۷۱	-۰/۱۷۰۳۵۴	-۰/۰۰۴۸۴۶۷۷
وزن بذر هر بوته	۰/۱۱۵۸۱۲	-۰/۱۲۲۰۴۶	-۰/۵۵۰۶۱	-۰/۱۳۹۰۸۶
زیست‌توده	۰/۱۶۳۳۷۶	-۰/۱۱۵۲۱۱	-۰/۴۸۸۱۶	-۰/۳۶۸۰۲۲
درصد روغن	-۰/۰۰۴۱۵۵۵۶	-۰/۱۷۴۱۶۱	۰/۲۸۱۱۳۶	-۰/۳۳۰۱۷۲
درصد پروتئین	-۰/۰۹۰۹۶۸۶	-۰/۰۵۲۴۸۸۴	۰/۰۶۶۹۰۵۹	-۰/۵۰۵۸۳۴
وزن ۱۰۰ دانه	۰/۰۷۹۳۲۸۳	-۰/۱۵۶۷۱۸	۰/۲۹۲۸۶۹	-۰/۳۹۳۱۹۴
مقدار ویژه	۵/۹۱۰۲۹	۳/۰۲۲۶۱	۲/۲۵۰۴	۱/۴۳۱۰۸
درصد واریانس	۳۲/۸۳۵	۱۶/۷۹۲	۱۲/۵۰۲	۷/۹۵۰
درصد تجمعی واریانس	۳۲/۸۳۵	۴۹/۶۲۷	۶۲/۱۲۹	۷۰/۰۸۰

ارزیابی شد و نتایج نمودار بای‌پلات اولین و دومین مولفه نشان داد که ژنوتیپ‌های Spry × Savoy3، D42 × Will82 و Chaleston × Mustang/12 و Liana × L32/2 به‌عنوان ژنوتیپ‌های متحمل در برابر تنش آبی با عملکرد بالا و ژنوتیپ‌های GN2011، GN2087، GN2167، GN2171 و به‌عنوان ژنوتیپ‌های حساس به تنش آبی معرفی شدند (۲۷). در مطالعه دیگر، صفات گیاهشناسی و زراعی برخی از ژنوتیپ‌های سویا با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره بررسی شد. نتایج نمودار بای‌پلات صفات فنولوژیکی (PC1) و اجزای عملکرد (PC2) نشان داد که الگوی توزیع ژنوتیپ‌ها با نتایج کلاستر بندی همسو بود و ژنوتیپ‌های GN1130، GN1028، GN2129 و GN2122 می‌توانند به‌علت عملکرد بالا و تعداد بالای بذر در گیاه و تیپ رشدی نامحدود به‌عنوان ژنوتیپ‌های پر پتانسیل جهت اجرای برنامه‌های اصلاحی بعدی مورد مطالعه قرار گیرند (۸).

به‌منظور نمایش جهت و اهمیت هر متغیر از بای‌پلات استفاده شد که نتیجه آن به‌همراه بعضی از ژنوتیپ‌ها در شکل ۱ آورده شده است. بیشتر صفات مربوط به عملکرد و اجزای آن و صفات مربوط به دوره رویشی در دو ناحیه قرار گرفته‌اند، و تنها صفتی که به‌صورت جداگانه قرار گرفته است درصد پروتئین می‌باشد (شکل ۱). با استفاده از این شکل می‌توان ژنوتیپ مطلوب از نظر دو عامل اول و دوم را شناسایی نمود. با توجه به نتایج می‌توان نتیجه‌گیری کرد که در اصلاح برای هر مؤلفه باید به صفات مرتبط با آن مؤلفه توجه شود به این دلیل که ژن یا ژن‌هایی که صفت تعداد دانه در بوته را کنترل می‌کنند، وزن بوته، وزن دانه در بوته و صفات دیگر معنی‌دار در این مؤلفه را نیز به احتمال خیلی‌زیاد کنترل می‌کنند و مؤلفه یا ژنی که این صفات را کنترل می‌کند، مؤلفه یا ژن مشترک می‌باشد و بدین ترتیب از نتایج این قسمت می‌توان در اصلاح نباتات به‌ویژه در انتخاب غیرمستقیم استفاده نمود. در مطالعه‌ای، تحمل به تنش آبی ژنوتیپ‌های مختلف سویا



شکل ۱- بای‌پلات عامل اول و دوم حاصل از تجزیه به مولفه‌ها برای ژنوتیپ‌های سویا

Figure 1. Biplot of first and second component obtained from principle component analysis for soybean genotypes

فرعی، تعداد کل غلاف‌ها و تعداد بذر در بوته در خوشه اول به‌ترتیب برابر با ۳۰/۱۹، ۲۶/۱۲، ۶۳/۴۷، ۸۰/۸۲، ۹۶/۰۱، ۱۲۱/۰۰، ۷۸/۳۱، ۳/۶۵، ۴۴/۳۹، ۸۰/۱۷ و ۲۲۵/۴۳ و در خوشه دوم ۵۱/۲۶، ۴۶/۹۷، ۵۹/۸۷، ۷۵/۱۸، ۹۱/۴۴، ۱۱۶/۴۱، ۶۵/۱۲، ۲/۵۸، ۱۶/۳۲، ۳۸/۱۴ و ۱۰۹/۶۲ بود (جدول ۳). ژنوتیپ‌های خوشه اول از نظر میانگین صفات تعداد روز تا شروع پر شدن دانه، تعداد روز تا پر شدن دانه، تعداد روز تا شروع رسیدگی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع، تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی، تعداد کل غلاف‌ها و تعداد بذر در بوته نسبت به خوشه دیگر بیشترین مقدار را به‌خود اختصاص دادند. بنابراین می‌توان انتظار داشت که ژنوتیپ‌های گروه اول سبب افزایش عملکرد دانه گردد. بر اساس نتایج حاصل از دندروگرام، ارقام گروه یک شامل ارقام زودرس با میزان پروتئین، تعداد بذر در بوته، تعداد غلاف در بوته پایین و میزان روغن بالا بودند. ارقام گروه دو که شامل ارقام دیررس از جمله ارقام شاهد تالار، ساری، سحر و ویلیامز بودند، بیشترین میزان پروتئین، تعداد بذر در بوته، تعداد کل غلاف و میزان روغن پایین‌تر را نشان دادند (شکل ۲). بیشترین میزان پروتئین و کمترین میزان روغن به‌ترتیب برابر با ۳۹/۹۴ درصد و ۲۰/۰۵ درصد در ژنوتیپ Forrest نسبت به شاهد متعلق به گروه دوم مشاهده شد. بیشترین میزان روغن (۲۲/۹۰ درصد) و کمترین میزان پروتئین (۲۸/۶۵ درصد) به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های Crawford و Mandurska2 نسبت به شاهد متعلق به گروه ۱ مشاهده شد. تجزیه خوشه‌ای یا کلاستر بندی افراد را به گروه‌های مختلف تقسیم می‌کند تا شباهتشان در درون یک گروه و تفاوتشان در میان گروه‌ها را نشان دهد. روش سلسله‌مراتبی نمونه‌ها را از طریق ارتباطشان با تولید یک دندروگرام که نمونه‌های مشابه در گروه مشابهی قرار می‌گیرند به‌هم متصل می‌کند. از این‌رو، از تجزیه کلاستر می‌توان به‌طور کارآمد

جدول ۳ میانگین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را نشان می‌دهد. بیشترین تعداد شاخه‌های فرعی و تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی به‌ترتیب در رقم تالار با میانگین ۶/۲۸ و ۷۷ عدد و کمترین تعداد در رقم Hack (REP2) برابر با صفر مشاهده شد. بیشترین تعداد غلاف در کل گیاه برابر با ۱۲۰ عدد در رقم تالار و کمترین تعداد برابر با ۷ عدد در رقم Noir des frères dippe مشاهده شد. بیشترین تعداد بذر در گیاه در رقم Nikogri برابر با ۳۱۲ عدد و کمترین تعداد بذر در گیاه در رقم Noir des frères dippe حاصل شد. بالاترین تعداد روز تا شروع پر شدن دانه در رقم Osage و پایین‌ترین آن در رقم Heimkraft I (Samenfarbe) دیده شد. بالاترین و پایین‌ترین تعداد روز تا پر شدن دانه به ترتیب متعلق به ارقام Smith super (۹۵ روز) و Cayuga، Heimkraft I، Juhomoravska drobnozrna، Vilnensis، (samenfarbe) Zlta و Ruska Zlta (۴۱ روز) بود. بیشترین تعداد روز تا شروع رسیدگی متعلق به رقم Forrest و کمترین تعداد روز تا شروع رسیدگی در رقم Locala11 بود. بالاترین تعداد روز تا رسیدگی در رقم Osage (۱۳۵ روز) و کمترین آن در رقم Heimkraft I (Samenfarbe) (۶۱ روز) مشاهده شد (جدول ۳).

تجزیه خوشه‌ای جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از روش وارد بر صفات معنی‌دار در دو عامل اول و دوم انجام گرفت و نهایتاً ۲ گروه بر اساس دندروگرام حاصله انتخاب شدند (جدول ۴). گروه اول با داشتن ۸۳ ژنوتیپ بیشترین ژنوتیپ‌ها را در خود جای داد و گروه دو شامل ۴۱ ژنوتیپ بود. مقایسه میانگین برای صفات موردنظر نیز در هر گروه انجام شد (جدول ۴). میانگین صفات تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا غلاف‌دهی، تعداد روز تا شروع پر شدن دانه، تعداد روز تا پر شدن دانه، تعداد روز تا شروع رسیدگی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع، تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد غلاف در شاخه‌های

دسته‌بندی شدند. به‌علاوه، صفت تعداد روز تا گلدهی کارآمدترین صفت جهت توصیف تفاوت‌ها در میان ژنوتیپ‌های سویا بود و یکی از صفات اصلی جهت شاخص انتخاب ارقام و ژنوتیپ‌های سویا در برنامه‌های اصلاحی در نظر گرفته شد (۲۲). در پژوهشی، تنوع ژنتیکی ۵۰ رقم سویا بر اساس ۱۲ ویژگی زراعی مختلف ارزیابی شد. نتایج گروه‌بندی نشان‌داد که ارتباطی از نظر تنوع جغرافیایی و ژنتیکی در ارقام سویا مورد مطالعه وجود نداشت. گروه‌های ۹ و ۱۰ گروه‌های دور از هم و گروه‌های ۳ و ۸ نزدیک‌ترین گروه‌ها به یکدیگر بودند (۲۶).

یکی از شاخص‌های ارزیابی میزان و درجه ارتباط بین صفات، تعیین ضرایب همبستگی می‌باشد. نتایج همبستگی ساده فنوتیپی بین صفات مورد مطالعه در (جدول ۵) نشان می‌دهد که بیشترین ضرایب متعلق به همبستگی مثبت و معنی‌دار بین تعداد کل غلاف‌ها و تعداد بذر در بوته (** $0/940$)، تعداد روز تا شروع پر شدن دانه و تعداد روز تا پر شدن دانه (** $0/918$)، تعداد روز تا غلاف‌دهی و تعداد روز تا شروع پر شدن دانه (** $0/903$)، تعداد روز تا پر شدن دانه و تعداد روز تا شروع رسیدگی (** $0/892$)، تعداد روز تا شروع رسیدگی و تعداد روز تا رسیدگی (** $0/875$)، تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی و تعداد کل غلاف‌ها (** $0/870$)، تعداد روز تا غلاف‌دهی و تعداد روز تا پر شدن دانه (** $0/857$)، تعداد روز تا گلدهی و تعداد روز تا غلاف‌دهی (** $0/840$)، تعداد روز تا شروع پر شدن دانه و تعداد روز تا شروع رسیدگی (** $0/832$)، و تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی و تعداد بذر در بوته (** $0/824$) بود (جدول ۵). به‌علاوه، سایر صفات به جز تعداد شاخه‌های فرعی همبستگی مثبت و معنی‌دار را با سایر صفات نشان دادند که این امر می‌تواند بیانگر صحت کلاستر بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه سویا بر مبنای صفات مورد مطالعه باشد. به‌طور کلی بر اساس نتایج به‌دست آمده از این تحقیق می‌توان نتیجه گرفت که از صفات مورفولوژیکی و فنولوژیکی مختلف جهت اصلاح ارقام مختلف سویا با هدف تولید ارقام زودرس، افزایش عملکرد روغن، پروتئین و دانه استفاده کرد.

جهت انتخاب ژنوتیپ استفاده کرد و مکمل روش PCA می‌باشد. تحقیقات گذشته نشان داده‌اند که روش‌های تجزیه کلاستر و تجزیه به مولفه‌های اصلی به‌منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی عملکرد بذر در سویا بسیار موثر و کارآمد می‌باشند (۱۱،۱۵،۱۶،۲۴). در پژوهشی مشابه، تنوع ژنتیکی ۴۸ ژنوتیپ سویا با استفاده از نشانگرهای ISSR و صفات مورفولوژیکی مطالعه شد. نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها را در چهار گروه دسته‌بندی کرد و بر اساس صفات مورفولوژیک در سه گروه مجزا قرار گرفتند (۱۸). در مطالعه دیگر، ارزیابی مقدماتی ارقام و لاین‌های خالص وارداتی سویا از نظر برخی خصوصیات زراعی و مقاومت به بیماری فیتوفترایی انجام شد. ژنوتیپ‌های مورد نظر به چهار گروه بر اساس تجزیه کلاستر برای کلیه صفات زراعی تقسیم شدند. به‌علاوه ارزیابی واکنش ارقام و لاین‌های خالص وارداتی سویا به بیماری پوسیدگی فیتوفترایی نشان داد که از بین ۵۴ ژنوتیپ تعداد ۲۲ ژنوتیپ دارای واکنش نیمه‌مقاوم و مقاوم بودند. به‌علاوه، نتایج کلاستر بندی ارقام بر اساس مقاومت به بیماری، آن‌ها را در دو گروه اصلی و چهار زیرگروه قرار داد (۱۷). در آزمایش دیگر، روابط بین صفات زراعی و فیزیولوژیکی سویا و گروه‌بندی ژنوتیپ‌های سویا تحت تأثیر کاربرد گوگرد ارزیابی شد. تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد بررسی را در دو خوشه مجزا گروه‌بندی کرد. ژنوتیپ‌های گروه اول به‌علت داشتن مقادیر بالای صفات مورد بررسی دارای ارزش بیشتری می‌باشند و می‌توان از این ژنوتیپ‌ها برای گزینش ژنوتیپ‌های پر محصول و صفات زراعی مطلوب در برنامه‌های اصلاحی استفاده کرد (۱). در مطالعه‌ای، ۴۶ ژنوتیپ سویا از نظر صفات زراعی مورد ارزیابی قرار گرفتند که نتایج تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر کلیه صفات مورد ارزیابی بجز صفت تعداد غلاف در گیاه تفاوت معنی‌داری با یکدیگر داشتند. ضرایب همبستگی نشان داد که عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی‌داری با صفت تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی داشت (۲۵). در مطالعه دیگر، تنوع ژنتیکی ارقام سویا با استفاده از متغیرهای تک‌ و چندتایی بررسی شد. بر اساس نتایج به‌دست آمده از روش‌های توچر و UPGMA، نمونه‌های سویا به‌ترتیب در ۸ و ۷ گروه

جدول ۳- مشخصات ژنوتیپ‌های مورد مطالعه

Table 3. The characteristics of the genotypes studied

ردیف	نام ژنوتیپ	تعداد شاخه‌های فرعی	تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی	تعداد کل غلاف	تعداد بذر در بوته	تعداد روز تا شروع پر شدن دانه	تعداد روز تا پر شدن دانه	تعداد روز تا شروع رسیدگی	روز تا رسیدگی	محتوای روغن (درصد)	محتوای پروتئین (درصد)
۱	cayuga	۰/۳۳	۱/۳۳	۳۹/۰۰	۱۰۴/۰۰	۳۴/۰۰	۴۱/۰۰	۶۴/۰۰	۸۱/۰۰	۲۲/۰۲	۳۶/۴۵
۲	heimkraftIsamenfarbe	۲/۰۰	۱۰/۶۷	۳۶/۳۳	۸۴/۷۸	۳۱/۰۰	۴۱/۰۰	۶۴/۰۰	۶۱/۰۰	۲۲/۵۶	۳۷/۰۰
۳	vilnensis	۱/۳۳	۲۵/۰۰	۳۸/۰۰	۱۲۶/۶۷	۳۵/۰۰	۴۱/۰۰	۶۷/۰۰	۸۰/۰۰	۲۲/۴۲	۳۵/۸۷
۴	altonagaarden	۵/۳۳	۱۰/۰۰	۳۰/۰۰	۸۰/۰۰	۴۰/۰۰	۵۰/۰۰	۷۶/۰۰	۹۳/۰۰	۲۲/۰۲	۳۶/۹۰
۵	lilablüte	۱/۰۰	-/۰۰	۱۳/۳۳	۴۰/۰۰	۳۴/۰۰	۴۶/۰۰	۵۷/۰۰	۱۳۵/۰۰	۲۲/۱۱	۳۶/۵۶
۶	sari	۲/۹۴	۴۶/۷۸	۸۴/۸۹	۲۴۲/۸۰	۷۷/۱۷	۸۹/۱۷	۹۹/۵۰	۱۳۴/۳۳	۲۱/۶۸	۳۷/۳۲
۷	locala11	۲/۶۷	۳۱/۶۷	۶۹/۶۷	۲۰۹/۰۰	۳۷/۰۰	۴۸/۰۰	۵۶/۰۰	۱۱۰/۰۰	۲۲/۳۱	۳۷/۰۱
۸	juhomoravskadrobnozrnazlta	۲/۰۰	۱۸/۳۳	۴۲/۳۳	۱۲۷/۰۰	۳۶/۰۰	۴۱/۰۰	۷۹/۰۰	۱۱۰/۰۰	۲۲/۰۴	۳۶/۹۸
۹	ruskazlta	۳/۳۳	۹/۶۷	۳۶/۰۰	۱۰۸/۰۰	۳۶/۰۰	۴۱/۰۰	۸۰/۰۰	۹۱/۰۰	۲۰/۷۳	۳۹/۵۸
۱۰	cina5202	۳/۶۷	۸/۰۰	۲۴/۳۳	۷۳/۰۰	۳۵/۰۰	۴۱/۰۰	۷۵/۰۰	۹۲/۰۰	۲۲/۲۸	۳۸/۰۲
۱۱	slovenskadrobnozruna	۴/۳۳	۲۶/۶۷	۴۱/۰۰	۱۴۴/۰۰	۳۵/۰۰	۴۱/۰۰	۶۲/۰۰	۹۳/۰۰	۲۱/۷۶	۳۸/۷۶
۱۲	sahar	۴/۷۲	۷۶/۱۷	۵۵/۳۳	۱۶۶/۰۰	۷۲/۸۳	۸۵/۳۳	۹۷/۵۰	۱۰۴/۰۰	۲۲/۰۵	۳۷/۲۹
۱۳	chicorep	۲/۳۳	۱۶/۰۰	۳۵/۶۷	۸۳/۲۲	۵۱/۰۰	۵۷/۰۰	۸۱/۰۰	۱۳۵/۰۰	۲۱/۶۵	۳۸/۴۱
۱۴	pagodarep	۳/۳۳	۱۵/۳۳	۳۴/۳۳	۱۰۳/۰۰	۴۶/۰۰	۵۸/۰۰	۷۲/۰۰	۹۱/۰۰	۲۰/۸۸	۳۹/۰۵
۱۵	reatzrep2	۲/۰۰	۸/۶۷	۲۱/۰۰	۶۳/۰۰	۵۲/۰۰	۵۸/۰۰	۱۳۴/۰۰	۸۱/۰۰	۲۲/۳۱	۳۸/۸۱
۱۶	simpsonrep	۴/۶۷	۷/۶۷	۳۰/۳۳	۹۱/۰۰	۵۳/۰۰	۵۹/۰۰	۷۳/۰۰	۱۰۳/۰۰	۲۲/۳۶	۳۸/۴۰
۱۷	hodoninskazluta	۳/۰۰	۲۲/۶۷	۱۰۴/۰۰	۳۱۲/۰۰	۴۶/۰۰	۵۸/۰۰	۷۵/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۱/۸۹	۳۶/۷۹
۱۸	williams	۳/۵۶	۴۲/۹۴	۶۰/۷۲	۱۸۲/۱۷	۶۹/۶۷	۸۳/۶۷	۹۴/۸۳	۱۲۲/۵۰	۲۱/۷۹	۳۸/۰۸
۱۹	izjhua	۳/۰۰	۴۱/۳۳	۵۸/۰۰	۱۷۴/۰۰	۷۴/۰۰	۸۴/۰۰	۱۰۳/۰۰	۱۰۳/۰۰	۲۱/۹۹	۳۷/۸۹
۲۰	mandurska2	۱/۶۷	۱۹/۶۷	۳۰/۰۰	۱۰۰/۰۰	۴۴/۰۰	۵۷/۰۰	۷۵/۰۰	۸۸/۰۰	۲۲/۱۸	۲۸/۶۵
۲۱	mediachev	۲/۰۰	۶/۰۰	۲۶/۳۳	۷۹/۰۰	۴۶/۰۰	۵۴/۰۰	۷۴/۰۰	۷۴/۰۰	۲۰/۳۶	۳۸/۶۵
۲۲	oacdorado	۲/۰۰	۱۲/۳۳	۳۷/۳۳	۱۱۲/۰۰	۴۲/۰۰	۵۵/۰۰	۷۰/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۱/۹۷	۳۹/۴۴
۲۳	oacshirerep	۱/۰۰	۲/۶۷	۴۰/۳۳	۱۰۷/۵۶	۵۱/۰۰	۵۷/۰۰	۷۲/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۰/۴۷	۳۴/۸۲
۲۴	telar	۶/۲۸	۷۷/۰۰	۱۲۰/۰۰	۳۰۰/۰۰	۷۵/۰۰	۸۴/۸۳	۹۹/۱۷	۱۳۴/۸۳	۲۲/۱۰	۳۶/۶۲
۲۵	rampagerep	۳/۳۳	۱۶/۳۳	۵۳/۰۰	۱۵۹/۰۰	۵۱/۰۰	۶۶/۰۰	۷۶/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۱/۶۵	۳۷/۹۹
۲۶	sibley	۳/۳۳	۱۴/۳۳	۲۵/۶۷	۹۵/۱۱	۵۴/۰۰	۶۵/۰۰	۷۶/۰۰	۱۱۱/۰۰	۲۲/۲۹	۳۸/۰۱
۲۷	stride	۲/۶۷	۲۹/۰۰	۵۲/۳۳	۱۶۰/۰۰	۴۶/۰۰	۵۸/۰۰	۷۷/۰۰	۹۲/۰۰	۲۲/۷۳	۳۷/۲۹
۲۸	pi475822a	۴/۰۰	۲۵/۶۷	۵۶/۳۳	۱۶۹/۰۰	۴۴/۰۰	۶۱/۰۰	۷۸/۰۰	۹۳/۰۰	۲۰/۶۶	۳۹/۲۲
۲۹	apollo	۴/۳۳	۲۹/۶۷	۵۶/۰۰	۱۳۰/۶۷	۴۴/۰۰	۶۶/۰۰	۷۷/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۱/۶۵	۳۸/۶۵
۳۰	beeson	۳/۰۰	۳۷/۰۰	۸۷/۳۳	۲۶۲/۰۰	۵۵/۰۰	۷۶/۰۰	۹۶/۰۰	۱۱۰/۰۰	۲۱/۹۲	۳۷/۰۱
۳۱	beeson80	۱/۰۰	۲/۳۳	۳۴/۶۷	۸۰/۸۹	۵۴/۰۰	۷۷/۰۰	۸۵/۰۰	۱۱۰/۰۰	۲۲/۲۲	۳۷/۶۵
۳۲	colfax	۰/۶۷	۹/۶۷	۳۸/۰۰	۱۱۴/۰۰	۵۲/۰۰	۶۶/۰۰	۷۷/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۱/۶۲	۳۹/۳۱
۳۳	hackrep2	۰/۰۰	-/۰۰	۲۰/۰۰	۵۳/۳۳	۵۰/۰۰	۶۷/۰۰	۸۲/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۲/۰۷	۳۸/۴۱
۳۴	provar	۴/۳۳	۱۰/۶۷	۴۲/۰۰	۱۴۰/۰۰	۵۲/۰۰	۶۱/۰۰	۷۱/۰۰	۹۳/۰۰	۲۱/۴۵	۳۹/۶۸
۳۵	rcatalliancerep	۲/۶۷	۱۸/۳۳	۱۲۷/۰۰	۱۶۰/۰۰	۵۰/۰۰	۶۲/۰۰	۷۵/۰۰	۹۲/۰۰	۲۱/۵۶	۳۷/۶۶
۳۶	sandusky	۲/۳۳	۲۵/۶۷	۷۳/۶۷	۲۲۱/۰۰	۵۲/۰۰	۶۵/۰۰	۷۵/۰۰	۱۱۱/۰۰	۲۲/۱۲	۳۸/۰۴
۳۷	vertex	۴/۰۰	۲۴/۳۳	۶۰/۰۰	۱۶۰/۰۰	۵۳/۰۰	۶۱/۰۰	۷۲/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۲/۰۲	۳۹/۰۲
۳۸	t295h	۲/۳۳	۲۱/۶۷	۵۳/۰۰	۱۵۹/۰۰	۵۴/۰۰	۶۲/۰۰	۷۶/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۱/۴۶	۳۸/۸۷
۳۹	apex	۲/۶۷	۲/۶۷	۳۱/۰۰	۶۹/۰۰	۳۳/۰۰	۴۱/۰۰	۵۵/۰۰	۱۱۴/۰۰	۲۱/۷۸	۳۸/۷۸
۴۰	pella	۳/۳۳	۱۸/۰۰	۵۹/۰۰	۱۵۷/۳۳	۶۳/۰۰	۷۱/۰۰	۸۶/۰۰	۱۱۰/۰۰	۲۲/۳۰	۳۷/۸۲
۴۱	yale	۱/۰۰	۸/۰۰	۵۱/۰۰	۱۳۶/۰۰	۶۳/۰۰	۸۱/۰۰	۹۱/۰۰	۱۱۱/۰۰	۲۲/۶۵	۳۸/۴۶
۴۲	1753735	۰/۶۷	۶/۶۷	۴۷/۰۰	۱۲۵/۳۳	۵۴/۰۰	۷۰/۰۰	۸۲/۰۰	۱۱۰/۰۰	۲۰/۳۲	۳۹/۰۵
۴۳	s3999	۴/۳۳	۳۱/۳۳	۴۳/۶۷	۱۱۶/۴۴	۵۵/۰۰	۷۳/۰۰	۹۱/۰۰	۱۱۹/۰۰	۲۱/۴۹	۳۸/۲۲

Cotiniued Table 3

۳۷/۷۸	۲۱/۱۹	۱۱۱/۰۰	۸۹/۰۰	۷۶/۰۰	۶۲/۰۰	۲۵۲/۴۴	۹۴/۶۷	۶۵/۰۰	۵/۰۰	pi475822b	۴۴
۳۸/۷۶	۲۲/۰۲	۱۱۴/۰۰	۷۵/۰۰	۶۴/۰۰	۵۷/۰۰	۱۷۷/۳۳	۷۶/۰۰	۴۳/۰۰	۳/۰۰	columbusrep	۴۵
۳۵/۰۶	۲۲/۹۰	۱۱۲/۰۰	۸۶/۰۰	۷۰/۰۰	۶۰/۰۰	۱۴۸/۰۰	۴۹/۳۳	۲۳/۳۳	۵/۰۰	crawford	۴۶
۳۸/۷۶	۲۱/۴۰	۱۱۵/۰۰	۸۶/۰۰	۷۱/۰۰	۵۹/۰۰	۱۳۳/۳۳	۵۰/۰۰	۲۳/۶۷	۳/۶۷	perry	۴۷
۳۷/۷۰	۲۱/۹۳	۱۳۴/۰۰	۱۰۳/۰۰	۹۰/۰۰	۸۱/۰۰	۲۰۴/۴۴	۶۱/۳۳	۲۹/۶۷	۳/۶۷	pershing	۴۸
۳۶/۶۸	۲۲/۲۵	۱۳۴/۰۰	۸۶/۰۰	۷۲/۰۰	۵۴/۰۰	۶۱/۰۰	۲۰/۳۳	۷/۰۰	۲/۶۷	pixie	۴۹
۳۷/۰۸	۲۲/۴۰	۱۱۴/۰۰	۹۱/۰۰	۸۵/۰۰	۷۶/۰۰	۱۸۲/۰۰	۶۰/۶۷	۳۱/۰۰	۴/۰۰	spryrep	۵۰
۳۸/۰۲	۲۲/۳۸	۱۱۰/۰۰	۸۶/۰۰	۷۶/۰۰	۷۱/۰۰	۱۹۲/۰۰	۷۲/۰۰	۳۳/۰۰	۳/۶۷	troll	۵۱
۳۸/۵۴	۲۲/۰۴	۱۰۹/۰۰	۸۷/۰۰	۷۱/۰۰	۵۸/۰۰	۹۶/۰۰	۳۲/۰۰	۱۲/۳۳	۲/۰۰	t288	۵۲
۳۶/۲۹	۲۲/۱۰	۱۳۴/۰۰	۱۰۱/۰۰	۸۴/۰۰	۷۵/۰۰	۱۷۱/۰۰	۵۷/۰۰	۲۸/۶۷	۳/۰۰	dt974290	۵۳
۳۹/۹۴	۲۲/۰۵	۱۳۴/۰۰	۱۰۵/۰۰	۹۲/۰۰	۸۲/۰۰	۸۵/۳۳	۳۲/۰۰	۸/۶۷	۲/۳۳	forrest	۵۴
۳۶/۰۳	۲۰/۳۴	۱۳۵/۰۰	۹۹/۰۰	۹۴/۰۰	۸۴/۰۰	۱۵۰/۲۲	۵۶/۳۳	۲۸/۰۰	۳/۰۰	osage	۵۵
۳۷/۰۳	۲۱/۰۴	۱۳۴/۰۰	۱۰۳/۰۰	۹۵/۰۰	۸۲/۰۰	۸۸/۸۹	۳۳/۳۳	۶/۳۳	۲/۰۰	smithsuper	۵۶
۳۷/۴۱	۲۱/۹۸	۹۰/۰۰	۸۴/۰۰	۶۹/۰۰	۵۱/۰۰	۸۵/۳۳	۳۲/۰۰	۸/۶۷	۱/۶۷	hisoy1651	۵۷
۳۷/۸۷	۲۱/۷۶	۸۸/۰۰	۷۳/۰۰	۵۶/۰۰	۴۳/۰۰	۷۵/۵۶	۲۸/۳۳	۱۳/۶۷	۲/۳۳	grantrep	۵۸
۳۸/۷۶	۲۲/۲۴	۷۳/۰۰	۷۰/۰۰	۵۶/۰۰	۴۴/۰۰	۷۸/۰۰	۲۶/۰۰	۶/۰۰	۲/۳۳	rampage	۵۹
۳۷/۹۲	۲۲/۰۹	۷۸/۰۰	۷۰/۰۰	۵۴/۰۰	۴۲/۰۰	۴۰/۸۹	۱۵/۳۳	۸/۰۰	۲/۰۰	tilinno9	۶۰
۳۸/۴۰	۲۱/۶۷	۷۶/۰۰	۷۲/۰۰	۵۵/۰۰	۴۳/۰۰	۸۱/۰۰	۲۷/۰۰	۱۳/۶۷	۲/۶۷	precoce90rep	۶۱
۳۸/۵۵	۲۰/۸۷	۶۹/۰۰	۶۵/۰۰	۵۸/۰۰	۵۰/۰۰	۴۲/۰۰	۱۴/۰۰	۲/۶۷	۰/۶۷	semu1	۶۲
۳۹/۷۶	۲۰/۶۸	۷۱/۰۰	۷۴/۰۰	۶۰/۰۰	۴۶/۰۰	۸۴/۷	۵۶/۶۷	۱/۰۰	۰/۶۷	flora	۶۳
۳۹/۴۶	۲۰/۱۲	۷۹/۰۰	۷۳/۰۰	۵۷/۰۰	۴۳/۰۰	۸۰/۰۰	۳۰/۰۰	۶/۳۳	۱/۳۳	semu2	۶۴
۳۹/۴۳	۲۰/۷۶	۶۷/۰۰	۶۲/۰۰	۶۰/۰۰	۴۳/۰۰	۱۳۴/۰۰	۴۴/۶۷	۱۸/۶۷	۲/۰۰	uo790	۶۵
۳۹/۰۲	۲۰/۴۸	۹۴/۰۰	۷۴/۰۰	۵۹/۰۰	۵۵/۰۰	۴۸/۰۰	۱۸/۰۰	۳/۳۳	۱/۰۰	alaric	۶۶
۳۸/۶۵	۲۰/۳۴	۸۲/۰۰	۶۷/۰۰	۶۱/۰۰	۵۶/۰۰	۲۳۳/۷۸	۸۷/۶۷	۴۹/۳۳	۴/۰۰	protana	۶۷
۳۸/۴۳	۲۰/۶۷	۸۱/۰۰	۷۹/۰۰	۶۰/۰۰	۵۱/۰۰	۱۹۲/۸۹	۷۲/۳۳	۵۸/۳۳	۳/۰۰	prastsja	۶۸
۳۵/۶۷	۲۲/۳۱	۹۴/۰۰	۸۰/۰۰	۷۱/۰۰	۵۸/۰۰	۳۰۱/۳۳	۱۱۳/۰۰	۷۶/۳۳	۵/۰۰	amurskaja57	۶۹
۳۷/۸۷	۲۱/۹۹	۹۱/۰۰	۷۷/۰۰	۵۷/۰۰	۵۰/۰۰	۱۷۳/۳۳	۶۵/۰۰	۱۸/۶۷	۲/۳۳	soja698	۷۰
۳۸/۱۲	۲۱/۸۹	۹۴/۰۰	۷۷/۰۰	۵۵/۰۰	۴۸/۰۰	۹۶/۰۰	۳۲/۰۰	۱۳/۶۷	۳/۳۳	morsoy	۷۱
۳۸/۱۰	۲۱/۶۷	۹۳/۰۰	۷۴/۰۰	۶۲/۰۰	۵۰/۰۰	۷۷/۰۰	۳۳/۰۰	۱۳/۶۷	۱/۶۷	bora	۷۲
۳۹/۳۲	۲۰/۷۶	۶۵/۰۰	۷۵/۰۰	۵۸/۰۰	۴۳/۰۰	۱۶۴/۰۰	۵۴/۶۷	۳۱/۰۰	۲/۶۷	mazowieckaII	۷۳
۳۹/۶۶	۲۰/۹۰	۶۴/۰۰	۷۰/۰۰	۶۴/۰۰	۴۸/۰۰	۱۶۳/۵۶	۶۱/۳۳	۳۴/۰۰	۳/۶۷	brillmeyer	۷۴
۳۸/۷۶	۲۰/۶۵	۹۳/۰۰	۷۱/۰۰	۵۵/۰۰	۴۵/۰۰	۱۲۶/۰۰	۴۲/۰۰	۲۲/۰۰	۵/۰۰	zarja	۷۵
۳۷/۶۱	۲۲/۰۲	۹۳/۰۰	۷۶/۰۰	۷۰/۰۰	۵۴/۰۰	۲۱۵/۰۰	۷۱/۶۷	۵۰/۳۳	۴/۶۷	erfurt	۷۶
۳۶/۵۴	۲۲/۰۶	۹۳/۰۰	۷۱/۰۰	۶۱/۰۰	۴۸/۰۰	۱۱۴/۰۰	۳۸/۰۰	۲۲/۳۳	۳/۰۰	kesi283	۷۷
۳۹/۰۵	۲۰/۴۶	۷۹/۰۰	۶۹/۰۰	۵۴/۰۰	۴۴/۰۰	۱۱۶/۴۴	۴۲/۶۷	۱۲/۶۷	۳/۰۰	soja690	۷۸
۳۹/۴۳	۲۰/۵۶	۶۴/۰۰	۷۰/۰۰	۶۴/۰۰	۴۵/۰۰	۱۵۷/۰۰	۵۲/۳۳	۱۶/۰۰	۵/۰۰	soja838	۷۹
۳۷/۶۸	۲۱/۹۸	۹۳/۰۰	۷۴/۰۰	۶۰/۰۰	۵۰/۰۰	۸۸/۸۹	۳۳/۳۳	۱۱/۰۰	۲/۶۷	soja1539	۸۰
۳۹/۰۲	۲۰/۴۵	۸۶/۰۰	۷۴/۰۰	۵۸/۰۰	۴۹/۰۰	۱۱۲/۰۰	۴۲/۰۰	۲۴/۳۳	۲/۰۰	kirowogradskaja5	۸۱
۳۶/۰۱	۲۱/۶۷	۸۷/۰۰	۶۹/۰۰	۵۹/۰۰	۴۸/۰۰	۱۳۸/۶۷	۵۲/۰۰	۲۱/۳۳	۳/۶۷	kg31	۸۲
۳۹/۰۸	۲۰/۴۵	۸۰/۰۰	۷۵/۰۰	۵۹/۰۰	۴۳/۰۰	۵۶/۰۰	۲۱/۰۰	۱۴/۰۰	۰/۶۷	toshidai7910	۸۳
۳۹/۹۳	۲۱/۰۸	۸۸/۰۰	۷۶/۰۰	۵۷/۰۰	۴۰/۰۰	۱۲۲/۶۷	۴۶/۰۰	۴۰/۰۰	۳/۶۷	giesseler	۸۴
۳۶/۰۹	۲۲/۰۱	۶۸/۰۰	۶۲/۰۰	۶۰/۰۰	۴۸/۰۰	۵۲/۰۰	۱۷/۳۳	۱۴/۰۰	۴/۰۰	chisha	۸۵
۳۷/۰۴	۲۱/۷۶	۷۹/۰۰	۷۱/۰۰	۵۹/۰۰	۴۴/۰۰	۱۸/۶۷	۷/۰۰	۱/۳۳	۲/۰۰	noirdesfreresdippe	۸۶
۳۷/۴۳	۲۱/۶۷	۶۶/۰۰	۶۱/۰۰	۵۸/۰۰	۴۳/۰۰	۸۵/۳۳	۳۲/۰۰	۱۳/۶۷	۳/۶۷	brunhatifrouest	۸۷
۳۵/۰۹	۲۲/۳۲	۶۳/۰۰	۶۱/۰۰	۶۰/۰۰	۴۳/۰۰	۲۹/۰۰	۹/۶۷	۸/۰۰	۳/۶۷	grignon39	۸۸
۳۹/۰۸	۲۰/۴۵	۹۱/۰۰	۶۸/۰۰	۶۱/۰۰	۴۸/۰۰	۱۱۴/۰۰	۳۸/۰۰	۱۷/۳۳	۳/۶۷	dornburgerstamm106	۸۹
۳۸/۹۷	۲۱/۷۸	۸۸/۰۰	۷۲/۰۰	۵۷/۰۰	۴۶/۰۰	۱۰۵/۰۰	۳۵/۰۰	۱۶/۰۰	۲/۶۷	flambean	۹۰
۳۸/۳۶	۲۱/۸۱	۸۶/۰۰	۷۴/۰۰	۶۰/۰۰	۴۸/۰۰	۲۰۳/۰۰	۶۷/۶۷	۴۳/۰۰	۳/۰۰	lensinpindin	۹۱

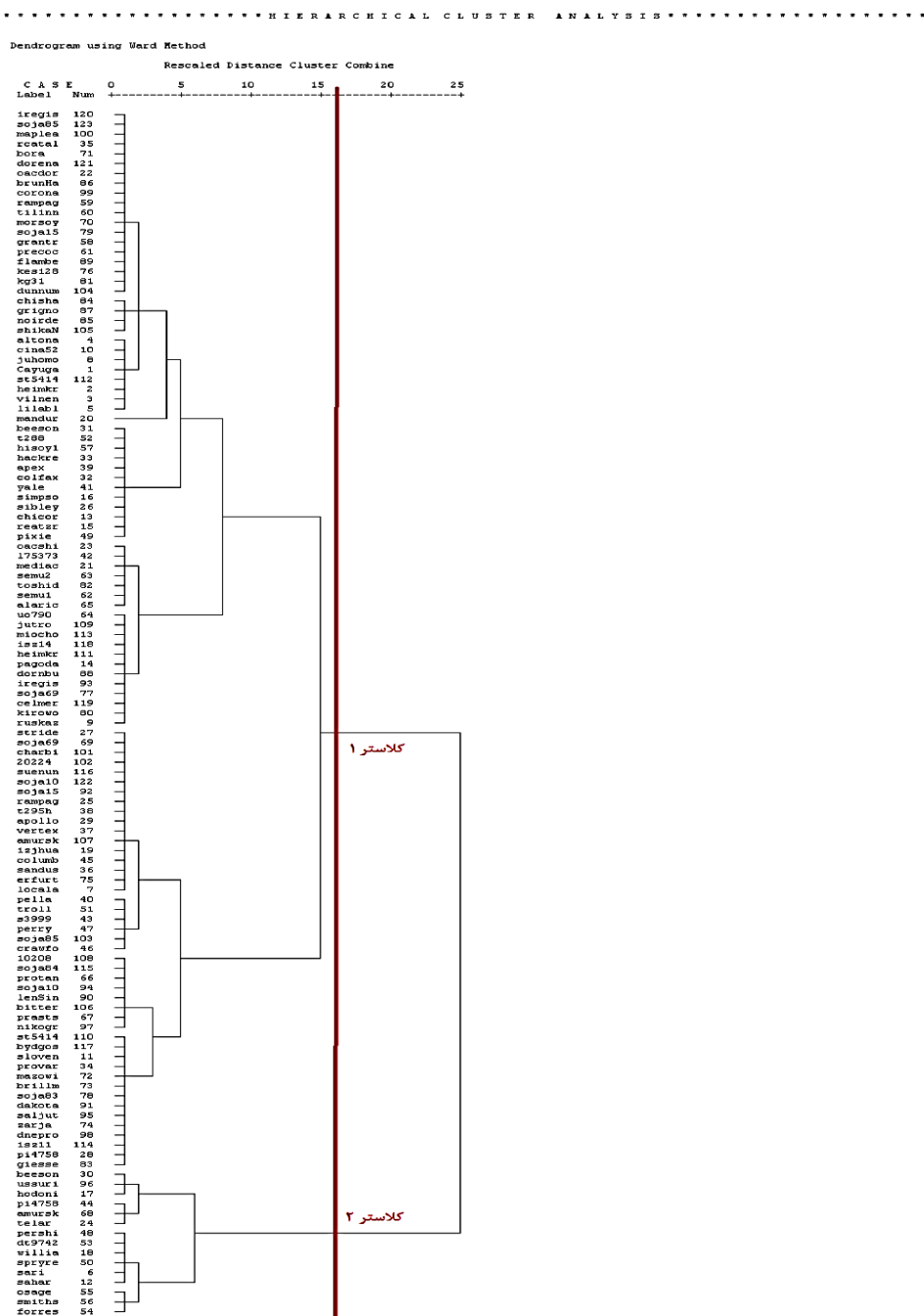
Continued Table 3

۳۹/۶۵	۲۰/۴۰	۸۸/۰۰	۷۱/۰۰	۶۶/۰۰	۵۱/۰۰	۱۹۴/۰۰	۶۴/۶۷	۳۸/۶۷	۵/۶۷	dakotano3338	۹۲
۳۷/۹۰	۲۱/۰۴	۸۸/۰۰	۷۴/۰۰	۶۳/۰۰	۴۷/۰۰	۱۷۶/۰۰	۵۸/۶۷	۲۴/۳۳	۲/۳۳	soja1535	۹۳
۳۹/۴۳	۲۰/۵۷	۸۷/۰۰	۷۴/۰۰	۶۴/۰۰	۴۶/۰۰	۱۲۷/۰۰	۴۲/۳۳	۱۶/۶۷	۳/۰۰	iregisz1	۹۴
۳۸/۷۶	۲۱/۳۷	۷۶/۰۰	۶۷/۰۰	۵۷/۰۰	۳۷/۰۰	۲۶۴/۰۰	۸۸/۰۰	۳۷/۰۰	۳/۶۷	soja1088	۹۵
۳۹/۸۵	۲۰/۶۵	۹۳/۰۰	۷۰/۰۰	۶۱/۰۰	۴۶/۰۰	۱۷۵/۰۰	۵۸/۳۳	۴۱/۰۰	۴/۶۷	saljut216	۹۶
۳۸/۰۹	۲۱/۵۶	۱۱۰/۰۰	۸۷/۰۰	۷۶/۰۰	۶۶/۰۰	۲۹۷/۰۰	۹۹/۰۰	۴۲/۶۷	۲/۰۰	ussurijskaja	۹۷
۳۹/۰۲	۲۰/۵۶	۷۷/۰۰	۶۸/۰۰	۶۰/۰۰	۴۴/۰۰	۳۱۲/۰۰	۱۰۴/۰۰	۶۳/۰۰	۵/۰۰	nikogri	۹۸
۳۸/۹۷	۲۰/۷۶	۷۹/۰۰	۶۹/۰۰	۵۹/۰۰	۴۴/۰۰	۱۵۲/۰۰	۵۰/۶۷	۲۸/۶۷	۴/۳۳	dneprowskaja1	۹۹
۳۷/۶۵	۲۲/۰۶	۶۹/۰۰	۶۸/۰۰	۵۷/۰۰	۴۳/۰۰	۱۳۱/۰۰	۴۳/۶۷	۱۵/۳۳	۲/۳۳	corona	۱۰۰
۳۸/۴۴	۲۱/۷۱	۹۳/۰۰	۷۵/۰۰	۵۹/۰۰	۴۳/۰۰	۱۳۷/۰۰	۴۵/۶۷	۱۰/۶۷	۱/۶۷	rcatalliancerep	۱۰۱
۳۸/۷۶	۲۱/۳۴	۸۸/۰۰	۷۵/۰۰	۶۶/۰۰	۵۱/۰۰	۱۵۱/۰۰	۵۰/۳۳	۲۹/۳۳	۱/۳۳	charbinskaja111	۱۰۲
۳۹/۰۸	۲۱/۸۹	۸۹/۰۰	۸۱/۰۰	۷۱/۰۰	۴۷/۰۰	۱۶۵/۰۰	۵۰/۰۰	۲۴/۳۳	۱/۶۷	20224	۱۰۳
۳۷/۵۵	۲۱/۸۳	۹۳/۰۰	۸۴/۰۰	۷۳/۰۰	۵۰/۰۰	۱۱۴/۰۰	۳۸/۰۰	۳۷/۰۰	۳/۰۰	soja852	۱۰۴
۳۵/۵۶	۲۲/۳۱	۸۰/۰۰	۷۶/۰۰	۶۸/۰۰	۴۸/۰۰	۹۵/۰۰	۳۱/۶۷	۱۶/۶۷	۲/۶۷	dunnum	۱۰۵
۳۶/۷۸	۲۲/۳۲	۸۸/۰۰	۷۹/۰۰	۶۵/۰۰	۵۰/۰۰	۳۷/۰۰	۹/۰۰	۶/۵۰	۱/۶۷	shikano1	۱۰۶
۳۸/۹۸	۲۱/۴۶	۹۰/۰۰	۷۷/۰۰	۵۸/۰۰	۴۶/۰۰	۲۰۹/۰۰	۶۹/۶۷	۳۹/۰۰	۳/۶۷	bitterhof	۱۰۷
۳۸/۷۶	۲۰/۹۸	۱۱۶/۰۰	۷۷/۰۰	۶۶/۰۰	۵۰/۰۰	۱۶۳/۰۰	۵۴/۳۳	۴۵/۰۰	۳/۰۰	amurskaja20963	۱۰۸
۳۸/۶۷	۲۰/۷۸	۹۳/۰۰	۷۴/۰۰	۶۰/۰۰	۴۸/۰۰	۲۴۱/۰۰	۸۰/۳۳	۵۱/۶۷	۳/۶۷	10208	۱۰۹
۳۹/۰۸	۲۰/۵۶	۷۸/۰۰	۶۳/۰۰	۶۱/۰۰	۴۸/۰۰	۱۴۳/۰۰	۴۷/۶۷	۱۶/۳۳	۱/۶۷	jutro	۱۱۰
۳۷/۶۷	۲۱/۴۹	۷۷/۰۰	۶۶/۰۰	۵۵/۰۰	۴۵/۰۰	۱۵۳/۰۰	۵۱/۰۰	۲۶/۳۳	۴/۶۷	st54145samenfrabemutant	۱۱۱
۳۹/۵۴	۲۰/۶۵	۶۲/۰۰	۵۹/۰۰	۵۳/۰۰	۴۴/۰۰	۹۹/۰۰	۳۳/۰۰	۱۲/۶۷	۱/۳۳	heimkraftI	۱۱۲
۳۶/۳۷	۲۲/۰۴	۷۸/۰۰	۷۰/۰۰	۴۸/۰۰	۲۸/۰۰	۵۶/۰۰	۱۸/۶۷	۷/۶۷	۱/۳۳	st54145fruhzeitigkeitmutant	۱۱۳
۳۹/۵۲	۲۰/۲۴	۶۶/۰۰	۶۱/۰۰	۵۵/۰۰	۴۸/۰۰	۱۵۲/۰۰	۵۰/۶۷	۲۸/۰۰	۲/۰۰	miochowska	۱۱۴
۳۹/۲۷	۲۰/۲۴	۹۳/۰۰	۶۸/۰۰	۵۶/۰۰	۴۷/۰۰	۱۲۳/۰۰	۴۱/۰۰	۳۱/۰۰	۳/۶۷	isz11	۱۱۵
۳۸/۰۲	۲۱/۰۸	۹۳/۰۰	۷۲/۰۰	۶۰/۰۰	۵۰/۰۰	۳۳۰/۰۰	۷۶/۶۷	۴۸/۳۳	۴/۳۳	soja842	۱۱۶
۳۸/۷۶	۲۱/۳۵	۹۳/۰۰	۶۹/۰۰	۵۹/۰۰	۵۰/۰۰	۱۵۹/۰۰	۵۲/۰۰	۳۱/۳۳	۳/۶۷	suenungNr1	۱۱۷
۳۸/۶۸	۲۱/۸۷	۷۹/۰۰	۷۰/۰۰	۵۵/۰۰	۴۹/۰۰	۱۳۱/۰۰	۴۳/۶۷	۲۸/۰۰	۴/۳۳	bydgoska046	۱۱۸
۳۸/۶۵	۲۱/۰۹	۷۸/۰۰	۶۶/۰۰	۵۴/۰۰	۴۸/۰۰	۱۵۴/۰۰	۵۱/۳۳	۱۴/۳۳	۱/۳۳	isz14	۱۱۹
۳۹/۵۴	۲۰/۲۴	۸۰/۰۰	۶۸/۰۰	۵۷/۰۰	۴۸/۰۰	۱۱۹/۰۰	۳۹/۶۷	۱۴/۳۳	۲/۳۳	celmerezkajamestnaja	۱۲۰
۳۸/۲۴	۲۱/۵۲	۸۸/۰۰	۷۰/۰۰	۶۱/۰۰	۴۷/۰۰	۱۲۹/۰۰	۴۳/۰۰	۱۵/۰۰	۲/۰۰	iregiszurkebarat	۱۲۱
۳۷/۹۸	۲۱/۹۷	۸۷/۰۰	۷۳/۰۰	۶۰/۰۰	۴۹/۰۰	۱۰۱/۰۰	۳۳/۶۷	۱۸/۳۳	۱/۳۳	dorena	۱۲۲
۳۸/۵۷	۲۱/۷۵	۸۷/۰۰	۷۳/۰۰	۶۳/۰۰	۵۱/۰۰	۱۵۶/۰۰	۵۲/۰۰	۲۱/۰۰	۳/۰۰	soja1087	۱۲۳
۳۸/۳۹	۲۱/۵۰	۸۸/۰۰	۷۶/۰۰	۶۱/۰۰	۴۷/۰۰	۱۱۶/۰۰	۳۸/۶۷	۱۸/۶۷	۲/۰۰	soja856	۱۲۴

جدول ۴- میانگین صفات مورد مطالعه و میانگین کل آنها در کلاستر بندی ژنوتیپ‌های سویا مورد مطالعه با استفاده از روش وارد

Table 4. The mean and total mean of traits studied in clustering of the studied soybean genotypes using ward's method

کلاستر	تعداد روز تا گلدهی	تعداد روز تا غلاف‌دهی	تعداد روز تا شروع پر شدن دانه	تعداد روز تا پر شدن دانه	تعداد روز تا شروع رسیدگی	تعداد روز تا رسیدگی	میانگین صفات			
							تعداد شاخه‌های فرعی	تعداد شاخه‌های فرعی	ارتفاع	تعداد بذر در بوته
۱	۳۰/۱۹	۲۶/۱۲	۶۳/۴۷	۸۰/۸۲	۹۶/۰۱	۱۲۱/۰۰	۳/۶۵	۴۴/۳۹	۸۰/۱۷	۲۲۵/۴۳
۲	۵۱/۲۶	۴۶/۹۷	۵۹/۸۷	۷۵/۱۸	۹۱/۴۴	۱۱۶/۴۱	۲/۵۸	۱۶/۳۲	۳۸/۱۴	۱۰۹/۶۲
کل	۴۰/۷۲	۵۴/۳۶	۶۱/۶۷	۷۸	۹۳/۷۲	۱۱۸/۷۰	۳/۱۱	۳۰/۳۵	۵۹/۱۵	۱۶۷/۵۲



شکل ۲- گروه‌بندی ۱۲۴ ژنوتیپ سویا بر اساس خصوصیات مورفولوژیکی و فنولوژیکی مختلف
 Figure 2. Clustering of 124 soybean genotypes based on different morphological and phonological traits

جدول ۵- ضرایب همبستگی صفات مورد مطالعه در کلاستریندی ژنوتیپ‌های سویا با استفاده از ضریب کوفنتیک

Table 5. Correlation coefficient of the traits studied in clustering of soybean genotypes using cophenetic coefficient

	تعداد روز تا گلدهی	تعداد روز تا غلاف‌دهی	تعداد روز تا شروع پر شدن دانه	تعداد روز تا پر شدن دانه	تعداد روز تا شروع رسیدگی	تعداد روز تا رسیدگی	ارتفاع	تعداد شاخه‌های فرعی	تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی	تعداد کل غلاف‌ها	تعداد بذر در بوته
تعداد روز تا گلدهی	۱										
تعداد روز تا غلاف‌دهی	۰/۸۴ ^{**}	۱									
تعداد روز تا شروع پر شدن دانه	۰/۷۳۴ ^{**}	۰/۹۰۳ ^{**}	۱								
تعداد روز تا پر شدن دانه	۰/۶۸۳ ^{**}	۰/۸۵۷ ^{**}	۰/۹۱۸ ^{**}	۱							
تعداد روز تا شروع رسیدگی	۰/۶۲۴ ^{**}	۰/۷۵۹ ^{**}	۰/۸۳۳ ^{**}	۰/۸۹۲ ^{**}	۱						
تعداد روز تا رسیدگی	۰/۵۵۱ ^{**}	۰/۶۶۹ ^{**}	۰/۷۱۳ ^{**}	۰/۷۶۶ ^{**}	۰/۸۷۵ ^{**}	۱					
ارتفاع	۰/۳۹۷ ^{**}	۰/۲۹۱ ^{**}	۰/۲۸۱ ^{**}	۰/۲۳۴ ^{**}	۰/۲۳۹ ^{**}	۰/۱۹۱ [*]	۱				
تعداد شاخه‌های فرعی	۰/۱۴۹	-۰/۰۷۸	-۰/۰۲۳	-۰/۰۲۳	-۰/۰۳۲	-۰/۰۸۵	۰/۱۹۱ [*]	۱			
تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی	۰/۲۹۱ ^{**}	۰/۲۷۳ ^{**}	۰/۲۱۳ [*]	۰/۲۴۴ ^{**}	۰/۱۷۷ [*]	۰/۲۳۳ ^{**}	۰/۱۵۴	۰/۲۶۴ ^{**}	۱		
تعداد کل غلاف‌ها	۰/۳۰۶ ^{**}	۰/۲۹۱ ^{**}	۰/۲۱۸ [*]	۰/۲۶۸ ^{**}	۰/۲۰۱ [*]	۰/۲۴۸ ^{**}	۰/۳۲۸ ^{**}	۰/۱۴۷	۰/۸۷۰ ^{**}	۱	
تعداد بذر در بوته	۰/۳۴۲ ^{**}	۰/۲۱۹ [*]	۰/۱۴۴	۰/۲۰۹ [*]	۰/۱۴۳	۰/۱۹۳ [*]	۰/۳۰۷ ^{**}	۰/۱۴۶	۰/۸۲۴ ^{**}	۰/۹۴۰ ^{**}	۱

** و * به ترتیب بیانگر معنی‌داری همبستگی در سطح یک درصد و پنج درصد

منابع

1. Abedi, Z., H. Najafi Zarrini, S.M. Emadi and N. Bagheri. 2019. Evaluation of relationship between agronomical and physiological traits of soybean and grouping of soybean genotypes under different amount of sulfur application. *Journal of Crop Breeding*, 11(29): 134-142
2. Aondover, S., B. LateefLekan and T. VangeTerkimbi. 2013. Correlation, path coefficient and principal component analysis of seed yield in soybean genotypes. *International Journal of Advanced Research*, 1(7): 1-5.
3. Babaei, H.R., N. Razmi, E. Hezarjaribi and M. Hashemi Jazi. 2020. Study on adaptability and grain yield stability of soybean genotypes [*Glycine Max* (L.) Merrill] through AMMI & GGE biplot analysis. *Journal of Crop Breeding*, 12(35): 238-250.
4. Bartlett, M.S. 1954. A note on the multiplying factors for various chi square approximations. *Journal of the Royal Statistical Society*, 16: 296-298.
5. Bello, L.L., A. Shaahu and T. Vange. 2012. Studies on relationship between seed yield and yield components in soybean (*Glycine max* L. Merrill). *Electronic Journal of Plant Breeding*, 3(4): 1012-1017.
6. Dubey, N., H.A. Avinash and A.N. Shrivastava. 2018. Principal component analysis in advanced genotypes of soybean [*Glycine Max* (L.) Merrill] over seasons. *Plant Archives*, 18(1): 501-506.
7. El-Hashash, E.F. 2016. Genetic diversity of soybean yield based on cluster and principal component analyses. *Journal of Advances in Biology& Biotechnology*, 1-9.
8. Iqbal, Z., M. Arshad, M. Ashraf, T. Mahmood and A. Waheed. 2008. Evaluation of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] germplasm for some important morphological traits using multivariate analysis. *Pakistan Journal of Botany*, 40(6): 2323-2328.
9. Fazeli, F., H. Najafi Zarini, M. Arefrad and A. Zaman Mirabadi. 2015. Assessment of relation of morphological traits with seed yield and their diversity in M4 generation of soybean mutant lines [*Glycine max* (L.) Merrill] through factor analysis. *Journal of Crop Breeding*, 7(15): 47-56.
10. Ghanbari, S.A., B.A. Nooshkam Fakheri and N. Mahdinezhad. 2019. Relationship between yield and its component in soybean genotypes (*Glycine Max* L.) using multivariate statistical methods. *Journal of Crop Breeding*, 11(29): 85-92.
11. Ghiday, T. and A. Sentayehu. 2015. Genetic Divergence Analysis on Some Soybean (*Glycine max* L. Merrill) Genotypes Grown in Pawe, Ethiopia. *American-Eurasian Journal of Agriculture and Environmental Science*, 15(10): 1927-1933.
12. Ghodrati, GH. Evaluation the relationship between yield and its component of promising soybean line. *Crop Physiology Journal*, 4(15): 59-70.
13. Kahlon, C.S., B. Li, J. Board, M. Dia, P. Sharma and P. Jat. 2018. Cluster and principle component analysis of soybean grown at various row spacings, planting dates and plant populations. *Open Agriculture*, 3: 110-121.
14. Kaiser, H. 1974. An index of factorial simplicity. *Psychometrika*, 39: 31-36.
15. Kargar, S.M.A., A. Mostafaie, E.M. Hervan and S.S. Pourdard. 2015. Study on genetic variation of 14 soybean cultivars using cluster and factor analysis under water stress and nonstress conditions. *Journal of Biology and Environmental Science*, 6(3): 100-112.
16. Mahbub, M.M., M. Mamunur Rahman, M.S. Hossain, L. Nahar and B.J. Shirazy. 2016. Morphophysiological variation in soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). *American Eurasian Journal of Agricultural and Environmental Sciences*, 16(2): 234-238.
17. Majidian, P., B. Masoudi and H. Sadeghi Garmaroudi. 2019. Preliminary evaluation of imported cultivars and pure lines of soybean (*Glycine Max* L.). based on agronomic traits and resistance to phytophthora rot. *Journal of Crop Breeding*, 11(30): 98-107 (In Persian).
18. Malekmohamadi, Z., H. Sabori, A. Biabani and E. Hezarjaribi. 2016. Study of genetic diversity of soybean (*Glycine max*) using ISSR markers. *Journal of Crop Breeding*, 8(19): 124-133 (In Persian).
19. Masoudi, B., M.R. Bihamta, A. Peighambari and H.R. Babae. 2014. Evaluation of agronomic traits variability in different soybean growth types by using principal component analysis. *Agronomy Journal*, 108: 81-90.
20. Masoudi, B., M.R. Bihamta, H.R. Babae and A. Peighambari. 2009. Factor analysis for morphological and phenological traits in Soybean (*Glycine max* L.). *Iranian Journal of Crop Sciences*, 1(1): 45-57.
21. Montazeri, R., M. Moradkhani, M. Sam Daliri and A.A. Mousavi. 2017. Correlation between morphological new genotype of rice in the west Mazandaran. *Journal of Crop Breeding*, 9(22): 191-199.
22. Oliveira, M.M., L.B. Sousa, M.C. Reis, E.G. Silva Junior, D.B.O. Cardoso, O.T. Hamawaki and A.P.O. Nogueira. 2017. Evaluation of genetic diversity among soybean (*Glycine max*) genotypes using univariate and multivariate analysis. *Genetics and Molecular Research*, 16(2).

23. Peyghambari, S.A., H. Babaei and H. Alipour. 2017. Evaluation of genetic variation and relationships of agronomic traits in soybean genotypes under normal irrigation and water deficit stress. *Applied Research in Field Crops*, 30(3): 82-103.
24. Salimi, S., H.S. Lahiji, G.M. Abadi, S. Salimi and S. Moradi. 2012. Genetic diversity in soybean enotypes under drought stress condition using factor analysis and cluster analysis. *World Applied Sciences Journal*, 16(4): 474-478.
25. Shaahu, A., L.L. Bello and T. Vange. 2014. Field Evaluation of some soybean (*Glycine Max* (L.) Merrill) genotypes at makurdi in the southern guinea savannah ecology of Nigeria. *Journal of Applied Research and Technology*, 3(5): 64-69.
26. Shadakshari, T.V., T. Kalaimagal, N. Senthil, M.B. Boranayaka, R. Kambe Gowda and G. Rajesha. 2011. Genetic diversity studies in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] based on morphological characters. *Asian Journal of Bio Science*, 6(1): 7-11.
27. Talebkhani, M., H.R. Babaei and H. Ali Pour. 2018. Evaluation of tolerance to water deficit stress in diverse soybean genotypes. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 48(4): 933-943.
28. Vianna, V.F., S. H. Unêda-Trevisoli, J. A. Desidério, S. Santiago, K. Charnai, J. Arantes, F. Júnior, A. S. Ferraudo and A.O. Mauro. 2013. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. *African Journal of Agricultural Research*, 8(30): 4162-4169.

Investigation of Morphological and Phonological Diversity of some Imported Soybean (*Glycine max* L.) Cultivars using Principle Component Analysis

Parastoo Majidian¹, Seyed Alireza Dalili², Bahram Masoudi³ and Hamid Sadeghi Garmaroodi⁴

1- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Sari, Iran (Corresponding author: parastoomajidian63@gmail.com)

2- Assistant Professor, Plant Protection Research Department, Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Sari, Iran

3- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Research Department, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

4- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Research Department, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

Received: February 27, 2021 Accepted: April 30, 2021

Abstract

This research was performed to evaluate 124 different soybean genotypes with different maturity type based on augmented design in six blocks with four control cultivars as Telar, Sari, Williams and Sahar at Baye Kola Agricultural Research Station-Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center. In order to perform the project, each genotype was cultivated on 3 meter line with 60 cm planting space between rows and 3-5 cm space between two seeds. The results of principle component analysis showed that 77.072 % of data variation was expressed according to five components. The results of biplot indicated that the most traits related to yield; its components and phonological properties were located in two regions except protein content which could be used for the studied genotypes breeding. In addition, based on clustering results obtained from the related traits to first and second components, the studied soybean genotypes were grouped in two clusters which the first one included genotypes with early maturity, high oil content and low yield components and protein content, while the second cluster consisted of late maturity group, low oil content, high yield component and high protein content. In total, on the basis of diversity existence accompanied by the research objective, it could be used the studied soybean genotypes in further breeding programs.

Keywords: Agronomic traits, Clustering, Ward method



"مقاله پژوهشی"

تجزیه پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های نخود (*Cicer arietinum* L.) با استفاده از روش AMMI

پیام پزشکپور^۱، رحمت اله کریمی‌زاده^۲، امیر میرزایی^۳ و محمد برزعلی^۴

۱- استادیار پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران (نویسنده مسول: papezeshkpour@yahoo.com)

۲- استادیار پژوهش، ایستگاه تحقیقات کشاورزی دیم گچساران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گچساران، ایران

۳- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی ایلام، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ایلام، ایران

۴- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گلستان، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۰۷/۱۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۱/۲۷
صفحه: ۶۰ تا ۷۰

چکیده

به‌منظور بررسی اثر ژنوتیپ، محیط (مکان × سال) و اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط (مکان × سال)، عملکرد دانه ۱۸ ژنوتیپ نخود در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در چهار مکان (خرم‌آباد، گچساران، ایلام و گنبد) طی دو سال زراعی (۹۵-۱۳۹۳) مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج تجزیه واریانس مرکب، معنی‌دار بودن اثر مکان، سال، اثر متقابل مکان × سال، ژنوتیپ، ژنوتیپ × سال، ژنوتیپ × مکان، ژنوتیپ × سال × مکان برای عملکرد دانه را نشان داد. بر اساس نتایج تجزیه واریانس AMMI، مکان و سال منبع اصلی تغییرات بودند، که ۸۶/۱ درصد از مجموع مربعات کل را به‌خود اختصاص داد. نتایج تجزیه واریانس AMMI نیز نشان داد که اثر دو مؤلفه اثر متقابل بر عملکرد دانه معنی‌دار بود. دو مؤلفه اصلی اول مدل AMMI 3/79 درصد از کل واریانس عملکرد را توجیه کردند. نتایج مقادیر پایداری AMMI (ASV) نشان داد که برای عملکرد دانه، ژنوتیپ‌های شماره G16، G4، G6 و G1 کمترین مقدار و در نتیجه بالاترین پایداری عمومی به تمام محیط‌های آزمایش و ژنوتیپ شماره G10 با مقدار ۱۲/۸۹ بیشترین پایداری خصوصی را به مکان چهارم (E4) داشتند. در بین ژنوتیپ‌هایی که دارای کمترین ASV بودند، فقط ژنوتیپ G6 (FLIP01-24C) دارای میانگین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل ژنوتیپ‌ها بود. بر اساس مقادیر دو مؤلفه اصلی اول، ارزش پایداری AMMI(ASV) و شاخص پایداری ژنوتیپ GSI، ژنوتیپ‌های G12، G13 و G6 به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ به‌ترتیب با عملکرد متوسط (۱۴۳۸/۹، ۱۳۶۶/۳ و ۱۴۳۴/۲ کیلوگرم در هکتار) شناخته شد و نزدیک‌ترین ژنوتیپ به ژنوتیپ ایده‌آل بودند.

واژه‌های کلیدی: اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، شاخص پایداری ژنوتیپ (GSI)، نخود

مقدمه

برنامه‌های اصلاح گیاهان زراعی می‌باشند (۱۰،۹). توانایی یک ژنوتیپ به دارا بودن حداقل اثر متقابل در برابر تغییرات محیطی، تحت عنوان پایداری عملکرد ژنوتیپ تعریف شده است (۱۲،۱۱). پایداری عملکرد، یکی از مطلوب‌ترین خصوصیات یک رقم زراعی است که باعث سازگاری آن به اکثر مناطق شده و با عنوان سازگاری عمومی نامیده می‌شود (۲۵). یکی از عوامل مهم اختلاف بین عملکرد بالقوه (پتانسیل) و عملکرد واقعی، عدم پایداری کافی عملکرد است (۹،۲۷).

از طرف دیگر، جهت دستیابی به حداکثر تولید لازم است سازگاری ارقام مورد نظر به بهترین محیط رشد آن‌ها مشخص شوند که این موضوع تحت عنوان سازگاری خصوصی نامیده می‌شود (۶). در سازگاری خصوصی هدف این است که ژنوتیپی به‌دست آید که عملکرد خوبی در یک محیط خاص داشته باشد (۷). باتوجه به اهمیت اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، معمولاً به‌نژادگران، ژنوتیپ‌های واجد شرایط را جهت تعیین سازگاری عمومی و خصوصی آن‌ها در چند محیط مورد ارزیابی قرار می‌دهند. هدف از انتخاب برای سازگاری عمومی، شناسایی ژنوتیپی است که تقریباً در همه محیط‌ها عملکرد خوبی داشته باشد. اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به‌عنوان تغییر نسبی عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف تعریف شده

حبوبات بعد از غلات دومین منبع غذایی انسان به‌شمار می‌روند و در کشور ایران بعد از گندم، اصلی‌ترین ماده غذایی مردم را تشکیل می‌دهند (۲۶). نخود سومین گیاه مهم از گروه حبوبات در جهان و مهم‌ترین آن‌ها در ایران است. سطح زیر کشت نخود در کشور حدود ۶۵۰ هزار هکتار است که از این سطح سالیانه حدود ۳۰۰ هزار تن نخود برداشت می‌شود (۱). کشاورزان نخود کار به ارقامی نیاز دارند که عملکرد بالایی داشته باشند و این خصوصیت مطلوب را در دامنه وسیعی از شرایط محیطی و در خلال سال‌ها حفظ نمایند (۴۰). به‌منظور انتخاب بهترین ژنوتیپ برای محیط خاص و یا تعیین ژنوتیپ‌های پایدار در دامنه‌ای از محیط‌ها، ارقام و لاین‌های نخود در آزمایش‌های ناحیه‌ای ارزیابی شده و عملکرد دانه آن‌ها در سال‌ها و مناطق مختلف مورد مقایسه قرار می‌گیرد. عملکرد ژنوتیپ‌های نخود تا حد زیادی به محیط بستگی دارد. به‌طور کلی ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط عملکرد یک رقم را تعیین می‌کنند (۱۳). با در نظر گرفتن سطح زیر کشت نخود، تنوع شرایط اقلیمی - زراعی مناطق مورد کشت و عکس‌العمل ارقام مختلف در شرایط محیطی متفاوت، معرفی ارقام پرمحصول که سازگاری وسیع داشته باشند حائز اهمیت است. سازگاری و پایداری عملکرد دو مفهوم مهم در

بیان کردند که اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با استفاده از مدل آثار اصلی افزایشی و اثرات متقابل ضرب پذیر (AMMI) در سطح احتمال یک درصد معنی دار بوده و چهار مؤلفه اصلی، ۹۴ درصد از تغییرات اثر متقابل ژنوتیپ در محیط را توجیه کردند.

آزام و همکاران (۴) دوازده ژنوتیپ نخود را برای پایداری عملکرد دانه در شش محیط مختلف در بنگلادش مورد ارزیابی قرار دادند، اثر متقابل ژنوتیپ × محیط بسیار معنی داری برای عملکرد دانه گزارش نمودند و ۱۰/۲۹ درصد تغییرات عملکرد دانه مربوط به ژنوتیپها بود.

افزایش روزافزون نقش حیوانات در امنیت غذایی کشور بسیار مهم است که این موضوع با تولید ارقام پایدار با عملکرد بالا تحقق می یابد. هدف از این تحقیق، ارزیابی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط عملکرد دانه ۱۸ ژنوتیپ نخود از طریق تجزیه AMMI و بررسی الگوی سازگاری و پایداری عملکرد ژنوتیپهای پرمحصول بوده است.

مواد و روشها

در این تحقیق به منظور بررسی پایداری و الگوی سازگاری ژنوتیپها، ۱۷ ژنوتیپ پیشرفته نخود کابلی همراه با رقم آزاد (شاهد) در یک آزمایش مقایسه عملکرد به صورت کشت پاییزه طی دو سال زراعی ۹۵-۱۳۹۳ مورد ارزیابی قرار گرفتند. مناطق اجرای آزمایش شامل خرم آباد، گچساران، ایلام و گنبد بودند. مشخصات جغرافیایی ایستگاههای محل اجرای آزمایش و کد آنها در جدول ۱ و نام، مبدأ و کد ژنوتیپهای نخود مورد بررسی در جدول ۲ ارائه شده است. طرح مورد استفاده در هر آزمایش، بلوکهای کامل تصادفی با سه تکرار بود. هر ژنوتیپ در یک کرت شامل چهار خط به طول چهار متر و فاصله خطوط ۳۰ سانتی متر کشت شد. فاصله بوتهها روی ردیف ۷ سانتی متر بود. میزان بذر در هر ردیف کاشت ۶۰ عدد در نظر گرفته شد (۴۰). عملیات تهیه زمین شامل شخم، دیسک، تسطیح و استفاده از دستگاه فاروئر برای تهیه جوی و پشته به طور معمول انجام شد. کلیه عملیات داشت شامل کوددهی و وجین به صورت یکسان برای همه کرتها انجام شد. برداشت محصول پس از حذف حاشیه شامل دو ردیف کناری و ۲۵ سانتی متر از ابتدا و انتهای هر کرت، از سطحی معادل ۲/۱ مترمربع انجام شد. برای بررسی یکنواختی واریانس خطای آزمایشها، آزمون بارتلت انجام شد، سپس با ثابت در نظر گرفتن اثر ژنوتیپ و تصادفی در نظر گرفتن اثر محیط، تجزیه واریانس مرکب صورت گرفت. محاسبات آماری شامل تجزیه واریانس مرکب، تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به روش AMMI و تعیین ارزش پایداری ژنوتیپ (۱۵، ۳۷) بودند. تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به روش AMMI با استفاده از رابطه زیر برآورد شد:

$$Y_{ger} = \mu + \sigma_g + \beta_e + \sum \lambda_n y_{gn} \delta_{en} + P_{ge} + \varepsilon_{ger}$$

Y_{ger} : عملکرد ژنوتیپ گام در محیط μ و تکرار α ، σ_g : میانگین کل، σ_e : اثر اصلی ژنوتیپ، β_e : اثر اصلی محیط، λ_n : مقدار منفرد برای محور مؤلفه اصلی، α_n : که برابر با مقدار ویژه مربوط به همان مؤلفه اصلی است، n : تعداد محورهای

است که به عنوان یک چالش برای به نژادگران محسوب می شود، زیرا انتخاب ژنوتیپهای برتر را مشکل ساخته و باعث کاهش پیشرفت ژنتیکی می شود (۹).

اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با استفاده از چندین روش اندازه گیری می شود که اساس همه آنها ارزیابی ژنوتیپها در چند محیط هست. آزمایشهای چند محیطی گیاهان زراعی، نقش مهمی در ارزیابی ژنوتیپها در بسیاری از مراحل برنامه های اصلاح و معرفی ارقام جدید دارند. متداول ترین روش تجزیه آزمایشهای چند محیطی مبتنی بر فرض یکنواختی واریانس خطا در همه محیطهای مورد آزمایش است، اما اغلب این موضوع در عمل اتفاق نمی افتد و می تواند صحت ارزیابی ژنوتیپها را محدود نماید. پر واضح است که در چنین آزمایشهایی، به علت اختلاف عملکرد ژنوتیپها در محیطها، واریانس اثر متقابل ژنوتیپ × محیط تغییر کرده و واریانس باقیمانده در محیطها به علت تفاوت در شرایط طبیعی (خاک، آب و هوا) و همچنین عملیات اجرایی در محیطهای مختلف تغییر می کند (۲۱). بکر و لئون (۵) اظهار داشتند که پایداری عملکرد یک ژنوتیپ ارتباط مستقیمی با اثر متقابل ژنوتیپ × محیط داشته و یک ژنوتیپ موفق باید عملکرد و پایداری بالایی در دامنه وسیعی از شرایط محیطی داشته باشد. در صورت وجود اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، لازم است ژنوتیپهای پایدار با عملکرد نسبتاً ثابت در دامنه ای از محیطها شناسایی شوند. تعیین پایداری و سازگاری ژنوتیپها توسط محققان مورد مطالعه قرار گرفته است (۲۱، ۲۲، ۱۴).

در میان روشهای آماری، تجزیه پایداری به روش AMMI (Additive main effect and multiplication interaction) در مطالعات بسیاری مورد استفاده قرار گرفته است. در مدل AMMI، ضریب رگرسیون و واریانس محیطی، قابل اعتمادترین ابزار برای محاسبه پایداری و سازگاری ژنوتیپها گزارش شده اند (۱۷). در مدل AMMI، مؤلفه های افزایشی برای اثرات اصلی (ژنوتیپ و محیط) و مؤلفه های ضرب پذیر برای اثر متقابل ژنوتیپ × محیط ترکیب می شوند (۳۳). این مؤلفه های اصلی اثر متقابل، برای تفسیر کارایی عملکرد و پایداری ژنوتیپهای ارزیابی شده در محیطهای مختلف استفاده می شوند (۷). یکی از خروجیهای تجزیه AMMI، بای پلاتهایی است که اطلاعاتی درباره اثرات اصلی و متقابل ارائه داده و همچنین اطلاعات مفیدی درباره شباهت مکانها برای پاسخ سازگاری ژنوتیپ ارائه می دهند. اطلاعات بای پلاتهای AMMI امکان بررسی بصری ارتباطات بین محیطها، ژنوتیپهای مورد آزمون و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط را فراهم می کند. در بای پلات، ژنوتیپها به صورت مربع و مکانها به شکل بردار نشان داده شده اند. زاویه بین دو بردار مکانی، میزان همبستگی دو مکان را نشان می دهد. هر چه زاویه بین دو مکان کمتر باشد، دو مکان همبستگی بیشتر داشته و نقش مشابهی در گزینش ژنوتیپها دارند. زاویه ۹۰ درجه بین دو بردار مکانی عدم همبستگی دو مکان و زاویه بیشتر از آن نقش متضاد دو مکان در تعیین ژنوتیپ سازگار را نشان می دهد (۳۸). زالی و همکاران (۴۰) با بررسی ۱۷ ژنوتیپ نخود در پنج ایستگاه تحقیقات کشاورزی

ج- تعیین شاخص پایداری ژنوتیپ (GSI) (۳۵،۲۴)
 $GSI_i = RASVi + RYi$

GSI_i: شاخص پایداری ژنوتیپ آم در محیطها، رتبه ژنوتیپ آم در محیطها براساس ASV و RY_i: رتبه ژنوتیپ آم در محیطها براساس میانگین عملکرد هستند.
 تجزیه آماری داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار SAS 9.1 و CROPSTAT انجام شد.

PCA باقیمانده در مدل AMMI، Ygn: بردار ویژه ژنوتیپ gam از n مولفه اصلی اثر متقابل (IPCA): δ_{en} : بردار ویژه محیط gam از n مولفه اصلی اثر متقابل، Pge: نویز و ϵ_{aer} : خطای آزمایش هستند.

تعیین ارزش پایداری امی (ASV) با استفاده از رابطه (۱۹) زیر برآورد گردید:

$$ASV = \sqrt{\left[\frac{s_1}{s_{G \times t}} \times n_{1s} \right]^2 + \left[\frac{s_2}{s_{G \times t}} \times n_{2s} \right]^2 + \left[\frac{s_3}{s_{G \times t}} \times n_{3s} \right]^2}$$

جدول ۱- اطلاعات آب‌وهوایی و مشخصات ایستگاه‌های محل اجرای آزمایش (۱۳۹۳-۹۵)
 Table 1. Meteorological and geographical information of experimental locations (2014-2016)

بارندگی (mm)	میانگین دمای ماهانه (°C)	کد	سال زراعی	ارتفاع از سطح دریا (متر)	طول و عرض جغرافیایی (درجه- دقیقه)	محیط
۳۲۶/۳	۱۳/۸	E1	۹۴-۱۳۹۳	۱۱۷۰	37° 28' N	خرم‌آباد
۷۴۳/۴	۱۳/۲	E2	۹۵-۱۳۹۴	۱۱۷۰	48° 21' E	خرم‌آباد
۳۲۵/۸	۱۴/۷	E3	۹۴-۱۳۹۳	۹۷۰	33° 38' N	ایلام
۷۳۷/۸	۱۷/۷	E4	۹۵-۱۳۹۴	۹۷۰	46° 24' E	ایلام
۳۵۱/۶	۲۰	E5	۹۴-۱۳۹۳	۷۲۲	30° 21' N	گچساران
۲۹۰/۱	۱۵/۵	E6	۹۵-۱۳۹۴	۷۲۲	50° 48' E	گچساران
۳۷۹/۴	۱۵/۵	E7	۹۴-۱۳۹۳	۵۲	37° 17' N	گنبد
۵۲۱/۵	۱۶/۶	E8	۹۵-۱۳۹۴	۵۲	55° 18' E	گنبد

جدول ۲- نام، مبدأ* و کد ژنوتیپ‌های نخود مورد مطالعه

Table 2. Name, origin and code of the chickpea genotypes

وزن صد دانه (گرم)	تعداد روز تا رسیدگی	تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	کد	نام ژنوتیپ
۲۸/۵	۱۵۱	۱۲۳	۵۱/۷	G1	FLIP03-63C
۲۸	۱۵۱	۱۲۲	۵۳/۵	G2	FLIP03-87C
۲۶/۵	۱۵۱	۱۲۳	۵۲/۴	G3	FLIP05-16C
۲۹/۶	۱۵۰	۱۲۳	۵۰/۳	G4	FLIP03-123C
۲۸/۲	۱۵۱	۱۲۳	۵۳/۱	G5	FLIP03-145C
۳۲/۵	۱۵۰	۱۲۱	۴۸/۵	G6	FLIP01-24C
۳۰/۳	۱۵۰	۱۲۲	۵۲/۵	G7	FLIP05-183C
۳۱/۱	۱۵۲	۱۲۲	۵۳/۵	G8	FLIP05-19C
۳۱/۱	۱۵۱	۱۲۲	۵۵/۵	G9	FLIP05-18C
۳۲/۳	۱۵۱	۱۲۲	۵۶/۴	G10	FLIP07-21C
۳۲/۴	۱۵۰	۱۲۱	۵۱/۸	G11	FLIP07-31C
۳۰/۸	۱۵۳	۱۲۳	۵۲/۲	G12	FLIP07-32C
۳۰/۴	۱۵۱	۱۲۱	۵۰	G13	FLIP07-91C
۲۹/۷	۱۵۱	۱۲۲	۵۵/۱	G14	FLIP08-12C
۳۰/۲	۱۵۱	۱۲۳	۵۱/۹	G15	FLIP08-23C
۲۸/۵	۱۵۱	۱۲۲	۵۴/۵	G16	FLIP01-52C
۲۹/۳	۱۵۲	۱۲۰	۵۱/۳	G17	FLIP88-85C
۳۰/۱	۱۵۳	۱۲۱	۵۲/۲	G18	Azad

* مبدأ کلیه ژنوتیپ‌ها مرکز تحقیقات بین‌المللی مناطق خشک (ایکاردا) می‌باشد

نتایج و بحث

واریانس عملکرد دانه روی داده‌های میانگین دوساله ۴ منطقه با ۱۸ ژنوتیپ نخود کابلی نشان داد که اثر مکان بسیار معنی‌دار بود ($p < 0.001$). اثر متقابل ژنوتیپ × مکان و ژنوتیپ × سال نیز در سطح احتمال ۰/۰۱ معنی‌دار بود. بین ژنوتیپ‌های نخود تفاوت بسیار معنی‌داری از لحاظ عملکرد دانه مشاهده شد. اثرهای متقابل سال × مکان، ژنوتیپ × سال × مکان ژنوتیپ در مکان نیز معنی‌دار بودند (جدول ۳). معنی‌دار بودن اثر متقابل ژنوتیپ × محیط نشان می‌دهد که بیان فنوتیپی یک ژنوتیپ نسبت به ژنوتیپ دیگر در یک محیط برتر بوده، اما در محیطی دیگر نامطلوب است (۳۴). تفاوت بین سال‌ها می‌تواند ناشی از یکسان نبودن عوامل جوی همچون میزان بارندگی، پراکنش آن در سال‌ها و توزیع متوازن بارندگی ماهیانه در دوره‌های مختلف رشدی گیاه،

در این پژوهش اثر محیط بیشترین سهم را در توجیه مجموع مربعات کل به‌خود اختصاص داد که این موضوع نشان‌دهنده دامنه وسیع‌تر اثرات اصلی محیط نسبت به اثرات اصلی ژنوتیپ بود. ابتدا تجزیه واریانس ساده (داده‌ها نشان داده نشده است) برای هر محیط انجام و آزمون بارتلت برای بررسی همگن بودن واریانس‌های خطای آزمایش‌ها نیز انجام شد. با انجام آزمون بارتلت روی داده‌های ۸ محیط، فرض همگنی واریانس خطای آزمایش مورد تأیید قرار گرفت ($\chi^2 = 7/18^{ns}$). مقادیر محاسبه‌شده برای چولگی (۱/۵۴)، کشیدگی (۲/۴۹) و عدم معنی‌ار بودن سطح احتمال $< 0/06$ بر اساس آزمون کولموگروف-اسمیرنوف (۲۳،۲۳) نشان‌دهنده نرمال بودن توزیع داده‌ها هست. نتایج تجزیه

ژنوتیپ‌ها (کمبود آب، تنش دمایی و حاصلخیزی کم خاک) را منعکس می‌کند (۳۱).

از میانگین داده‌های دو سال در هر مکان استفاده شد تا به تجزیه و تحلیل اثر متقابل ژنوتیپ × مکان با استفاده از تجزیه AMMI و همچنین سایر آماره‌های پایداری برای تعیین پایدارترین ژنوتیپ‌ها در مکان‌های مورد آزمایش پرداخته شود. نتایج تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط نشان داد که اثر محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای عملکرد دانه معنی‌دار بود. ژنوتیپ‌های نخود از نظر عملکرد دانه تفاوت معنی‌داری نداشتند (جدول ۴). سهم اثرهای اصلی برای مکان، ژنوتیپ و همچنین اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای عملکرد دانه به ترتیب ۸۷/۷، ۰/۶۵ و ۱۱/۶۴ درصد از مجموع مربعات کل بود و مؤلفه اصلی باقی‌مانده در مدل ۸/۰۳ درصد از مجموع مربعات اثر متقابل را بیان کردند. بالا بودن سهم مکان نشان‌دهنده تنوع زیاد بین مکان‌ها است. در تجزیه مدل AMMI چهار مؤلفه اصلی اول برای صفت عملکرد دانه معنی‌دار بودند و به ترتیب ۶۰/۷، ۱۸/۶، ۶/۷ و ۵/۹۷ درصد برای عملکرد دانه از مجموع اثر متقابل ژنوتیپ × محیط را به خود اختصاص دادند. این موضوع نشان می‌دهد که پاسخ‌های متفاوت عملکرد دانه ژنوتیپ‌های نخود در محیط‌های مورد آزمون که به علت اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، بوده است، بنابراین به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌های نخود با سازگاری خصوصی یا نسبتاً عمومی، ارزیابی بزرگ‌نمایی و الگوهای اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، اهمیت زیادی در محیط‌های مورد آزمون دارد. مجموع سهم دو مؤلفه اول اثر متقابل برای عملکرد دانه ۷۹/۳ درصد از مجموع مربعات اثر متقابل ژنوتیپ × مکان را توجیه کرد. این موضوع نشانگر آن است که دو مؤلفه اول و دوم بیش از دوسوم اثر متقابل ژنوتیپ × محیط را تفسیر می‌کند و مؤلفه‌های بیشتر اهمیت زیادی ندارند.

با استفاده از این دو مؤلفه اول سهم هر ژنوتیپ در برهم‌کنش مشخص شد. به طوری که هرچه سهم ژنوتیپ از برهم‌کنش کمتر باشد، نشان‌دهنده پایداری بیشتر آن ژنوتیپ است. بعضی از محققان اظهار نمودند که بهترین مدل، مدلی است که فقط دو مؤلفه اصلی اول معنی‌دار شوند و سایر مؤلفه‌ها واریانس کمی را به خود اختصاص داده باشند (۲۵). گائوچ و زوبل (۱۶) در ارزیابی هفت ژنوتیپ سویا در ۳۵ محیط از چهار مدل تجزیه واریانس، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، رگرسیون خطی و AMMI استفاده کردند. در روش تجزیه واریانس اثر متقابل ژنوتیپ × محیط بسیار معنی‌دار گردید. در روش مؤلفه‌های اصلی دو مؤلفه اول معنی‌دار بودند. بر اساس عملکرد دانه مؤلفه اصلی اول مقدار زیادی از تغییرات اثر متقابل (۶۰/۷ درصد) را توجیه کرد. مؤلفه دوم نیز حدود ۱۸/۶ درصد تغییرات مشاهده‌شده را توجیه کرد، بنابراین به نظر می‌رسد که پارامترهایی که بر اساس یک یا دو مؤلفه اصلی اول باشند، نتایج معتبر و قابل‌اطمینانی را ایجاد می‌نمایند (۲۹، ۳۰). متوسط عملکرد دانه ژنوتیپ‌های نخود در هر محیط از ۷۴۲/۹ کیلوگرم در هکتار در محیط E3 (ایلام

حداقل و حداکثر درجه حرارت هوا و خاک، مقدار پوشش برفی در مناطق و ... می‌باشد. اثر معنی‌دار مکان نیز می‌تواند به دلیل عواملی همچون خواص فیزیکی و شیمیایی خاک مناطق، طول و عرض جغرافیایی، ارتفاع از سطح دریا و ... باشد. اثر متقابل معنی‌دار ژنوتیپ × سال ناشی از آن است که ژنوتیپ‌ها در سال‌های مختلف واکنش متفاوتی داشته‌اند. اثر معنی‌دار برهم‌کنش ژنوتیپ × سال × مکان نشان‌دهنده اختلاف بین عملکرد ژنوتیپ‌ها از محیطی به محیط دیگر و وجود نوسان در عملکرد دانه است که نیاز به ارزیابی ژنوتیپ‌ها در محیط‌های گوناگون را برای شناسایی سازگاری عمومی و خصوصی نشان می‌دهد. به نظر می‌رسد که در برهم‌کنش معنی‌دار ژنوتیپ × سال × مکان، افزون بر تفاوت ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها، واکنش‌های متفاوت آن‌ها به عوامل جغرافیایی و اقلیمی هم موثر بوده است. برهم‌کنش معنی‌دار ژنوتیپ × سال × مکان همچنین نشانه‌ای از تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مورد بررسی، مکان‌های آزمایشی و سال‌هاست، پس امکان بهره‌گیری از تجزیه پایداری وجود دارد و می‌توان ژنوتیپ‌های سازگار به نواحی ویژه و یا کل محیط‌ها را شناسایی کرد. با مقایسه داده‌های بارندگی و متوسط درجه حرارت در زمان آزمایش و داده‌های درازمدت، به نظر می‌رسد که بیشترین میزان کاهش عملکرد ناشی از کاهش بارندگی و افزایش درجه حرارت و به عبارتی عوامل ناشی از تغییرات تصادفی سال می‌باشد. این نتیجه در برهم‌کنش معنی‌دار ژنوتیپ × سال نیز دیده می‌شود.

گزارش شده است که اثر متقابل بالای ژنوتیپ × محیط سرعت روند انتخاب را کاهش می‌دهد و توصیه‌های ژنوتیپی را مشکل می‌سازد (۸). در این پژوهش، اثر محیط بیشترین سهم را در توجیه مجموع مربعات کل به خود اختصاص داد که این موضوع نشان‌دهنده دامنه وسیع‌تر اثرات اصلی محیط نسبت به اثرات اصلی ژنوتیپ بود.

اسفاو و همکاران (۳) نیز با ارزیابی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط روی ۱۶ ژنوتیپ لوبیا قرمز در ۱۸ محیط، بخش عمده تنوع کل را به محیط نسبت دادند. نتایج سایر تحقیقات روی نخود اهمیت محیط را در محاسبه درصد بیشتر مجموع مربعات کل نسبت به اثرات ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط نشان دادند (۵، ۳۹). متوسط عملکرد دانه هر ژنوتیپ در محیط، از ۱۵۰۹/۶ تا ۱۲۶۶/۲ کیلوگرم در هکتار به ترتیب برای ژنوتیپ‌های FLIP03-87C)G₂ و G₁₃ (FLIP07-91C) متفاوت بود. متوسط عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف ۱۳۸۴/۴۸ کیلوگرم در هکتار بود. و عملکرد دانه رقم شاهد (آزاد) ۱۴۴۷/۹ کیلوگرم در هکتار بود. برای بیشتر ژنوتیپ‌ها محیط‌های E₁ و E₂ منجر به عملکرد دانه بیشتری نسبت به سایر محیط‌ها شدند. این موضوع ممکن است با شرایط بهتر رشد مرتبط باشد. محیط‌های E₅ و E₆ کمترین عملکرد دانه را در مقایسه با سایر محیط‌ها داشتند. طبقه‌بندی محیط‌ها به محیط‌های مطلوب و نامطلوب بر اساس عملکرد دانه‌های نخود، حساسیت ژنوتیپ‌ها به تنش‌های زنده (آفات و بیماری‌ها) و تنش‌های غیرزنده

اثر متقابل می‌شود، منطقی‌تر به نظر برسد. این موضوع زمانی که سهم مؤلفه اول و دوم از تغییرات اثر متقابل پائین باشد، مشهودتر و ضروری‌تر است. نتایج مقادیر پایداری AMMI (ASV) نشان داد که برای عملکرد دانه، ژنوتیپ‌های شماره G16، G4، G6 و G1 کمترین مقدار و در نتیجه بالاترین پایداری عمومی به تمام محیط‌های آزمایش و ژنوتیپ شماره G10 با مقدار ۱۲/۸ بیشترین سازگاری خصوصی را به محیط چهارم (E₄) داشتند. در بین ژنوتیپ‌هایی که دارای کمترین ASV بودند، فقط ژنوتیپ G6 دارای میانگین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل ژنوتیپ‌ها بود (جدول ۶).

نتایج حاصل از آماره‌های ASV کاملاً در نمودارهای AMMI₂ (شکل ۱) مورد تأکید قرار گرفت. از شاخص پایداری ژنوتیپ (GSI) نیز برای ارزیابی هم‌زمان پایداری و عملکرد بالای ژنوتیپ‌های نخود استفاده شد. بر اساس GSI، ژنوتیپ‌های نخود به‌طور هم‌زمان بر اساس پایداری و عملکرد بالا انتخاب می‌شوند. ژنوتیپ با کمترین مقدار GSI به‌عنوان ژنوتیپی با عملکرد بالا و پایدار شناخته می‌شود، بنابراین ژنوتیپ شماره ۶ با میزان GSI Rank متوسط (GSI= ۹) به‌عنوان بهترین ژنوتیپ از نظر عملکرد دانه و پایداری شناخته شد (جدول ۵ و شکل‌های ۱ و ۳).

سال اول) تا ۲۹۱۱/۵ (خرم‌آباد، سال دوم) متغیر بود (جدول ۵). در جدول ۵ میانگین عملکرد دانه و مقادیر آماره‌های پایداری هر ژنوتیپ نشان داده شده است. ضریب مؤلفه اصلی اول (IPCA₁) و ضریب مؤلفه اصلی دوم (IPCA₂) به‌عنوان پارامترهای پایداری روش چندمتغیره AMMI مورد استفاده قرار می‌گیرند، به طوری که کمترین مقدار (مثبت یا منفی) پایدارترین ژنوتیپ را معرفی می‌کند (۲۰). ژنوتیپ‌های دارای مقادیر اولین مؤلفه اصلی (IPCA₁) بیشتر (مثبت یا منفی) اثر متقابل بالایی با محیط دارند، درحالی که ژنوتیپ‌ها و محیط‌های دارای مقادیر اولین مؤلفه اصلی نزدیک به صفر دارای اثر متقابل پائین هستند، بنابراین ژنوتیپ‌های شماره G11، G13، G16، G8، G7، G3، G6، G4 و G2 دارای کمترین IPCA₁ بودند، ولی فقط میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های شماره G2 و G6 مناسب و بیشتر از میانگین کل است، بنابراین به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار با پایداری عمومی بالا معرفی می‌شوند (جدول ۵). وجود تفاوت در ارقام پایدار انتخابی با استفاده از ضرایب مؤلفه اول یا دوم و مشکل بودن انتخاب، بر این نکته تأکید دارد که استفاده از آمار ASV (AMMI stability value) با توجه به تلفیق دو مؤلفه اصلی اول و دوم که منجر به توجیه بخش قابل توجهی از تغییرات

جدول ۳- تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه ژنوتیپ‌های نخود ارزیابی شده در هشت محیط

Table 3. Combined analysis of variance for seed yield chickpea genotypes evaluated in eight environments

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات عملکرد دانه
منطقه	۳	۴۳۱۸۱۹۸۲/۶۱**
سال	۱	۲۸۷۲۵۴۱۳/۷**
منطقه × سال	۳	۸۱۴۴۷۱۹/۱۳**
خطای محیط (سال × منطقه/تکرار)	۱۶	۲۷۳۱۸۷/۳۱
ژنوتیپ	۱۷	۸۰۵۸۵/۲۴**
ژنوتیپ × سال	۵۱	۲۱۶۵۲۳/۴۱**
ژنوتیپ × منطقه	۱۷	۳۳۶۷۳۷/۴۵**
ژنوتیپ × سال × منطقه	۳۲۳	۱۶۷۰۲۰/۶**
خطای آزمایشی	۳۲۳	۸۹۷۶۸/۱۸
کل	۴۳۱	-

** معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪

جدول ۴- نتایج تجزیه واریانس مدل AMMI برای عملکرد دانه ۱۸ ژنوتیپ نخود

Table 4. Anova of AMMI model for seed yield for 18 chickpea genotypes grown across eight environments

منابع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	درصد نسبت به مجموع مربعات کل	درصد نسبت به اثر متقابل محیط × ژنوتیپ
ژنوتیپ	۱۷	۴۵۶۶۵۰	۲۶۸۶۱/۷ ^{ns}	۰/۶۵	
محیط	۷	۶۰۹۰۱۸۰۰	۸۷۰۰۲۶ ^{ns}	۸۷/۷	
اثر متقابل	۱۱۹	۸۰۹۰۳۵۰	۶۷۹۸۶/۱ ^{**}	۱۱/۶۴	
مؤلفه اول	۲۳	۴۹۱۶۵۱۰	۲۱۳۷۶۱ ^{**}		۶۰/۷
مؤلفه دوم	۲۱	۱۵۰۹۶۴۰	۷۱۸۸۷/۶ ^{**}		۱۸/۶
مؤلفه سوم	۱۹	۵۴۲۹۰۰	۲۸۵۷۳/۷ ^{ns}		۶/۷
مؤلفه چهارم	۱۷	۴۸۳۵۱۱	۲۸۴۴۲/۲ ^{ns}		۵/۹
باقیمانده	۳۹	۶۳۷۷۷۷			
اشتباه	۱۴۳	۶۹۴۴۸۰۰			

ns و **: به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪

جدول ۵- رتبه‌بندی ۱۸ ژنوتیپ نخود بر اساس میانگین عملکرد دانه و نمرات IPCA و شاخص انتخاب ژنوتیپ (GSI) در هشت محیط
Table 5. Ranking of chickpea genotypes by mean performance, IPCA1 scores and genotype selection index (GSI) across eight environments

کد ژنوتیپ	IPCA1	IPCA2	ASV	عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)	Mean rank	Rank ASV	GSI	GSI rank	CV (%)
G1	-۷/۰۲	۳/۵۵	۴/۳۴	۱۳۱۹/۸	۳	۵	۸	۳	۴۲/۷
G2	-۱۰/۵۷	-۳/۹۳	۶/۲۹	۱۵۰۹/۴	۱۸	۱۱	۲۹	۱۴	۴۰/۳
G3	۷/۲	-۷/۹۹	۴/۴۴	۱۳۱۴/۶	۲	۶	۸	۴	۵۸/۸
G4	-۴/۱۵	-۴/۱۸	۲/۵۸	۱۳۴۱/۲	۴	۳	۷	۲	۵۱/۱
G5	-۸/۳۸	-۲/۹۵	۵/۰۹	۱۴۱۹/۴	۱۳	۷	۲۰	۱۱	۴۴/۱
G6	-۵/۷۸	۰/۸۱	۴/۲۵	۱۴۳۴/۲	۱۵	۴	۱۹	۹	۳۷/۳
G7	۸/۳۷	-۱۲/۸۷	۵/۲۲	۱۳۵۴/۵	۵	۱۰	۱۵	۱۵	۵۹/۹
G8	۸/۹	-۶/۲۹	۵/۴۹	۱۳۵۷/۱	۷	۸	۱۵	۷	۵۲/۱
G9	-۹/۱	-۴/۷۷	۶/۰۹	۱۳۸۷/۱	۱۰	۹	۱۹	۱۰	۸۷/۶
G10	-۲۱/۱۶	۱۳/۷۳	۱۲/۸۹	۱۴۰۴/۲	۱۱	۱۸	۲۹	۱۵	۹۲/۳
G11	۱/۵۲	-۴/۴۶	۱۲/۸۶	۱۳۶۷/۸	۸	۲	۱۰	۵	۸۷/۱
G12	۱۵/۹۴	۱/۵۹	۱۲/۸۶	۱۴۳۸/۹	۱۶	۱۴	۳۰	۱۶	۸۷/۶
G13	۱/۷۱	۱/۳۴	۱۲/۸۷	۱۲۶۶/۳	۱	۱	۲	۱	۸۷
G14	-۱۸/۶۱	-۲/۵۷	۱۱/۳۴	۱۴۱۲/۳	۱۲	۱۵	۲۷	۱۳	۸۸/۹
G15	۲۰/۱۲	۴/۲۱	۱۲/۲۸	۱۴۲۳/۶	۱۴	۱۶	۳۰	۱۷	۸۸/۶
G16	۰/۷۵	-۵/۸۵	۱/۱۹	۱۳۷۲/۹	۹	۱۷	۲۶	۱۲	۸۷/۱
G17	۷/۸۱	۲۳/۷۹	۴/۹۱	۱۳۵۵/۳	۶	۱۲	۱۸	۸	۸۹/۲
G18	۱۱/۹۲	۶/۷۸	۷/۲۴	۱۴۴۷/۹	۱۷	۱۳	۳۰	۱۸	۸۷/۸

IPCA1: ضریب مؤلفه اول، IPCA2: ضریب مؤلفه دوم ASV: آماره پایداری امی AMMI، Mean rank: رتبه عملکرد، Rank ASV: رتبه آماره پایداری امی، GSI: شاخص پایداری ژنوتیپ، GSI rank: رتبه شاخص پایداری ژنوتیپ، CV (%): درصد ضریب تغییرات

جدول ۶- میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های نخود و مقادیر مؤلفه‌های اصلی اثر متقابل ۸ محیط
Table 6. Mean of seed yield chickpea genotypes and interaction main component scores for 8 environments

IPCAE ₂	IPCAE ₁	عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)	محیط	نام محیط و سال اجرا
۰/۱۳	۷/۰۷	۱۷۴۷/۳	E1	خرم‌آباد سال اول (۹۳-۹۴)
۲۹/۱	۱۳	۲۹۱۱/۵	E2	خرم‌آباد سال دوم (۹۴-۹۵)
۱/۱۴	۴/۵	۷۴۲/۹	E3	ایلام سال اول (۹۳-۹۴)
۲/۲۸	-۴/۱۳	۱۵۲۰/۱	E4	ایلام سال دوم (۹۴-۹۵)
۵/۳۴	۷/۵	۹۴۹	E5	گچساران سال اول (۹۳-۹۴)
۱/۴۸	-۷/۹	۱۰۴۴/۸	E6	گچساران سال دوم (۹۴-۹۵)
۱۲/۸۳	۸/۴	۱۰۶۷/۵	E7	گنبد سال اول (۹۳-۹۴)
۱۳/۴	۸/۷	۱۰۹۲/۴	E8	گنبد سال دوم (۹۴-۹۵)

IPCAE₁: مؤلفه اصلی اول محیط، IPCAE₂: مؤلفه اصلی دوم محیط

یا محیطها تعریف شده است و از دو دیدگاه مختلف مورد بررسی قرار می‌گیرد: ۱- پایداری استاتیک یا مفهوم بیولوژیکی که به عدم پاسخ ژنوتیپ به هر تغییر محیطی اشاره دارد ۲- پایداری دینامیک یا مفهوم آگرونومیک که به این واقعیت برمی‌گردد که ژنوتیپ به‌طور قابل پیش‌بینی به شرایط رشدی مناسب پاسخ خواهد داد (۲۸). معمولاً مفهوم استاتیک پایداری مربوط به ژنوتیپ‌های با عملکرد پایین است (۵) درحالی‌که مفهوم آگرونومیک باید با پتانسیل عملکرد خوب تکمیل گردد تا این اطمینان حاصل شود که برتری یک ژنوتیپ تحت دامنه وسیعی از محیطها، عملیات مدیریتی و تنش‌های زنده و غیرزنده پایدار می‌ماند (۳۲).

در شکل ۲ نمودار AMMI بر اساس میانگین عملکرد ژنوتیپ‌ها یا مکان‌ها و مقادیر مؤلفه‌های اصلی اول برای صفت عملکرد دانه ارائه شده است. در این نمودار (شکل ۲) ژنوتیپی که از نظر عملکرد (محور افقی) مقدار بیش‌تر و از نظر اولین مؤلفه اثر متقابل (محور عمودی) مقدار کمتری (نزدیک به صفر) داشته باشد، ژنوتیپ مطلوب‌تری خواهد بود، زیرا این ژنوتیپ هم عملکرد بالایی دارد و هم پایدار است (شکل ۲ و جدول ۵).

هرچه نمرات IPCA به صفر نزدیک‌تر باشد نشان‌دهنده پایداری بیشتر ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مورد آزمون است. از این‌رو، در نمودار بای‌پلات ژنوتیپ‌هایی که در مرکز بای‌پلات قرار دارند از پایداری عمومی برخوردار هستند و برای کشت در اکثر محیطها توصیه می‌شوند و ژنوتیپ‌هایی که دور از مرکز بای‌پلات پراکنش یافته‌اند دارای پایداری خصوصی می‌باشند.

آماره ضریب تغییرات ژنوتیپی (CV_i) نشان می‌دهد که جدا از مقدار میانگین، کدام ژنوتیپ کمترین تغییرات را در بین محیطها دارد. از این نظر ژنوتیپ شماره G6 با مقدار ۳۷/۳۸ درصد کمترین تغییرات عملکرد دانه را در بین محیطها داشت و دارای عملکرد دانه بالاتر از میانگین کلی ژنوتیپ‌ها (۱۳۸۴/۴ کیلوگرم در هکتار) بود. به‌نظر می‌رسد این ژنوتیپ (G6) واکنش خوبی به بهبود شرایط محیطی نشان دهد. میانگین عملکرد دانه این ژنوتیپ در محیط دوم ۲۹۲۴ کیلوگرم در هکتار بود و حداکثر عملکرد دانه تولیدی این ژنوتیپ ۳۵۸۳/۳ کیلوگرم در هکتار و دامنه آن ۳۱۶۰/۸ کیلوگرم در هکتار بود. به‌عبارت‌دیگر این ژنوتیپ از پایداری بیولوژیکی نسبتاً خوب با نوسان عملکرد پایین برخوردار بود. معمولاً پایداری به‌عنوان عملکرد غیرقابل تغییر در سال‌ها و

هرچه زاویه بین دو مکان کمتر باشد، دو محیط همبستگی بیشتر داشته و نقش مشابهی در گزینش ژنوتیپ‌ها دارند. زاویه ۹۰ درجه بین دو بردار مکانی عدم همبستگی دو محیط و زاویه بیشتر از آن نقش متضاد دو محیط در تعیین ژنوتیپ سازگار را نشان می‌دهد (۳۶،۳۸). همچنین برای انتخاب مکان‌های مناسب که ژنوتیپ‌ها را بهتر از یکدیگر تفکیک کنند، محیط‌ها باید مقادیر IPCA1 بالا و IPCA2 کم داشته باشند (۴۰). بر این اساس محیط‌های E1، E3، E4 و E6 بیشترین نقش را در تفکیک ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه بالا از یکدیگر داشتند (جدول ۶). همان‌طور که در شکل ۱ مشخص است محیط‌های E4 و E6 نقش مشابهی در تفکیک ژنوتیپ‌های G6 و G4 داشته‌اند. زاویه باز این محیط‌ها با محیط E2 که ژنوتیپ شماره G7 را تفکیک کرد، نشان‌دهنده واکنش متفاوت محیط E2 در اثر متقابل ژنوتیپ × مکان است. برترین ژنوتیپ‌ها برای محیط‌های E5، E2 و E4 به ترتیب شامل ژنوتیپ‌های شماره G13، G11 و G14 بودند. محیط‌های با تنوع بالا (قابلیت تمایز بیشتر) شامل E2 و E4 و مکان دارای کمترین تنوع (کمترین قدرت تمایز) E3 بودند. در هر محیط آزمایشی بر اساس بالاترین مقادیر میانگین ژنوتیپ‌های برتر معرفی شد. بر این مبنای ژنوتیپ‌های G12 و G16 از نظر عملکرد دانه، بیشترین مقدار را به‌عنوان برترین ژنوتیپ نخود در تمام محیط‌ها داشت.

در مجموع نتایج نشان‌داد که مدل AMMI با بررسی اثر متقابل ژنوتیپ در محیط برای گیاه نخود قادر به تفکیک محیط‌ها به گروه‌های متفاوت بود. به‌طوری‌که هر گروه قادر به شناسایی ژنوتیپ‌های برتر خود بود. شرایط محیطی نقش‌های مختلفی در تخصیص ژنوتیپ مناسب آن محیط ایفا می‌کند و انتخاب مناسب بر مبنای ژنوتیپ پایدار در محیط‌های مختلف با عملکرد بالا نقش مهمی در پیشبرد اهداف اصلاحی نخود در آینده دارند. در این مطالعه نتایج ارزش پایداری امی (ASV)، GSI و نمودار بای‌پلات با یکدیگر مطابقت داشتند.

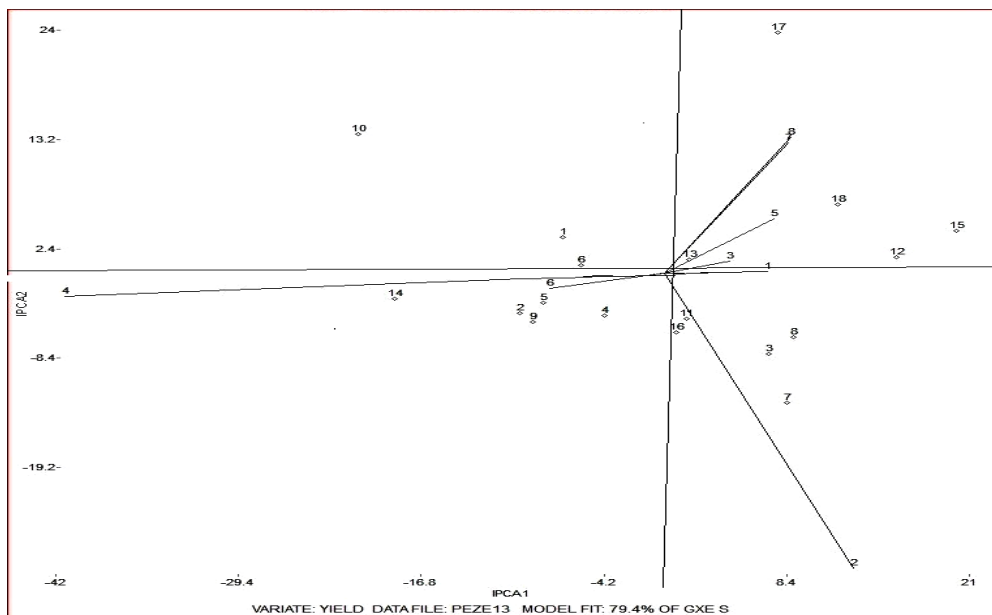
ژنوتیپ‌های G6، G13، G12 و G11 بیش‌ترین پایداری را داشتند ولی ژنوتیپ‌های G6 و G12 میانگین عملکرد بیش‌تر از میانگین کل ژنوتیپ‌ها داشتند و از نظر اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل کمترین مقدار را به‌خود اختصاص دادند. ژنوتیپ G6، G12، G13 هم در تجزیه AMMI و هم در مقایسه با ژنوتیپ ایده‌ال به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار شناخته شد. این ژنوتیپ‌ها دارای میانگین عملکرد مناسبی است. با توجه به این‌که در شرایط محیطی متغیر پایداری نسبت به پتانسیل عملکرد از اهمیت بیشتری برخوردار است، کشت ژنوتیپ‌های G13، G12 و G6 که دارای پایداری بالا و عملکرد متوسط است قابل توصیه است.

در این مطالعه ژنوتیپ‌های G6، G13، G12 و G11 بیش‌ترین پایداری را داشتند ولی ژنوتیپ‌های G6 و G12 میانگین عملکرد بیش‌تر از میانگین کل ژنوتیپ‌ها داشتند و از نظر اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل کمترین مقدار را به‌خود اختصاص دادند. خط عمود میانه نمودار، از میانگین کل آزمایش می‌گذرد، ژنوتیپ‌ها و محیط‌های طرف راست نمودار دارای عملکردی بیشتر از میانگین و ژنوتیپ‌های سمت چپ این خط دارای عملکرد کمتر از میانگین می‌باشند. محور افقی در میانه نمودار نشان‌دهنده اولین مؤلفه اثر متقابل که از نقطه صفر (IPCA₁) می‌گذرد که ناحیه عدم وجود اثر متقابل را نشان می‌دهد. ژنوتیپ‌ها و مکان‌هایی که اثر متقابل بالایی را نشان می‌دهند دارای مقادیر بزرگ (مثبت یا منفی) برای اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل می‌باشند. هرچه ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها به خط افقی نزدیک‌تر باشند دارای اثر متقابل کم‌تری هستند. بر این اساس ژنوتیپ‌های G11، G16، G13، G4 و G4 با محیط‌های E1 و E3 از پایداری بیشتری برخوردار هستند (شکل ۱). اگر ژنوتیپ و محیط از لحاظ اولین مؤلفه اثر متقابل هم علامت باشند، دارای اثر متقابل مثبت، و اگر از نظر این مؤلفه دارای علامت یکسان نباشند، اثر متقابل منفی دارند.

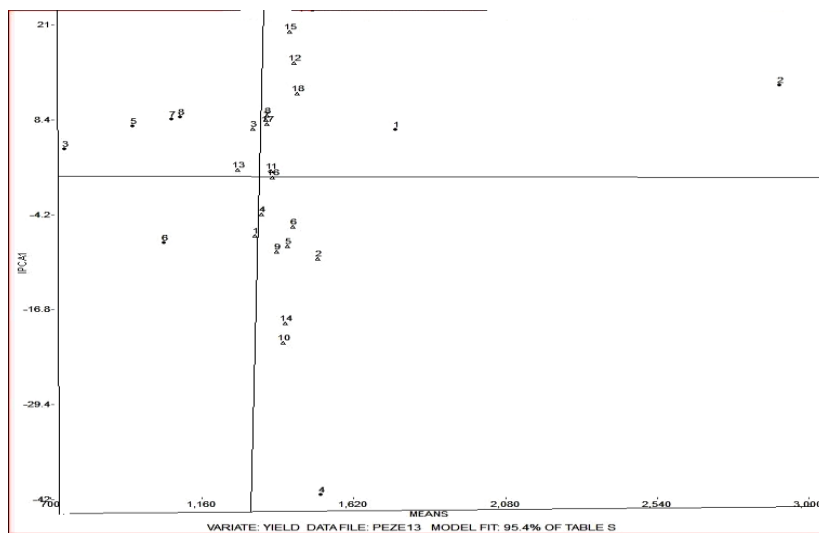
بر این اساس ژنوتیپ‌ها یا محیط‌هایی که مقدار IPCA بالاتری دارند (مثبت یا منفی)، اثر متقابل بالایی دارند درحالی‌که مقدار کم IPCA اثر متقابل کمتر و پایداری بیشتری را نشان می‌دهند (۱۸). ژنوتیپ‌های G13، G12 و G6 برای عملکرد دانه با سازگاری بالا در مکان‌های E4، E6، E7، E8 و E1 از اثر متقابل کمی برخوردار بود و پایداری بیشتری نشان داد (شکل ۲). از آنجاکه مؤلفه اصلی دوم نیز برای عملکرد دانه ۱۸/۶ درصد از اثر متقابل را توجیه کرد. برای رسیدن به نتایج مطمئن، از دومین مؤلفه اصلی نیز استفاده شد و بای‌پلات مقادیر مؤلفه‌های اول و دوم ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها ترسیم گردید (شکل ۱).

آن‌هایی که از لحاظ مقادیر مؤلفه‌های اصلی اول و دوم اثر متقابل نزدیک به مبدأ مختصات (نزدیک به صفر) باشند دارای کمترین اثر متقابل می‌باشند. این نمودار (مؤلفه اصلی اول و دوم اثر متقابل) در مجموع ۷۹/۴ درصد از واریانس اثر متقابل ژنوتیپ و محیط را توجیه می‌کند. در این نمودار (شکل ۱) ژنوتیپ‌هایی که در مجاورت یک مکان قرار داشته باشند با آن محیط سازگاری خصوصی دارند و ژنوتیپ‌هایی که نزدیک محورهای مؤلفه‌ها قرار گرفته باشند دارای سازگاری عمومی هستند.

آکورا و همکاران (۲) استفاده از دو مؤلفه اول معنی‌دار در مدل AMMI را بهترین حالت برای بررسی اثر متقابل ژنوتیپ در محیط قلمداد کردند. در بای‌پلات، ژنوتیپ‌ها بر اساس شماره و محیط‌ها به شکل بردار نشان داده شده‌اند. زاویه بین دو بردار مکانی، میزان همبستگی دو محیط را نشان می‌دهد.



شکل ۱- بای پلات دو مؤلفه اصلی اول و دوم اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در مدل AMMI₂ برای عملکرد دانه ۱۸ ژنوتیپ نخود در ۸ محیط
Figure 1. Biplot of IPCA1 and IPCA2 scores for 18 chickpea genotypes evaluated in eight environments



شکل ۲- بای پلات مدل AMMI₁ اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای عملکرد دانه ۱۸ ژنوتیپ نخود در ۸ مکان
Figure 2. AMMI 1 biplot of interaction of genotype × environment for seed yield of 18 chickpea genotypes in 8 location

منابع

- Ahmadi, K., H. Gholizadeh, H. Ebadzadeh, R. Hoseinpour, F. Hatami, B. Mohiti, B. Fazli and M. Rafiei. 2014. Agricultural year book (2012-2013), Vol.1. Ministry of Jihad-e-Agriculture, <http://www.maj.ir/portal>ShowFile.aspx> (In Persian).
- Akcura, M., Y. Kaya and S. Taner. 2005. Genotype-environment interaction and phenotypic stability analysis for grain yield of durum wheat in the central Anatolian region. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 20: 369-375.
- Asfaw, A., T. Assefa, B. Amsalu, K. Negash, F. Alemayehu, F. Gurum, Y. Rezene, C. Finenissa, M. Alnafi and C. Daba. 2008. Adaption and yield stability of small red bean elite lines in Ethiopia. *International Journal of Plant Breeding and Genetics*, 2(2): 51-63.
- Azam, M.G., M.S. Iqba, M.A. Hossain and M.F. Hossain. 2020. Stability Investigation and Genotype × Environment Association in Chickpea Genotypes Utilizing AMMI And GGE Biplot Model." *Genetics and Molecular Research*, 19(3): 1-15.
- Becker, H. and J. Leon. 1988. Stability analysis in plant breeding *Plant Breeding*, 101: 1-23.
- Baquedano, F.J., F. Valladares and F.J. Castillo. 2008. Phenotypic plasticity blurs ecotypic divergence in the response of *Quercus coccifera* and *Pinus halepensis* to water stress *European Journal of Forest Research*, 6: 495-506.
- Baxevanos, D., C. Goulas, J. Rossi and E. Braojos. 2008. Separation of cotton cultivar testing sites based on representativeness and discriminating ability using GGE biplots. *Agronomy Journal*, 100: 1230-1236.
- Caliskan, M.E., E. Erturk, T. Sogut, E. Boydak and H. Arioglu. 2007. Genotype × environment interaction and stability analysis of sweet potato (*Ipomoea batatas*) genotypes. *Journal New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*, 35: 87-99.
- Cattivelli, L., F.W. Rizza, E. Badeck, A.M. Mazzucotelli, E. Mastrangelo, C. Francia Mare, A. Cooper and I. H. Delacy. 1994. Relationships among analytic methods used to study genotypic variation and genotype- by- environment interaction in plant breeding multi- environment trials. *Theoretical and Applied Genetics*, 88(5): 561-572.
- Costa, J.G.C., C.A. Rava, F.J.P. Zimmermann and L.C. Melo. 2008. Yield stability and adaptability of common bean line developed by Embrapa. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 2(38): 141-145.
- Eberhart, S.T. and W. Russell. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6: 36-40.
- Falconer, D.S. and T.F.C. Mackey. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. (4th Ed.). Addison-Wesley Longman, Harlow, UK.
- Farshadfar, E. 2008. Incorporation of AMMI stability value and grain yield in a single non-parametric index (GSI) in bread wheat. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 11(14): 1791-1796.
- Ferreira, D.F., C.G.B. Demetrio, B.F.J. Manly, A.D.A. Machado and R. Vencovsky. 2006. Statistical model in agriculture: Biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding *Cerne*, Lavras, 12: 373-388.
- Gauch, H.G. 1992. *Statistical Analysis for Regional Yield Traits: AMMI Analysis of Factorial Designs*.
- Gauch, H.G. and R.W. Zobel. 1996. AMMI analyses of yield trials. In Kang, M. S. and H. G. Gauch (Eds.), *Genotype by Environment Interaction*. CRC. Boca Raton, Florida, 85-122.
- Gauch, H.G. 2007. *MATAMODEL Version 3.0: Open Source Software for AMMI and Related Analyses*. Crop and Soil Science. Cornell University, Ithaca, NY 14853.
- Grausgruber, H., M. Oberforster, M. Werteker, P. Ruckenbauer and J. Vollmann. 2000. Stability of quality traits in Austrian-grown winter wheats. *Field Crops Research*, 66: 257-267.
- Ghodarti-Niari, F. and R. Abdolshahi. 2014. Evaluation of yield stability of 40 bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes using additive main effects and multiplicative interaction (AMMI). *Iran. J. Crop. Sci*, 16(4): 322-333 (In Persian).
- Hu, X.Y., S.W. Yan and K.L. Shen. 2013. Heterogeneity of error variance and its influence on genotype comparison in multi-location trials. *Field Crops Research*, 149: 322-328.
- Hussein, M.A., A. Bjornstad and A.H. Aastveit. 2000. SASG x ESTAB: A SAS program for computing genotype x environment stability statistics. *Agronomy Journal*, 92: 454-459.
- Katsura, K., Y. Tsujimoto, M. Oda, K.I. Matsushima, B. Inusah, W. Dogbe and J.I. Sakagami. 2016. Genotype-by-environments interaction analysis of rice (*Oryza spp.*) yield in a flood plain ecosystem in West Africa. *European Journal of Agronomy*, 73: 152-159.
- Kolmogorov, A.N. 1933. Sulla determinazione empirica di una legge di distribuzione. *Giornale dell'Istituto Italiano degli Attuari*, 4: 83-91.
- Kumar Bose, L., N. Namdeorao Jambhulkar, K. Pande and O. Nath Singh. 2014. Use of AMMI and other stability statistics in the simultaneous selection of rice genotypes for yield and stability under direct-seeded conditions. *Chilean. Journal of Agricultural Research*, 74(1): 3- 9.
- Liang, S., G. Ren, J. Liu, X. Zhao, M. Zhou, D. McNeil and G. Ye. 2015. Genotype - by- environment interaction is important for grain yield in irrigated Lowland rice. *Field Crops Research*, 180: 90-99.

27. Majnoun Hosseini, N. 2006. Production of Pulse Crops. Jihad-e Daneshgahi Press, University of Tehran Branch, 284 pp (In Persian).
28. Messina, C.D., D. Podlich, Z. Dong, M. Samples and M. Cooper. 2011. Yield trait performance landscapes: from theory to application in breeding maize for drought tolerance. *Journal of Experimental Botany*, 62: 855-868.
29. Mofidian, S.M.A. and A. Mogadam. 2013. Analysis of ecotype \times location interaction in cold-region alfalfa ecotypes. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 15(2): 181-195 (In Persian).
30. Navabi, A., R.C. Yang, J. Helm and D.M. Spaner. 2006. Can spring wheat growing mega-environments in the northern great-plains be dissected for representative locations or niche-adapted genotypes. *Crop Science*, 46: 1107-1116.
31. Pereira, H.S., L.G. Bueno, M.J.D. Peloso, A. de, Abreu, F.B. Moreiva, J.A.A. Martins, A. Wendland, L.C. de, T. Faria, L.P.O. Souza and L.C. Melo. 2014. Agronomic performance and stability of Andean common bean lines with white grains in Brazil. *Crop Breeding*, 73: 130-137.
32. Singh, R.P. and R.M. Trethowan. 2007. Breeding spring bread wheat for irrigated and rain-fed production systems of the developing world. In: Kang, M.S., P.M. Priyadarshan (eds.), *Breeding Major Food Staples*. Blackwell Publishing, Oxford, 109-139.
33. Sadiyah, H. and A. F. Hadi. 2016. AMMI model for yield estimation in multi-environment trials: A comparison to BLUP Agriculture and Agricultural Science *Procedia*, 9: 163-169.
34. Smirnov, N. 1948. Table for estimating the goodness of fit of empirical distributions. *Ann. Math. Stat*, 19: 279-281.
35. Thennarasu, K. 1995. On Certain Nonparametric Procedures for Studying Genotype Environment Interactions and Yield Stability. PhD. PJ School IARI, New Delhi, India.
36. Tumuhimbise, R., R. Melis, P. Shanahan and R. Kawuki. 2014. Genotype \times environment interaction effects on early fresh storage root yield and related traits in cassava. *The Crop Journal*, 2: 329-337.
37. Yan, W. and I. Rajcan. 2002. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario *Crop Science*, 42: 11-20.
38. Yan, C.W. and M.S. Kang. 2003. *GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists*. CRC Press, Boca Raton, FL, USA.
39. Yaghotipoor, A., E. Farshadfar and M. Gheytholi. 2009. Study of yield stability in pea using AMMI model in Kermanshah. *Plant Production*, 32(1): 25-37 (In Persian).
40. Zali, H., S.H. Sabaghpour, E. Farshadfar, P. Pezeshkpour, M. Safikhani, R. Sarparast, and A. Hashembeigi. 2007. Stability analysis of yield in chickpea genotypes by additive main effects and multiplicative interaction (AMMI). *Journal. Crop Production. Process*, 11(42): 173-180 (In Persian).
41. Zali, H., S.H. Sabaghpour, A.A. Farshadfar and P. Pezeshkpour. 2009. Stability analysis of chickpea genotypes using ASV parameter compare to other stability methods. *Iranian Journal Field Crop Science*, 40(2): 21-29 (In Persian).

Analysis of Yield Stability of Chickpea (*Cicer arietinum* L.) Genotypes using AMMI Method

Pezeshkpour, Payam¹, Rahmatollah Karimizadeh², Amir Mirzaei³ and
Mohammad Barzali⁴

1- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Khorramabad, Iran
(Corresponding author: papezeshkpour@yahoo.com)

2- Research Assistant, Gachsaran Agriculture Research Station, AREEO, Gachsaran, Iran

3- Research Assistant, Crop and Horticultural Science Research Department, Ilam Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Ilam, Iran

4- Research Assistant, Crop and Horticultural Science Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources, Research and Education Center, AREEO, Gonbad, Iran

Received: October 7, 2020

Accepted: April 16, 2021

Abstract

To study genotype, environment and genotype \times environment interaction effects for seed yield on chickpea, eighteen chickpea genotypes were evaluated in four locations (Khorramabad, Ilam, Gachsaran, and Gonbad) for two cropping seasons (2014-2016). The experiment were conducted using a randomized complete block design with three replications. Combined analysis of variance for seed yield showed that the main effects of location, year, location \times year, genotype, genotype \times year, genotype \times location, genotype \times year \times location interaction effect, were highly significant. Location and year main effect were the main source of variation that accounted for 86.1% of the total yield variation. Analysis of variance of additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) showed that the first two IPCAs were significant and explained 79.3% of the total yield variation. The results of AMMI (ASV) stability values indicated that for seed yield, genotypes 16, 4, 6 and 1 had the lowest value and therefore the highest general stable for all test environments and genotype G10 with a value of 12.89 of the highest were highly adapted to environment (E4). Based on the values of the first two principal components, AMMI stability value (ASV) and genotype stability index (GSI), genotypes G12, G13 and G6 were identified as the most stable medium yielding genotype respectively (1438.9, 1266.3 and 1434.2 kg / ha) and the closest genotype to ideal genotype.

Keywords: Chickpea, Genotype \times environment, Genotype stability index (GSI)



"مقاله پژوهشی"

ارزیابی تحمل به تنش خشکی در لاین‌های جو با استفاده از شاخص‌های تحمل

پروانه اسلامی^۱، ایرج برنوسی^۲، سعید اهری‌زاد^۳ و جعفر جعفرزاده^۴

۱- دانشجوی دکتری، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران
۲- دانشیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران (نویسنده مسول: i.bernosi@urmia.ac.ir)
۳- استاد، گروه اصلاح و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران
۴- استادیار مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مراغه، ایران
تاریخ دریافت: ۹۹/۹/۲۵ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۳/۲
صفحه: ۷۱ تا ۸۳

چکیده

تنش خشکی یکی از مهم‌ترین عوامل محیطی کاهش عملکرد دانه جو می‌باشد و با وجود پیشرفت‌های اخیر در اصلاح این گیاه، هم‌چنان نیاز به بهبود ارقام جو متحمل به تنش خشکی در کشور احساس می‌شود. در تحقیق حاضر، تعداد ۸۱ لاین جو طی سال‌های زراعی ۱۳۹۷-۹۸ و ۹۹-۱۳۹۸ در دو شرایط آبیاری نرمال و تنش خشکی در مرحله پنجه‌زنی در دانشگاه تبریز مورد بررسی قرار گرفتند. تنش خشکی با استفاده از تستک تبخیر برحسب ۵۰ میلی‌متر تبخیر از تستک اعمال گردید. ارزیابی تحمل به تنش خشکی با استفاده از شاخص‌های تحمل به تنش مختلف ضمن تأیید وجود تنوع ژنتیکی، نشان داد که لاین‌های شماره ۳۸، ۴۸ و ۶۷ با دارا بودن میانگین عملکرد دانه بالا در هر دو شرایط از تحمل به تنش خشکی بالایی برخوردار هستند. اکثر شاخص‌ها با میانگین عملکرد همبستگی معنی‌داری داشتند، اما بیشترین مقدار همبستگی با عملکرد مربوط به شاخص‌های K1STI، MP و GMP در شرایط تنش خشکی و شاخص‌های YI، WGMI، K2STI و HM تحت شرایط آبیاری معمولی بود. با تجزیه خوشه‌ای، لاین‌ها در چهار گروه قرار گرفتند که لاین‌های موجود در گروه اول و تا حدودی گروه دوم از نظر عملکرد در هر دو شرایط محیطی و نیز شاخص‌های تحمل به تنش وضعیت قابل قبولی داشتند، در حالی که بیش از نیمی از لاین‌ها حساس به تنش خشکی بودند. در نهایت نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی هم‌خوانی خوبی با نتایج سایر روش‌ها داشت. اطلاعات پژوهش حاضر را می‌توان در آزمایشات مقایسه عملکرد و سایر برنامه‌های به‌نژادی آبی مورد استفاده قرار داد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، تنش غیرزیستی، جو، شاخص میانگین هندسی وزنی

مقدمه

جو (*Hordeum vulgare* L.) به‌عنوان چهارمین غله پراهمیت جهان شناخته می‌شود و یکی از محصولات زراعی قدیمی و اصلی در مناطق مدیترانه‌ای است (۸). این گیاه در ایران به سبب وسعت اراضی دیم به دومین غله پر اهمیت تبدیل گشته است. گیاه جو علاوه بر اهمیت تغذیه‌ای و صنعتی به‌دلیل عواملی همچون دوره رشد کوتاه، خودباروری و دیپلوئیدی بودن با تعداد نسبتاً کم از کروموزوم‌های بزرگ به‌عنوان یک مدل ژنتیکی در تحقیقات گسترده‌ای مورد استفاده قرار گرفته است (۳۳،۳۰).

تقریباً یک سوم از سطح کره زمین خشک و نیمه‌خشک است و در بیشتر مناطق دیگر زمین اغلب، خشکی‌های غیرمنتظره اقلیمی به‌طور دوره‌ای رخ می‌دهد (۷). همچنین انتظار می‌رود با تغییرات الگوهای آب و هوایی طی سالیان آینده و کاهش منابع آب، احتمال رخداد خشکی در سراسر جهان، بیشتر شود (۶). تنش کم‌آبی در ایران و سایر اراضی که جزو مناطق خشک و نیمه‌خشک می‌باشند، عامل اصلی محدودیت در عملکرد جو می‌باشد (۲۲). بنابراین با وجود پیشرفت‌های اخیر در اصلاح جو، هم‌چنان نیاز به بهبود ارقام متحمل به تنش خشکی در کشور احساس می‌شود.

از دیدگاه به‌نژادی، تحمل به خشکی صفتی پیچیده و کمی بوده و روش اندازه‌گیری مستقیمی برای آن وجود ندارد که این امر باعث مشکل شدن شناسایی لاین‌های متحمل به

خشکی می‌شود. با این حال، تاکنون شاخص‌های مختلفی با ماهیت‌های گوناگون برای انتخاب ژنوتیپ‌های متحمل به تنش خشکی پیشنهاد شده است (۳۴). موسوی و همکاران (۱۸) با بیان این نکته که هیچ ژنوتیپی مقاومت کامل در برابر تنش‌های غیرزیستی ندارد، اقدام به مقایسه شاخص‌های قدیمی و جدید تحمل به تنش کردند و بیان داشتند که شاخص‌های قدیمی ATI و SSPI و شاخص جدید SNPI شاخص‌های مطلوبی می‌باشند. در تحقیقی آهک‌پز و همکاران (۲) با مطالعه ۱۰۸ لاین و رقم جو زراعی تحت شرایط دیم و آبیاری تکمیلی گزارش کردند که شاخص‌های GMP، MP، STI، YI و SSPI بیشترین همبستگی را با عملکرد دانه در هر دو شرایط داشتند و بر اساس آن‌ها تعداد ۲۵ ژنوتیپ مقاوم به خشکی قابل شناسایی بودند. واعظی و احمدی‌خواه (۳۱) در ارزیابی تحمل به خشکی ژنوتیپ‌های اصلاح شده جو نشان دادند که شاخص‌های حساسیت TOL، LOS و SSI در شرایط دیم با عملکرد دانه همبسته نبودند حال آن‌که شاخص‌های تحمل به خشکی یعنی MP، GMP، STI و HAR در هر دو شرایط آبی و دیم با عملکرد دانه همبستگی داشتند. نتایج مشابهی از این دست در دیگر لاین‌های اصلاح شده جو توسط سلیمانی (۲۷) و در لاین‌های بین‌المللی جو توسط کوچکی و همکاران (۱۵) گزارش شده است.

در تحقیقات مختلف همبستگی مثبت و معنی‌دار شاخص‌های تحمل به خشکی با عملکرد تحت شرایط تنش و

پیاده شد و جهت اجرای آن از لوله‌های PVC به قطر ۳۰ سانتی‌متر و ارتفاع ۹۰ سانتی‌متر استفاده شد. لوله‌های PVC پس از ایجاد زهکش با خاک زراعی پر شده و به‌منظور نشست خاک، آبیاری شدند. تنش خشکی در مرحله پنجه‌زنی با استفاده از تشتک تبخیر کلاس A برحسب ۵۰ و ۷۵ میلی‌متر تبخیر از تشتک تبخیر در هر آزمایش اعمال گردید. این مقادیر بر اساس آزمایشات قبلی انتخاب شدند که در آن ۷۵ میلی‌متر تبخیر به‌عنوان نرمال و ۵۰ میلی‌متر تبخیر به‌عنوان شرایط تنش خشکی در نظر گرفته شد. همچنین از پوشش پلاستیکی مناسب با طرح به‌منظور کنترل شرایط محیطی به ویژه بارش‌ها استفاده گردید. در نهایت عملکرد دانه بر حسب گرم در بوته یادداشت شد.

به‌منظور شناسایی لاین‌های متحمل به تنش خشکی، شاخص‌های مختلف بر مبنای روابط زیر در برنامه Excel 2016 محاسبه شدند. درصد کاهش^۱:

$$PR = ((Y_p - Y_s) / Y_p) \times 100$$

شاخص تحمل^۲ (۲۵):

$$TOL = Y_p - Y_s$$

میانگین تولید^۳ (۲۵):

$$MP = (Y_p - Y_s) / 2$$

میانگین هندسی تولید^۴ (۱۰):

$$GMP = \sqrt{Y_p \times Y_s}$$

شاخص تحمل تنش^۵ (۱۰):

$$STI = (Y_p \times Y_s) / (\bar{Y}_p)^2$$

شاخص‌های تحمل تنش تغییر یافته^۶ (۱۹):

$$K1STI = Y_p^2 / \bar{Y}_p^2$$

$$K2STI = Y_s^2 / \bar{Y}_s^2$$

شاخص تحمل تنش غیر زیستی^۷ (۱۸):

$$ATI = [(Y_p - Y_s) / (\bar{Y}_p / \bar{Y}_s)] \times [\sqrt{Y_p \times Y_s}]$$

شاخص حساسیت به تنش^۸ (۱۲):

$$SSI = \left[\left(1 - (Y_s / Y_p) \right) \right] / \left[\left(1 - (\bar{Y}_s / \bar{Y}_p) \right) \right]$$

بدون تنش به‌عنوان معیاری از مناسب بودن شاخص‌ها مطرح می‌باشد (۳۴، ۱۹، ۱۸، ۴). با این حال، رحیمی و همکاران (۲۳) با استفاده از رویکرد شبکه عصبی مصنوعی نتیجه گرفتند که شاخص‌های MP و YI به‌ترتیب بیشترین اهمیت نسبی را در غربال‌گری ژنوتیپ‌های متحمل به تنش خشکی دارند. سامدور و همکاران (۲۶) با اشاره به محدودیت‌های شاخص‌های مختلف به‌ویژه SSI، شاخص جدیدی به نام میانگین هندسی وزنی را معرفی نمودند و بر مناسب و قابل اعتماد بودن آن تأکید داشتند، زیرا گزینش بر مبنای شاخص ذکر شده منجر به انتخاب ژنوتیپ‌های متحمل با عملکرد بالا می‌گردد.

بر مبنای عملکرد در شرایط تنش، بدون تنش و شاخص‌های تحمل به خشکی می‌توان ژنوتیپ‌ها و لاین‌ها را گروه‌بندی نمود تا با در نظر گرفتن تمامی شاخص‌ها، دید جامعی از تحمل به خشکی فراهم گردد. چنانچه مهدوی و همکاران (۲۶) در ارزیابی تعداد ۲۰ ژنوتیپ پیشرفته جو، نیکخواه و همکاران (۲۱) در جمعیت لاین‌های نوترکیب جو و سلیمانی و همکاران (۲۸) در ارقام بهاره جو اقدام به گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص‌های تحمل به تنش خشکی کردند. از سویی دیگر، نظر به بالا بودن درصد توجیه واریانس موجود در داده‌ها توسط دو مؤلفه اول در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، این روش می‌تواند برای گزینش ژنوتیپ‌های متحمل مفید باشد (۲). با توجه به مواد فوق، تحقیق حاضر به‌منظور تعیین معیار مناسب جهت گزینش لاین‌های جو متحمل به تنش خشکی و شناسایی لاین‌هایی که در هر دو محیط آبیاری معمولی و تنش خشکی، بهترین واکنش را دارند، انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

تعداد ۸۱ لاین و رقم جو زراعی دیم و آبی شامل لاین‌های امیدبخش، ارقام داخلی، خارجی و برخی ژنوتیپ‌های بانک ژن مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر (جدول ۱)، طی دو سال زراعی متوالی ۹۸-۱۳۹۷ و ۹۹-۱۳۹۸ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز مورد بررسی قرار گرفتند. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار

1- Percentage reduction

4- Geometric mean productivity

2- Tolerance-index

5- Stress tolerance index

3- Mean productivity

جدول ۱- مشخصات لاین‌های جو مورد مطالعه

Table 1. Characteristics of studied barley lines

تعداد رديف	عادت رشدی	شجره یا کد	کد	تعداد رديف	عادت رشدی	شجره یا کد	کد
۲	SP	Efes98	۴۲	۶	W	Bahman (WA 2196-68/NY6005-18, F1//Scotia I)	۱
۲	SP	Cumhariyet50	۴۳	۶	F	Bereke 54	۲
۲	SP	Catalhuyuk2001	۴۴	۶	F	Radical/Birgit//Pamir-154	۳
۲	SP	Keser	۴۵	۶	SP-F	Michailo/Dobrinya	۴
۲	F	Sahand / Obruk-86 IRDBC05-06-188-OMH-OMh-OMh-OMH-5MH	۴۶	۶	SP-F	Bahtim 7DL/79-W40762//Deir Alla106	۵
۲	F	Antares/Ky36-1294//Srlcbh-0383 /3/ Sahand IRDBC05-06-295-OMH-OMh-OMh-OMH-4MH	۴۷	۶	W	Michailo/K-096M3	۶
۲	F	Yea168.4/Ywa605.5 Yea206-4A-3 // Dictoo IRDBC05-06-215-OMH-OMh-OMh-OMH-5MH	۴۸	۶	W	Pamir-168	۷
۲	F	Yea168.4/Ywa605.5 Yea206-4A-3 // Denmark IRDBC05-06-220-OMH-OMh-OMh-OMH-2MH	۴۹	۶	SP-F	Ste/L.640//Hml-02/Arabi Abiad*2/3/1-BC-80593	۸
۲	F	ORZA96	۵۰	۶	SP-F	Bereke-54/Alanda	۹
۲	F	R018 UK	۵۱	۶	F	L.1242/ZARJOW//L.B. Iran/Una8271 //Gloria"S"/Com"S	۱۰
۶	W	PI-549081	۵۲	۶	W	//L.527 Schuyler/3/M.Rnb86.80/NB2905	۱۱
۶	W	PI-560331	۵۳	۲	SP-F	Bolgali/4/Roho//Alger/Ceres362-1-1/3/CWB117-77-9-7	۱۲
۲	F	C-25041//Yea168.4/Ywa605.5 Yea206-4A-3 IRB-07-029_0MH-0MH-0MH-0MH-5MH	۵۴	۲	SP	Gara arpa	۱۳
۲	F	Dayton/Ranney/4/K-88 M1/3/Rhn-03/lignee 640//ICB-107766 IRB-07-071_0MH-0MH-0MH-0MH-4MH	۵۵	۲	F	Sahand	۱۴
۶	F	Zarjau/80-5151//DZ-40-66/3/Alanda ICB06-1897-29AP-0AP-0AP	۵۶	۲	F	Abidar	۱۵
۲	F	Sahand/3/Alpha/Gumhuriyet//Sonja IRB-07-273_0MH-0MH-0MH-0MH-5MH	۵۷	۲	F	Ansar	۱۶
۲	F	Abidar/4/K-88 M1/3/Rhn-03/lignee 640//ICB-107766 IRB-07-278_0MH-0MH-0MH-0MH-5MH	۵۸	۲	F	Kuban-06	۱۷
۲	F	Icb-100059/3/Tipper/ICB-102854//Alpha/Durra IRB-07-285_0MH-0MH-0MH-0MH-4MH	۵۹	۲	F	PAMIR-158/ZDM1454 ICBH95-0211-0AP-0Shi-0Shi-0Shi-5Shi	۱۸
۲	SP-F	71411	۶۰	۲	F	TOKAK//STEPTO/ANTARES	۱۹
۲	W	71426	۶۱	۲	F	Uzno-Kazakistan/3/CWB117-77-9-7//Alpha/Durra	۲۰
۶	W	71538	۶۲	۲	F	Orza-96/4/Tokak/3/CWB117-77-9-7//Alpha/Durra	۲۱
۲	SP-F	71576	۶۳	۲	F	Roho/Masurka//ICB-103020/3/Alpha/Durra//Slr	۲۲
۶	W	71608	۶۴	۲	F	ChiCm/An57//Albert/3/ICB-102379/4/GkOmega/5/Tokak ICB01-1743-OAP-OMh-4Mh-OMh	۲۳
۲	SP-F	71850	۶۵	۲	F	Ste/Antares//YEA762-2/YEA605-5/3/Slr//Alpha/Durra ICB01-1402-OAP-OMh-1Mh-OMh	۲۴
۶	W	72368	۶۶	۲	F	Sahand/C-25041 IRB-04-059-OMh-OMh-OMh-2Mh	۲۵
۲	W	72439	۶۷	۲	F	ARM-ICB-123199/3/Zarjau/80-5151//Skorohod ICB04-1466-0AP-0MH-OMh-OMh-1Mh	۲۶
۲	SP-F	72550	۶۸	۲	F	Yea168.4/Ywa605.5//Radical	۲۷
۶	W	72562	۶۹	۲	F	Unknown-F6-88-9	۲۸
۶	W	72602	۷۰	۲	F	Sahand/Radical IRB-003-003-OMh-OMh-OMh-2Mh	۲۹

Continue of the Table 1

						ادامه جدول ۱	
۶	W	72646	۷۱	۲	F	Schuyler//Alpha/Durra/3/Radical IRB-003-004-OMh-OMh-OMh-1Mh	۳۰
۲	SP-F	72647	۷۲	۲	F	Uzno-Kazakestan/3/CWB117-5-9-5//YEA389-3/YEA475-4 ICBO3-1856-OAP-OMh-OMh-OMh-1Mh	۳۱
۶	W	72703	۷۳	۲	SP-F	Fasih	۳۲
۶	W	72726	۷۴	۲	F	Taram	۳۳
۶	W	72482	۷۵	۶	SP	Reyhan-03	۳۴
۶	W	72744	۷۶	۲	F-WF	Bulbul	۳۵
۲	F	72747	۷۷	۶	F	Dubrinia	۳۶
۲	F	Obruk-86	۷۸	۶	F	Dictoo	۳۷
۶	F	Star/4/M25-84/Attiki//Cr366-15-2/NopalS/3/Skorohod ICB06-1646-0AP-8AP-0AP	۷۹	۲	F	Dayton/Runney	۳۸
۶	W	Viringa'S//Radical//Mattina ICB06-1675-0AP-8AP-0AP	۸۰	۲	F	Nader	۳۹
۶	F	Alanda/Regina ICB06-1821-50AP-0AP-0AP	۸۱	۶	W	Radical	۴۰
				۲	SP	Cumra 2001	۴۱

W: پاییزه، SP: بهاره، F: بینابینی

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس عملکرد دانه لاین‌های جو نشان داد که بین شرایط تنش و عدم تنش و لاین‌های مورد مطالعه اختلاف آماری معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد در هر دو سال وجود داشت. چنین نتیجه‌ای برای اثر متقابل ژنوتیپ × محیط نیز ملاحظه گردید (جدول ۲). رحمتی و همکاران (۲۴) در شرح معنی‌داری اثر متقابل بیان داشتند که معنی‌داری این اثر نشان‌دهنده واکنش متفاوت ژنوتیپ‌ها به شرایط محیطی می‌باشد و می‌توان بر اساس تحمل به تنش خشکی اقدام به گزینش ژنوتیپ‌های متحمل کرد. معنی‌داری اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای لاین‌های جو تحت شرایط تنش خشکی در مطالعه آهک‌پز و همکاران (۱) نیز گزارش شده است. میانگین عملکرد لاین‌ها در هر دو شرایط به همراه شاخص‌های مختلف تحمل به تنش خشکی در جدول ۳ ارائه شده است. لاین‌های شماره ۳۸، ۱۲ و ۷۸ در شرایط معمولی و لاین‌های ۶۷، ۴۸ و ۳۸ در شرایط تنش خشکی بیشترین میانگین عملکرد دانه را داشتند. از سویی دیگر لاین‌های شماره ۵۶، ۴ و ۵۳ در شرایط آبیاری معمولی و لاین‌های ۴، ۵۳ و ۸۰ در شرایط تنش خشکی به ترتیب کمترین میانگین عملکرد دانه را به خود اختصاص دادند. بر خلاف نتایج سلیمانی و همکاران (۲۹)، در تحقیق حاضر لاین‌هایی با عملکرد بالا جزء لاین‌های دو ردیفه بودند. همان‌طور که انتظار می‌رفت، عملکرد دانه در شرایط تنش کمتر از شرایط بدون تنش بود. لاین شماره ۶۷ کاهشی ۸ درصدی در عملکرد نشان داد در حالی که لاین‌های شماره ۲۵، ۹، ۶۶، ۴۹ و ۴۰ به ترتیب کاهش عملکرد بیش از ۵۰ درصدی داشتند. در همین باره، آکاش و همکاران (۳) اثر منفی تنش خشکی در ژنوتیپ‌های جو را بین ۱۳ تا ۳۷ درصد گزارش نمودند. در پژوهشی دیگر، میانگین درصد کاهش عملکرد دانه ژنوتیپ‌های جو تحت شرایط آبیاری معمولی و تنش خشکی ۳۶ درصد عنوان شد (۲۹).

شاخص درصد حساسیت به تنش^۱ (۱۸):

$$S\ SPI = [(Y_p - Y_s) / 2(\bar{Y}_p)] \times 100$$

شاخص پایداری عملکرد^۲ (۵):

$$YSI = Y_s / Y_p$$

شاخص عملکرد^۳ (۱۳):

$$YI = Y_s / \bar{Y}_s$$

شاخص حساسیت به خشکی^۴ (۹):

$$SDI = (Y_p - Y_s) / Y_p$$

شاخص خشکی نسبی^۵ (۱۱):

$$RDI = (Y_s / Y_p) / (\bar{Y}_s / \bar{Y}_p)$$

میانگین هارمونیک^۶ (۱۴):

$$HM = (2(Y_p \times Y_s)) / (Y_s + Y_p)$$

شاخص مقاومت به خشکی^۷ (۱۶):

$$DRI = (Y_s \times (Y_s \times Y_p)) / \bar{Y}_s$$

شاخص میانگین هندسی وزنی^۸ (۲۶):

$$WGMI = \text{Antilog} \frac{W_1 \log Y_p + W_2 \log Y_s}{W_1 + W_2}$$

$$W_1 = Y_p / Y_s \quad W_2 = Y_p / Y_p = 1$$

در روابط فوق، Y_p و Y_s به ترتیب بیان‌گر عملکرد هر یک از لاین‌ها تحت شرایط تنش خشکی و آبیاری معمولی می‌باشند. همچنین \bar{Y}_p و \bar{Y}_s به ترتیب نشان‌دهنده متوسط عملکرد تمامی لاین‌ها تحت شرایط تنش خشکی و آبیاری معمولی هستند.

جهت بررسی روابط بین شاخص‌های تحمل به تنش، ضرایب همبستگی با استفاده از نرم‌افزار SPSS 25 محاسبه شدند. همچنین تجزیه واریانس مرکب، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای به ترتیب در بسته‌های آماری agricolae، factextra و d3heatmap نرم‌افزار R 3.5.2 انجام گرفت. در تجزیه خوشه‌ای و رسم Heatmap از روش Ward و فاصله اقلیدسی استفاده شد.

1- Stress susceptibility percentage index

2- Yield stability index

3- Yield index

4- Sensitivity drought index

5- Relative drought index

6- Harmonic mean

7- Drought response index

8- Weighted geometric mean index

جدول ۲- تجزیه واریانس عملکرد دانه لاین‌های جو تحت دو شرایط نرمال و تنش در دو سال مورد مطالعه

Table 2. Analysis of variance of barley grain yield under normal and stress conditions in the two years studied

میانگین مربعات		درجه آزادی		منابع تغییرات
سال دوم	سال اول			
۸۰/۹۸**	۱۰۱/۵**	۱		محیط
۰/۳۶۱	۰/۲۲۵	۴		تکرار (محیط)
۳/۲۴۸**	۲/۸۰۲**	۸۰		ژنوتیپ
۰/۶۵۴**	۰/۶۶۱**	۸۰		ژنوتیپ × محیط
۰/۳۷۶	۰/۳۷۷	۳۲۰		خطا

** معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد

۸ و ۵۶ به‌عنوان متحمل‌ترین لاین‌ها انتخاب شدند، با این تفاوت که در شاخص نخست مقادیر پایین و در شاخص دوم مقادیر بالا نشان‌دهنده تحمل به خشکی می‌باشند. بر پایه شاخص HM لاین‌های ۳۸، ۴۸ و ۶۷ متحمل و لاین‌های ۴، ۵۶ و ۵۳ حساس بودند. همانند HM، به لحاظ شاخص DRI نیز لاین‌های شماره ۳۸، ۴۸ و ۶۷ بیشترین مقدار را داشتند و از تحمل نسبی خوبی در برابر تنش خشکی برخوردار بودند. در نهایت مطابق با شاخص WGMI لاین‌های شماره ۳۸، ۴۸ و ۶۷ متحمل‌ترین لاین‌ها بودند. شاخص WGMI شاخص مناسب‌تر و قابل اعتمادتری می‌باشد زیرا اطلاعات مربوط به عملکرد بالاتر همراه با تحمل به خشکی را فراهم می‌آورد (۲۶). نتایج شاخص‌های فوق در مجموع حکایت از وجود تنوع ژنتیکی لاین‌های جو نسبت به تنش خشکی داشت.

همبستگی

ضرایب همبستگی شاخص‌های مختلف تحمل به تنش خشکی نشان داد که عمدتاً بین آن‌ها روابط معنی‌داری وجود دارد (جدول ۴). شاخص‌های K1STI ($r=0.98^{**}$)، MP ($r=0.97^{**}$) و GMP ($r=0.96^{**}$) با عملکرد تحت شرایط تنش خشکی و شاخص‌های YI ($r=1^{**}$) و WGMI ($r=0.99^{**}$)، K2STI ($r=0.98^{**}$) و HM ($r=0.98^{**}$) با عملکرد تحت شرایط آبیاری معمولی بیشترین همبستگی را داشتند. نکته جالب این‌که تمامی شاخص‌های تحمل به تنش با عملکرد در شرایط نرمال همبستگی معنی‌داری داشتند که در مطالعه آهک‌پز و همکاران (۲) و نیکخواه و همکاران (۲۱) نیز این چنین بود. در توافق با نتایج پژوهش حاضر، کوچکی و همکاران (۱۵) گزارش کردند که شاخص‌های STI، GMP و MP در هر دو شرایط دارای همبستگی مثبت و معنی‌داری با عملکرد دانه جو می‌باشند. در پژوهشی دیگر، شاخص‌های YI، HM، GMP و STI با عملکرد تحت شرایط تنش خشکی همبستگی بالایی داشتند (۲۳). همانند نتایج این تحقیق، بسحاق و همکاران (۴) نشان دادند که عملکرد در شرایط نرمال دارای بیشترین همبستگی مثبت با شاخص K1STI می‌باشد. همان‌گونه که ملاحظه گردید همبستگی میان برخی از شاخص‌ها کامل و مقدار آن برابر با یک بود، چنین نتیجه‌ای در مطالعه یاراحمدی و همکاران (۳۴) نیز مشاهده شده بود. گرچه در تحقیق حاضر اکثر شاخص‌های تحمل به تنش با عملکرد دانه همبستگی داشتند اما شاخص‌های K1STI، MP و GMP به دلیل همبستگی بالا با عملکرد تحت شرایط تنش خشکی و شاخص‌های YI،

بر مبنای شاخص TOL که نشان‌دهنده تفاوت عملکرد لاین در دو شرایط مختلف است، لاین‌های شماره ۵۶، ۶۷ و ۱۹ به ترتیب کمترین مقدار را داشتند و به‌طور نسبی متحمل به تنش خشکی بودند و از بین آن‌ها تنها لاین ۶۷ عملکرد بالایی داشت؛ در حالی‌که لاین‌های ۷۸، ۴۹ و ۱۲ با وجود عملکرد مطلوب از تحمل کمتری به تنش برخوردار بودند (جدول ۳). مقادیر بالای شاخص‌های MP و GMP بیان‌گر تحمل به تنش است لذا بر اساس این دو شاخص، لاین‌های شماره ۳۸، ۴۸ و ۶۷ متحمل و لاین‌های ۴، ۵۳ و ۵۶ حساس بودند. بر اساس شاخص STI لاین‌های ۳۸، ۴۸ و ۶۷ بیشترین مقدار را داشتند و به‌عنوان متحمل‌ترین لاین‌ها انتخاب شدند. برتری شاخص STI در گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب در جو و سایر گیاهان قبلاً به اثبات رسیده است (۲، ۱۰، ۲۰، ۳۲). همچنین بر اساس شاخص‌های تغییر یافته STI یعنی شاخص K1STI لاین‌های ۳۸، ۱۲ و ۷۸ و از نظر شاخص K2STI لاین‌های ۶۷، ۴۸ و ۳۸ از تحمل به تنش بیشتری برخوردار بودند. استفاده از شاخص‌های تغییر یافته STI برای ارزیابی تحمل به تنش خشکی پیش از این گزارش شده است (۴، ۱۹). علاوه بر این، لاین‌های ۳۸، ۱۲ و ۷۸ بیشترین مقدار شاخص ATI را هم داشتند، لذا از نظر این شاخص نیز به‌عنوان متحمل‌ترین لاین‌ها برگزیده شدند (جدول ۳).

بر اساس شاخص SSPI لاین‌های ۵۶، ۶۷ و ۱۹ و بر پایه شاخص SSI لاین‌های ۶۷، ۸ و ۵۶ متحمل‌ترین لاین‌ها بودند (جدول ۳). یاراحمدی و همکاران (۳۴) گزارش کردند که شاخص‌های SSPI و SSI به همراه دو شاخص دیگر، ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا در شرایط نرمال ولی حساس به تنش را مورد گزینش قرار می‌دهند. در همین راستا، سامدور و همکاران (۲۶) بیان داشتند که گرچه شاخص SSI کاربرد فراوانی دارد اما این شاخص دارای محدودیت‌های خاصی نیز می‌باشد.

شاخص دیگر YSI می‌باشد که مقادیر بالای این شاخص برای یک لاین نشان‌دهنده تحمل بیشتر به تنش خشکی می‌باشد. بر اساس این شاخص لاین‌های ۶۷، ۸ و ۵۶ متحمل و لاین‌های ۴۰، ۴۹ و ۶۶ نسبت به سایرین حساس به تنش خشکی بودند (جدول ۳). همانند شاخص قبلی در شاخص YI نیز مقادیر بیشتر نشان از تحمل بالاتر است بنابراین لاین‌های ۶۷، ۴۸ و ۳۸ متحمل و لاین‌های ۴، ۵۳ و ۸۰ حساس بودند (جدول ۳). بر طبق شاخص‌های SDI و RDI لاین‌های ۶۷،

نسبت به میانگین عملکرد برخوردار بودند که نشان از عدم همبستگی یا همبستگی ضعیف این شاخص‌ها با عملکرد دانه می‌باشد. چنین نتیجه‌ای به طور دقیق توسط ضرایب همبستگی قبلاً تأیید گردید. ژنوتیپ‌های ۱۲، ۳۸، ۴۸، ۶۷، ۷۷ و ۷۸ با پراکنشی نزدیک به میانگین عملکرد از وضعیت مطلوبی برخوردار بودند. چنانچه پیش‌تر نیز ملاحظه گردید این ژنوتیپ‌ها از نظر اکثر شاخص‌ها مورد گزینش قرار گرفتند. هم‌خوانی بالای نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با سایر روش‌ها ناشی از آن است که دو مؤلفه اصلی، درصد بسیار بالایی از تغییرات موجود در داده‌ها را توجیه می‌نمایند (۲). چنین یافته‌هایی توسط بسیاری از محققین دیگر نیز گزارش شده است (۴، ۱۹، ۲۴، ۳۴).

WGMI، K2STI و HM به خاطر همبستگی شدید با عملکرد دانه تحت شرایط آبیاری معمولی، به‌عنوان مطلوب‌ترین شاخص‌ها در غربال‌گری تحمل به تنش خشکی شناخته شدند.

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

نتایج حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که دو مؤلفه اول و دوم به‌ترتیب ۶۱/۸ و ۳۶/۲ درصد از تغییرات موجود در داده‌ها را توجیه نمودند. بای‌پلات حاصل از این دو مؤلفه که در مجموع ۹۸ درصد از تغییرات را توجیه می‌کرد، در شکل ۱ ترسیم شده است. بر این اساس میانگین عملکرد دانه در هر دو شرایط و نیز بسیاری از شاخص‌های تحمل به تنش با اولین مؤلفه همبستگی معنی‌داری داشتند، در حالی‌که شاخص‌های SSI، YSI، DRI و DRI از زاویه‌ای ۹۰ درجه

جدول ۳- شاخص‌های تحمل به تنش خشکی در لاین‌های جو بر اساس میانگین عملکرد دانه در دو سال زراعی

Table 3. Drought tolerance indices in barley lines based on mean grain yield of two crop years

WGMI	DRI	HM	RDI	SDI	YI	YSI	SSPI	SSI	ATI	K2STI	K1STI	STI	GMP	MP	TOL	PR	Ys	Yp	No.
۲/۳۷	۷/۵۵	۲/۴۰	۱/۱۳	-/۲۶	۱/۲۸	-/۷۴	۹۱/۱	-/۷۵	۲/۷۱	۱/۶۴	۱/۲۸	-/۹۵	۲/۴۲	۲/۴۶	-/۷۳	۲۵/۸۹	۲/۰۹	۲/۸۲	۱
۱/۵۲	۱/۹۸	۱/۵۴	۱/۱۳	-/۲۶	-/۸۲	-/۷۴	۵۹/۳	-/۷۶	۱/۱۳	-/۶۷	-/۵۳	-/۳۹	۱/۵۵	۱/۵۷	-/۴۸	۲۶/۲۴	۱/۳۴	۱/۸۱	۲
۱/۳۲	۱/۳۳	۱/۳۶	-/۹۳	-/۴۰	-/۶۷	-/۶۰	۸۹/۳	۱/۱۴	۱/۵۴	-/۴۵	-/۵۳	-/۳۲	۱/۴۱	۱/۴۵	-/۷۲	۳۹/۵۰	۱/۱۰	۱/۸۱	۳
۱/۰۲	-/۶۲	۱/۰۶	-/۱۸۶	-/۴۴	-/۵۱	-/۵۶	۸۱/۲	۱/۲۷	۱/۱۰	-/۲۶	-/۳۵	-/۲۰	۱/۱۱	۱/۶	-/۶۵	۴۲/۹۲	-/۸۳	۱/۴۸	۴
۱/۶۸	۲/۶۸	۱/۷۲	-/۹۹	-/۳۵	-/۸۷	-/۶۵	۹۵/۵	۱/۰۱	۲/۰۶	-/۷۵	-/۷۶	-/۴۹	۱/۷۶	۱/۸۰	-/۷۷	۳۵/۰۹	۱/۴۲	۲/۱۸	۵
۱/۸۱	۳/۳۷	۱/۸۲	۱/۲۱	-/۲۱	۱/۰۰	-/۷۹	۵۴/۹	-/۶۱	۱/۲۴	۱/۰۰	-/۶۹	-/۵۴	۱/۸۴	۱/۸۵	-/۴۴	۲۱/۲۶	۱/۶۳	۲/۰۷	۶
۱/۴۵	۱/۷۴	۱/۴۹	-/۹۸	-/۳۶	-/۷۵	-/۶۴	۸۶/۱	۱/۰۴	۱/۶۱	-/۵۶	-/۵۹	-/۳۷	۱/۵۲	۱/۵۷	-/۶۹	۳۶/۱۳	۱/۲۲	۱/۹۱	۷
۲/۷۲	۱/۱۷	۲/۷۲	۱/۳۶	-/۱۱	۱/۵۸	-/۸۹	۴۰/۰	-/۳۲	۱/۳۳	۲/۴۸	۱/۳۴	۱/۱۹	۲/۷۳	۲/۷۳	-/۳۲	۱۱/۰۷	۲/۵۷	۲/۸۹	۸
۱/۵۰	۲/۱۱	۱/۶۰	-/۷۳	-/۵۲	-/۷۲	-/۴۸	۱۶۱/۷	۱/۵۱	۳/۳۹	-/۵۲	-/۹۸	-/۴۷	۱/۷۱	۱/۸۳	۱/۳۰	۵۲/۳۲	۱/۱۸	۲/۴۸	۹
۲/۰۸	۵/۰۸	۲/۱۰	۱/۱۵	-/۲۵	۱/۱۳	-/۷۵	۷۶/۲	-/۷۲	۱/۹۸	۱/۲۷	-/۹۶	-/۷۲	۲/۱۲	۲/۱۵	-/۶۱	۲۴/۹۰	۱/۸۴	۲/۴۵	۱۰
۲/۴۴	۸/۳۳	۲/۴۸	۱/۰۷	-/۳۰	۱/۲۹	-/۷۰	۱۱۳/۰	-/۸۷	۳/۴۹	۱/۶۷	۱/۴۶	۱/۰۲	۲/۵۲	۲/۵۶	-/۹۱	۳۰/۰۲	۲/۱۱	۳/۰۲	۱۱
۳/۰۶	۱/۷۲	۳/۲۲	-/۱۸۰	-/۴۸	۱/۵۰	-/۵۲	۳۷۸/۴	۱/۳۷	۱/۱۵۶	۲/۲۶	۱/۵۱	۱/۸۴	۳/۳۹	۳/۵۷	۲/۲۳	۴۷/۶۵	۲/۴۵	۴/۶۸	۱۲
۱/۶۲	۲/۸۰	۱/۶۴	۱/۰۹	-/۲۹	-/۷۱	-/۸۶	۷۰/۵	-/۸۳	۱/۴۴	-/۶۲	-/۶۲	-/۴۴	۱/۶۹	۱/۶۹	-/۵۷	۱/۲۶۸	۱/۴۱	۱/۹۷	۱۳
۱/۴۶	۱/۸۰	۱/۵۱	-/۹۲	-/۴۰	-/۷۴	-/۶۰	۹۹/۳	۱/۱۴	۱/۹۰	-/۵۵	-/۶۴	-/۳۹	۱/۶۶	۱/۶۱	-/۸۰	۳۹/۶۵	۱/۲۱	۲/۰۱	۱۴
۱/۵۷	۲/۱۹	۱/۶۱	-/۹۸	-/۳۶	-/۸۱	-/۶۴	۹۱/۸	۱/۰۳	۱/۸۵	-/۶۵	-/۶۸	-/۴۴	۱/۶۵	۱/۶۹	-/۷۴	۳۵/۷۷	۱/۳۲	۲/۰۶	۱۵
۱/۶۷	۲/۶۴	۱/۷۱	-/۹۹	-/۳۶	-/۸۶	-/۶۴	۹۶/۸	۱/۰۳	۲/۰۸	-/۷۴	-/۷۶	-/۴۹	۱/۷۵	۱/۷۹	-/۷۸	۳۵/۵۵	۱/۴۱	۲/۱۸	۱۶
۱/۲۶	۱/۱۵	۱/۳۰	-/۹۳	-/۳۹	-/۶۴	-/۶۱	۸۴/۳	۱/۳۹	۱/۳۹	-/۴۱	-/۳۹	-/۲۹	۱/۳۴	۱/۳۸	-/۶۸	۳۹/۳۴	۱/۰۵	۱/۳۳	۱۷
۲/۳۳	۷/۵۱	۲/۴۴	-/۱۸۲	-/۴۷	۱/۱۵	-/۵۳	۲۰۴/۱	۱/۳۵	۶/۴۱	۱/۳۱	۱/۹۷	۱/۰۵	۲/۵۶	۲/۶۹	۱/۶۴	۴۶/۶۵	۱/۸۷	۳/۵۱	۱۸
۱/۴۸	۱/۸۶	۱/۴۹	۱/۲۴	-/۱۹	-/۸۳	-/۸۱	۳۹/۳	-/۵۵	-/۷۲	-/۶۸	-/۴۴	-/۳۶	۱/۵۰	۱/۵۱	-/۳۲	۱۸۹/۲	۱/۳۵	۱/۶۷	۱۹
۱/۱۸	-/۹۳	۱/۲۱	-/۹۶	-/۳۷	-/۶۰	-/۶۳	۷۳/۰	۱/۰۷	۱/۱۱	-/۳۶	-/۴۰	-/۲۵	۱/۲۴	۱/۲۸	-/۵۹	۳۷/۲۶	-/۹۹	۱/۵۷	۲۰
۲/۴۲	۷/۹۷	۲/۴۶	۱/۰۷	-/۳۰	۱/۲۸	-/۷۰	۱۱۳/۰	-/۸۷	۳/۴۶	۱/۶۳	۱/۴۳	۱/۰۰	۲/۵۰	۲/۵۴	-/۹۱	۳۰/۳۷	۲/۰۹	۲/۹۹	۲۱
۱/۸۱	۳/۳۵	۱/۸۵	-/۹۹	-/۳۵	-/۹۳	-/۶۵	۱۰۳/۰	۱/۰۱	۲/۳۹	-/۸۷	-/۸۹	-/۵۷	۱/۸۹	۱/۹۴	-/۸۳	۳۵/۱۱	۱/۵۳	۲/۳۵	۲۲
۱/۷۲	۲/۹۱	۱/۷۴	۱/۲۰	-/۲۲	-/۹۵	-/۷۸	۵۳/۱	-/۶۲	۱/۱۴	-/۹۰	-/۶۳	-/۴۹	۱/۷۵	۱/۶۶	-/۴۳	۲۱/۵۲	۱/۵۵	۱/۹۸	۲۳
۲/۲۱	۶/۰۹	۲/۲۵	۱/۰۲	-/۳۳	۱/۱۵	-/۶۷	۱۱۶/۱	-/۹۵	۳/۲۷	۱/۳۳	۱/۲۷	-/۸۵	۲/۳۰	۲/۳۵	-/۹۳	۳۳/۱۰	۱/۸۸	۲/۸۱	۲۴
۱/۴۳	۱/۸۱	۱/۵۲	-/۷۴	-/۵۲	-/۶۹	-/۴۸	۱۵۱/۱	۱/۵۰	۳/۰۰	-/۴۸	-/۸۷	-/۴۲	۱/۶۲	۱/۷۳	۱/۲۱	۵۱/۸۲	۱/۱۳	۲/۴۴	۲۵
۲/۱۱	۵/۳۸	۲/۱۸	-/۹۱	-/۴۰	۱/۰۶	-/۶۰	۱۴۷/۳	۱/۱۷	۴/۰۶	۱/۱۳	۱/۳۶	-/۸۱	۲/۲۵	۲/۳۳	۱/۱۸	۴۰/۴۸	۱/۷۴	۲/۹۲	۲۶
۲/۳۸	۷/۶۰	۲/۴۰	۱/۱۴	-/۲۵	۱/۲۹	-/۷۵	۸۸/۶	-/۷۳	۲/۶۴	۱/۶۶	۱/۲۷	-/۹۵	۲/۴۲	۲/۴۶	-/۷۱	۲۵/۳۷	۲/۱۰	۲/۸۱	۲۷
۱/۳۷	۱/۱۹	۱/۳۲	-/۹۱	-/۴۱	-/۶۴	-/۵۹	۸۹/۳	۱/۱۷	۱/۴۹	-/۴۱	-/۵۰	-/۳۰	۱/۳۶	۱/۴۱	-/۷۲	۴۰/۵۱	۱/۰۵	۱/۷۷	۲۸
۱/۲۷	۱/۱۷	۱/۲۹	۱/۰۸	-/۲۹	-/۶۸	-/۷۱	۵۶/۸	-/۸۴	-/۹۱	-/۴۶	-/۳۹	-/۲۸	۱/۳۱	۱/۳۳	-/۴۶	۲۹/۱۷	۱/۱۱	۱/۵۶	۲۹
۱/۵۲	۲/۰۰	۱/۵۴	۱/۱۹	-/۲۲	-/۸۴	-/۷۸	۴۸/۷	-/۶۴	-/۹۲	-/۷۰	-/۴۹	-/۳۸	۱/۵۵	۱/۵۶	-/۳۹	۲۲/۲۲	۱/۳۷	۱/۷۶	۳۰
۱/۲۲	۱/۰۴	۱/۲۶	-/۹۰	-/۴۱	-/۶۱	-/۵۹	۸۷/۴	۱/۱۹	۱/۴۰	-/۳۸	-/۴۶	-/۲۷	۱/۳۰	۱/۳۵	-/۷۰	۴۱/۱۸	۱/۰۰	۱/۷۰	۳۱
۲/۲۳	۶/۲۱	۲/۲۶	۱/۰۷	-/۳۰	۱/۱۸	-/۷۰	۱۰۳/۶	-/۸۷	۲/۹۲	۱/۳۸	۱/۲۱	-/۸۵	۲/۳۰	۲/۳۴	-/۸۳	۳۰/۱۸	۱/۹۲	۲/۷۵	۳۲
۲/۳۸	۷/۶۳	۲/۴۱	۱/۱۱	-/۲۷	۱/۲۸	-/۷۳	۹۷/۴	-/۷۹	۲/۹۲	۱/۶۳	۱/۳۲	-/۹۶	۲/۴۴	۲/۴۸	-/۷۸	۲۷/۳۳	۲/۰۹	۲/۸۷	۳۳
۱/۲۳	۱/۰۴	۱/۲۵	۱/۰۴	-/۳۲	-/۶۴	-/۶۸	۶۱/۸	-/۹۲	-/۹۶	-/۴۱	-/۳۸	-/۲۶	۱/۲۷	۱/۳۰	-/۵۰	۳۳/۰۴	۱/۰۵	۱/۵۵	۳۴
۱/۲۶	۱/۱۲	۱/۲۷	۱/۱۱	-/۲۷	-/۶۷	-/۷۳	۵۱/۸	-/۷۹	-/۸۲	-/۴۵	-/۳۷	-/۲۷	۱/۲۹	۱/۳۱	-/۴۲	۲۷/۳۹	۱/۱۰	۱/۵۲	۳۵
۱/۴۹	۱/۸۶	۱/۵۲	۱/۰۲	-/۳۳	-/۷۸	-/۶۷	۷۸/۷	-/۹۶	۱/۴۹	-/۶۰	-/۵۸	-/۳۸	۱/۵۵	۱/۵۸	-/۶۳	۳۳/۲۵	۱/۲۷	۱/۹۰	۳۶
۲/۶۲	۱۰/۱	۲/۶۷	۱/۰۲	-/۳۳	۱/۳۷	-/۶۷	۱۳۷/۳	-/۹۵	۴/۵۹	۱/۸۷	۱/۱۹	-/۷۸	۲/۷۳	۲/۷۸	۱/۱۰	۳۳/۰۳	۲/۳۳	۲/۳۳	۳۷
۳/۹۵	۳۵/۱	۴/۰۶	-/۹۵	-/۳۸	۲/۰۲	-/۶۲	۳۴۹/۷	۱/۰۹	۱۲/۷۷	۴/۰۷	۴/۴۹	۲/۷۹	۴/۱۷	۴/۲۹	۲/۰۰	۳۷/۸۱	۳/۲۹	۵/۲۹	۳۸
۱/۲۷	۱/۱۶	۱/۳۱	-/۹۲	-/۴۰	-/۶۴	-/۶۰	۸۶/۸	۱/۱۵	۱/۳۳	-/۴۱	-/۴۹	-/۲۹	۱/۳۵	۱/۲۹	-/۷۰	۳۹/۹۴	۱/۰۵	۱/۷۴	۳۹
۱/۹۳	۴/۹۱	۲/۱۱	-/۶۳	-/۵۹	-/۹۱	-/۴۱	۲۶۸/۴	۱/۷۱	۷/۶۵	-/۸۳	۲/۱۲	-/۸۷	۲/۳۲	۲/۵۶	۲/۱۵	۵۹/۱۵	۱/۴۹	۲/۶۴	۴۰

ادامه جدول ۳

۱/۶۶	۲/۶۴	۱/۷۲	-/۹۰	-/۴۲	-/۸۳	-/۵۸	۱۲۰/۵	۱/۲۰	۲/۶۳	-/۶۹	-/۸۷	-/۵۱	۱/۷۸	۱/۸۴	-/۹۷	۴۱/۵۱	۱/۳۶	۲/۳۳	۴۱
۲/۳۳	۷/۱۵	۲/۳۷	۱/۰۵	-/۳۱	۱/۲۳	-/۶۹	۱۱۴/۲	-/۹۱	۳/۳۸	۱/۵۰	۱/۳۶	-/۹۴	۲/۴۱	۲/۴۶	-/۹۲	۳۱/۳۹	۲/۰۰	۲/۹۲	۴۲
۱/۶۳	۲/۴۶	۱/۶۷	-/۹۷	-/۳۷	-/۸۴	-/۶۳	۹۸/۶	۱/۰۶	۲/۰۷	-/۷۰	-/۸۴	-/۴۷	۱/۷۳	۱/۷۶	-/۷۹	۳۶/۶۶	۱/۳۷	۲/۱۶	۴۳
۱/۵۴	۲/۱۲	۱/۶۰	-/۸۵	-/۴۵	-/۷۶	-/۵۵	۱۲۴/۸	۱/۲۹	۲/۵۶	-/۵۸	-/۸۱	-/۴۵	۱/۶۷	۱/۷۵	۱/۰۰	۴۴/۵۴	۱/۲۵	۲/۲۵	۴۴
۱/۶۹	۲/۷۵	۱/۷۱	۱/۱۴	-/۲۵	-/۹۲	-/۷۵	۶۳/۷	-/۷۳	۱/۳۵	-/۸۴	-/۶۴	-/۴۸	۱/۷۳	۱/۷۵	-/۵۱	۲۵/۴۴	۱/۵۰	۲/۰۱	۴۵
۱/۲۳	۱/۰۶	۱/۲۶	۱/۰۲	-/۳۳	-/۶۴	-/۶۷	۶۵/۵	-/۹۶	۱/۰۳	-/۴۱	-/۴۰	-/۲۷	۱/۲۹	۱/۳۱	-/۵۳	۳۳/۳۳	۱/۰۵	۱/۵۸	۴۶
۱/۶۰	۲/۳۲	۱/۶۳	۱/۰۲	-/۳۳	-/۸۳	-/۶۷	۸۵/۵	-/۹۷	۱/۷۵	-/۶۹	-/۶۷	-/۴۵	۱/۶۷	۱/۷۰	-/۶۹	۳۳/۵۰	۱/۳۶	۲/۰۵	۴۷
۳/۸۰	۳۰/۹	۳/۸۵	۱/۱۱	-/۳۷	۲/۰۳	-/۷۳	۱۵۶/۱	-/۷۹	۷/۴۵	۴/۱۴	۳/۲۵	۲/۴۳	۳/۹۰	۳/۹۵	۱/۲۵	۳۷/۳۵	۳/۳۳	۴/۵۷	۴۸
۲/۰۶	۶/۰۰	۲/۲۵	-/۶۳	-/۵۹	-/۹۷	-/۴۱	۲۸۵/۳	۱/۷۰	۸/۶۸	-/۹۵	۲/۴۱	-/۹۹	۲/۴۸	۲/۷۳	۲/۲۹	۵۸/۹۷	۱/۵۹	۳/۸۸	۴۹
۱/۴۷	۱/۷۹	۱/۴۷	۱/۲۳	-/۲۰	-/۸۲	-/۸۰	۴۰/۶	-/۵۷	-/۷۴	-/۶۶	-/۴۴	-/۳۵	۱/۴۸	۱/۴۹	-/۳۳	۱۹/۶۴	۱/۳۳	۱/۶۶	۵۰
۱/۵۷	۲/۳۱	۱/۶۵	-/۸۲	-/۴۶	-/۷۸	-/۵۴	۱۳۶/۱	۱/۴	۲/۸۸	-/۶۰	-/۸۹	-/۴۸	۱/۷۳	۱/۸۱	۱/۰۹	۴۶/۲۸	۱/۲۷	۲/۳۶	۵۱
۲/۲۲	۶/۱۸	۲/۲۴	۱/۱۷	-/۲۴	۱/۲۱	-/۷۶	۷۶/۲	-/۶۸	۲/۱۱	۱/۳۷	۱/۰۷	-/۸۲	۲/۲۶	۲/۲۸	-/۶۱	۳۳/۶۰	۱/۹۸	۲/۵۹	۵۲
۱/۰۹	-/۷۵	۱/۱۳	-/۹۳	-/۳۹	-/۵۵	-/۶۱	۱/۱۳	۱/۰۴	۱/۰۴	-/۳۱	-/۳۶	-/۲۲	۱/۱۶	۱/۲۰	-/۵۹	۳۹/۲۶	۱/۲۰	۳/۹	۵۳
۱/۶۳	۲/۴۵	۱/۶۴	۱/۲۱	-/۳۱	-/۹۰	-/۷۹	۴۹/۳	-/۶۱	۱/۰۰	-/۸۱	-/۵۵	-/۴۴	۱/۶۵	۱/۶۶	-/۴۰	۲۱/۲۴	۱/۳۷	۱/۸۶	۵۴
۱/۹	۱/۵۲	۱/۴۲	۱/۰۱	-/۳۴	-/۷۳	-/۶۶	۷۵/۵	-/۹۸	۱/۳۴	-/۵۲	-/۵۱	-/۳۴	۱/۴۸	۱/۴۸	-/۶۱	۳۳/۸۹	۱/۱۸	۱/۷۹	۵۵
۱/۱۲	-/۸۰	۱/۱۲	۱/۲۵	-/۱۸	-/۶۳	-/۸۲	۲۸/۷	-/۵۳	-/۴۰	-/۳۹	-/۲۵	-/۲۰	۱/۱۳	۱/۱۴	-/۲۳	۱۸/۴۰	۱/۰۲	۱/۲۵	۵۶
۱/۶۸	۲/۶۹	۱/۷۲	-/۳۶	-/۸۷	-/۶۴	-/۸۷	۲۱/۴	۱/۰۳	۲/۱۰	-/۷۵	-/۷۷	-/۵۰	۱/۷۶	۱/۸۱	-/۷۸	۳۵/۵۴	۱/۲۰	۲/۲۰	۵۷
۲/۴۰	۷/۷۷	۲/۴۲	۱/۱۴	-/۲۵	۱/۳۰	-/۷۵	۸۹/۹	-/۷۳	۲/۷۰	۱/۶۸	۱/۲۹	-/۹۶	۲/۴۵	۲/۴۸	-/۷۲	۲۵/۴۰	۲/۱۲	۲/۸۴	۵۸
۲/۱۰	۵/۳۰	۲/۱۶	-/۹۷	-/۳۶	۱/۰۸	-/۶۴	۱۲۶/۱	۱/۰۵	۳/۴۲	۱/۱۷	۱/۳۴	-/۷۹	۲/۲۱	۲/۲۷	۱/۰۱	۳۶/۴۰	۱/۷۷	۲/۷۸	۵۹
۱/۶۲	۲/۴۴	۱/۶۷	-/۹۱	-/۴۰	-/۸۲	-/۶۰	۱۱۲/۴	۱/۱۶	۲/۳۸	-/۶۰	-/۸۰	-/۴۸	۱/۷۳	۱/۷۴	-/۹۰	۴۰/۳۷	۱/۳۴	۲/۷۸	۶۰
۲/۱۹	۵/۹۶	۲/۲۱	۱/۱۸	-/۳۳	۱/۲۰	-/۷۷	۷۳/۷	-/۶۷	۲/۰۱	۱/۴۴	۱/۰۴	-/۸۰	۲/۲۳	۲/۲۵	-/۵۹	۳۳/۱۸	۱/۹۶	۲/۵۵	۶۱
۲/۲۲	۶/۱۷	۲/۲۳	۱/۲۱	-/۲۱	۱/۲۲	-/۷۹	۶۶/۸	-/۶۱	۱/۸۴	۱/۵۰	۱/۰۳	-/۸۱	۲/۲۵	۲/۲۶	-/۵۴	۲۱/۱۵	۲/۰۰	۲/۵۳	۶۲
۱/۷۹	۲/۳۹	۱/۸۷	-/۸۵	-/۴۴	-/۸۹	-/۵۶	۱۴۴/۸	۱/۲۸	۳/۴۶	-/۸۰	۱/۱۰	-/۶۱	۱/۹۵	۲/۰۴	۱/۱۶	۴۴/۳۶	۱/۴۶	۲/۶۲	۶۳
۲/۳۵	۷/۵۳	۲/۴۴	-/۸۷	-/۴۳	۱/۱۷	-/۵۷	۱۷۹/۲	۱/۲۴	۵/۵۶	۱/۳۸	۱/۸۰	۱/۰۲	۲/۵۳	۲/۶۳	۱/۴۴	۴۲/۸۴	۱/۹۲	۳/۳۵	۶۴
۱/۶۶	۲/۵۸	۱/۶۹	۱/۰۲	-/۳۳	-/۸۶	-/۶۷	۸۸/۰	-/۹۶	۱/۸۶	-/۷۵	-/۷۲	-/۴۸	۱/۷۳	۱/۷۶	-/۷۱	۳۳/۳۳	۱/۴۱	۲/۱۲	۶۵
۲/۰۷	۵/۶۲	۲/۲۱	-/۷۳	-/۵۳	۱/۰۰	-/۴۷	۳۲۷/۳	۱/۵۲	۶/۶۱	۱/۰۰	۱/۹۱	-/۹۰	۲/۳۷	۲/۵۴	۱/۸۲	۵۲/۷۵	۱/۶۳	۲/۴۵	۶۶
۳/۶۶	۲۸/۸	۳/۶۶	۱/۴۱	-/۰۸	۲/۱۵	-/۹۲	۳۸/۷	-/۳۳	۱/۷۴	۲/۳۴	۲/۳۴	۲/۱۵	۳/۶۶	۳/۶۶	-/۳۱	۸/۱۲	۲/۵۱	۲/۸۲	۶۷
۱/۴۰	۱/۵۶	۱/۴۱	۱/۱۹	-/۳۲	-/۷۷	-/۷۸	۴۴/۹	-/۶۴	-/۷۸	-/۵۹	-/۴۲	-/۳۳	۱/۴۲	۱/۴۴	-/۳۶	۲۲/۲۹	۱/۲۶	۱/۶۲	۶۸
۲/۱۸	۵/۹۶	۲/۲۵	-/۹۰	-/۴۱	۱/۰۹	-/۵۹	۱۵۷/۹	۱/۲۰	۴/۵۲	۱/۲۰	۱/۴۹	-/۸۷	۲/۳۳	۲/۴۲	۱/۳۷	۴۱/۴۸	۱/۷۹	۲/۰۵	۶۹
۲/۳۱	۷/۰۱	۲/۳۶	۱/۰۲	-/۳۳	۱/۲۱	-/۶۷	۱۲۱/۷	-/۹۶	۳/۵۹	۱/۴۳	۱/۳۹	-/۹۳	۲/۴۱	۲/۴۶	-/۹۸	۳۳/۱۱	۱/۹۷	۲/۹۵	۷۰
۲/۶۷	۱۰/۸	۲/۶۸	۱/۲۳	-/۲۰	۱/۴۸	-/۸۰	۷۴/۳	-/۵۷	۲/۴۶	-/۸۰	۱/۴۶	۱/۱۷	۲/۷۰	۲/۷۲	-/۶۰	۱۹/۷۳	۲/۴۲	۳/۰۲	۷۱
۱/۳۸	۱/۵۰	۱/۴۲	-/۹۵	-/۳۸	-/۷۰	-/۶۲	۸۶/۸	۱/۰۹	۱/۵۵	-/۵۰	-/۵۵	-/۳۴	۱/۴۶	۱/۵۰	-/۷۰	۳۷/۶۷	۱/۱۵	۱/۸۵	۷۲
۲/۶۳	۱۰/۳	۲/۶۶	۱/۱۵	-/۲۵	۱/۴۳	-/۷۵	۹۶/۸	-/۷۲	۳/۱۸	۲/۰۳	۱/۵۴	۱/۱۶	۲/۶۸	۲/۷۱	-/۷۸	۲۵/۰۰	۲/۳۳	۳/۱۰	۷۳
۲/۴۵	۸/۳۳	۲/۴۸	۱/۱۴	-/۲۵	۱/۳۳	-/۷۵	۹۱/۸	-/۷۳	۲/۸۲	۱/۷۶	۱/۳۵	۱/۰۱	۲/۵۱	۲/۵۳	-/۷۴	۲۵/۳۴	۲/۱۷	۲/۹۰	۷۴
۲/۱۳	۵/۸۵	۲/۲۵	-/۷۹	-/۴۹	۱/۰۴	-/۵۱	۳۰۰/۴	۱/۴۰	۵/۸۲	۱/۰۹	۱/۷۵	-/۹۰	۲/۳۷	۲/۵۰	۱/۶۱	۴۸/۵۶	۱/۷۰	۳/۳۱	۷۵
۲/۴۳	۸۰۵	۲/۴۷	۱/۰۶	-/۳۰	۱/۳۸	-/۷۰	۱۱۴/۲	-/۸۸	۳/۵۱	۱/۶۴	۱/۴۵	۱/۰۱	۲/۵۱	۲/۵	-/۹۲	۳۰/۴۵	۲/۰۹	۳/۰۱	۷۶
۳/۱۷	۱۸/۲	۳/۲۶	-/۹۶	-/۳۷	۱/۶۲	-/۶۳	۱۹۷/۳	۱/۰۸	۸/۱۰	۲/۶۴	۲/۸۷	۱/۸۰	۳/۲۵	۳/۴۴	۱/۵۸	۳۷/۳۵	۲/۶۵	۴/۳۳	۷۷
۲/۹۰	۱۵/۰	۳/۰۷	-/۷۷	-/۵۰	۱/۴۱	-/۵۰	۲۸۵/۹	۱/۴۴	۱۱/۴۱	۲/۰۰	۳/۳۹	۱/۷۰	۳/۲۵	۳/۴۵	۲/۲۹	۴۹/۸۴	۲/۱۶	۴/۶۰	۷۸
۱/۶۱	۲/۳۸	۱/۶۵	-/۹۹	-/۳۵	-/۸۳	-/۶۵	۹۲/۴	۱/۰۲	۱/۹۱	-/۶۹	-/۷۱	-/۴۶	۱/۶۹	۱/۷۳	-/۷۴	۳۵/۲۴	۱/۶۶	۲/۱۰	۷۹
۱/۱۳	-/۸۳	۱/۱۷	-/۹۰	-/۴۱	-/۵۷	-/۵۹	۸۱/۲	۱/۱۹	۱/۲۰	-/۳۳	-/۴۰	-/۲۳	۱/۲۱	۱/۲۵	-/۶۵	۴۱/۲۷	-/۹۳	۱/۵۸	۸۰
۱/۵۳	۲/۰۴	۱/۵۷	-/۹۷	-/۳۷	-/۷۸	-/۶۳	۹۳/۶	۱/۰۷	۱/۸۵	-/۶۲	-/۶۶	-/۴۲	۱/۶۱	۱/۶۶	-/۷۵	۳۶/۹۵	۱/۲۸	۲/۰۳	۸۱

Continue Table 3

جدول ۴- ضرایب همبستگی بین میانگین‌های عملکرد دانه و شاخص‌های تحمل تحت شرایط نرمال و تنش خشکی در دو سال زراعی

Table 4. Correlation coefficients between grain yield averages and tolerance indices under normal and stress conditions in two crop years

DRI	HM	SDI	YI	YSI	SSPI	SSI	ATI	K2STI	K1STI	STI	GMP	MP	TOL	PR	Yp	Ys	Yp
																۰/۸۵**	Yp
															-۰/۳۱**	۰/۲۱ ^{ns}	PR
														۰/۷۵**	۰/۲۳**	۰/۷۸**	TOL
													۰/۶۳**	۰/۰۱ ^{ns}	۰/۹۴**	۰/۹۷**	MP
												۰/۹۹**	۰/۵۷**	-۰/۰۶ ^{ns}	۰/۹۶**	۰/۹۶**	GMP
											۰/۹۸**	۰/۹۸**	۰/۵۵**	-۰/۰۶ ^{ns}	۰/۹۵**	۰/۹۴**	STI
										۰/۹۵**	۰/۹۳**	۰/۹۵**	۰/۷۸**	۰/۲۲*	۰/۸۲**	۰/۹۸**	K1STI
									۰/۸۱**	۰/۹۶**	۰/۹۴**	۰/۹۱**	۰/۲۹**	-۰/۳۱**	۰/۹۸**	۰/۸۲**	K2STI
								۰/۵۶**	۰/۹۴**	۰/۷۸**	۰/۷۷**	۰/۸۱**	۰/۹۳**	۰/۵۰**	۰/۵۸**	۰/۹۱**	ATI
							۰/۵۰**	-۰/۳۱**	۰/۲۲*	-۰/۰۶ ^{ns}	-۰/۰۶ ^{ns}	۰/۰۱ ^{ns}	۰/۷۵**	۱/۰۰**	-۰/۳۱**	۰/۲۱ ^{ns}	SSI
						۰/۷۵**	۰/۹۳**	۰/۲۹**	۰/۷۸**	۰/۵۵**	۰/۵۷**	۰/۶۳**	۱/۰۰**	۰/۷۵**	۰/۲۳**	۰/۷۸**	SSPI
					-۰/۷۵**	-۱/۰۰**	-۰/۵۰**	۰/۳۱**	-۰/۲۲*	۰/۰۶ ^{ns}	۰/۰۶ ^{ns}	-۰/۰۱ ^{ns}	-۰/۷۵**	-۱/۰۰**	۰/۳۱**	-۰/۲۲ ^{ns}	YSI
			۰/۳۱**	۰/۳۳**	۰/۳۳**	-۰/۲۱**	۰/۵۸**	۰/۹۸**	۰/۸۲**	۰/۹۵**	۰/۹۴**	۰/۹۴**	۰/۳۳**	-۰/۳۱**	۱/۰۰**	۰/۸۵**	YI
			-۰/۳۱**	-۱/۰۰**	۰/۷۵**	۱/۰۰**	۰/۵۰**	-۰/۳۱**	۰/۲۲*	-۰/۰۶ ^{ns}	-۰/۰۶ ^{ns}	۰/۰۵ ^{ns}	۰/۷۵**	۱/۰۰**	-۰/۳۱**	۰/۲۲ ^{ns}	SDI
		-۰/۱۲ ^{ns}	۰/۹۸**	۰/۱۲ ^{ns}	۰/۵۱**	-۰/۱۲ ^{ns}	۰/۷۳**	۰/۹۵**	۰/۹۱**	۰/۹۸**	۰/۹۹**	۰/۹۹**	۰/۵۱**	-۰/۱۲ ^{ns}	۰/۹۸**	۰/۹۴**	HM
	۰/۱۱ ^{ns}	-۰/۹۹**	۰/۳۱**	۰/۹۹**	-۰/۷۵**	-۱/۰۰**	-۰/۵۰**	۰/۳۱**	-۰/۲۲*	۰/۰۶ ^{ns}	۰/۰۶ ^{ns}	-۰/۰۱ ^{ns}	-۰/۷۵**	-۱/۰۰**	۰/۳۱**	-۰/۲۲ ^{ns}	DRI
-۰/۱۷ ^{ns}	۰/۹۹**	-۰/۱۷ ^{ns}	۰/۹۹**	۰/۱۷ ^{ns}	۰/۴۶**	-۰/۱۷ ^{ns}	۰/۶۹**	۰/۹۶**	۰/۸۹**	۰/۹۸**	۰/۹۹**	۰/۹۸**	۰/۴۶**	-۰/۱۷ ^{ns}	۰/۹۹**	۰/۹۲**	WGMI

ns: * و **: به ترتیب غیر معنی داری و معنی داری در سطح احتمال پنج و یک درصد.

7. Fang, Y. and L. Xiong. 2015. General mechanisms of drought response and their application in drought resistance improvement in plants. *Cellular and molecular Life Sciences*, 72(4): 673-689.
8. FAO. 2019. Food and Agriculture Organization of the United Nations: FAOSTAT. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>.
9. Farshadfar, E. and J. Javadinia. 2011. Evaluation of chickpea (*Cicer arietum* L.) genotypes for drought tolerance. *Seed and Plant Improvement Journal*, 27(4): 517-537 (In Persian).
10. Fernandez, G.C.J. 1992. Effective selection criteria for assessing stress tolerance. In: Kuo, C.G. (eds.) *Proceedings of the International Symposium on Adaptation of Vegetables and Other Food Crops in Temperature and Water Stress*, AVRDC Publication, Tainan, Taiwan, 257-270.
11. Fischer, R.A. and T. Wood. 1979. Drought resistance in spring wheat cultivars III. Yield association with morphological traits. *Australian Journal of Agricultural Research*, 30: 1001-1020.
12. Fischer, R.A. and R. Maurer. 1978. Drought resistance in spring wheat cultivars. I. Grain yield responses. *Australian Journal of Agricultural Research*, 29: 897-912.
13. Gavuzzi, P., F. Rizza, M. Palumbo, R.G. Campanile, G.L. Ricciardi and B. Borghi. 1997. Evaluation of field and laboratory predictors of drought and heat tolerance in winter cereals. *Canadian Journal of Plant Science*, 77(4): 523-531.
14. Keistin, A.S., R.R. Serna, F.L. Perez, B.C. Enriquez, H.A.A. Gallegos, P.R. Valleji, N. Wassimi and J.D. Kelley. 1997. Improving common bean performance under drought stress. *Crop Science*, 37: 43-50.
15. Koocheki, A.R., A. Amini, M. Sharifalhoseini and H.R. Komaili. 2011. Short Communication: Evaluation and selection of international barley lines under late season drought stress conditions. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 4(1): 87-91 (In Persian).
16. Lan, J. 1998. Comparison of evaluating methods for agronomic drought resistance in crops. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 7: 85-87.
17. Mahdavi, A.M., B. Sorkhi Allahlou, S. Ahmadi and H. Zare Manesh. 2012. Evaluation of drought tolerance in barley genotypes using stress tolerance indices. *Journal of Crop Production Research*, 4(2): 121-133 (In Persian).
18. Moosavi, S.S., S.B. Yazdi, M.R. Naghavi, A.A. Zali, H. Dashti and A. Poursahbazi. 2008. Introduction of new indices to identify relative drought tolerance and resistance in wheat genotypes. *Desert*, 12: 165-178.
19. Naghavi, M.R., M. Moghaddam, M. Toorchi and M.R. Shakiba. 2016. Evaluation of spring wheat cultivars based on drought resistance indices. *Journal of Crop Breeding*, 8(17): 192-207 (In Persian).
20. Nazari, L. and H. Pakniyat. 2010. Assessment of drought tolerance in barley genotypes. *Journal of Applied Sciences*, 10(2): 151-156.
21. Nikkhah, H.R., M.R. Naghavi, V. Mohammadi and H. Soltanloo. 2014. Physiological and agronomic traits related to drought tolerance in barley recombinant inbred line population (Arigashar × Igr). *Seed and Plant Improvement Journal*, 4: 1-30 (In Persian).
22. Pham, A.T., A. Maurer, K. Pillen, C. Brien, K. Dowling, B. Berger, J.K. Eglinton and T.J. March. 2019. Genome-wide association of barley plant growth under drought stress using a nested association mapping population. *BMC plant biology*, 19(1): 134.
23. Rahimi, Y., M.R. Bihamta, A. Taleei, H. Alipour and P.K. Ingvarsson. 2019. Applying an artificial neural network approach for drought tolerance screening among Iranian wheat landraces and cultivars grown under well-watered and rain-fed conditions. *Acta Physiologiae Plantarum*, 41(9): 156.
24. Rahmati, H., A. Nakhzari Moghadam, A. Rahemi Karizaki and Z. Evarsaji. 2020. Evaluation of drought tolerance in durum wheat genotypes using drought tolerance indices. *Journal of Crop Breeding*, 12(33): 174-183 (In Persian).
25. Rosielle, A.A. and J. Hamblin. 1981. Theoretical aspects of selections for yield in stress and non-stress environments. *Crop Science*, 21:943-946.
26. Samdur, M.Y., P.D. Patroli, H.S. Talwar, K.K. Sharma, V.A. Tonapi, M. Elangovan and Y.S. Kshirsagar. 2020. Weighted geometric mean index: A model to evaluate drought tolerance in post-rainy season sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench). *Cereal Research Communications*, 1-8.
27. Soleimani, A. 2016. Evaluation of drought tolerance in barley genotypes (*Hordeum vulgare* L.) by using drought tolerance indices. *Crop Physiology Journal*, 8(31): 95-110 (In Persian).
28. Soleimani, A., M. Valizadeh, R. Darvishzadeh, H. Hatami Maleki, S. Aharizad and H. Alipour. 2015. Screening of drought tolerance cultivars in spring barley. *Agronomy Journal (Pajouhesh & Sazandegi)*, 104: 18-25 (In Persian).
29. Soleimani, A., M. Valizadeh, R. Darvishzadeh, S. Aharizad and H. Alipour. 2017. Evaluation of yield and yield component of spring barely genotypes under late season drought stress. *Journal of Crop Breeding*, 9(23): 105-116 (In Persian).
30. Stein, N. and G.J. Muehlbauer. 2018. *The Barley Genome*. Springer.
31. Vaezi, B. and A. Ahmadihah. 2010. Evaluation of drought tolerance of twelve improved barley genotypes in dry and warm condition. *Journal of Plant Production*, 17(1): 23-44 (In Persian).
32. Vaezi, B., V. Bavei, M. Ghanavati and F. Ebrahimipoor. 2013. Evaluation of barley lines for drought tolerance under field condition. *Agronomy Journal (Pajouhesh & Sazandegi)*, 97: 10-20 (In Persian).
33. Wang, O., G. Sun, X. Ren, J. Wang, B. Du, C. Li and D. Sun. 2017. Detection of OTLs for seedling characteristics in barley (*Hordeum vulgare* L.) grown under hydroponic culture condition. *BMC genetics*, 18(1): 94.
34. Yarahmadi, S., G. Nematzadeh, H. Sabouri and H. Najafi Zarini. 2020. Relationships between drought stress tolerance indices and their use in wheat screening programs. *Journal of Crop Breeding*, 12(33): 29-41 (In Persian).

Evaluation of Drought Stress Tolerance in Barley Lines Using Tolerance Indices

Parvaneh Eslami¹, Iraj Bernousi², Saeed Aharizad³ and Jafar Jafarzadeh⁴

1- PhD Student, Department of Plant Production and Genetics, Urmia University, Urmia, Iran

2- Associate Professor, Department of Plant Production and Genetics, Urmia University, Urmia, Iran

(Corresponding author: i.bernosi@urmia.ac.ir)

3- Professor, Plant Breeding and Biotechnology Department, University of Tabriz, Tabriz, Iran

4- Assistant Professor, Dryland Agricultural Research Institute, Agriculture Research, Education and Extension Organization (AREEO), Maragheh, Iran

Received: June 19, 2021

Accepted: May 23, 2021

Abstract

Drought stress is one of the most important environmental factors in reducing barley grain yield and despite recent advances in breeding this crop, there is still a need to improve drought tolerant barley cultivars in the country. In the present study, 81 barley lines were studied during the cropping years of 2018-2019 and 2019-2020 in both normal irrigation and drought stress conditions in the tillering stage. Drought stress was applied using evaporation pan in terms of 50 mm evaporation from the pan. Evaluation of drought stress tolerance using different stress tolerance indices while confirming the existence of genetic diversity, showed that lines No. 38, 48 and 67 with high grain yield in both conditions have high drought tolerance. Most indices had a significant correlation with average yield but the highest correlation with yield was related to K1STI, MP and GMP indices under drought stress and YI, WGMI, K2STI and HM indices under normal irrigation conditions. By cluster analysis, the genotypes were divided into four groups. The genotypes in the first group and to some extent in the second group were acceptable in terms of performance in both environmental conditions and stress tolerance indices, while more than half of genotypes were sensitive to drought stress. Finally, the results of principal component analysis were in good agreement with the results of other methods. The information of the present study can be used in performance comparison experiments and other future breeding programs.

Keywords: Abiotic stress, Barley, Cluster analysis, Weighted geometric mean index



"مقاله پژوهشی"

نقش قارچ اندوفیت *Penicillium chrysogenum* در گیاه گوجه‌فرنگی تحت تنش شوری

سهیلا آقائی درگیری^۱، داود صمصام‌پور^۲، مجید عسکری سیاهویی^۳ و عبدالنبی باقری^۴

۱- دکتری، گروه علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه هرمزگان، بندرعباس، ایران

۲- دانشیار گروه علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه هرمزگان، بندرعباس، ایران (نویسنده مسؤل: Samsampoor@hormozgan.ac.ir)

۳- دانشیار مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی هرمزگان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، بندرعباس، ایران

۴- استادیار مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی هرمزگان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، بندرعباس، ایران

تاریخ دریافت: ۹۹/۱۰/۱۵ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۲/۲۹

صفحه: ۸۴ تا ۹۴

چکیده

شوری یکی از مهم‌ترین تنش‌های غیر زیستی است که می‌تواند اثرات مخرب شدیدی روی رشد گیاهان داشته باشد. در این پژوهش تاثیر قارچ اندوفیت *Penicillium chrysogenum* روی بهبود صفات کمی و بیوشیمیایی گیاه گوجه‌فرنگی تحت تنش شوری (تیمار آب چاه شور با غلظت‌های مختلف صفر، ۴، ۶ و ۸ دسی‌زیمنس بر متر) به صورت فاکتوریل در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار در گلخانه دانشگاه هرمزگان بررسی شد. صفات مورد مطالعه شامل ارتفاع گیاه، وزن خشک ریشه، غلظت رنگدانه‌ها، محتوای نسبی آب برگ، پرولین، قندهای محلول، مالون دی‌آلدئید و پراکسید هیدروژن بود. نتایج نشان داد که گرچه تنش شوری باعث کاهش معنی‌دار ارتفاع گیاه، وزن خشک ریشه، کلروفیل *a*، کلروفیل *b*، کلروفیل کل، کاروتنوئید و محتوای نسبی آب برگ شد؛ اما تلقیح بوته‌های گوجه‌فرنگی با اندوفیت، باعث افزایش معنی‌دار این صفات و تقلیل اثرات منفی تنش شوری شد. حضور اندوفیت در برابر عدم حضور آن در تنش شوری (۸ دسی‌زیمنس بر متر) به میزان ۲۶/۶۶، ۳۰/۴۳، ۲۱/۷۲ و ۸/۴۷ درصد به ترتیب باعث افزایش صفات پرولین، قندهای محلول، مالون دی‌آلدئید و پراکسید هیدروژن شد. نتایج موجود نشان از پتانسیل بالای قارچ اندوفیت *Penicillium chrysogenum* در افزایش رشد به ویژه در شرایط تنش شوری دارد. از این قابلیت می‌توان در کاهش محدودیت کشت در برخی مناطق به دلیل لب شور بودن آب استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: پراکسید هیدروژن، پرولین، تنش شوری، کاروتنوئید، کلروفیل، مالون دی‌آلدئید

مقدمه

محافظت‌کننده‌های اسمولیتی مانند پرولین و قندهای محلول می‌توانند در داخل گیاهان تحت تنش شوری تجمع یابند و از عدم تعادل یونی و اسمزی جلوگیری کنند (۲۳). شوری تاثیر آشکاری بر پراکسیداسیون لیپید (MDA) غشای پلازما دارد، که نشانه‌ای از آسیب و نشت غشا در شرایط تنش شوری است (۷). تولید بیشتر گونه‌های اکسیژن فعال (ROS) مانند پراکسید هیدروژن (H_2O_2) در کلروپلاست‌های گیاهان تحت تنش شوری توصیف شده است (۴۰). اصلاح سنتی گیاهان و استفاده از تکنیک‌های پیشرفته اصلاح گیاهان دو روش کاملاً شناخته شده برای تولید واریته‌های گیاهی مقاوم به شوری است که گزینه اول بسیار زمان‌بر بوده و گزینه دوم هم مستلزم صرف هزینه‌های فراوان می‌باشد. لذا شناسایی و به کارگیری مکانیسم‌های ارزان و کاربردی، امری ضروری و اجتناب‌ناپذیر است. استفاده از اندوفیت‌های تحریک‌کننده رشد گیاهان، می‌تواند یکی از راه‌های جایگزین برای بازیابی رشد طبیعی گیاهان تحت تنش شوری باشد (۱۲). اندوفیت‌ها با محافظت گیاهان در برابر تنش‌های زیستی و غیر زیستی باعث افزایش رشد و عملکرد گیاهان می‌شوند (۴۴). اندوفیت‌های قارچی علاوه بر اعطای مقاومت در برابر تنش‌های زیستی و غیر زیستی، می‌توانند باعث بهبود جذب عناصر غذایی و رشد گیاه شده و عملکرد میوه را افزایش دهند (۴۷). نقش قارچ اندوفیت *Penicillium sp.* در بهبود رشد و عملکرد گوجه‌فرنگی تحت تنش شوری توسط موری و همکاران (۴۶) گزارش شد. در تحقیقاتی دیگر نشان داده شد که تلقیح قارچ اندوفیت *Penicillium brevicompactum* عملکرد گیاه گوجه‌فرنگی تحت تنش شوری را افزایش داد

گوجه‌فرنگی (*Solanum lycopersicum L.*) یکی از سبزیجات محبوب و متعلق به خانواده Solanaceae است که به طور گسترده‌ای در سراسر جهان کشت و مصرف می‌شود (تولید جهانی گوجه‌فرنگی تقریباً ۱۸۲ میلیون تن در سال ۲۰۱۷ تخمین زده شده است) (۲۱). گوجه‌فرنگی به دلیل ارزش غذایی بالا، دومین محصول گیاهی مورد علاقه بعد از سیب‌زمینی در جهان محسوب می‌شود (۳۵). همانند سایر محصولات زراعی، برخی تنش‌های زیستی (مانند آفات، عوامل بیماری‌زای گیاهی و علف‌های هرز) و تنش‌های غیر زیستی (مانند شوری، خشکسالی، غرقاب، تنش سرمایی و گرمایی) تولید جهانی گوجه‌فرنگی را تهدید می‌کنند (۳۸). شوری به عنوان یک تنش غیر زیستی می‌تواند باعث ایجاد عدم تعادل اسمزی و یا یونی در سلول‌های گیاه شود. تنش شوری همچنین با ایجاد سمیت و کاهش در دسترس بودن آب، رشد و جوانه‌زنی را محدود کرده و بر تولید محصول تاثیر می‌گذارد (۲۷). تنش شوری بر میزان فعالیت‌های فتوسنتزی در گیاهان تاثیر می‌گذارد (۳). در حقیقت، بین مقدار کلروفیل و رشد گیاه یک همبستگی مثبت وجود دارد و کاهش محتوای کلروفیل نشان دهنده وجود آسیب فتوسنتزی است (۳۹). به طور مشابه، محتویات کاروتنوئید نقش مهمی در ROS و محافظت لیپیدهای غشای پلازما ناشی از تنش دارد (۱۶) که ممکن است در صورت تحت فشار قرار گرفتن، گیاه تضعیف شود. تنش شوری همچنین باعث از بین رفتن ظرفیت نگهداری آب در بافت‌های گیاهی می‌شود، که بر محتوای آب برگ و رشد و نمو گیاه تاثیر می‌گذارد (۴۸).

از خاکش میلی‌متری استفاده شد و ارتفاع گیاه از سطح خاک تا آخرین برگ ثبت شد. برای اندازه‌گیری وزن خشک ریشه، بعد از قرارگیری این اندام‌ها به مدت ۴۸ ساعت در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد در داخل آون، وزن آن‌ها توسط ترازو دیجیتال با دقت ۰/۰۱ اندازه‌گیری شد.

غلظت رنگدانه‌ها

برای تعیین غلظت رنگدانه‌ها، نیم گرم از برگ تازه در هاون چینی با پنج میلی‌لیتر استون ۸۰ درصد ساییده و سپس به مدت ۱۵ دقیقه با سرعت هزار دور در دقیقه سانتریفیوژ شدند. پس از جدا کردن عصاره رویی، مرحله بالا دو بار دیگر تکرار شد. جذب عصاره در طول موج‌های ۶۶۳، ۶۴۵ و ۴۷۰ نانومتر با استفاده از اسپکتروفوتومتر (CECIL CE 2501, UK) بر اساس فرمول زیر محاسبه شد (۴۲).

$$A_{663} \times 2/69 - A_{645} \times 12/7 = \text{کلروفیل } a$$

$$A_{663} \times 4/68 - A_{645} \times 22/9 = \text{کلروفیل } b$$

$$\text{کلروفیل کل} = a + \text{کلروفیل } b$$

$$\text{محتوای نسبی آب برگ} = \frac{(A_{663} \times 1/8 + A_{645} \times 1/10) \times 100}{(A_{663} \times 0.2/85 + A_{645} \times 0.2/85)}$$

محتوای نسبی آب برگ

محتوای نسبی آب برگ (Relative Water Content) با روش کریمی و همکاران (۳۳) و با استفاده از فرمول زیر محاسبه شد:

$$\text{محتوای نسبی آب برگ} = \frac{(FW \times DW)}{(TD \times DW)} \times 100$$

FW: وزن تر برگ، DW: وزن خشک برگ، TW: وزن آماس.

میزان پرولین

پرولین در نمونه‌های برگ برداشت شده با روش باتیس و همکاران (۱۱) اندازه‌گیری شد. مقدار دو میلی‌لیتر از محلول به دست آمده از نیم گرم بافت برگ همراه با ۱۰ میلی‌لیتر اسید سولفوسالیسیلیک ۳ درصد با دو میلی‌لیتر اسیداستیک و دو میلی‌لیتر ناین‌هیدرین ترکیب شده و پس از قرار دادن در بن‌ماری، چهار میلی‌لیتر تولوئن به آن اضافه و میزان جذب در طول موج ۵۲۰ نانومتر قرائت شد.

پرولین = [وزن نمونه (۰/۵ گرم) / حجم عصاره (۱۰ میلی‌لیتر)] × [۱۰۰۰ / عدد قرائت شده]

میزان قندهای محلول

نیم گرم از بافت تازه برگ با پنج میلی‌لیتر اتانول ۹۶٪ و ۱۰ میلی‌لیتر اتانول ۷۰٪ همگن و سانتریفیوژ شد. سپس ۰/۱ میلی‌لیتر از عصاره الکلی با سه میلی‌لیتر آنترون مخلوط و به مدت ۱۰ دقیقه در بن‌ماری با ۱۰۰ درجه سانتی‌گراد قرار داده شد. میزان جذب با اسپکتروفوتومتر در طول موج ۶۲۵ نانومتر با استفاده از روش یمم و همکاران (۶۱) قرائت شد.

$$\text{قندهای محلول (میلی‌گرم بر وزن تر)} = [\text{برگ } (0.5 \text{ گرم}) / \text{عصاره } (15 \text{ میلی‌لیتر})] \times [1000 / \text{عدد قرائت شده}]$$

غلظت مالون دی‌آلدئید

مقدار مالون دی‌آلدئید (MDA) از روش هیت و پکر (۲۵) با استفاده از اسپکتروفوتومتر در ۵۳۲ نانومتر اندازه‌گیری شد. بر اساس این روش ۰/۲ گرم بافت تازه برگ در پنج میلی‌لیتر تری کلرواستیک یک درصد کوبیده و سانتریفیوژ شد. به یک

(۴۵). در ده‌های گذشته، پیشرفت چشمگیری برای درک چندین مکانیسم تحمل به شوری در قارچ‌های اندوفیت گزارش شده است. سیر تکاملی منجر به فعل و انفعالات پیچیده بین اندوفیت‌ها و گیاهان شده است. بسیاری از آن‌ها به توسعه یک رابطه همزیستی بین اندوفیت و گیاهان کمک می‌کنند (۲۶ و ۳۶). هدف از پژوهش حاضر، بررسی کاربرد اندوفیت قارچی *Penicillium chrysogenum* جداسازی شده از گیاهان شورپسند *Suaeda vermiculata* و ارزیابی آن‌ها در افزایش تحمل به تنش شوری در گیاه گوجه‌فرنگی است.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و اعمال تنش

این آزمایش به صورت گلخانه‌ای و در پاییز سال ۱۳۹۸ انجام شد. برای انجام آزمایش از بذور گوجه‌فرنگی رقم (۸۳۲۰) استفاده شد. آزمایش به صورت فاکتوریل (فاکتور اول تنش شوری در چهار سطح ۰، ۴، ۶ و ۸ دسی‌زیمنس بر متر و فاکتور دوم اندوفیت قارچی در دو سطح تلقیح و بدون تلقیح) در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار انجام شد. به منظور تلقیح بذر گوجه‌فرنگی توسط اسپور قارچ *P. chrysogenum* ابتدا قارچ مذکور روی محیط کشت PDA (Potato Dextrose Agar) به مدت چهار هفته در انکوباتور با دمای ۲۸±۱ درجه سانتی‌گراد کشت و نگهداری شد. اسپورهای قارچ مورد نظر با ۱۰ میلی‌لیتر محلول آب-توتین ۲۰ درصد در پتری دیش‌ها جمع‌آوری شدند. با استفاده از لام نئوبار اسپورهای موجود در هر پتری دیش شمارش و با غلظت حدود $10^6 \times$ میلی‌لیتر^{-۱} (CFU) آماده استفاده شدند (۲۰).

برای شروع آزمایش، ابتدا بذور گوجه‌فرنگی (رقم ۸۳۲۰) با استفاده از اتانول (۷۰ درصد) به مدت ۳۰ ثانیه استریل و سپس با استفاده از هیپوکلریت سدیم ۰/۵ درصد به مدت ۹۰ ثانیه استریل و پس از آن به طور کامل سه بار با آب مقطر دوبار تقطیر شست و شو شدند (۵۵). برای تماس بهتر بذور با اندوفیت‌ها، از ماده کربوکسی متیل سلولاز یک درصد استفاده شد. سپس بذور انکوبه شده با تیمارهای اندوفیت به مدت شش ساعت روی شیکر قرار داده شدند. شاهد بذور (بدون تلقیح) در آب مقطر حاوی توتین ۲۰ درصد بود. قبل از کشت بذور تیمار شده، خاک مورد استفاده (پیتماس و پرلایت) در دمای ۱۲۱ درجه سانتی‌گراد اتوکلاو شد. طی دوره کشت از آب اتوکلاو شده برای آبیاری بذور یک روز درمیان استفاده شد (۵۵). بعد از رشد اولیه بذور، گیاهچه‌ها به گلدان‌های (دارای خاک اتوکلاو شده با دمای ۱۲۱ درجه سانتی‌گراد و فشار ۱/۲ اتمسفر) در گلخانه دانشگاه هرمزگان با شرایط دمای (۲۰-۲۵ درجه سانتی‌گراد) و رطوبت (۶۵-۷۰ درصد) منتقل شدند و بعد از استقرار مناسب، تلقیح اندوفیت قارچی مجدداً به صورت محلول‌پاشی روی شاخ و برگ گیاهچه‌ها انجام شد (۵۷). تیمار شاهد بدون محلول‌پاشی بود. اندوفیت قارچی در دو سطح تلقیح و عدم تلقیح و تیمار شوری (آب چاه) در چهار سطح (۰، ۴، ۶ و ۸ دسی‌زیمنس بر متر) در گیاهان مورد مطالعه اعمال شدند. برای اندازه‌گیری ارتفاع گیاه

ارتفاع گیاه و وزن خشک ریشه

نتایج تجزیه واریانس نشان داد که برهمکنش اثر سطوح شوری و تلقیح اندوفیت قارچی بر ارتفاع گیاه و وزن خشک ریشه به ترتیب در سطح احتمال پنج و یک درصد معنی‌دار بود (جدول ۱). با افزایش تنش شدید، ارتفاع گیاه و وزن خشک ریشه کاهش ولی تلقیح اندوفیت قارچی باعث افزایش ارتفاع و وزن خشک ریشه گیاه شد. نتایج نشان داد که حضور اندوفیت در برابر عدم حضور آن در تنش شوری (۸ دسی‌زیمنس بر متر) به ترتیب باعث بهبود در صفات ارتفاع به میزان (۱۲۲/۱۷٪) و وزن خشک به میزان (۵۰/۶۸٪) شد (شکل ۱ الف و ب). بیومس معمولاً به عنوان شاخص توانایی گیاه در تحمل شوری ارزیابی می‌شود. تلقیح اندوفیت‌های قارچی به گیاهان گوجه‌فرنگی تحت تنش شوری باعث افزایش محتوای کلروفیل و کاروتنوئید برای جبران کاهش بیومس ناشی از شوری می‌شود. در چندین مطالعه مشخص شده است که تلقیح قارچ اندوفیت باعث افزایش بیومس در گیاهان ذرت (*Vochysia divergens* Pohl، سویا (۳۲)، (۵۱)، خردل چینی (۴)، برنج (۵۴) و گندم (۶۳) شده است. در مطالعاتی نقش قارچ اندوفیت *Piriformospora indica* در افزایش رشد ریشه در گیاه آراییدوپسیس نشان داده شد (۵۸). تا زمانی که بهره‌برداری از مناطق تحت تاثیر نمک دشوار باشد، سیستم ریشه‌ای بهبود یافته با قارچ اندوفیت، امکان استفاده از آب و مواد معدنی مورد نیاز گیاهان را در مناطق غیر شور فراهم می‌کند (۳۰).

میلی‌لیتر از محلول رویی چهار میلی‌لیتر تری کلرواستیک ۲۰ درصد که حاوی ۰/۵ درصد تیوباریوتیک اسید است، اضافه شد. مخلوط در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد قرار داده شد و بعد از قرارگیری روی یخ، غلظت مالون دی‌آلدئید آن اندازه‌گیری شد.

مالون دی‌آلدئید

غلظت کمپلکس بر حسب میلی‌مولار = A = جذب، = E، ضریب خاموش معادل $155 \text{ mM}^{-1} \text{ cm}^{-1}$ = B، عرض کووت، C

پراکسید هیدروژن

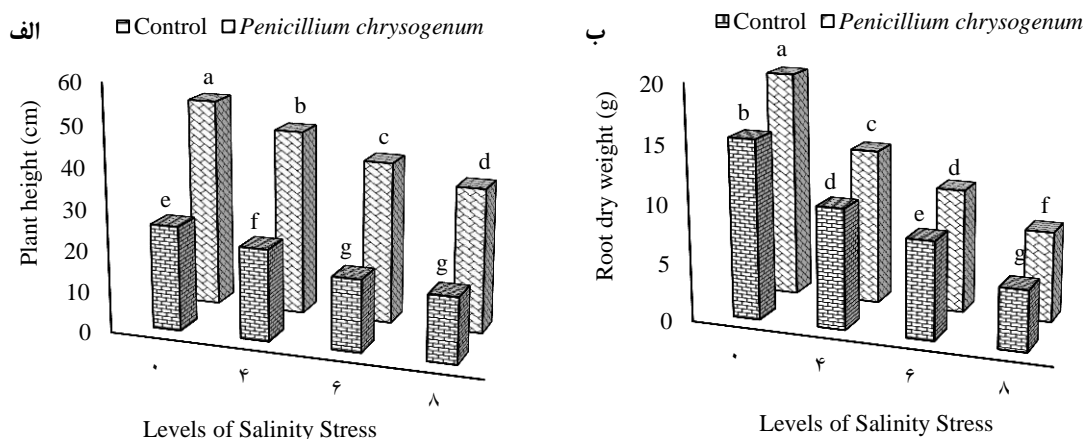
۰/۱ گرم نمونه برگ با پنج میلی‌لیتر تری کلرواستیک اسید ۰/۱ درصد ساییده و مخلوط سانتریفیوژ شد. پس از آن ۵۰۰ میکرولیتر از عصاره به همراه ۵۰۰ میکرولیتر بافر فسفات و دو میلی‌لیتر معرف یک مولار یدید پتاسیم به مدت یک ساعت در تاریکی قرار داده شد. میزان پراکسید هیدروژن نمونه‌ها با دستگاه اسپکتروفتومتر در طول موج ۳۹۰ نانومتر قرائت شد. غلظت پراکسید هیدروژن نمونه‌ها بر حسب میلی‌گرم بر گرم وزن تر محاسبه شد (۶۰).

پراکسید هیدروژن = [وزن تر نمونه (۰/۱ گرم) / حجم عصاره (۱۵ میلی‌لیتر)] × [۱۰۰۰ / عدد قرائت شده]

آنالیز آماری

در این آزمایش، داده‌ها با استفاده از آزمون کولموگروف-اسمیرنوف نرمال شد. آنالیز داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار آماری SAS نسخه ۹/۴ و مقایسه میانگین‌ها با استفاده از آزمون LSD در سطح احتمال ۵ درصد انجام و نمودارها در رسم شد.

نتایج و بحث



شکل ۱- مقایسه میانگین ارتفاع گیاه (الف) و وزن خشک ریشه (ب) گوجه‌فرنگی در دو سطح عدم تلقیح (کنترل) و تلقیح قارچ اندوفیت *Penicillium chrysogenum* در سطوح مختلف تنش شوری (۰، ۴، ۶ و ۸ دسی‌زیمنس بر متر) در شرایط گلخانه (میانگین‌های دارای حروف مشابه اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال پنج درصد ندارند)

Figure 1. Comparison of mean plant height (a) and root dry weight (b) of tomatoes inoculated with Endophytic fungus *Penicillium chrysogenum* at different levels of salinity stress (0, 4, 6 and 8 ds/m⁻¹) under greenhouse conditions (Means with similar letters do not differ significantly at the P≤0.05 probability level)

جدول ۱- تجزیه واریانس گوجه‌فرنگی تلقیح شده با قارچ اندوفیت *Penicillium chrysogenum* در سطوح مختلف تنش شوری
 Table 1. Analysis of variance of tomatoes inoculated with endophytic fungus *Penicillium chrysogenum* at different levels of salinity stress

منابع تغییرات Sources of changes	درجه آزادی Degrees of freedom	ارتفاع گیاه Plant height	وزن خشک ریشه Root dry weight	محتوای رطوبت نسبی Relative water content	کلروفیل <i>a</i> Chlorophyll <i>a</i>	کلروفیل <i>b</i> Chlorophyll <i>b</i>
شوری	۳	۱۹۷/۷۰**	۱۲۹/۱۱**	۲۵۰۴/۴۶**	۱۶/۷۳**	۱۴/۹۲**
اندوفیت	۱	۳۰۵۰/۷۸**	۵۴/۰۶**	۸۲۲/۸۰**	۷/۸۴**	۱/۶۸**
اندوفیت × شوری	۳	۱۰/۶۵*	۰/۹۴**	۲۴/۹۵**	۰/۱۳**	۰/۰۰۷*
خطا	۱۶	۲/۵۱	۰/۰۹۲	۰/۹۵	۰/۰۰۸	۰/۰۱۰
ضریب تغییرات (درصد)	-	۵/۰۲	۲/۷۰	۱/۵۹	۱/۸۷	۲/۹۳

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

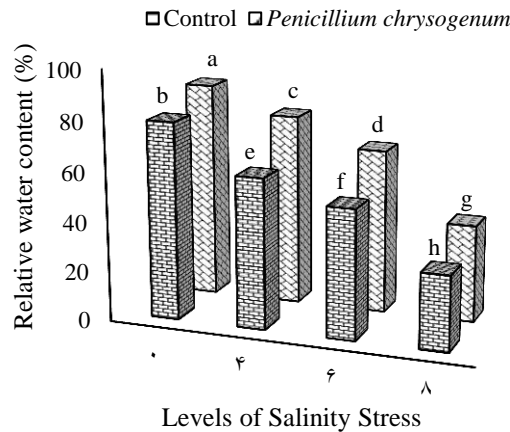
درصد محتوای رطوبت نسبی

یافته‌های حاصل از نتایج تجزیه واریانس (جدول ۱) نشان داد که برهمکنش اثر سطوح شوری و تلقیح اندوفیت قارچی بر محتوای رطوبت نسبی در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود. با افزایش تنش شوری میزان محتوای رطوبت نسبی کاهش یافت، به طوری که بیشترین میزان در تیمارهای تلقیح شده با اندوفیت قارچی و کمترین در تنش شدید و عدم تلقیح مشاهده شد. حضور اندوفیت در تنش شوری (۸ دسی‌زیمنس بر متر) منجر به افزایش (۲۹/۹۲٪) محتوای رطوبت نسبی نسبت به عدم حضور اندوفیت شد (شکل ۲). در این تحقیق رابطه میان گیاه و قارچ احتمالاً باعث بهبود جذب آب و افزایش پتانسیل آب برگ و بنابراین تبادل گازی در گیاهان تحت تنش شوری شد. اندازه‌گیری محتوای نسبی آب (RWC) در سلول‌های گیاهی برای بیان وضعیت آب در گیاهان بوده و تعادل بین میزان عرضه آب نسبی برگ و میزان تعرق را نشان می‌دهد (۵۶). یافته‌های پژوهش حاضر نشان داد که گیاهان تلقیح شده با قارچ اندوفیت دارای محتوای آب بیشتری هستند، که با یافته‌های ژانگ و همکاران (۶۴) هم راستا بود. محتوای نسبی آب برگ در گیاهان یکی از بهترین معیارها برای اندازه‌گیری وضعیت آب در گیاهان است، زیرا در بسیاری از فعالیت‌های متابولیکی در بافت‌ها نقش دارد (۲۹). گیاهان گوجه‌فرنگی تلقیح شده با قارچ *Piriformospora indica* افزایش قابل توجهی در مقدار رطوبت نسبی در مقایسه با گیاهان شاهد از خود نشان دادند (۲۴).

رنگدانه‌های گیاهی

نتایج تجزیه واریانس به دست آمده نشان داد که برهمکنش اثر سطوح شوری و تلقیح اندوفیت قارچی بر کلروفیل *a* در سطح احتمال یک درصد و کلروفیل *b* در سطح احتمال پنج درصد (جدول ۱) و کلروفیل کل در سطح احتمال

پنج درصد و کاروتنوئید در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود (جدول ۲). با افزایش تنش شوری میزان رنگیزه‌ها کاهش یافته، اما تلقیح اندوفیت قارچی موجب افزایش این پارامترها شد. حضور اندوفیت در برابر عدم حضور آن در تنش شوری (۸ دسی‌زیمنس بر متر) به ترتیب باعث بهبود در صفات کلروفیل *a* (۲۸/۶۲٪)، کلروفیل *b* (۳۶/۲۴٪)، کلروفیل کل (۳۱/۰۲٪) و کاروتنوئید (۱۴/۸۴٪) نسبت به عدم حضور اندوفیت شد (جدول ۳). بنابراین، اثر اندوفیت‌ها بر افزایش غلظت کاروتنوئید را می‌توان یکی از مکانیسم‌های مقاومت مثبت دانست که توسط قارچ‌های اندوفیت در افزایش تحمل گیاهان به شوری ایجاد می‌شود. کاروتنوئیدها از بافت‌های فتوسنتزی محافظت می‌کنند. حفظ ساختار کاروتنوئیدها در شرایط تنش به توانایی سیستم دفاع آنتی‌اکسیدان غیر آنزیمی گیاه در حذف گونه‌های اکسیژن فعال مرتبط است (۹). شوری باعث کاهش محتوای کلروفیل می‌شود (۵۳). تنش شوری با سرکوب آنزیم‌های خاصی که مسوول سنتز رنگیزه‌های فتوسنتزی هستند باعث کاهش رنگدانه‌ها می‌شوند (۱۴). کاروتنوئیدها در حال تثبیت و محافظت از فاز لیپیدی غشای تیلاکوئید هستند و به عنوان سرکوب کننده‌های اکسیژن و رادیکال‌های اکسیژن فعال رفتار می‌کنند (۱۳) که محتوای بالاتر در گوجه‌فرنگی تیمار شده با اندوفیت گیاهان را در برابر تنش‌های زنده و غیرزنده محافظت می‌کند. برخی مطالعات نقش مثبت اندوفیت روی فتوسنتز در گیاهان تحت تنش شوری را نشان داده‌اند (۸). در گیاه *Coleus forskohlii*، اثر متقابل قارچ *P. indica* با ریشه گیاهان باعث افزایش محتوای کلروفیل *a*، کلروفیل *b* و کلروفیل کل شد (۱۸). در تحقیقی روی گوجه‌فرنگی، صفات مورفولوژیکی و رنگدانه‌های فتوسنتزی گیاه تلقیح شده با قارچ اندوفیت *Piriformospora indica* بهبود یافت (۲۴).



شکل ۲- مقایسه میانگین محتوای رطوبت نسبی گوجه‌فرنگی در دو سطح عدم تلقیح (کنترل) و تلقیح قارچ اندوفیت *Penicillium chrysogenum* در سطوح مختلف تنش شوری (۰، ۴، ۶ و ۸ دسی‌زیمنس بر متر) در شرایط گلخانه (میانگین‌های دارای حروف مشابه اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال پنج درصد ندارند)

Figure 2. Comparison of mean relative moisture content of tomato inoculated with endophytic fungus *Penicillium chrysogenum* at different levels of salinity stress treatments (0, 4, 6 and 8 ds/m²) under greenhouse conditions (Means with similar letters do not differ significantly at the P<0.05 probability level)

جدول ۲- تجزیه واریانس گوجه‌فرنگی تلقیح شده با قارچ اندوفیت *Penicillium chrysogenum* در سطوح مختلف تنش شوری
Table 2. Analysis of variance of tomatoes inoculated with endophytic fungus *Penicillium chrysogenum* at different levels of salinity stress

پراکسید هیدروژن Peroxide	مالون دی‌آلدئید Malonaldehyde	قندهای محلول Soluble sugars	پرولین Proline	کاروتنوئید Carotenoids	کلروفیل کل Total Chlorophyll	درجه آزادی Degrees of freedom	منابع تغییرات Sources of changes
۲۶۸۱/۳۷**	۷/۴۲**	۴/۹۷**	-/۰۰۰۷**	۳/۲۱**	۶۱/۹۸**	۳	شوری
۴۹۳/۴۰**	۲/۰۹**	۴/۶۳**	-/۰۰۰۹**	۱/۶۵**	۱۶۷۸**	۱	اندوفیت
۲/۰۲*	-/۰۲**	-/۱۰*	-/۰۰۰۴*	-/۰۷۷**	-/۱۱*	۳	اندوفیت × شوری
۱/۸۰	-/۰۰۱۸	-/۰۱۰	-/۰۰۰۰۱	-/۰۰۱	-/۰۲۳	۱۶	خطا
۱/۷۹	۱/۴۳	۳/۸۰	۹/۹۸	۰/۸۱	۱/۸۳	-	ضریب تغییرات (درصد)

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

جدول ۳- مقایسه میانگین اثر سطوح مختلف تیمارهای شوری و اندوفیت قارچی *Penicillium chrysogenum* بر کلروفیل a، کلروفیل b، کلروفیل کل و کاروتنوئید گیاه گوجه‌فرنگی
Table 3. Comparison of the mean effect of different levels of salinity and fungal endophytic treatments of *Penicillium chrysogenum* on chlorophyll a, chlorophyll b, total chlorophyll and carotenoids of tomato

کاروتنوئید Carotenoids	کلروفیل کل Total Chlorophyll	کلروفیل b Chlorophyll b	کلروفیل a Chlorophyll a	تیمار Treatment	ترکیب composition اندوفیت قارچی Fungal endophyte
۴/۰±۶۳/۰۱۰ ^b	۱۱/۰±۳۳/۰۴۹ ^b	۴/۰±۹۱/۰۲ ^b	۶/۰±۵۲/۰۳۷ ^b	-	عدم تلقیح
۳/۰±۸۲/۰۰۸ ^e	۸/۰±۶۱/۰۴۴ ^d	۴/۰±۱۲/۰۳۶ ^d	۴/۰±۴۸/۰۰۹ ^e	۴	(Noting inoculated)
۳/۰±۲۶/۰۲۸ ^f	۵/۰±۹۵/۰۷۰ ^f	۲/۰±۳۸/۰۱۹ ^f	۲/۰±۵۷/۰۸۱ ^f	۶	
۲/۰±۸۳/۰۱۷ ^h	۴/۰±۱۹/۱۱ ^h	۱/۰±۴۹/۰۸۲ ^h	۲/۰±۶۹/۰۳۰ ^g	۸	
۴/۰±۹۱/۰۰۹ ^a	۱۳/۰±۱۳/۰۸۹ ^a	۵/۰±۵۳/۰۵۳ ^a	۷/۰±۵۹/۰۴۷ ^a	-	تلقیح
۴/۰±۴۲/۰۰۷ ^c	۱۰/۰±۳۳/۱۰ ^c	۴/۰±۵۸/۰۶۱ ^c	۵/۰±۷۵/۰۳۹ ^c	۴	(Inoculated)
۴/۰±۱۷/۰۱۳ ^d	۷/۰±۹۲/۴۵ ^e	۲/۰±۸۸/۰۴۲ ^e	۵/۰±۰۴/۰۲ ^d	۶	
۳/۰±۲۵/۰۰۶ ^g	۵/۰±۴۹/۰۰۵ ^g	۲/۰±۰۳/۰۳۵ ^g	۳/۰±۴۶/۰۳۸ ^f	۸	

میانگین‌های دارای حروف مشابه اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال پنج درصد ندارند.

باعث تجمع پرولین آزاد و کربوهیدرات محلول شد. علاوه بر این، تلقیح اندوفیت قارچی به طور قابل توجهی پرولین نسبت به گیاهان تیمار نشده به اندوفیت تحت تنش شوری را افزایش داد. توانایی جذب آب از خاک توسط گیاهان با قرار گرفتن در معرض تنش شوری، کاهش یافت که در نتیجه آن روابط آب-سلول مختل شده و توسعه سلول متوقف می‌شود. به منظور کاهش این اثرات منفی، گیاهان از تنظیم اسمزی به عنوان یک مکانیسم تحمل به شوری استفاده می‌کنند (۶۰). تجمع اسمولیت‌ها به صورت پرولین، گلیسین بتائین، قندها،

پرولین

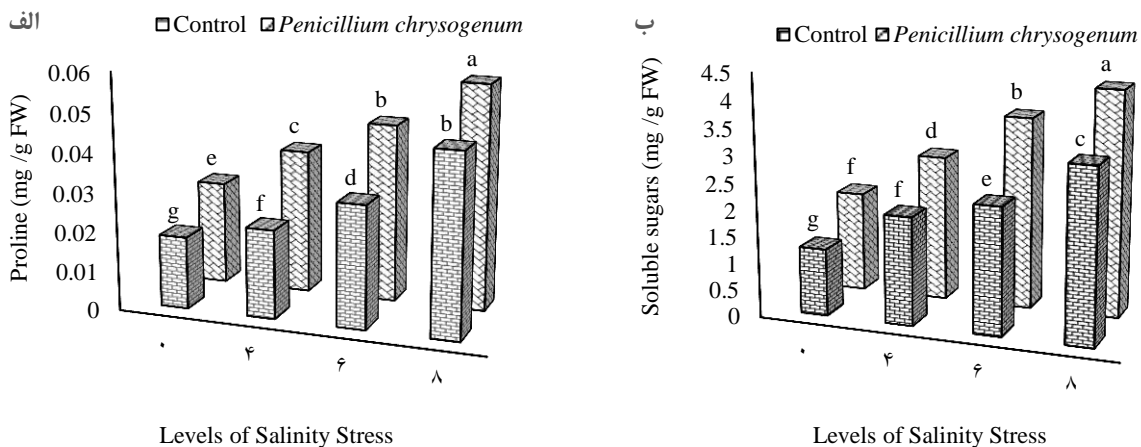
یافته‌های حاصل از نتایج تجزیه واریانس نشان داد که بر همکنش اثر سطوح شوری و تلقیح اندوفیت قارچی بر میزان پرولین در سطح احتمال پنج درصد معنی‌دار بود (جدول ۲). نتایج این تحقیق نشان داد که تلقیح اندوفیت قارچی در تنش شوری (۸ دسی‌زیمنس بر متر) موجب افزایش پرولین می‌شود. حضور اندوفیت در تنش شوری (۸ دسی‌زیمنس بر متر) منجر به افزایش (۲۶/۶۶٪) در صفت پرولین در برابر عدم حضور آن شد (شکل ۳ الف). در مطالعه حاضر، سطوح مختلف شوری

اسیدهای آلی، پلی‌آمین‌ها و آمینواسیدها به تنظیم اسمزی کمک می‌کند. این اسمولیت‌ها غالباً به عنوان املاح سازگار خوانده می‌شوند، که ترکیبات آلی با وزن مولکولی کم، با غلظت‌های بالای محلول در آب و غیر سمی هستند (۱۶). پرولین یکی از متداول‌ترین محافظ‌های اسمولیتی است که در هنگام تنش شوری در گیاهان تجمع می‌یابد و در نتیجه اثرات منفی شوری را بهبود می‌بخشد (۳۴). در تحقیقات خان و همکاران (۳۵) نشان داده شد که افزایش سطح پرولین در گیاهان تحت تنش شوری ممکن است به دلیل فعال شدن بیوسنتز پرولین باشد که گردش پروتئین را افزایش می‌دهد. محققین مختلف تجمع پرولین در گیاهان تلقیح شده با اندوفیت‌های مختلف قارچی تحت تنش شوری مانند ذرت (*Zea mays*) تلقیح شده با قارچ *Yarrowia* (۲۸)، جو (*Hordeum vulgare*) تلقیح شده با قارچ *Epichloe* *bromicola* (۱۵)، گوجه‌فرنگی (*S. lycopersicum*) تلقیح شده با قارچ *P. indica* (۲)، خردل چینی (*Brassica juncea*) تلقیح شده با قارچ *Trichoderma harzianum* (۴) را گزارش کرده‌اند.

قندهای محلول

یافته‌های حاصل از نتایج تجزیه واریانس نشان داد که برهمکنش اثر سطوح شوری و تلقیح اندوفیت قارچی بر قندهای محلول در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود (جدول ۲). نتایج نشان داد که افزایش تنش شوری منجر به کاهش قندهای محلول اما تلقیح اندوفیت قارچی سبب افزایش قندهای محلول شد. حضور اندوفیت در برابر عدم حضور آن در تنش شوری (۸ دسی‌زیمنس بر متر) به میزان

باعث بهبود در صفت قندهای محلول شد (شکل ۳ ب). در گیاهان متحمل به شوری، تجمع کل قندهای محلول مانند گلوکز، ساکارز، دکسترین‌ها و مالتوز به عنوان یک محافظت‌کننده عمل می‌کنند، زیرا آن‌ها می‌توانند غشای سلول و پروتوپلاست را تثبیت کنند. این قندها همچنین از آنزیم‌های محلول در آب در برابر غلظت‌های بالای درون سلولی یون‌های غیرآلی محافظت می‌کنند (۴۱). مولکول‌های اسمزی از جمله قندهای محلول و پروتئین‌ها، شاخص‌های مهمی در پاسخ به تنش‌های غیر زیستی هستند (۱۹). افزایش تجمع گلوکز و ساکارز در گیاهان معمولاً نشان‌دهنده فعال شدن مکانیسم محافظتی در برابر آسیب اکسیداتیو ناشی از شوری زیاد در محیط گیاه است (۱۰). یکی از آنزیم‌های اصلی تجزیه‌کننده نشاسته، گلوکان وائراز است که توسط اندوفیت در ریشه‌های کلونیزه فعال شده و مسئول افزایش کربوهیدرات‌های محلول در گیاهان تلقیح شده به اندوفیت تحت تنش شوری است. نقش موثر قارچ‌های اندوفیت در افزایش تجمع قندهای محلول در گیاهان تحت تنش شوری گزارش شده است (۶۳). یانگ و همکاران (۵۹) نشان دادند که تلقیح قارچ *Phomopsis liquidambari* باعث ترشح و رسوب قند در ریزوسول‌های برنج و قارچ *Phomopsis liquidambari* با تامین کربن بقایای ریشه برنج را تحریک به رشد کرد. علاوه بر این، در تحقیقی قارچ‌های اندوفیت با افزایش قند محلول در سیب (*Malus domestica*) رقم (Honeycrisp) کیفیت میوه را افزایش دادند (۵۲).



شکل ۳- مقایسه میانگین میزان پرولین (الف) و قندهای محلول (ب) گوجه‌فرنگی در دو سطح عدم تلقیح (کنترل) و تلقیح قارچ اندوفیت *Penicillium chrysogenum* در سطوح مختلف تنش شوری (۰، ۴، ۶ و ۸ دسی‌زیمنس بر متر) در شرایط گلخانه (میانگین‌های دارای حروف مشابه اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال پنج درصد ندارند)

Figure 3. Comparison of mean proline content in tomato plants inoculated with endophytic fungus *Penicillium chrysogenum* at different levels of salinity stress treatments (0, 4, 6 and 8 ds/m⁻¹) under greenhouse conditions (Means with similar letters do not differ significantly at the P≤0.05 probability level)

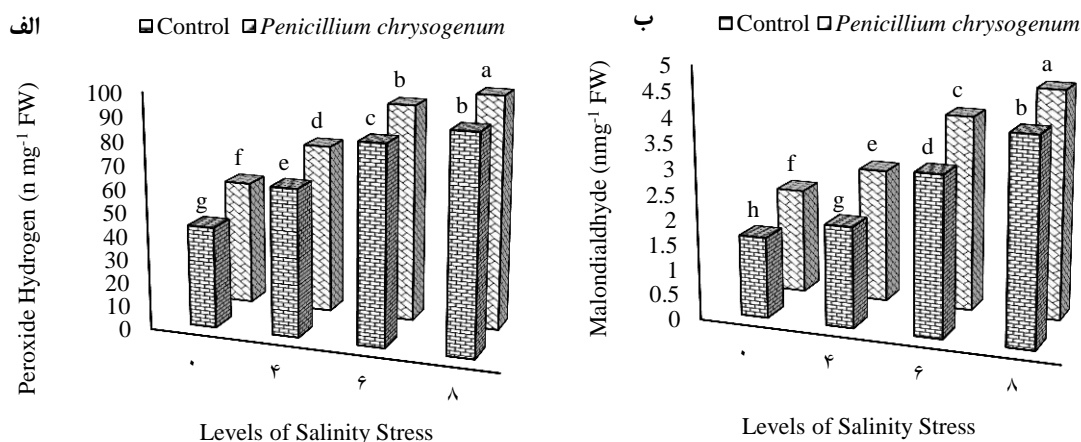
افزایش داد (۶۲) که با نتایج مطالعات موجود مطابقت داشت. گزارش‌ها نشان می‌دهد که تولید مالون دی‌آلدئید با تلقیح قارچ اندوفیت در گیاهان *Ephedra aphylla* (۵)، *Vicia faba* (۳) و *Sesbania sesban* (۱) افزایش یافته است. نتایج مشابهی با تلقیح اندوفیت در گیاه *Elymus dahuricus* و *Oryza sativa* گزارش شده است (۶۵) که با نتایج حاضر همسو می‌باشد.

پراکسید هیدروژن

همان‌طور که در جدول (۲) مشاهده می‌شود برهمکنش اثر سطوح شوری و تلقیح اندوفیت قارچی بر پراکسید هیدروژن در سطح احتمال پنج درصد معنی‌دار بود. نتایج نشان داد که افزایش تنش شوری شدید منجر به کاهش پراکسید هیدروژن شده و حضور اندوفیت در تنش شوری (۸ دسی‌زیمنس بر متر) در برابر عدم حضور به میزان (۴۷٪) باعث بهبود در صفت پراکسید هیدروژن شد (شکل ۶). در مطالعه ما شوری باعث افزایش قابل توجه H_2O_2 به عنوان یک نشانه واضح از تنش اکسیداتیو بود. از طرفی دیگر تلقیح با قارچ اندوفیت، از تجمع H_2O_2 در گیاهان تحت تنش شوری به دلیل تنظیم بیش از حد آنزیم‌های مهارکننده H_2O_2 جلوگیری کرد. افزایش پراکسید هیدروژن در پژوهش حاضر مطابق با یافته‌های لیو و همکاران (۴۳) بود. این نتیجه گزارش‌های قبلی را تایید می‌کند (۳۱ و ۴۹).

مالون دی‌آلدئید

نتایج تجزیه واریانس به دست آمده نشان داد که برهمکنش اثر سطوح شوری و تلقیح اندوفیت قارچی بر میزان مالون دی‌آلدئید در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود (جدول ۲). نتایج نشان داد که افزایش تنش شوری شدید منجر به کاهش مالون دی‌آلدئید شده و حضور اندوفیت در تنش شوری (۸ دسی‌زیمنس بر متر) منجر به افزایش (۲۱/۷۲٪) در صفت مالون دی‌آلدئید در برابر عدم حضور آن شد (شکل ۵). تلقیح با اندوفیت قارچی از پراکسیداسیون لیپید در هر سطح تنش جلوگیری می‌کند که می‌تواند به دلیل جلوگیری از آسیب غشا و القا پاسخ‌های آنتی‌اکسیداتیو توسط اندوفیت‌ها باشد، که گیاه از آسیب اکسیداتیو محافظت می‌کند. نتایج حاصل از مطالعه ما نشان داد که محتوای مالون دی‌آلدئید به طور قابل توجهی در گیاه گوجه‌فرنگی تحت تنش شوری در مقایسه با شاهد افزایش یافت، که با یافته‌های خداوردیو و کشتیبان؛ راوات و همکاران (۳۷ و ۵۰) سازگار بود. مالون دی‌آلدئید نشان دهنده صدمات و آسیب‌های غشایی در سطح سلولی در گیاهان تحت تنش شدید است (۶۴). در یک تحقیق روی انواع برنج و ذرت حساس به نمک، مشخص شد که این گیاهان محتوای مالون دی‌آلدئید بیشتری در پاسخ به تنش شوری داشتند (۱۹). در مطالعه‌ای دیگر مشخص شد که تلقیح گیاه *Bermudagrass* با قارچ اندوفیت *Aspergillus aculeatus* تجمع مالون دی‌آلدئید ناشی از تنش شوری را



شکل ۵- مقایسه میانگین غلظت مالون دی‌آلدئید (الف) و محتوای پراکسید هیدروژن (ب) گوجه‌فرنگی در دو سطح عدم تلقیح (کنترل) و تلقیح قارچ اندوفیت *Penicillium chrysogenum* در سطوح مختلف تنش شوری (۰، ۴، ۶ و ۸ دسی‌زیمنس بر متر) در شرایط گلخانه (میانگین‌های دارای حروف مشابه اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال پنج درصد ندارند)

Figure 5. Comparison of mean concentration of Malondaldehyde of tomato inoculated with endophytic fungus *Penicillium chrysogenum* at different levels of salinity stress treatments (0, 4, 6 and 8 ds/m²) under greenhouse conditions (Means with similar letters do not differ significantly at the P≤0.05 probability)

قارچی نشان داده‌اند که دارای پتانسیل قابل قبولی در کاهش تبعات ناشی از شوری روی دامنه وسیعی از گیاهان میزبان هستند. نتایج به دست آمده از این پژوهش نیز اثر مثبت سوبه اندوفیت قارچی *P. chrysogenum* روی رشد گیاه گوجه‌فرنگی تحت تنش شوری را تایید کرد. کاربرد قارچ اندوفیت به طور کلی در این پژوهش باعث کاهش اثرات منفی شوری و افزایش میزان صفات ارتفاع گیاه، وزن خشک، درصد

نتیجه‌گیری کلی

برای تامین تقاضای فعلی و آینده غذا برای جمعیتی که به سرعت در حال رشد است، سیستم‌های جدید و پایدار کشاورزی در استفاده موثر از منابع آب و زمین مورد نیاز است. این امر به ویژه در رابطه با چالش‌های فعلی تغییرات آب و هوا، جایی که تنش غیرزنده عامل محدود کننده‌ای برای تولید محصولات زراعی است، بسیار مهم می‌باشد. اندوفیت‌های

مجدد یافته‌های حاضر، می‌توان امیدوار بود که در آینده بتوان از این ارگانسیم‌ها در قالب کودهای زیستی برای کمتر کردن اثرات شوری در محصولات کشاورزی مختلف استفاده کرد.

محتوای نسبی، رنگدانه‌های گیاهی، پرولین، قندهای محلول، مالون دی‌آلدئید و پراکسید هیدروژن در گوجه‌فرنگی شد. با توجه به یافته‌های حاضر و با انجام پژوهش‌های بیشتر و تایید

منابع

1. Abd-Allah, E.F., A. Hashem, A.A. Alqarawi and A. Alwathnani Hend. 2015. Alleviation of adverse impact of cadmium stress in sunflower (*Helianthus annuus* L.) by arbuscular mycorrhizal fungi. Pakistan Journal. Botany, 47: 785-795.
2. Abdelaziz, M., E. Abdelsattar, M. Emad A. Abdeldaym, A.M. Atia, M. Abdel Wahab, M.M.Maged, M. Saad and H Heribert. 2019. "Piriformospora indica alters Na⁺/K⁺ homeostasis, antioxidant enzymes and LeNHX1 expression of greenhouse tomato grown under salt stress." Journal Scientia Horticulturae 256: 108-532.
3. Abeer, H., E.F. Abd-Allah, A.A. Alqarawi, G. El-Didamony, M. Alwhibi, D. Egamberdieva, and P. Ahmad. 2014. Alleviation of adverse impact of salinity on faba bean (*Vicia faba* L.) by arbuscular mycorrhizal fungi. Pakistan Journal. Botany, 46: 2003-2013.
4. Ahmad, P., A. Hashem, E.F. Abd-Allah, A.A. Alqarawi, R. John, D. Egamberdieva and S. Gucl. 2015. Role of *Trichoderma harzianum* in mitigating NaCl stress in Indian mustard (*Brassica juncea* L.) through antioxidative defense system. Journal Frontiers in plant science, 6: 868.
5. Alqarawi, A.A., E.F. Abd Allah and A. Hashem. 2014. Alleviation of salt-induced adverse impact via mycorrhizal fungi in *Ephedra aphylla* Forssk. Journal of Plant Interactions, 9: 802-810.
6. Aasegawa, P.M., R.A. Bressan, J.K. Zhu and H.J. Bohnert. 2000. Plant cellular and molecular responses to high salinity. Journal Annual review of plant biology, 51: 463-499.
7. Ashraf, M. and Q. Ali. 2008. Relative membrane permeability and activities of some antioxidant enzymes as the key determinants of salt tolerance in canola (*Brassica napus* L.). Journal of Environmental and experimental Botany, 63: 266-273.
8. Azad, K. and S. Kaminskyj. 2016. A fungal endophyte strategy for mitigating the effect of salt and drought stress on plant growth. Symbiosis, 68: 73-78.
9. Bandyopadhyay, U., D. Das and R.K. Banerjee. 1999. Reactive oxygen species: oxidative damage and pathogenesis. Journal of Current science, pp: 658-666.
10. Bartels, D. and R. Sunkar. 2005. Drought and salt tolerance in plants. Crit. Rev. Journal Plant science . 24: 23-58.
11. Bates, L.S., R.P. Waldren and I.D. Teare. 1973. Rapid determination of free proline for water-stress studies. Journal Plant and soil, 39: 205-207.
12. Bilal, L., S. Asaf, M. Hamayun, H. Gul, A. Iqbal, I. Ullah, I.J. Lee and A. Hussain. 2018. Plant growth promoting endophytic fungi *Asprgillus fumigatus* TS1 and *Fusarium proliferatum* BRL1 produce gibberellins and regulates plant endogenous hormones. Symbiosis, 76: 117-127.
13. Bu, N., X. Li, Y. Li, C. Ma, L. Ma and C. Zhang. 2012. Effects of Na₂CO₃ stress on photosynthesis and antioxidative enzymes in endophyte infected and non-infected rice. Ecotoxicology and environmental safety, 78: 35-40.
14. Chaves, M.M., J. Flexas and C. Pinheiro. 2009. Photosynthesis under drought and salt stress: regulation mechanisms from whole plant to cell. Journal Annals of botany, 103: 551-560.
15. Chen, T., C. Li, J.F. White and Z. Nan. 2019. Effect of the fungal endophyte *Epichloë bromicola* on polyamines in wild barley (*Hordeum brevisubulatum*) under salt stress. Journal Plant and Soil, 436: 29-48.
16. Chen, T.H. and N. Murata. 2011. Glycinebetaine protects plants against abiotic stress: mechanisms and biotechnological applications. Journal Plant, cell and environment, 34: 1-20.
17. Das, A., S. Kamal, N.A. Shakil, I. Sherameti, R. Oelmüller, M. Dua, N. Tuteja, A.K. Johri and A. Varma. 2012. The root endophyte fungus *Piriformospora indica* leads to early flowering, higher biomass and altered secondary metabolites of the medicinal plant, *Coleus forskohlii*. Journal Plant signaling and behavior, 7: 103-112.
18. Das, K. and A. Roychoudhury. 2014. Reactive oxygen species (ROS) and response of antioxidants as ROS-scavengers during environmental stress in plants. Journal Frontiers in Environmental Science, 2: 53.
19. De Azevedo Neto, A.D., J.T. Prisco, J. Enéas-Filho, C.E.B. de Abreu and E. Gomes-Filho. 2006. Effect of salt stress on antioxidative enzymes and lipid peroxidation in leaves and roots of salt-tolerant and salt-sensitive maize genotypes. Journal Environmental and Experimental Botany, 56: 87-94.
20. Deshmukh, S. R., P. Hükelhoven, J. Schäfer, M. Imani, M. Sharma, F. Weiss and K.H. Kogel. 2006. The root endophytic fungus *Piriformospora indica* requires host cell death for proliferation during mutualistic symbiosis with barley. Proceedings of the National Academy of Sciences, 103: 18450-18457.
21. FAOSTAT. 2020. Crops: tomatoes. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>, extracted on 9 August, 2019.

22. Farias, G.C., K.G. Nunes, M.A. Soares, K.A. de Siqueira, W.C. Lima, A.L.R. Neves, C.F. de Lacerda and E. Gomes Filho. 2020. Dark septate endophytic fungi mitigate the effects of salt stress on cowpea plants. *Brazilian Journal of Microbiology*, 51: 243-253.
23. Gharsallah, C., H. Fakhfakh, D. Grubb and F. Gorsane. 2016. Effect of salt stress on ion concentration, proline content, antioxidant enzyme activities and gene expression in tomato cultivars. *Journal AoB Plants*.
24. Ghorbani, A., H. Pirdashti and M. Ramezani. 2016. Effect of endophyte fungal symbiosis of *Piriformospora indica* on morphological character and photosynthesis pigments in tomato (*Solanum lycopersicum* L.). *New Cellular and Molecular Biotechnology Journal*, 6: 57-64.
25. Heath, R.L. and L. Packer. 1968. Photoperoxidation in isolated chloroplasts. I. Kinetics and stoichiometry of fatty acid peroxidation, *Arch. Bioch. Biophys*, 125: 189-198.
26. Hussain, A.M., H. Rahman, A. Iqbal, M. Shah, M. Irshad, M. Qasim and B. Islam. 2018. Bioremediation of hexavalent chromium by endophytic fungi; safe and improved production of *Lactuca sativa* L. *Journal Chemosphere*, 211: 653-663.
27. Ibrahim, E.A. 2016. Seed priming to alleviate salinity stress in germinating seeds. *Journal of Plant Physiology*, 192: 38-46.
28. Jan, F.G., M. Hamayun, A. Hussain, G. Jan, A. Iqbal, A. Khan and I.J. Lee. 2019. An endophytic isolate of the fungus *Yarrowia lipolytica* produces metabolites that ameliorate the negative impact of salt stress on the physiology of maize. *Journal of BMC microbiology*, 19: 1-10.
29. Jarvis, P.G. and M.S. Jarvis. 1963. The water relations of tree seedlings. IV. Some aspects of the tissue water relations and drought resistance. *Journal of Physiologia plantarum*, 16: 501-516.
30. Jogawat, A., S. Saha, M. Bakshi, V. Dayaman, M. Kumar, M. Dua, A. Varma, R. Oelmüller, N. Tuteja and A.K. Johri. 2013. *Piriformospora indica* rescues growth diminution of rice seedlings during high salt stress. *Journal Plant signaling and behavior*. 8:e26891.
31. Hosseini, M.S., D. Samsampour, M. Ebrahimi and M. Khanahmadi. 2019. Study of Physiological and Biochemical Changes of Iranian Licorice (*Glycyrrhiza Glabra*) under Salinity Stress in Filed Condition. *Journal of Crop Breeding*, 11(29): 193-201 (In Persian).
32. Kalaji, H.M., M.D. Cetner, I.A. Samborska, I. Lukasik, A. Oukarroum, S. Rusinowski, S. Pietkiewicz, M. Świątek and P. Dąbrowski, 2016. Effective microorganisms impact on photosynthetic activity of *Arabidopsis* plant grown under salinity stress conditions. *Annals of Warsaw University of Life Sciences-SGGW. Land Reclamation*, 48: 153-163.
33. Karimi, S., A. Yadollahi, R. Nazari-Moghadam, A. Imani and K. Arzani. 2012. In vitro screening of almond (*Prunus dulcis* (Mill.) genotypes for drought tolerance. *Journal Biol Environ Science*, 6: 263-270.
34. Kaur, G. and B.J.B.P. Asthir. 2015. Proline: a key player in plant abiotic stress tolerance. *Journal Biologia Plantarum*, 59: 609-619.
35. Khan, M.N., M.H. Siddiqui, F. Mohammad, M. Naeem and M.M.A. Khan. 2010. Calcium chloride and gibberellic acid protect linseed (*Linum usitatissimum* L.) from NaCl stress by inducing antioxidative defence system and osmoprotectant accumulation. *Journal Acta Physiologiae Plantarum*, 32: 121.
36. Khare, E., J. Mishra and N.K. Arora. 2018. Multifaceted interactions between endophytes and plant: developments and prospects. *Journal Frontiers in microbiology*, 9: 2732.
37. Khodavirdvand, K.R., H. Soltanloo, S.S. Ramazanpour and V. Shariati. 2020. Evaluation of Biochemical Response and Defense Mechanism of Wheat Antioxidant Enzymes to Salinity Stress. *Journal of Crop Breeding*, 12(36): 90-100 (In Persian).
38. Lata, R., S. Chowdhury, S.K. Gond and Jr, J.F. White. 2018. Induction of abiotic stress tolerance in plants by endophytic microbes. *Journal Letters in applied microbiology*, 66: 268-276.
39. Lee, M.H., E.J. Cho, S.G. Wi, H. Bae, J.E. Kim, J.Y. Cho, S. Lee, J.H. Kim and B.Y. Chung. 2013. Divergences in morphological changes and antioxidant responses in salt-tolerant and salt-sensitive rice seedlings after salt stress. *Journal Plant Physiology and Biochemistry*, 70: 325-335.
40. Lehner, A., N. Mamadou, P. Poels, D. Come, C. Bailly and F. Corbineau. 2008. Changes in soluble carbohydrates, lipid peroxidation and antioxidant enzyme activities in the embryo during ageing in wheat grains. *Journal of Cereal Science*, 47: 555-565.
41. Liang, W., X. Ma, P. Wan and L. Liu. 2018. Plant salt-tolerance mechanism: A review. *Journal Biochemical and biophysical research communications*, 495: 286-291.
42. Lichtenthaler, H.K. and C. Buschmann. 2001. Chlorophylls and carotenoids: Measurement and characterization by UV-VIS spectroscopy. *Journal Current protocols in food analytical chemistry*, 1: 3-4.
43. Liu, T., M. Sheng, C.Y. Wang, H. Chen, Z. Li and M. Tang. 2015. Impact of arbuscular mycorrhizal fungi on the growth, water status, and photosynthesis of hybrid poplar under drought stress and recovery. *Journal Photosynthetica*, 53: 250-258.
44. Lugtenberg, B.J., J.R. Caradus and L.J. Johnson. 2016. Fungal endophytes for sustainable crop production. *Journal FEMS Microbiology Ecology*, 92(12).

45. Molina-Montenegro, M.A., I.S. Acuña-Rodríguez, C. Torres-Díaz and P.E. Gundel. 2018. Root endophytes improve physiological performance and yield in crops under salt stress by up-regulating the foliar sodium concentration. bioRxiv. 435032.
46. Morsy, M., B. Cleckler and H. Armuelles-Millican. 2020. Fungal Endophytes Promote Tomato Growth and Enhance Drought and Salt Tolerance. *Plants*, 9(7): 877.
47. Mucciarelli, M., S. Scannerini, C. Berteà and M. Maffei. 2003. In vitro and in vivo peppermint (*Mentha piperita*) growth promotion by nonmycorrhizal fungal colonization. *Journal New Phytologist*, 158: 579-591.
48. Munns, R. and M. Tester. 2008. Mechanisms of salinity tolerance. *Annu. Rev. Journal Plant Biology*, 59: 651-681.
49. Naveed, M., B. Mitter, T.G. Reichenauer, K. Wiczorek and A. Sessitsch. 2014. Increased drought stress resilience of maize through endophytic colonization by *Burkholderia phytofirmans* PsJN and *Enterobacter* sp. FD17. *Journal Environmental and Experimental Botany*, 97: 30-39.
50. Rawat, L., Y. Singh, N. Shukla and J. Kumar. 2011. Alleviation of the adverse effects of salinity stress in wheat (*Triticum aestivum* L.) by seed biopriming with salinity tolerant isolates of *Trichoderma harzianum*. *Journal Plant and Soil*, 347: 387.
51. Rho, H., M. Hsieh, S.L. Kandel, J. Cantillo, S.L. Doty and S.H. Kim. 2018. Do endophytes promote growth of host plants under stress? A meta-analysis on plant stress mitigation by endophytes. *Journal Microbial ecology*, 75: 407-418.
52. Rho, H., V. Van Epps, S.H. Kim and S.L. Doty. 2020. Endophytes Increased Fruit Quality with Higher Soluble Sugar Production in Honeycrisp Apple (*Malus pumila*). *Journal Microorganisms*, 8: 699 PP.
53. Sheng, X.F., J.J. Xia, C.Y. Jiang, L.Y. He and M. Qian. 2008. Characterization of heavy metal-resistant endophytic bacteria from rape (*Brassica napus*) roots and their potential in promoting the growth and lead accumulation of rape. *Journal Environmental pollution*, 156: 1164-1170.
54. Siddiqui, M.H., S. Alamri, Q.D. Alsubaie, H.M. Ali, M.N. Khan, A. Al-Ghamdi, A.A. Ibrahim and A. Alsadon. 2020. Exogenous nitric oxide alleviates sulfur deficiency-induced oxidative damage in tomato seedlings. *Journal Nitric Oxide*, 94: 95-107.
55. Soad, A., X. Algam, X. Guan-lin and J. Coosemans. 2005. Delivery Methods for Introducing Endophytic *Bacillus* into Tomato and Their Effect on Growth Promotion and Suppression of Tomato Wilt. *Plant Pathology Journal*, 4: 69-74.
56. Tátrai, Z.A., R. Sanoubar, Z. Pluhár, S. Mancarella, F. Orsini and G. Gianquinto. 2016. Morphological and physiological plant responses to drought stress in *Thymus citriodorus*. *International Journal of Agronomy*.
57. Tefera, T. and Vidal S. 2009. Effect of inoculation method and plant growth medium on endophytic colonization of sorghum by the entomopathogenic fungus *Beauveria bassiana*. *Journal of BioControl*, 54(5): 663-669.
58. Vahabi, K., S.K. Dorcheh, S. Monajembashi, M. Westermann, M. Reichelt, D. Falkenberg, P. Hemmerich, I. Sherameti and R.Oelmüller. 2016. Stress promotes *Arabidopsis-Piriformospora indica* interaction. *Journal Plant signaling and behavior*, 11:e1136763.
59. Yang, B., X. Wang, H. Ma, T. Yang, Y. Jia, J. Zhou and C. Dai. 2015. Fungal endophyte *Phomopsis liquidambari* affects nitrogen transformation processes and related microorganisms in the rice rhizosphere. *Journal Frontiers in microbiology*, 6: 982.
60. Yang, S.H., L.J. Wang and S.H. Li. 2007. Ultraviolet-B irradiation-induced freezing tolerance in relation to antioxidant system in winter wheat (*Triticum aestivum* L.) leaves. *Journal Environmental and experimental botany*, 60: 300-307.
61. Yemm, E.W. and A. Willis. 1954. The estimation of carbohydrates in plant extracts by anthrone. *Biochemical journal*, 57: 508-514.
62. Yun, P., L. Xu, S.S. Wang, L. Shabala, S. Shabala and W.Y. Zhang. 2018. *Piriformospora indica* improves salinity stress tolerance in *Zea mays* L. plants by regulating Na⁺ and K⁺ loading in root and allocating K⁺ in shoot. *Journal Plant Growth Regulation*, 86: 323-331.
63. Zhang, F., Y. Wang, C. Liu, F. Chen, H. Ge, F. Tian, T. Yang, K. Ma and Y. Zhang. 2019. *Trichoderma harzianum* mitigates salt stress in cucumber via multiple responses. *Journal Ecotoxicology and Environmental Safety*, 170: 436-445.
64. Zhang, S., Y. Gan and B. Xu. 2016. Application of plant-growth-promoting fungi *Trichoderma longibrachiatum* T6 enhances tolerance of wheat to salt stress through improvement of antioxidative defense system and gene expression. *Journal Frontiers in Plant Science*, 7: 1405.
65. Zhang, X., C. Li and Z. Nan. 2010. Effects of cadmium stress on growth and anti-oxidative systems in *Achnatherum inebrians* symbiotic with *Neotyphodium gansuense*. *Journal of Hazardous Materials*, 175: 703-709.

The Role of the Fungal Endophyte *Penicillium Chrysogenum* in Tomato Plant under Salinity Stress

Soheila Aghaei Dargiri¹, Davood Samsampour², Majeed Askari Seyahoei³ and Abdoolnabi Bagheri⁴

1- Ph.D of Department of Horticulture Sciences, Faculty of Agriculture, University of Hormozgan, Bandar Abbas, Iran

2- Associate Professor of Department of Horticulture Sciences, Faculty of Agriculture, University of Hormozgan, Bandar Abbas, Iran, (Corresponding author: Samsampoor@hormozgan.ac.ir)

3- Associate Professor of Plant Protection Research Department, Hormozgan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Bandar Abbas, Iran

4- Assistants Professor of Plant Protection Research Department, Hormozgan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Bandar Abbas, Iran

Received: April 3, 2020

Accepted: May 19, 2021

Abstract

Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) is one of the most well-known vegetable species in the world, that its cultivation can be threatened by salinity. Salinity is one of the main abiotic challenges that can negatively affect plant growth and physiology. The effect of the *Penicillium chrysogenum* endophyte fungus on the improvement of quantitative and biochemical traits of tomato plants under salinity stress (treatment of saline well water with different concentrations of (0, 4, 6, and 8 dS / m⁻¹) was investigated in a factorial fully randomized design with three replications at the Hormozgan University greenhouse. The studied traits included plant height; root dry weight; content of chlorophyll *a*, chlorophyll *b*, total chlorophyll and carotenoids; relative leaf water content; content of proline, soluble sugars, malondialdehyde and hydrogen peroxide. Although, salinity significantly reduced the plant height, root dry weight, chlorophyll *a*, chlorophyll *b*, carotenoids and relative leaf water contents, *Penicillium chrysogenum* could overcome these challenges and reduce the negative effects of salinity. The presence of endophytes against its absence at salinity stress (8 ds/m⁻¹) of 26.66, 30.43, 21.72 and 8.47%, respectively, improved the traits of proline, soluble sugars, malondaldehyde and hydrogen peroxide. Our findings confirmed the high potential of *Penicillium chrysogenum* to increase plant fitness, especially under salinity conditions. This issue can be used practically to reduce cultivation restrictions in some areas due to the salinity of the water.

Keywords: Carotenoids, Chlorophyll, Hydrogen peroxide, Malondialdehyde, Proline, Salinity stress



"مقاله پژوهشی"

ارزیابی تنوع آگرومورفولوژیکی نمونه‌های ژنتیکی بومی لوبیا چشم‌بلبلی

معصومه پوراسماعیل^۱، علی اکبر صانعی‌نژاد^۲، علی اکبر قنبری^۳ و رضا سخاوت^۴

۱- استادیار پژوهش، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران،
(نویسنده مسوول: masoumehpouresmael@yahoo.com)

۲- محقق، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی صفی آباد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، دزفول، ایران

۳- دانشیار پژوهش، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

۴- عضو هیات علمی، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی صفی آباد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، دزفول، ایران

تاریخ ارسال: ۱۳۹۹/۱۰/۰۲ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۱/۲۷

صفحه: ۹۵ تا ۱۰۶

چکیده

تنوع ژنتیکی، پایه و اساس برنامه‌های اصلاحی و توسعه ارقام برتر در سراسر جهان است. مطالعه حاضر با هدف آگاهی از تنوع فنوتیپی و رابطه صفات مورفولوژیکی و زراعی ۵۶ نمونه ژنتیکی لوبیا چشم‌بلبلی در سال زراعی ۹۸-۱۳۹۷، در مزرعه تحقیقاتی بانک ژن در کرج به اجرا در آمد. در طول دوره رشد صفات فنولوژیکی، مورفولوژیکی و زراعی مختلف یادداشت‌برداری شد. تجزیه واریانس وجود تنوع ژنتیکی بین نمونه‌ها از نظر کلیه صفات کمی مورد بررسی به استثنای تعداد غلاف در پدانکل را نشان داد که تأکیدی بر امکان دستیابی به ژنوتیپ‌هایی با صفات مورد دلخواه از میان این نمونه‌ها است. صفات زیست‌توده، تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف، طول غلاف و وزن صدانه دارای بیش‌ترین ضریب تغییرات فنوتیپی بودند. بررسی دامنه صفات فنولوژیکی روز تا ۵۰ درصد گلدهی (۴۳-۱۰۳) و روز تا رسیدگی (۷۷-۱۶۹) نشان داد که نمونه‌های ژنتیکی مورد مطالعه در سه دسته بیوتیپ‌های زودرس، متوسط رس و دیررس قرار دارند. صفات عملکرد دانه و شاخص برداشت با صفات فنولوژیکی تعداد روز تا گلدهی و تعداد روز تا رسیدن، همبستگی منفی معنی‌دار ($p < 0.01$) داشتند. وزن صد دانه و طول غلاف نیز صفاتی تأثیرگذار بر عملکرد دانه ($p < 0.01$) شناخته شدند. نتایج حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که سه مؤلفه، ۷۲ درصد تنوع موجود بین نمونه‌ها را توجیه می‌نمایند. صفات ارتفاع بوته، تعداد و وزن غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف و وزن دانه در بوته بالاترین ضرایب را در مؤلفه اول و صفات فنولوژیکی روز تا گلدهی و روز تا رسیدن و عملکرد دانه بزرگترین ضرایب را در مؤلفه دوم داشتند. ترسیم بای‌پلات مؤلفه‌ها و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات نشان داد ۱۷ نمونه ژنتیکی از نظر صفات اجزا عملکرد قابل توجه هستند. به‌علاوه ۱۷ نمونه ژنتیکی با عملکرد بالا و زودرس در میان نمونه‌های مورد بررسی شناسایی شد. این نتایج از یک طرف اطلاعات مفیدی در مورد تنوع صفات مهم زراعی در میان نمونه‌های ژنتیکی بومی ارائه و از طرف دیگر امکان انتخاب منابع ژنتیکی امیدبخش برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی آینده را فراهم ساخت.

واژه‌های کلیدی: تنوع فنوتیپی، توده‌های بومی، صفات زراعی، *Vigna unguiculata*

مقدمه

کیلوگرم) و منیزیم (۱۹۱۵ میلی‌گرم در کیلوگرم) است، از نظر محتوای پروتئین بسیار غنی است و با داشتن میزان پروتئین حدود ۲۵۰ میلی‌گرم در گرم، با دانه‌های سویا قابل مقایسه است (۱۱).

تنوع ژنتیکی گیاهی یکی از اجزای کلیدی سامانه‌های تولید کشاورزی به‌شمار می‌رود که از طریق تلاقی سنتی با والدین انتخاب‌شده یا جهش‌زایی هدمند تامین می‌گردد. ارزیابی تنوع ژنتیکی در میان نمونه‌های لوبیا چشم‌بلبلی در توسعه ارقام برتر در سراسر جهان حائز اهمیت است. چراکه برنامه‌های اصلاحی باید مبتنی بر اطلاعات تنوع ژنتیکی موجود در ژرم‌پلاسما گیاه باشد (۱۰).

در ارزیابی صفات آگرومورفولوژیکی هجده ژنوتیپ لوبیا چشم‌بلبلی جمع‌آوری‌شده از مزارع کشاورزان کشور کامرون، ژنوتیپ‌ها عمدتاً عادت رشد گسترده با دانه‌های سفید و صاف داشتند (۳). در جستجوی نمونه‌های با عملکرد و پایداری ژنتیکی بالا، در میان بیست و یک لاین اصلاحی لوبیا چشم‌بلبلی نشان داده شد که نمونه‌های ژنتیکی از نظر دوره بلوغ، اجزا عملکرد و عملکرد دانه متفاوت هستند. تجزیه و تحلیل اجزا واریانس ژنتیکی اجزای عملکرد نشان داد که تنوع

لوبیا چشم‌بلبلی (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) به‌عنوان یک گونه زراعی فراموش‌شده و یا کم بهره‌برداری‌شده محسوب می‌شود. این گیاه به‌دلیل جلوگیری از هجوم علف‌های هرز، افزایش حاصلخیزی خاک و کاهش تبخیر گیاه اصلی در سیستم‌های کشت مخلوط است. همزیستی این گیاه با باکتری‌های ریزوبیوم موجب تثبیت ۷۰ تا ۳۵۰ کیلوگرم در هکتار نیتروژن اتمسفری می‌گردد که حدود ۴۰ تا ۸۰ کیلوگرم از این مقدار به‌عنوان منبع طبیعی نیتروژن معدنی در خاک رسوب کرده و به سلامت خاک کمک می‌کند (۱۱).

کشت این محصول به‌دلیل توانایی زنده‌ماندن در خاک‌های حاصلخیزی کم و تحمل خاک‌های قلیایی، در اکثر مناطق موفقیت‌آمیز است (۹). این گیاه علاوه بر اینکه اصلی‌ترین ماده غذایی میلیون‌ها نفر در جنوب صحرای آفریقا است، یک منبع ارزان قیمت پروتئین، اسیدهای آمینه و مواد مغذی ضروری در سطح جهان است. دانه این گیاه علاوه بر اینکه حاوی مواد مغذی ضروری مانند آهن (۵۳/۲ میلی‌گرم در کیلوگرم)، روی (۳۸/۱ میلی‌گرم در کیلوگرم)، کلسیم (۸۲۶ میلی‌گرم در

مواد و روش‌ها

این بررسی روی ۵۳ نمونه ژنتیکی لوبیا چشم‌بلبلی بانک ژن گیاهی ملی ایران (جدول ۱) انجام شد. کشت نمونه‌ها در مزرعه تحقیقاتی بانک ژن گیاهی ملی ایران واقع در کرج با مختصات جغرافیایی ۵۱ درجه و ۱۰ دقیقه طول شرقی و ۳۵ درجه و ۴۸ دقیقه عرض شمالی و ارتفاع ۱۳۲۱ متر از سطح دریا در دو سال زراعی متوالی صورت گرفت. در سال اول (سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶) کاشت نمونه‌ها به‌منظور احیا و تکثیر و برطرف‌نمودن غیریکنواختی ناشی از متفاوت‌بودن سال احیا پذیرهای دریافتی، به‌صورت مشاهده‌ای انجام شد. در سال دوم (سال زراعی ۹۸-۱۳۹۷) کلیه نمونه‌ها به‌همراه نمونه‌های شاهد (رقم مشهد، ژنوتیپ محلی دزفول و لاین امیدبخش ۱۰۵۷) در قالب طرح لاتیس مستطیل (۸×۷) با دو تکرار کشت شدند. هر تکرار شامل ۸ بلوک ناقص و هر بلوک ناقص شامل ۷ کرت آزمایشی بود. هر کرت آزمایشی شامل چهار خط به طول ۳ متر و فاصله ردیف ۶۰ سانتی‌متر بود. فاصله کرت‌ها از هم ۱۲۰ سانتی‌متر و فاصله بین تکرارها ۲ متر در نظر گرفته شد. کاشت بذور به‌صورت دستی صورت پذیرفت. آبیاری منظم گیاهان در طول فصل زراعی انجام شد و مبارزه با علف‌های هرز به‌صورت مکانیکی و دستی صورت پذیرفت. در طول دوره رشد مهمترین صفات فنولوژیکی، مورفولوژیکی و زراعی طبق دستورالعمل موسسه بین‌المللی ذخایر توارثی گیاهی در دو گروه کمی و کیفی شامل عادت و تیپ رشد، رنگ گل، کرک بوته، خصوصیات غلاف از جمله رنگ و شکل، مشخصات دانه از جمله شکل و فرم و رنگ چشم بر روی آن و همچنین عملکرد و اجزای عملکرد اندازه‌گیری و یادداشت‌برداری شد (۵).

یادداشت‌برداری‌ها از قسمت میانی خطوط کشت و با حذف ابتدا و انتهای کرت انجام شد. برای صفات کمی، متوسط حداقل پنج نمونه و برای صفات کیفی وضعیت متوسط مشاهده‌ها در کرت آزمایشی به‌عنوان داده‌های آزمایشی، ارزیابی و ثبت گردید. برای تعیین تنوع صفات آماره‌های توصیفی صفات کمی و کیفی بر اساس محاسبه‌نما، میانگین، انحراف معیار، حداقل، حداکثر و ضریب تغییرات فنوتیپی برآورد گردید. تجزیه واریانس بر اساس طرح لاتیس انجام و معنی‌داربودن اثر ژنوتیپ بر صفات مورد ارزیابی برآورد گردید. کلیه تجزیه‌های آماری با استفاده از نرم‌افزار SPSS صورت پذیرفت. به‌منظور ارزیابی روابط صفات و نقش آنها در میزان تنوع از آنالیز همبستگی صفات و تجزیه به مولفه‌های اصلی استفاده شد و برای ترسیم گرافیکی نقش صفات و جایگاه ژنوتیپ‌ها در هر یک از مولفه‌های اصلی از ترسیم بای‌پلات مولفه‌ها با استفاده از نرم‌افزار StatGraphic استفاده گردید.

فنوتیپی در میان این بیست و یک ژنوتیپ بالا است. بیشترین وراثت‌پذیری برای سبزه دانه (۹۱٪) و کمترین آن برای تعداد دانه در غلاف (۷۵٪) گزارش شد (۱).

در ارزیابی ۳۶ صفت مورفولوژیکی در ۳۲ ژنوتیپ جمع‌آوری‌شده از مزارع کشاورزان در ترکیه، تنوع ژنتیکی بالایی برای خصوصیات مورفولوژیکی مشاهده شد و وزن دانه، طول و عرض دانه، رنگ چشم، رنگدانه غلاف نارس، رنگ برگ و رنگ غلاف از ویژگی‌های اصلی در تمایز ژنوتیپ‌های لوبیا چشم‌بلبلی تشخیص داده شدند (۲).

در مطالعه ژنوتیپ‌های لوبیا چشم‌بلبلی جمع‌آوری‌شده از مناطق مختلف آگرو-کولوژیکی کشور کنیا، میزان تنوع ژنتیکی نسبتاً کمی در بین نمونه‌های این کشور گزارش شد (۷). هاتچینسون و همکاران (۴) در ارزیابی تنوع ۱۸ صفت آگرومورفولوژیکی در میان ۲۸ نمونه لوبیا چشم‌بلبلی، اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات ارتفاع گیاه، عرض کانوپی، طول ریشه، تعداد شاخه، تعداد برگ، تعداد گره و تعداد روز تا ۵۰٪ گلدهی گزارش نمودند. مفاخری و همکاران (۸) با ارزیابی ۱۷ صفت مورفولوژیکی و زراعی و کاربرد مارکر مولکولی SSR به بررسی تنوع ژنتیکی و ارتباط بین ۲۳ ژنوتیپ لوبیا چشم‌بلبلی پرداختند و صفات عملکرد اقتصادی و بیولوژیکی، روز تا ۵۰٪ جوانه‌زنی و وزن صدانه را متنوع‌ترین ویژگی معرفی نمودند.

در بررسی تنوع ژنتیکی صد ژنوتیپ لوبیا چشم‌بلبلی جنوب آفریقا از صفات کلیدی روز تا گلدهی، زمان بلوغ، عادت رشد، رنگ گل، تعداد غلاف در بوته، طول غلاف، تعداد دانه در غلاف، رنگ دانه، اندازه دانه، وزن صدانه و عملکرد دانه استفاده شد و صفات تعداد غلاف در بوته، طول غلاف و تعداد دانه در غلاف به‌عنوان صفات موثر برای انتخاب ژنوتیپ‌های لوبیا چشم‌بلبلی با عملکرد دانه بالا پیشنهاد شد (۱۱).

واعظی (۱۴) در ارزیابی مورفولوژیکی ۱۹۴ ژرم‌پلاسم لوبیا چشم‌بلبلی گزارش نمود که بیشترین تنوع برای صفت تعداد غلاف در پدانکول (CV=۴۳٪) و کمترین آن برای تعداد روز تا رسیدگی (CV=۶٪) مشاهده گردید. درعین حال تنوع بالایی برای تمام صفات کیفی ارزیابی‌شده مشاهده گردید. در مقایسه میزان تنوع برای صفات کیفی برحسب شاخص شانون نسبی، صفات زاویه غلاف و شکل برگچه انتهایی بیشترین تنوع را نشان دادند.

طراحی و توسعه برنامه‌های به‌نژادی به تنوع ژنتیکی کافی نیاز دارد و صفات مورفولوژیکی اولین گام در بررسی تنوع ژنتیکی در اکثر برنامه‌های به‌نژادی است. با این هدف پروژه حاضر به‌منظور ارزیابی صفات مورفولوژیکی و زراعی نمونه‌های ژنتیکی لوبیا چشم‌بلبلی منتخب بانک ژن گیاهی ملی ایران، با هدف آگاهی از تنوع فنوتیپی و رابطه صفات به اجرا در آمد.

جدول ۱- کد (TN/ KC) نمونه‌های ژنتیکی لوبیا چشم‌بلبلی در بانک ژن گیاهی ملی ایران

Table 1. Code (TN/ KC) of cowpea accessions in NPGBI

شماره نمونه	شماره نمونه	شماره نمونه	شماره نمونه	شماره نمونه	شماره نمونه	شماره نمونه
۷۲۴۴	۷۲۶۰	۷۲۷۵	۷۲۸۴	۷۲۹۹	۷۳۰۹	۷۳۴۱
۷۲۴۸	۷۲۶۵	۷۲۷۷	۷۲۸۵	۷۳۰۰	۷۳۰۲	۷۰۱۸
محلی دزفول	۷۲۶۶	۷۲۷۸	۷۲۹۰	۷۳۰۱	۷۳۲۷	۷۰۱۵
لاین ۱۰۵۷	۷۲۷۰	۷۲۷۹	۷۲۹۱	۷۳۰۸	۷۳۲۸	۷۳۰۶
۷۲۵۲	۷۲۷۱	۷۲۸۰	۷۲۹۲	۷۳۰۹	۷۳۲۲	۷۰۱۳
۷۲۵۵	۷۲۷۲	۷۲۸۱	۷۲۹۶	۷۳۱۰	۷۳۲۹	۷۱۵۸
۷۲۵۷	۷۲۷۳	۷۲۸۲	۷۲۹۷	۷۰۹۱	۷۳۳۳	KC۲۰۷۰۰۸
۷۲۵۹	مشهد	۷۲۸۳	۷۲۹۸	۷۰۹۵	۷۳۱۱	۷۳۱۰

جدول ۲- آنالیز واریانس صفات مورد ارزیابی در ژنوتیپ‌های لوبیا چشم‌بلبلی

Table 2. Analysis of variance for evaluated traits in cowpea accessions

منابع تغییر	درجه آزادی	زیست‌توده	طول دانه	تعداد دانه در غلاف	طول غلاف	روز تا رسیدن	غلاف روز تا گلدهی	ارتفاع
ژنوتیپ	۵۵	۳۹۲۵۸/۹**	۲/۳۵**	۰/۱۸ ^{ns}	۵/۹۲**	۶۵۹/۹۹**	۲۸۲/۸**	۴۹۳۴/۵**
تکرار	۱	۲۰۰۸۴۳/۵	۰/۰۲۶	۱/۵۸	۲/۶۴	۹۴/۴	۲/۲۴	۵۷۰/۹
تکرار * بلوک	۱۴	۲۴۵۸۳/۶	۰/۵۳۳	۰/۳۵	۱/۲۴	۴۸/۸۹	۴۶/۴	۹۸۱/۴۴
خطا	۴۱	۱۸۰۵۶/۵	۰/۴۶۴	۰/۲	۲/۰۴	۵۳/۸	۲۳/۵	۴۸۵/۶۷

** معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪، * معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ و ns عدم وجود اختلاف معنی‌دار

ادامه جدول ۲- آنالیز واریانس صفات مورد ارزیابی در ژنوتیپ‌های لوبیا چشم‌بلبلی

Continue of table 2. Analysis of variance for evaluated traits in cowpea accessions

منابع تغییر	درجه آزادی	شاخص برداشت	وزن صدانه	تعداد دانه در غلاف	وزن دانه در بوته	وزن غلاف در بوته	تعداد غلاف در بوته	عملکرد دانه
ژنوتیپ	۵۵	۶۵۱/۴۵**	۲۶/۹**	۳/۳۵**	۱۲۴۴/۲۳**	۲۰۵۴/۷**	۱۱۶۲/۰۳**	۱۶۳۳۳/۴*
تکرار	۱	۳۲۴/۹۷	۰/۴۴۴	۵/۳۱	۲۰۰۴/۶۳	۴۸۸۸/۸۹	۱۳۸/۶۶	۳۹۸۸/۱
تکرار * بلوک	۱۴	۲۶۹/۷۷	۴/۱۸	۱/۹	۱۵۵/۶	۳۶۰/۰۴	۳۲۷/۵۴۳	۶۷۸۲/۲
خطا	۴۱	۳۱۴/۶	۷/۴۹	۱/۵۸	۳۰۱/۷	۵۱۱/۰۸	۳۷۱/۷۲	۷۹۵۸/۲۸

** معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪، * معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ و ns عدم وجود اختلاف معنی‌دار

نتایج و بحث

آنالیز واریانس نمونه‌ها در سال زراعی ۹۸-۱۳۹۷ (جدول ۲) نشان داد که اختلاف ژنوتیپ‌ها از نظر صفات روز تا گلدهی، روز تا اولین غلاف رسیده، روز تا رسیدن، ارتفاع بوته، زیست‌توده، طول دانه، وزن صدانه، شاخص برداشت، درصد پوسته غلاف، طول غلاف، تعداد دانه در غلاف، تعداد و وزن غلاف در بوته، تعداد و وزن دانه در بوته در کرج در سطح احتمال ($P < 0.001$) و از نظر صفت عملکرد دانه و طول پدانکل در سطح احتمال ($p < 0.05$) از نظر آماری معنی‌دار بود. اما از نظر صفت تعداد غلاف در پدانکل اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها دیده نشد. این نتیجه نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی ذاتی بین نمونه‌های مورد بررسی از نظر کلیه صفات کمی مورد بررسی به استثنای تعداد غلاف در پدانکل است و تأکیدی بر اینکه دستیابی به ژنوتیپ‌های مناسب بر اساس صفت مورد نظر در بین این نمونه‌ها امکان‌پذیر است.

جدول ۳ آماره‌های توصیفی شامل میانگین، حداکثر، حداقل، انحراف معیار و ضریب تغییرات برای صفات کمی در نمونه‌های لوبیا چشم‌بلبلی را نشان می‌دهد. در بین صفات کمی ارزیابی‌شده، زیست‌توده، تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف، طول غلاف و وزن صدانه دارای بیش‌ترین ضریب تغییرات بودند.

در بین نمونه‌های ژنتیکی مورد بررسی صفات فنولوژیکی، عملکرد دانه و وزن دانه در گیاه ضریب تغییرات بالایی نداشت. در مطالعات پیشین نیز مفاخری و همکاران (۸) گزارش نمودند صفات فنولوژیکی کمترین میزان تنوع را در میان صفات داشته و صفات عملکرد بیولوژیکی، عملکرد اقتصادی و وزن صدانه از تنوع بالایی برخوردار هستند. آلیو و مکین (۱) نیز کمترین تنوع در صفات روز تا ۵۰ درصد گلدهی و روز تا رسیدگی (۱۱ درصد) و بیشترین تنوع را در صفات تعداد دانه در گیاه و تعداد غلاف در گیاه به ترتیب با ضریب تغییرات ۴۴/۴ و ۳۸/۶ درصد گزارش نمودند.

جدول ۳- آماره‌های توصیفی صفات کمی در نمونه‌های لوبیا چشم‌بلبلی

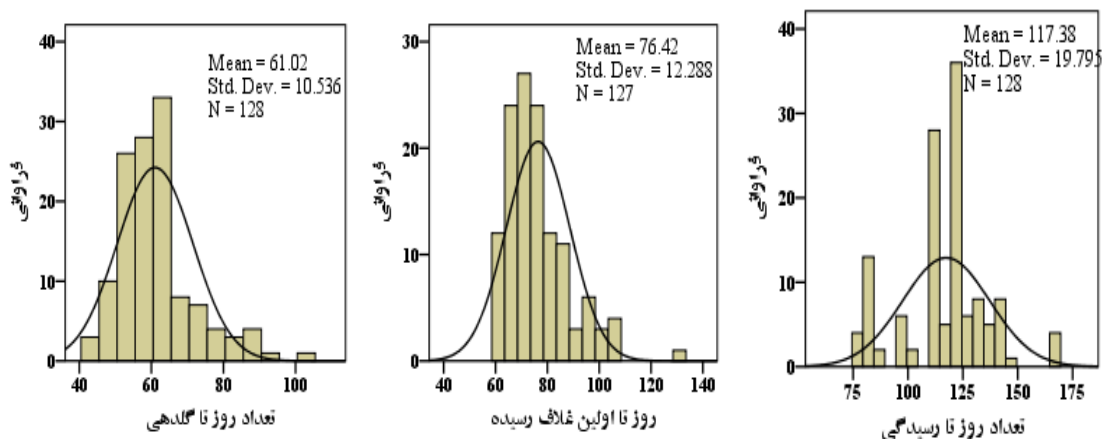
Table 3. Descriptive statistics of quantitative traits in cowpea accessions

دامنه تغییرات	حداقل	حداکثر	میانگین	انحراف معیار	ضریب تغییرات فنوتیپی	صفت
۲۳۶/۶۷	۶۵	۳۰۱/۶۷	۱۷۶/۶۷	۵۴/۲۴۶۶۸	۳۰/۷۱	ارتفاع (cm)
۲/۶	۱/۴	۴	۲/۱۸۹۵	۰/۴۵۲۷۱	۲۰/۶۸	غلاف در پدانکل
۲۵/۳۴	۴/۳۳	۲۹/۶۷	۱۳/۸۹۳۴	۶/۲۰۶۰۶	۴۴/۶۷	طول پدانکل (cm)
۶۰	۴۳	۱۰۳	۶۱/۰۳۳۴	۱۰/۵۳۵۶۳	۱۷/۲۶	روز تا گلدهی
۶۸	۶۱	۱۲۹	۷۶/۴۲	۱۲/۲۸۸	۱۶/۰۸	روز تا اولین غلاف رسیده
۹۲	۷۷	۱۶۹	۱۱۷/۳۸	۱۹/۷۹۵	۱۶/۸۶	روز تا رسیدن
۸۲	۲	۸۴	۳۳/۱۲	۲۰/۰۳۱	۱۶/۰۸	شاخص برداشت
۵۳۴	۹	۵۴۳	۱۸۰/۳۹	۱۱۰/۳۶۹	۱۶/۸۶	عملکرد دانه (gm ⁻²)
۹۰۵	۱۹۴	۱۰۹۹	۵۵۹/۵۱	۱۷۷/۴۷۵	۶۰/۴۸	زیست‌توده (gm ⁻²)
۱۲۳	۸	۱۳۱	۴۸/۲۳	۲۷/۷۸۷	۶۱/۱۸	تعداد غلاف در بوته
۱۷۳	۱۳	۱۸۵	۶۰/۸۵	۳۷/۷۲۳	۳۱/۷۲	وزن غلاف در بوته (g)
۱۱	۶	۱۷	۱۰/۵۱	۱/۵۴۷	۵۷/۶۱	تعداد دانه در غلاف
۱۰	۹	۱۹	۱۴/۲۳	۱/۹۴۶	۶۱/۹۹	طول غلاف (cm)
۱۳۶	۸	۱۴۴	۴۸/۴۱	۲۸/۹۳۷	۱۴/۷۲	وزن دانه در بوته (g)
۵۱	۵۹	۱۱۰	۸۰/۹۸	۸/۵۸۵	۱۳/۶۸	درصد پوسته غلاف
۲۱	۸	۲۹	۱۹/۰۶	۴۰/۴۷	۵۹/۷۷	وزن هزاردانه (g)
۶	۶	۱۲	۹/۲۹	۱/۱۶۷	۱۰/۶۰	طول دانه (mm)
۴	۵	۹	۶/۴۹	۰/۵۹۸	۲۱/۲۳	عرض دانه (mm)

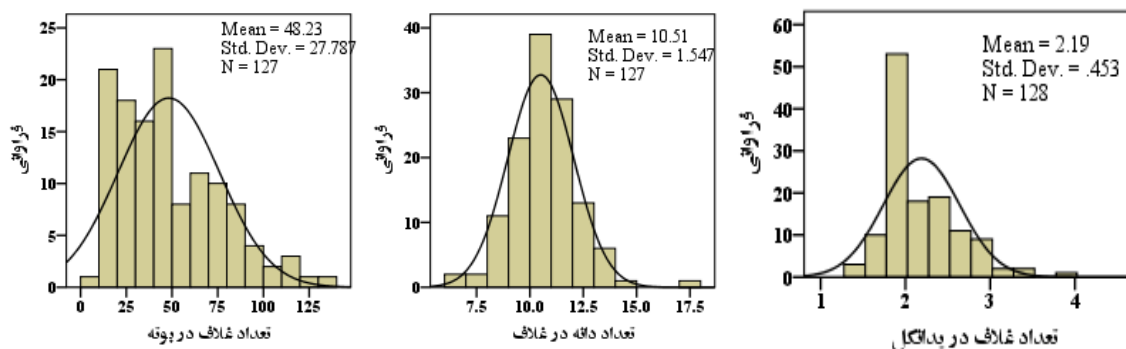
(۱۲۰-۱۵۰ روز) قرار دارند.

شکل ۱ توزیع فراوانی صفات فنولوژیکی را نشان می‌دهد. همانطور که ملاحظه می‌شود نمونه‌های با تعداد روز تا گلدهی ۵۰ تا ۶۰ روز، تعداد روز تا اولین غلاف رسیده ۶۵ تا ۷۵ روز و تعداد روز تا رسیدگی ۱۱۰ تا ۱۲۰ روز یا به عبارتی نمونه‌های ژنتیکی متوسط‌ترس بیشترین فراوانی را در میان نمونه‌های مورد بررسی داشتند. گلدهی زود و تیپ رشدی محدود از ویژگی‌هایی هستند که در برنامه‌های اصلاحی لوبیا چشم‌بلبلی مورد توجه می‌باشند (۱). کوتاه‌بودن دوره شروع گلدهی یک مزیت است زیرا مانع مصادف شدن مرحله زایشی گیاه به‌ویژه دوره تشکیل و پرشدن غلاف‌ها با دمای بالا و رطوبت کم هوا می‌گردد.

هاتچینسون و همکاران (۴) گزارش نمودند صفات ارتفاع گیاه، تعداد برگ، طول برگ، تعداد غلاف در گیاه، طول غلاف، تعداد دانه در غلاف برای تشخیص تنوع ژنتیکی بسیار اهمیت دارد و منجر به طبقه‌بندی بهتر ژنوتیپ‌های لوبیا چشم‌بلبلی می‌شود. مفاخری و همکاران (۸) نیز گزارش کردند که صفاتی نظیر تعداد غلاف در گیاه، تعداد دانه در غلاف و اندازه دانه بر روی پتانسیل عملکرد لوبیا تاثیرگذار بوده و اساساً به‌عنوان مارکر قابل استفاده هستند. دامنه صفات فنولوژیکی روز تا ۵۰ درصد گلدهی (۴۳-۱۰۳) و روز تا رسیدگی (۷۷-۱۶۹) نشان داد که این ژنوتیپ‌ها در دسته بیوتیپ‌های زودرس (تعداد روز تا رسیدگی ۶۰-۸۰ روز)، متوسط‌ترس (تعداد روز تا رسیدگی ۸۰-۱۲۰ روز) و دیررس



شکل ۱- نمودار توزیع فراوانی صفات فنولوژیکی در نمونه‌های لوبیا چشم‌بلبلی
Figure 1. Frequency distribution of phenological traits in cowpea accessions



شکل ۲- نمودار توزیع فراوانی صفات تعداد غلاف در بوته و پدانکل و تعداد دانه در غلاف در نمونه های لوبیا چشم بلبلی
Figure 2. Frequency distribution of Pod number in peduncle and plant and seed number in pod in cowpea accessions

مثبت معنی‌دار در سطح احتمال ($p < 0.01$) داشتند. همبستگی مثبت و معنی‌داری بین صفات روز تا گلدهی و روز تا رسیدگی در پژوهش‌های پیشین نیز گزارش شده است (۱۱). شاخص برداشت و عملکرد دانه همبستگی مثبت معنی‌دار ($r^2 = 0.813$) داشتند. صفات تعداد و وزن غلاف در بوته، وزن دانه در بوته، تعداد دانه در غلاف و طول غلاف همبستگی مثبت معنی‌دار با ارتفاع بوته داشتند. طول غلاف با تعداد دانه در غلاف همبستگی مثبت معنی‌دار ($r^2 = 0.429$) داشتند. همبستگی مثبت و معنی‌داری بین صفات طول غلاف با تعداد دانه در غلاف و تعداد غلاف در بوته در پژوهش‌های پیشین نیز گزارش شده است (۱۱). گان و همکارانش (۳) نیز ارتباط مثبت معنی‌دار بین طول غلاف و تعداد دانه در گیاه را گزارش نمودند.

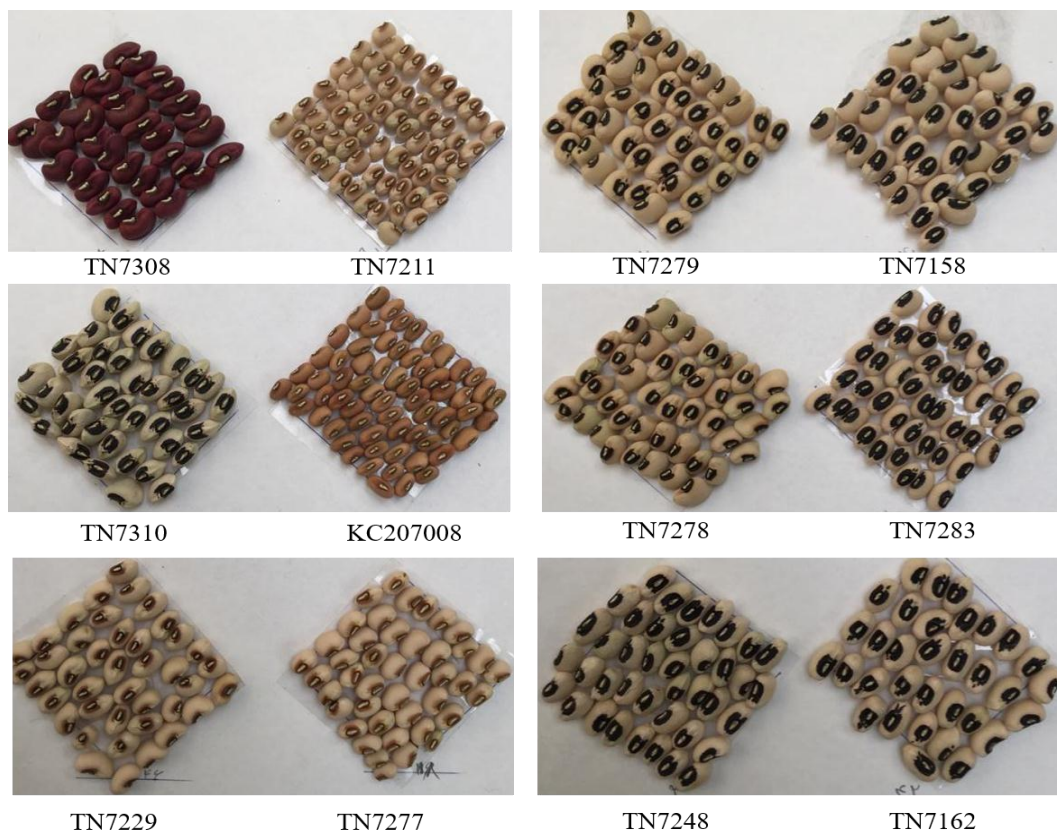
وزن دانه در بوته با ارتفاع بوته ($r^2 = 0.54$)، تعداد غلاف در گیاه ($r^2 = 0.755$)، وزن غلاف در گیاه ($r^2 = 0.982$)، تعداد دانه در غلاف ($r^2 = 0.453$) و طول غلاف ($r^2 = 0.461$) همبستگی مثبت معنی‌دار در سطح ($p < 0.01$) داشت. طول غلاف با وزن صدانه ($r^2 = 0.598$) و طول دانه ($r^2 = 0.558$) همبستگی مثبت معنی‌دار در سطح ($p < 0.01$) داشت. طول و عرض دانه با هم ($r^2 = 0.612$) و با وزن صدانه نیز به ترتیب با ضرایب ($r^2 = 0.792$) و ($r^2 = 0.609$) همبستگی مثبت معنی‌دار در سطح ($p < 0.01$) داشتند. انخوما و همکاران (۱۱) نیز به همبستگی بسیار قوی و معنی‌داری بین صفت وزن صدانه و اندازه دانه اشاره نمودند.

همه نمونه‌های مورد بررسی دارای نیام‌های شکوفا بودند، تیپ رشد نامحدود داشتند، فاقد کرک و مارک بر روی برگ بودند. به استثنای نمونه‌های ۷۲۴۱، ۷۰۱۸ و ۷۲۲۲، سایر نمونه‌ها تیپ رشد خوابیده داشتند. از نظر رنگ گل تنها ۹ نمونه (معادل ۱۵/۸ درصد) دارای گل‌های بنفش بودند. این گروه شامل نمونه‌های ۷۲۵۵، ۷۳۰۸، ۷۲۲۷، ۷۲۴۱، ۷۰۱۵، ۷۲۱۰، ۷۲۳۳، ۷۲۲۲ و KC207008 بودند. در همه نمونه‌ها شکل غلاف صاف بود، به استثنای نمونه‌های ۷۲۷۸ و ۷۳۱۰ که غلاف انحنای کمی داشت و نمونه ۷۲۸۵ که غلاف ماریچی شکل داشت. هشتاد درصد نمونه‌ها غلاف‌های بدون لکه داشتند و بیست درصد در نواحی نوک و یا حاشیه غلاف دارای لکه بودند. به غیر از نمونه‌های ۷۲۲۷، ۷۲۴۱، ۷۰۱۸، ۷۲۲۲ و ۷۲۲۹ که غلاف در پدانکل به شکل زاویه دار قرار می‌گرفت (شکل ۳) در سایر نمونه‌ها غلاف‌ها در پدانکل آویزان بودند. شکل دانه بسیار متنوع بود و شکل‌های بیضوی، قلوهای و لوزی شکل در میان نمونه‌ها دیده می‌شد اما ۵۹٪ نمونه‌ها شکل بذر بیضوی داشتند. شکل ۴ تصویری از تنوع مشاهده‌شده از نظر شکل، رنگ و چشم در بذر نمونه‌های ژنتیکی لوبیا چشم‌بلبلی را نشان می‌دهد. به استثنای نمونه ژنتیکی شماره ۷۲۸۵ که دانه‌های قرمز داشت و نمونه‌های ژنتیکی ۷۲۴۱، ۷۰۱۸ و KC207008 که دانه‌های قهوه‌ای روشن داشتند سایر نمونه‌ها رنگ دانه سفید یا کرم داشتند (شکل ۴). صفات فنولوژیکی روز تا گلدهی، روز تا اولین غلاف رسیده و روز تا رسیدن با یکدیگر همبستگی



شکل ۳- تصویری از تنوع شکل غلاف (A: غلاف مارپیچ، B: غلاف کم انحنا و D: غلاف صاف)، زاویه غلاف در پدانکل (A: غلاف های آویزان در پدانکل، B: غلاف با زاویه کمتر از راست و D: غلاف با زاویه راست)، رنگ گل (C و D)، و وجود لکه روی غلاف نارس (A و D: بدون لکه و B: وجود لکه که با علامت فلش مشخص شده است) در نمونه‌های ژنتیکی لوبیا چشم‌بلبلی

Figure 3. Diversity in pod curvature (A; coiled , B; slightly curved and C; straight), pod attachment to peduncle (A; pendant , B; down from erect and D; erect), flower color (C and D) and immature pod pigmentation (A and D; not pigmented, B; Pigmented) in cowpea accessions



شکل ۴- تصویری از تنوع مشاهده شده از نظر اندازه، شکل، رنگ و چشم در بذر نمونه‌های ژنتیکی لوبیا چشم‌بلبلی
Figure 4. Diversity in seed size, shape, color and eye pattern in cowpea accessions

پارامترهایی نظیر تعداد غلاف در گیاه و تعداد دانه در غلاف با عملکرد گیاه لوبیا چشم‌بلبلی عنوان شدند (۱، ۳، ۷ و ۸) اما در پروژه حاضر این همبستگی مشاهده نشد و وزن صدانه و طول غلاف صفاتی تاثیرگذار بر عملکرد دانه بودند (جدول ۴). انخوما و همکاران (۱۱) علاوه بر صفات تعداد دانه در غلاف و تعداد غلاف در بوته به همبستگی مثبت و معنی‌داری بین صفت طول غلاف با عملکرد دانه اشاره نمودند.

انتخاب یک صفت ممکن است اثر منفی یا مثبت بر صفت یا صفات دیگر داشته باشد. سهم زیاد و ارتباط قوی و معنی‌دار بین دو یا چند صفت نشان می‌دهد که این صفات به صورت بسیار مشخص و متمایزکننده تفاوت ژنوتیپ‌ها را توضیح داده و قادر هستند در انتخاب ژنوتیپ امیدبخش کمک شایانی نمایند. همبستگی مثبت وزن صدانه و طول غلاف با عملکرد دانه نشان‌دهنده تاثیر مهم این صفات بر عملکرد ژنوتیپ بوده و امکان طراحی یک استراتژی انتخاب مستقیم همزمان برای بهبود عملکرد این گیاه را نشان می‌دهد.

مطالعات ژنتیکی در گیاه لوبیا چشم‌بلبلی وراثت‌پذیری برای اندازه بذر را بین ۴۸٪ تا ۹۰٪ و برای تعداد بذر در غلاف را ۲۱-۸۲٪ گزارش نمودند. وراثت‌پذیری بالا معیار قابل اعتمادی برای پیش‌بینی ثبات و اثربخشی انتخاب خواهد بود. در این حالت، اندازه دانه در بین اجزای عملکرد دانه در لوبیای چشم‌بلبلی پایدارترین (یعنی با تاثیر محیطی کمتر) است (۱).

صفات عملکرد دانه و شاخص برداشت با صفات فنولوژیکی تعداد روز تا گلدهی و تعداد روز تا رسیدن همبستگی منفی معنی‌دار ($p < 0.01$) داشتند. طولانی‌شدن مرحله رویشی می‌تواند تاثیر منفی بر اجزای عملکرد (تعداد پدانکل در گیاه، غلاف در پدانکل، غلاف در گیاه، دانه در گیاه) و عملکرد دانه در لوبیای چشم‌بلبلی داشته باشد (۱). ارتباط منفی معنی‌داری تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی و روز تا رسیدگی با عملکرد دانه توسط گان و همکاران نیز گزارش شد (۳). این نتیجه با این یافته سازگار است که عملکرد دانه مناسب نیاز به گونه‌هایی با دوره گلدهی کوتاه دارد، تا بتواند انرژی را به طرف تشکیل غلاف و بذر هدایت کند. ژنوتیپ‌های زود گل‌ده تعداد زیادی غلاف تولید می‌نمایند، چنین ژنوتیپ‌هایی حداکثر استفاده را از طول روز مطلوب برای شروع گلدهی و تولید غلاف می‌کنند. بلوغ زودرس به‌عنوان یک خصوصیات زراعی نسبتاً مهم در برنامه اصلاح‌نباتات شناخته می‌شود (۳).

وزن صدانه با صفات روز تا گلدهی و روز تا رسیدگی همبستگی منفی معنی‌دار در سطح ($p < 0.01$) داشت. در مطالعات پیشین نیز گزارش شده بود که اندازه دانه به تعداد روز تا گلدهی و زمان تشکیل غلاف بستگی دارد و هر چه گلدهی و تشکیل غلاف زودتر اتفاق بیفتد اندازه دانه درشت‌تر است (۹ و ۱). اگر چه در مطالعات پیشین همبستگی مثبت

جدول ۴- جدول همبستگی صفات مورد ارزیابی در نمونه‌های ژنتیکی لوبیا چشم‌بلبلی

Table 4. Pearson correlations among evaluated traits in cowpea accessions

	ارتفاع بوته (۱)	تعداد غلاف در پدانکل (۲)	طول پدانکل (۳)	روز تا گلدهی (۴)	روز تا رسیدن اولین غلاف (۵)	روز تا رسیدگی (۶)	شاخص برداشت (۷)	عملکرد دانه (۸)	زیست‌توده (۹)	تعداد غلاف در بوته (۱۰)	وزن غلاف در بوته (۱۱)	تعداد دانه در غلاف (۱۲)	طول غلاف (۱۳)	وزن دانه در بوته (۱۴)	وزن صد دانه (۱۵)	طول دانه (۱۶)	عرض دانه (۱۷)
۱	۱/۰۰	۰/۱۴	-۰/۳۱۹**	۰/۲۶۳**	۰/۲۷۸**	۰/۴۰۰**	-۰/۱۲	۰/۰۱	-۰/۲۲۱*	-۰/۴۷۱**	-۰/۵۳۳**	۰/۲۹۵**	۰/۴۵۱**	۰/۵۴۰**	-۰/۳۱۶**	۰/۲۵۶**	-۰/۰۳
۲		۱/۰۰	۰/۰۸	۰/۲۶۰**	۰/۳۷۵**	۰/۳۵۸**	-۰/۲۳۵**	-۰/۱۳	۰/۱۹۳*	۰/۱۴	۰/۰۵	-۰/۱۱	۰/۰۲	۰/۰۴	۰/۰۲	-۰/۰۲	-۰/۰۶
۳			۱/۰۰	۰/۳۲۴**	۰/۲۲۳*	۰/۲۵۹**	-۰/۰۸	۰/۰۲	۰/۱۶	-۰/۱۸۱*	۰/۰۷	۰/۱۵	-۰/۰۴	۰/۱۲	۰/۰۱	-۰/۰۴	-۰/۰۷
۴				۱/۰۰	۰/۷۹۶**	۰/۶۷۹**	-۰/۳۳۷**	-۰/۲۹۱**	۰/۰۳	۰/۲۷۸**	۰/۱۱	۰/۰۱	-۰/۱۴	۰/۱۳	-۰/۲۵۴**	-۰/۲۶۵**	-۰/۳۷۳**
۵					۱/۰۰	۰/۶۵۶**	-۰/۳۴۰**	-۰/۲۴۲**	۰/۰۳	۰/۳۰۹**	۰/۱۷	-۰/۰۲	-۰/۱۰	۰/۱۹۶*	-۰/۱۰	-۰/۱۶	-۰/۲۹۵**
۶						۱/۰۰	-۰/۴۶۰**	-۰/۳۰۰**	۰/۱۹۰*	۰/۳۷۶**	۰/۱۵	۰/۱۷	-۰/۰۱	۰/۱۷۶*	-۰/۲۱۴*	-۰/۲۳۰**	-۰/۳۵۷**
۷							۱/۰۰	-۰/۸۱۳**	-۰/۲۵۲**	-۰/۱۲	۰/۰۳	۰/۰۶	۰/۲۲۶*	۰/۰۲	۰/۲۰۵*	۰/۲۲۸*	-۰/۱۰
۸								۱/۰۰	۰/۲۳۹**	-۰/۰۵	۰/۱۴	۰/۱۴	۰/۳۱۸**	۰/۱۳	۰/۲۳۹**	۰/۱۷۸*	۰/۰۴
۹									۱/۰۰	۰/۰۶	۰/۱۹۵*	۰/۱۳	۰/۱۸۷*	۰/۲۰۶*	۰/۱۴	۰/۰۴	۰/۰۱
۱۰										۱/۰۰	۰/۲۲۴**	۰/۳۹۷**	۰/۲۲۴*	۰/۷۵۵**	-۰/۰۶	-۰/۱۶	-۰/۲۲۵*
۱۱											۱/۰۰	۰/۴۵۰**	۰/۴۷۳**	۰/۹۸۲**	۰/۲۳۸**	۰/۱۳	۰/۰۳
۱۲												۱/۰۰	۰/۴۲۹**	۰/۴۵۳**	-۰/۰۱	۰/۰۲	-۰/۰۱
۱۳													۱/۰۰	۰/۴۶۱**	۰/۵۹۸**	۰/۵۵۸**	۰/۲۷۶**
۱۴														۱/۰۰	۰/۲۳۴*	۰/۱۱	۰/۰۱
۱۵															۱/۰۰	۰/۷۹۲**	۰/۶۰۹**
۱۶																۱/۰۰	۰/۶۱۲**

۶۲/۳۸ درصد تنوع بین نمونه‌ها را توجیه نمودند. رسم نمودار مولفه‌ها بر اساس صفات مورد بررسی و جایگاه هر یک از نمونه‌ها از نظر این مولفه‌ها در شکل ۵ مشخص شده است. بر اساس این نتایج ده نمونه ژنتیکی قرار گرفته در ربع اول (سمت راست و پایین نمودار) دارای بیشترین تعداد روز تا رسیدن و روز تا گلدهی هستند.

هفده نمونه ژنتیکی قرار گرفته در ربع دوم از نظر اجزا عملکرد قابل توجه هستند به‌عنوان مثال نمونه ژنتیکی ۷۲۱۰ بیشترین وزن غلاف در بوته را داشته و نمونه‌های ژنتیکی ۷۳۱۰ و ۷۲۱۱ بیشترین تعداد دانه در غلاف را داشتند. نمونه‌های قرار گرفته در قسمت بالا و مابین ربع‌های دوم و سوم و مجاورت بردار عملکرد دانه شامل نمونه‌های ۷۲۸۸ و ۷۲۹۲ از نظر عملکرد دانه قابل توجه می‌باشند. نمونه‌های قرار گرفته در ربع سوم متشکل از هفده نمونه ژنتیکی کم‌ترین روز تا گلدهی و روز تا رسیدن را دارند. یازده نمونه ژنتیکی قرار گرفته در ربع چهارم از نظر هیچ یک از صفات قابل توجه نبودند به‌عبارتی اجزا عملکرد و عملکرد دانه پایین داشته و دیرگله و دیررس بودند (شکل ۵ الف). همچنین این شکل از بای‌پلات، روش مناسبی برای نمایش گرافیکی روابط متقابل بین صفات بوده و از کسینوس زاویه بین بردارهای هر دو صفت، امکان برآورد ضریب همبستگی بین صفات وجود دارد (۶). با توجه به این شکل ۵ (ب) ارتباط نزدیک بین عملکرد دانه با زیست‌توده، طول غلاف و تعداد دانه در غلاف مشهود است. از طرف دیگر، تعداد روز تا گلدهی و تعداد روز تا رسیدگی همبستگی منفی با عملکرد دارند که با ماتریس ضرایب همبستگی (جدول ۴) هماهنگی دارد.

نتایج این پژوهش دانش و اطلاعات مفیدی در مورد تنوع صفات مهم زراعی نمونه‌های ژنتیکی بومی بانک ژن گیاهی ملی ایران فراهم ساخت. همبستگی معنی‌دار بین صفات وزن صدانه و طول غلاف با عملکرد دانه امکان انتخاب مستقیم برای بهبود عملکرد از طریق این صفات را سبب می‌شود. همچنین همبستگی منفی عملکرد دانه با صفات فنولوژیکی دستیابی به نمونه‌های پر عملکرد از میان نمونه‌های ژنتیکی زودرس را میسر می‌سازد. تجزیه به مولفه‌های اصلی و دسته بندی نمونه‌های ژنتیکی بر اساس ضرایب صفات در هر یک از مولفه‌ها موجب گروه‌بندی نمونه‌ها از نظر صفات اجزا عملکرد، عملکرد دانه و صفات فنولوژیکی گردید و انتخاب نمونه‌های ژنتیکی امیدبخش برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی آتی بر اساس هر یک از صفات مورد نظر را امکان‌پذیر ساخت.

نتایج حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با استفاده از ماتریس ضرایب همبستگی صفات مورد ارزیابی و با توجه به مقادیر ویژه بزرگتر از یک نشان داد که سه مولفه، هفتاد و دو درصد تنوع موجود بین نمونه‌ها را توجیه می‌نمایند. دو مولفه اول به ترتیب ۴۰/۴۴ و ۱۹/۵۴ درصد از کل تنوع موجود در داده‌ها را توجیه نمودند (جدول ۵). صفات ارتفاع بوته، تعداد و وزن غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف و وزن دانه در بوته بالاترین ضرایب را در مولفه اول داشتند.

در مولفه دوم صفات فنولوژیکی روز تا گلدهی و روز تا رسیدن با علامت منفی و عملکرد دانه با علامت مثبت بزرگترین ضرایب را داشتند. در مولفه سوم صفت طول غلاف و زیست‌توده بیشترین ضرایب را به‌خود اختصاص دادند. این نتیجه به خوبی سهم صفات ذکر شده در هر یک از مولفه‌ها و درصد تاثیر هر یک از آنها در تنوع مشاهده‌شده را نشان می‌دهد. بالغ بر چهل درصد تنوع موجود در نمونه‌ها مرتبط با صفات اجزا عملکرد است. عملکرد دانه خود موجب ۱۹ درصد از تنوع می‌باشد که با صفات فنولوژیکی همبستگی منفی دارد چرا که صفات فنولوژیکی با ضرایب منفی در این مولفه وارد شده‌اند.

این نتیجه با نتایج تحقیقات پیشین هم‌سو است، انخوما و همکاران (۱۱) گزارش کردند سه مولفه ۷۱/۲۵ درصد از کل تغییرات صفات نمونه‌های لوبیا چشم‌بلبلی را توجیه کرده است. مولفه اول با توجیه ۳۱/۵ درصد از تغییرات با صفات طول غلاف، تعداد دانه در غلاف، تعداد غلاف در بوته و عملکرد دانه مرتبط بود. در مولفه دوم صفات فنولوژیکی و در مولفه سوم صفات وزن صدانه و اندازه دانه عمده تاثیر را داشتند. در پژوهشی دیگر صفات تعداد دانه و غلاف در بوته، وزن بوته و وزن صدانه موثرترین صفات در توجیه تنوع بین نمونه‌های لوبیا گزارش شد (۱۲). هاتچینسون و همکاران (۴) گزارش نمودند که در تجزیه به مولفه‌های اصلی صفات کمی نظیر ارتفاع گیاه، عرض کانوپی، طول ریشه، تعداد شاخه و تعداد برگ بیشترین تاثیر را در مولفه اول داشته و بیشترین توجیه تنوع را عهده دار بودند.

مفاخری و همکاران (۸) نیز نشان دادند که صفات وزن صدانه، طول و عرض دانه ضخامت بذر، روز تا ۵۰٪ رسیدگی و طول و عرض غلاف بیشترین تاثیر را در توجیه تنوع داشته و در مولفه اول قرار گرفتند و صفات شاخص برداشت، عملکرد اقتصادی و روز تا ۵۰٪ گلدهی در مولفه دوم بیشترین تاثیر را در توجیه اختلاف ژنوتیپ‌ها داشتند. گان و همکاران (۳) نیز گزارش نمودند در تجزیه به مولفه‌های اصلی صفات روز تا ۵۰ درصد گلدهی، روز تا رسیدگی، تعداد دانه در غلاف، طول غلاف و عملکرد دانه

منابع

1. Aliyu, O.M. and B.O. Makinde. 2016. Phenotypic analysis of seed yield and yield components in cowpea (*Vigna unguiculata* L., Walp). *Plant Breeding and Biotechnology*, 4(2): 252-261.
2. Bozokalfa, M.K., A.T. Kaygisiz and D. Eşiyok. 2017. Genetic diversity of farmer-preferred cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) landraces in Turkey and evaluation of their relationships based on agromorphological traits. *Genetika*, 49(3): 935-957.
3. Gonné, S., W. Lenzemo Venasius and A. Laminou. 2013. Characterization of some traditional cowpea varieties grown by farmers in the soudano-sahelian zone of cameroon. *International Journal of Agriculture and Forestry*, 3(4): 170-177.
4. Hutchinson, M.J., F.K. Muniu, J. Ambuko, M. Mwakangalu, A.W. Mwang'ombe Okello, J.J. Olubayo and J. Kirimi. 2017. Morphological and agronomic characterization of local vegetable cowpea accessions in coastal Kenya. *African Journal of Horticultural Science*, 11:47-58.
5. IPGRI. 1983. Descriptor for cow pea. Rome, Italy.
6. Kanouni, H., D. Sadeghzadeh, A. Saeid, M.K. Abbasi, A. Rostami, K. Sotoudeh Maram and A. Hesami. 2020. Assessment of morphological diversity in local landraces of desi type chickpea in west Iran. *Journal of Crop Breeding*, 1(35): 189-201.
7. Kuruma, R.W., O. Kiplagat, E. Atek and G. Owuochi. 2010. Genetic diversity of kenyan cowpea accessions based on morphological and microsatellite markers. *EAAAFJ*, 76(3-4): 136-143.
8. Mafakheri, Kh., M.R. Bihamta and A.R. Abbasi. 2017. Assessment of genetic diversity in cowpea (*Vigna unguiculata* L.) germplasm using morphological and molecular characterisation, *Cogent Food and Agriculture*, 3: 1327092.
9. Mfeka, N., R.A. Mulidzi and F.B. Lewu. 2019. Growth and yield parameters of three cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) lines as affected by planting date and zinc application rate. *S African Journal of Science*, 115 (2/1): 4474 [https://doi.org/10, 17159/.](https://doi.org/10.17159/)
10. Menssen, M., M. Linde, E.O. Omondi, M. Abukutsa-Onyango, F.F. Dinssa and T. Winkelmann. 2017. Genetic and morphological diversity of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) entries from East Africa. *Scientia Horticulturae*, 226: 268-276.
11. Nkhoma, N., H. Shimelis, M.D. Laing. 2020. Assessing the genetic diversity of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) germplasm collections using phenotypic traits and SNP markers. *BMC Genetics*, 21: 110. <https://doi.org/10.1186/s12863-020-00914-7>.
12. Stoilova, T. and G. Pereira. 2013. Assessment of the genetic diversity in a germplasm collection of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) using morphological traits. *African Journal of Agricultural Research*. 8(2): 208-215.
13. Umaharan, P., R.P. Ariyanayagam and S.Q. Haque. 1997. Genetic analysis of yield and its components in vegetable cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp). *Euphytica*, 96: 207-213.
14. Vaezi, Sh. 2014. Evaluation of agromorphological diversity in the collected germ plasma of native Iranian cowpea. National Congress of genetic resources and biodiversity, Tehran, Iran. <https://civilica.com/doc/294296> (In Persian).

Assessment of Agro-Morphological Traits Diversity in Local Cowpea Accessions

Masoumeh Pouresmael¹, Ali Akbar Saneinejad², Ali Akbar Ghanbari³ and Reza Sekhvat⁴

-
- 1- Assistante Professor, Seed and Plant Improvement Institute (SPII), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
2- Researcher, Safiabad Agricultural Research and Natural Resources center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Dezful, Iran
3- Associate Professor, Seed and Plant Improvement Institute (SPII), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
4- Faculty member, Safiabad Agricultural Research and Natural Resources center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Dezful, Iran
-
- Received: December 22, 2020 Accepted: April 16, 2021
-

Abstract

All breeding programs and the development of new superior cultivars around the world are based on germplasm genetic diversity. In order to identify the phenotypic diversity and the morphological and agronomical traits relationship among 57 cowpea accessions, the study was implemented in the field of the National Plant Gene Bank of Iran, in the 2019-20 growing season. The most important phenological, morphological and agronomic traits were recorded. Analysis of variance showed the existence of genetic diversity between the understudied accessions in terms of all quantitative traits except the number of pods per peduncle. The emphasis that it is possible to find out the desired trait among these accessions. Biomass, number of pods per plant, number of seeds per pod, pod length and 100-seed weight had the highest coefficient of variation. The range of phenological traits of day to 50% flowering (43-103) and day to maturity (69-177) showed that these accessions could be categorized as early, medium and late- maturing biotypes. Grain yield and harvest index had a significant negative correlation ($P < 0.01$) with phenological traits. The 100-seed weight and pod length ($P < 0.01$) were determined as traits affecting grain yield. The results of the principal component analysis showed that the three components explain seventy-two percent of the variability between the accessions. Plant height, number and weight of pods per plant, seed number in pod and grain weight per plant had the highest coefficients in the first component and day to flowering, day to maturity and grain yield had the highest coefficients in the second component. A bi-plot drawing of components and grouping genotypes based on the traits showed that seventeen accessions are noticeable from yield component point of view. Also, seventeen accessions categorized as early-mature accessions with high grain yield. These results in one hand provide useful information about the agronomical traits diversity among local cowpea landraces and on another hand enable the selection of promising genetic resources for use in future breeding programs.

Keywords: Agronomic Traits, Landraces Phenotypic Diversity, *Vigna unguiculata*



"مقاله پژوهشی"

پاسخ گیاهچه‌های هیبرید ذرت به تنش شوری با استفاده از سیستم دفاع آنتی‌اکسیدان بر روی ژل پلی آکریلامید

اعظم شکیب آیلاز^۱، سلیم فرزانه^۲، سجاد محرم‌نژاد^۳، رؤف سید شریفی^۴ و محمد حسن‌زاده^۵

۱- گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران

۲- گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران (نویسنده مسوول: salimfarzaneh@yahoo.com)

۳- بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان اردبیل (مغان)، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مغان، ایران

۴- گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران

۵- گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی مغان، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران

تاریخ دریافت: ۹۹/۱۱/۱ تاریخ پذیرش: ۹۹/۱۱/۲۰

صفحه: ۱۰۷ تا ۱۱۵

چکیده

به‌منظور ارزیابی پاسخ هیبریدهای ذرت به تنش شوری، آزمایشی به صورت فاکتوریل در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار در مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان اردبیل (مغان) در سال ۱۳۹۹ انجام گرفت. فاکتور اول سه سطح شوری صفر، ۱۰۰ و ۲۰۰ میلی مولار سدیم کلراید و فاکتور دوم شش هیبرید ذرت (SC706، SC705، SC704، TWC647، SC647 و SC715) بودند. نتایج حاصل از تجزیه الکتروفورزی روی ژل پلی آکریلامید هشت درصد نشان داد که به ترتیب سه، دو و یک ایزوفرم برای آنزیم سوپراکسید دیسموتاز (SOD)، پراکسیداز (POX) و کاتالاز (CAT) مشاهده شد و برای هر نوار روی ژل میزان "مساحت × شدت" به‌عنوان فعالیت ایزوفرم آنزیم‌های آنتی‌کسیدان توسط نرم‌افزار MCID مورد بررسی قرار گرفت. نتایج حاصل نشان داد که وزن خشک گیاهچه‌های هیبرید ذرت تحت تنش شوری به‌طور معنی‌دار کاهش یافت. اما میزان مالون دی‌آلدئید (MDA)، پراکسید هیدروژن (H_2O_2) و فعالیت ایزوفرم‌های SOD، POX و CAT افزایش معنی‌داری داشتند. همبستگی بین وزن خشک گیاهچه با فعالیت POX و CAT مثبت و معنی‌دار بود. تجزیه نشان داد که هیبریدهای ذرت در دو گروه مختلف قرار گرفتند. هیبرید TWC647 بیشترین وزن خشک گیاهچه، کمترین میزان MDA و بیشترین فعالیت آنزیم‌های آنتی‌کسیدان نسبت به سایر هیبریدهای ذرت مورد مطالعه از مقاومت به شوری نسبی بالایی برخوردار بود. نتایج حاصل نشان می‌دهد که هیبریدهای ذرت مقاوم به شوری از سیستم دفاع آنتی‌کسیدانی بالایی برخوردار هستند.

واژه‌های کلیدی: آنزیم، الکتروفورز، ایزوفرم، بیوماس، تنش اکسیداتیو

مقدمه

ذرت بعد از گندم از لحاظ سطح زیر کشت مقام دوم را در بین غلات به خود اختصاص داده است. سطح زیرکشت ذرت در دنیا بیش از ۱۳۰ میلیون هکتار گزارش شده است و سهم کشور ایران از این مقدار حدود ۲۰۵ هزار هکتار برآورد شده است (۶).

تنش شوری یکی از مهم‌ترین عوامل محدود کننده رشد و تولید گیاهان زراعی در بیشتر مناطق خشک و نیمه خشک جهان است (۱). افزایش غلظت نمک در محیط باعث عدم تعادل یونی و تنش اسمزی می‌گردد (۱). جیانگ و همکاران (۹) گزارش کردند که با افزایش تنش شوری میزان وزن خشک و طول گیاهچه‌های ذرت به‌طور معنی‌دار کاهش می‌یابد. شوری از مهم‌ترین عوامل ایجاد تنش اکسیداتیو و افزایش گونه‌های فعال اکسیژن (ROS)، از جمله سوپراکسید (O_2^-) و پراکسید هیدروژن (H_2O_2) است که تجمع آن‌ها سبب پراکسیداسیون چربی‌ها، انفعال آنزیم‌ها، خسارت به اسیدهای نوکلئیک و تخریب غشاءهای سلول می‌شود (۱۷). بررسی تخریب غشاهای سلولی و تولید مالون دی‌آلدئید (MDA) ناشی از تخریب غشاهای سلولی یکی از معیارهای بررسی واکنش گیاهان به تنش‌های محیطی از جمله شوری است که در سال‌های اخیر مورد توجه قرار گرفته است (۱۶). به‌طور کلی گیاهان برای مقابله با تنش اکسیداتیو از سیستم آنزیمی و غیر آنزیمی استفاده می‌کنند که سیستم آنزیمی

شامل سوپراکسید دیسموتاز (SOD)، پراکسیداز (POX) و کاتالاز (CAT) و سایر آنزیم‌های آنتی‌کسیدان و سیستم غیر آنزیمی شامل گلوکاتایون، آسکوربیک اسید، ساختارهای پلی فنلی و سایر مواد، آنتی‌کسیدان هستند (۸). تنش شوری باعث افزایش میزان MDA و H_2O_2 در گیاه ذرت شد، این میزان افزایش در رقم حساس به مراتب بیشتر از رقم مقاوم به شوری بود (۱۰). همین نتایج در تحقیق دیگر توسط کاراسکو-ریوس و همکران (۳) در گیاه ذرت بیان شده‌است. افزایش فعالیت آنزیم‌های آنتی‌کسیدان تحت تنش شوری در گیاه ذرت گزارش شده‌است (۲). افزایش بیشتر فعالیت SOD، POX و CAT همبستگی مثبتی با صفات رشدی در جهت کاهش اثرات ناشی از شوری عنوان شده‌است. ژنوتیپ‌های مقاوم به شوری نسبت به ژنوتیپ‌های حساس، سطح آنزیم‌های آنتی‌کسیدان بالایی دارند (۱۷). تنش شوری سبب تنش اسمزی، بهم خوردن هموستازی سلولی و سمیت یونی در سلول‌های گیاهی می‌شود (۴). تنش شوری یک مشکل جدی و در حال افزایش می‌باشد، بنابراین شناسایی سازوکارهایی جهت بهبود تحمل شوری در گیاهان با تکنولوژی‌های زیست مولکولی از اهمیت خاصی برخوردار است. در این راستا پژوهش حاضر با هدف ارزیابی اثر تنش شوری روی سیستم دفاع آنتی‌کسیدان و بیوماس هیبریدهای ذرت در مرحله گیاهچه‌ای انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

برای ارزیابی اثر تنش شوری روی گیاه ذرت، آزمایشی به‌صورت فاکتوریل در قالب طرح پایه کاملاً تصادفی با سه تکرار در دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی مغان در سال ۱۳۹۹ تحت شرایط گلخانه‌ای اجرا شد. عامل اول شامل شش هیبرید ذرت SC705، SC704، TWC647، SC647، SC706 و SC715 (تهیه شده از بخش تحقیقات ذرت و گیاهان علوفه‌ای موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج) و عامل دوم سه سطح شوری سدیم کلراید (صفر، ۱۰۰ و ۲۰۰ میلی‌مولار) بودند. ابتدا بذور با محلول سه درصد هیپوکلریت سدیم به مدت دو دقیقه ضد عفونی و پنج روز پس از جوانه‌زنی داخل پتری دیش، گیاهچه‌ها به پلاستیک‌های خاص حاوی پرلیت منتقل شدند و بعد از استقرار گیاهچه‌ها، تنش شوری به مدت دو هفته تا مرحله سه برگگی گیاهچه‌های ذرت توسط محلول نیم هوگلند اعمال گردید. بعد از اعمال تنش شوری جهت اندازه‌گیری وزن خشک گیاهچه‌ها، نمونه‌ها در داخل پاکت‌های مجزا قرار گرفته و در آون تحت دمای ۷۰ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۸ ساعت قرار داده شد و در نهایت وزن خشک آن‌ها توسط ترازو حساس اندازه‌گیری شدند.

میزان مالون دی‌آلدئید (MDA) و پراکسید هیدروژن (H₂O₂)

بعد از اعمال تنش شوری، ابتدا نیم گرم برگ تازه را در محلول ۲۰ درصد تیوکلو استیک اسید (TCA) که حاوی ۰/۵ درصد تیو باربیتوریک اسید (TBA) کاملاً پودر کرده و آنگاه این مخلوط به مدت ۲۵ دقیقه در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد در حمام بن ماری حرارت داده شد. سپس این مخلوط را در حمام یخ سرد کرده و در نهایت میزان MDA با طول موج‌های ۵۳۲ و ۶۰۰ نانومتر توسط دستگاه اسپکتروفتومتر صورت گرفت (۱۴). به‌منظور تخمین میزان H₂O₂ نمونه‌های تازه برگگی هضم شده به همراه تری‌کلرواستیک اسید در دور ۱۲۰۰۰ به مدت ۱۵ دقیقه سانتریفوژ شد. سپس کمپلکس واکنش حاوی محلول رو شناور، بافر فسفات و یدید پتاسیم تهیه شده و میزان جذب نمونه‌های هیبریدهای ذرت در طول موج ۳۹۰ نانومتر با استفاده از اسپکتروفتومتر قرائت شد (۱۴).

آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان روی ژل پلی‌آکریلامید

نمونه‌های برگگی تازه در بافر استخراج (تریس ۵۰ میلی‌مولار، پنج درصد ساکاروز، ۵۰ میلی‌اسکوربیک اسید، ۲۰ میلی‌مولار سدیم متابی سولفیت و دو درصد پلی‌اتیلن گلیکول) با pH برابر ۷/۵ حاوی ۰/۱ درصد

۲-مرکاپتواتانول با نسبت وزنی یک از برگ و یک از بافر استخراج، به خوبی هموژنیزه و سپس محلول حاصل به مدت ۱۰ دقیقه در ۱۰۰۰۰ دور و دمای چهار درجه سانتی‌گراد سانتریفوژ شد. عصاره آنزیمی با قطعات بریده شده کاغذ واتمن شماره ۴۲ و مناسب با ابعاد چاهک، جذب و در ژل پلی‌آکریلامید هشت درصد با ابعاد ۱۵×۱۲×۰/۶ سانتی‌متر بارگذاری شد. برای رنگ آمیزی آنزیم سوپراکسید دیسموتاز (SOD)، پراکسیداز (POX) و کاتالاز (CAT) از روش ولیزاده و همکاران (۲۰) استفاده شد.

تجزیه آماری

از نرم‌افزار MCID برای کمی سازی "مساحت × شدت" نوار آنزیمی به عنوان فعالیت دنسیتومتریک ایزوفرم آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان روی ژل استفاده شد. قبل از تجزیه واریانس داده‌ها آزمون نرمال بودن داده‌ها به روش تست کولموگروف-اسمیرنوف انجام گرفت. مقایسه میانگین‌ها به روش حداقل اختلاف معنی‌دار (LSD) در سطح احتمال پنج درصد با استفاده از نرم‌افزار SPSS انجام شد. همچنین همبستگی، تجزیه خوشه‌ای و نقشه دمایی^۱ از نرم‌افزار JMP استفاده گردید.

نتایج و بحث

وزن خشک

تجزیه واریانس داده‌های وزن خشک گیاهچه‌ها نشان داد که بین هیبریدها و سطوح مختلف شوری در سطح احتمال یک درصد اختلاف معنی‌دار وجود داشت. اما بر همکنش هیبرید × شوری برای وزن خشک معنی‌دار نبود (جدول ۱). شوری به‌طور معنی‌دار وزن خشک گیاهچه‌های ذرت را کاهش داد (جدول ۲). مقایسه میانگین هیبریدهای ذرت برای وزن خشک گیاهچه‌ها نشان داد که TWC647 دارای بیشترین وزن خشک گیاهچه‌ای نسبت به سایر هیبریدهای ذرت بود (جدول ۳). چنین به‌نظر می‌رسد که هیبریدهای مختلف ذرت پاسخ متفاوتی به تنش شوری دادند.

تنش شوری باعث کاهش معنی‌دار وزن خشک گیاهچه‌های ذرت می‌شود. به‌طوری‌که این میزان کاهش نسبت به تیمار شاهد در حدود ۲۴ درصد توسط عمرانی و محرم‌نژاد (۱۹) گزارش شده‌است. افزایش غلظت نمک در آب و خاک به دلیل افزایش غلظت سدیم و کلر، باعث کاهش رشد گیاه می‌شود گزارش‌های متعددی مبنی بر کاهش وزن بیوماس رقم‌های مختلف ذرت تنش شوری شده‌است (۱۵، ۲). که با نتایج این تحقیق مطابقت دارد.

جدول ۱- جدول تجزیه واریانس صفات سیستم دفاع آنتی‌کسیدان و وزن خشک گیاهچه‌های هیبرید ذرت تحت تنش شوری

Table 1. ANOVA of antioxidant defense system and seedling dry weight of maize hybrids under salinity stress

CAT	POX ₂	POX ₁	SOD ₃	SOD ₂	SOD ₁	MDA	H ₂ O ₂	درجات		منابع تغییر
								وزن خشک	آزادی	
۳۷/۲**	۶۳۵/۱**	۱۰۷/۰**	۵۶/۸**	۱۴۷/۴**	۶۳/۰**	۹۶/۸**	۱۴۹/۳**	۳۸/۲**	۵	هیبرید
۳۵/۸**	۳۳۰/۱**	۹۰/۴**	۱۵۹/۱**	۱۰۸/۴**	۲۵/۶**	۱۲۵/۹**	۵۹۴/۷**	۲/۴**	۲	شوری
۲/۴ ^{ns}	۱۱/۶ ^{ns}	۶/۱ ^{ns}	۲/۳ ^{ns}	۱/۱ ^{ns}	۰/۶ ^{ns}	۲/۰**	۷/۹**	۰/۳ ^{ns}	۱۰	هیبرید × شوری
۲/۱	۲۹/۱	۷/۱	۶/۲	۵/۳	۲/۱	۰/۲	۰/۵	۰/۱	۳۶	خطا
۱۷/۹	۲۵/۱	۲۸/۱	۱۶/۴	۱۷/۹	۲۸/۴	۲/۰	۲/۴	۷/۳		ضریب تغییرات (%)

ns و **: به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد
 H₂O₂: هیدروژن پراکسید، MDA: مالون دی‌آلدئید، SOD: سوپراکسید دیسموتاز، POX: پراکسیداز و CAT: کاتالاز

جدول ۲- میانگین وزن خشک و فعالیت آنزیم‌های آنتی‌کسیدان تحت تنش شوری

Table 2. Mean of dry weight and antioxidant enzyme activities under salinity stress

CAT	POX ₂	POX ₁	SOD ₃	SOD ₂	SOD ₁	وزن خشک	سدیم کلرید
(دنسیومتریکی)	(دنسیومتریکی)	(دنسیومتریکی)	(دنسیومتریکی)	(دنسیومتریکی)	(دنسیومتریکی)	(گرم)	(میلی مولار)
۳/۰ ± ۳۳/۹۸ ^c	۶/۱ ± ۴۹/۷۹ ^c	۴/۱ ± ۶۲/۵۵ ^c	۶/۱ ± ۳۵/۵۳ ^b	۵/۱ ± ۶۵/۳۹ ^c	۳/۰ ± ۲۳/۵۶ ^c	۳/۰ ± ۹۱/۹۴ ^a	صفر
۵/۰ ± ۳۹/۸۳ ^b	۱۰/۲ ± ۱۰/۹۹ ^b	۷/۱ ± ۳۲/۷۷ ^b	۱۰/۳ ± ۰۳/۸۳ ^a	۹/۲ ± ۱۷/۶۵ ^b	۴/۰ ± ۴۵/۷۳ ^b	۳/۰ ± ۸۷/۸۸ ^b	۱۰۰
۶/۰ ± ۹۱/۹۷ ^a	۱۴/۲ ± ۶۷/۰۸ ^a	۹/۱ ± ۰۷/۹۷ ^a	۱۲/۲ ± ۲۲/۴۲ ^a	۱۰/۱ ± ۰۶/۳۲ ^a	۵/۰ ± ۶۲/۵۲ ^a	۳/۰ ± ۰۰/۶۰ ^c	۲۰۰

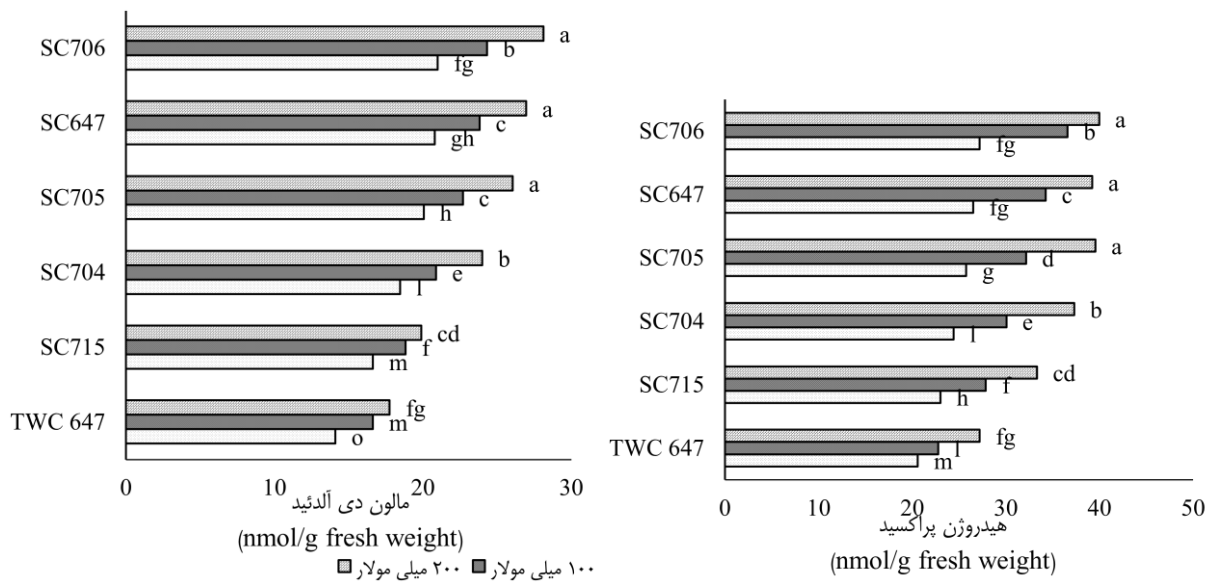
حروف متفاوت در هر ستون نشانگر اختلاف معنی‌دار بین سطوح شوری

(شکل ۱). اما TWC647 دارای کمترین میزان MDA و H₂O₂ تحت تنش شوری داشت (شکل ۱).

افزایش MDA با تنش شوری نشان دهنده آسیب رسانی شوری به غشای سلولی است که MDA می‌تواند با اتصال به پروتئین‌های غشا و آنزیم‌ها منجر به آسیب رسانی به ساختار و عمل غشا شود (۱). مینیزیس-بیاویتنی و همکاران (۱۱) با ارزیابی اثر شوری بر آنزیم‌های آنتی‌اکسیداتیو در اندام هوایی گیاه ذرت بیان داشتند که تنش شوری به‌طور معنی‌دار باعث افزایش میزان MDA و H₂O₂ می‌شود. افزایش میزان MDA و H₂O₂ به دلیل القای تنش اکسیداتیو ناشی از تنش شوری است. افزایش مقدار H₂O₂ باعث تحریک سیستم دفاع آنتی‌کسیدان در گیاه می‌شود (۷).

میزان مالون دی‌آلدئید (MDA) و هیدروژن پراکسید (H₂O₂)

یافته‌های حاصل از تجزیه واریانس داده‌های MDA و H₂O₂ مبین آن است که اثر هیبریدها، شوری و برهمکنش هیبریدها × شوری در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند (جدول ۱). تنش شوری باعث افزایش معنی‌دار میزان MDA و H₂O₂ در هیبریدهای ذرت شد، که نشان از القای تنش اسمزی در هیبریدهای ذرت مورد مطالعه بود. مقایسه میانگین برهمکنش هیبرید × شوری برای میزان MDA و H₂O₂ نشان داد که هیبرید SC706 دارای بیشترین مقدار MDA و H₂O₂ در سطح شوری ۲۰۰ میلی مولار سدیم کلرید داشت

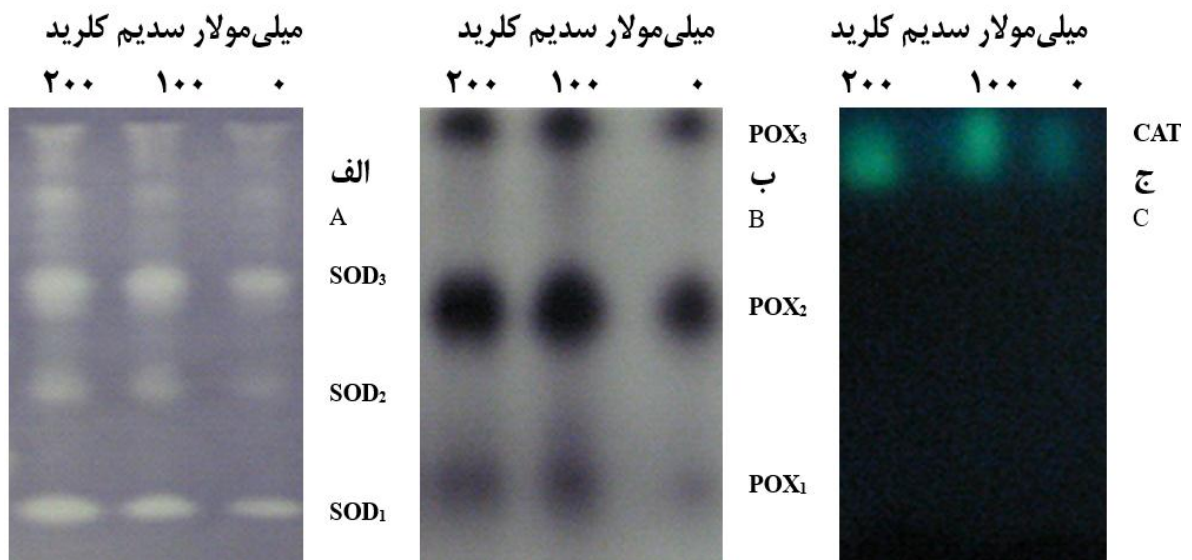


شکل ۱- میانگین مقدار هیدروژن پراکسید و مالون دی آلدئید در هیبریدهای ذرت تحت تنش شوری (حروف متفاوت نشانگر اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال پنج درصد می‌باشد)

Figure 1. Mean of malondialdehyde and peroxide hydrogen in maize hybrids under salinity stress (Various letters indicate significant differences $p < 0.05$)

احتمال یک درصد معنی‌دار بود، اما برهمکنش هیبریدها × شوری معنی‌دار نبود (جدول ۱). تنش شوری به‌طور معنی‌دار باعث افزایش فعالیت ایزوفرم آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان شد (جدول ۲). مقایسه میانگین فعالیت ایزوفرم آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان نشان داد که SC715 و TWC647 نسبت به سایر هیبریدهای ذرت بیشترین افزایش را داشتند (جدول ۳).

آنزیم سوپر اکسید دیسموتاز (SOD)، پراکسیداز (POX) و کاتالاز (CAT) الکتروفورز روی ژل پلی‌آکرلامید هشت درصد برای آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان نشان داد که به ترتیب سه، دو و یک ایزوفرم برای SOD، POX و CAT وجود داشت (شکل ۲). اثر هیبریدها و شوری برای میزان فعالیت ایزوفرم‌ها در سطح



شکل ۲- الگوی نواری آنزیم سوپر اکسید دیسموتاز (الف)، پراکسیداز (ب) و کاتالاز (ج) در گیاهچه‌های ذرت تحت سطوح مختلف شوری

Figure 2. Superoxide dismutase (A), peroxidase (B) and catalase (c) banding pattern in maize seedlings under different levels of salinity

جدول ۳- میانگین وزن خشک و فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان هیبریدهای ذرت

Table 3. Maize hybrid means of dry weight and antioxidant enzyme activities

CAT (دنسیومتریکی)	POX ₂ (دنسیومتریکی)	POX ₁ (دنسیومتریکی)	SOD ₃ (دنسیومتریکی)	SOD ₂ (دنسیومتریکی)	SOD ₁ (دنسیومتریکی)	وزن خشک (گرم)	هیبرید
۵/۰±۴۲/۶۲ ^c	۱۰/۰±۴۰/۹۸ ^b	۵/۱±۹۳/۸۶ ^{cd}	۹/۱±۰۰/۹۹ ^c	۸/۲±۱۵/۰۲ ^c	۴/۱±۳۵/۰۰ ^c	۲/۰±۳۶/۴۷ ^d	SC647
۶/۰±۹۳/۷۸ ^a	۱۱/۲±۳۴/۸۷ ^a	۸/۲±۴۰/۹۸ ^a	۱۰/۲±۸۳/۰۹ ^a	۱۰/۲±۰۱/۰۹ ^a	۶/۱±۴۱/۵۰ ^a	۷/۱±۱۱/۰۶ ^a	TWC647
۶/۰±۴۲/۷۰ ^b	۱۰/۱±۷۷/۹۵ ^b	۷/۱±۳۲/۹۹ ^{bc}	۹/۲±۶۶/۰۳ ^b	۸/۲±۲۰/۰۵ ^c	۵/۱±۰۱/۰۷ ^b	۴/۰±۴۸/۹۹ ^c	SC704
۴/۰±۵۱/۶۵ ^d	۹/۲±۲۰/۷۹ ^c	۵/۱±۷۹/۹۹ ^d	۸/۱±۰۷/۳۹ ^c	۹/۱±۰۱/۸۹ ^b	۴/۱±۴۷/۰۱ ^c	۱/۰±۶۹/۳۴ ^e	SC705
۵/۰±۰۲/۷۱ ^c	۱۰/۲±۷۶/۹۰ ^b	۶/۱±۵۹/۹۴ ^c	۹/۱±۰۵/۹۰ ^c	۸/۲±۰۳/۰۹ ^c	۴/۱±۳۷/۰۰ ^c	۲/۰±۵۳/۴۴ ^d	SC706
۶/۰±۲۲/۷۱ ^b	۱۱/۱±۰۲/۹۵ ^a	۸/۱±۰۷/۸۷ ^b	۱۰/۲±۰۲/۹۸ ^b	۹/۲±۶۸/۰۰ ^a	۵/۰±۵۷/۹۸ ^b	۵/۱±۱۱/۱۱ ^b	SC715

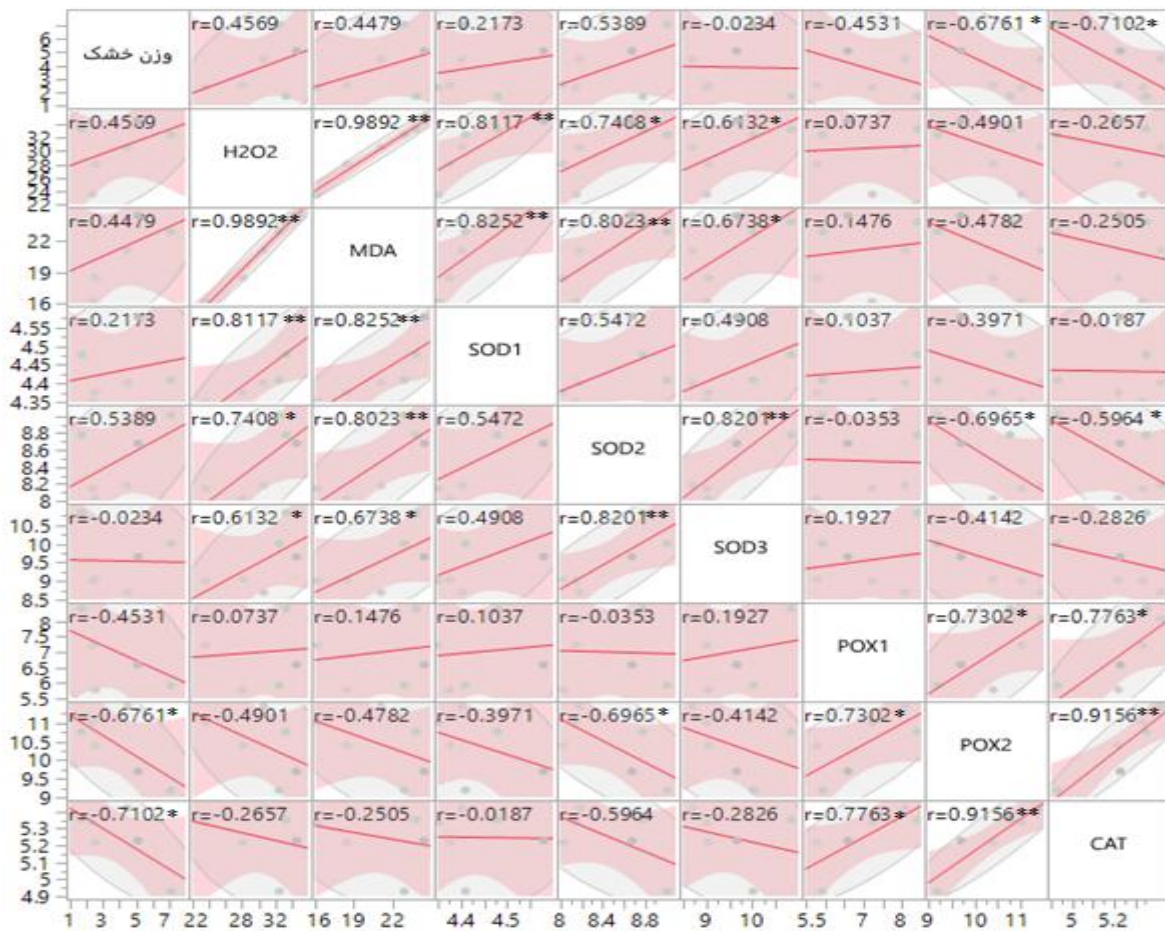
حروف متفاوت در هر ستون نشانگر اختلاف معنی‌دار بین هیبریدهای ذرت

کاهش اثرات تنش اکسیداتیو ناشی از شوری می‌شود. ارقام مختلف ذرت پاسخ متفاوتی در برابر تنش شوری از خود نشان می‌دهند در این رابطه ملازم و بشیرزاده (۱۵) گزارش کردند که رقم SC302 و SC704 با دارا بودن بیشترین فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان با شرایط رشدی مناسب تحت تنش شوری، جزء ارقام متحمل به شوری به شمار می‌روند. جیانگ و همکاران (۹) اظهار کردند که تنش شوری باعث افزایش معنی‌دار فعالیت SOD، POX و CAT در گیاهچه‌های ذرت شد که با نتایج این پژوهش همسویی نشان می‌دهد.

همبستگی

تجزیه همبستگی بین صفات مورد مطالعه نشان داد که بین میزان فعالیت ایزوفرم‌های مختلف ارتباط معنی‌دار وجود داشت (شکل ۳). همچنین ارتباط مثبت و معنی‌دار بین وزن خشک گیاهچه‌ای با میزان فعالیت POX₂ و CAT وجود داشت (شکل ۳). براساس نتایج حاصل چنین به نظر می‌رسد که افزایش فعالیت ایزوفرم‌های پراکسیداز و کاتالاز مانع از کاهش بیشتر بیوماس گیاهچه‌ای ذرت‌های مورد مطالعه تحت تنش شوری می‌شوند.

پاسخ آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان به تنش در تمامی گیاهان یکسان نیست و همه آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان در طی اعمال تنش شوری افزایش پیدا نمی‌کنند، بلکه بسته به عوامل مختلف از جمله گونه گیاهی، غلظت و نوع نمک، فعالیت آنتی‌اکسیدان‌ها ممکن است افزایش یا کاهش یابد (۱۸). مطالعات مختلفی برای اندازه‌گیری میزان فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان در گیاهان مختلف روی ژل پلی‌آکرلامید انجام گرفته‌است به طوری که سه ایزوفرم برای SOD، دو ایزوفرم برای POX و یک ایزوفرم برای CAT گزارش شده‌است (۱۴،۲۱). که با نتایج این پژوهش مطابقت داشت. فعال بودن سیستم دفاع آنتی‌اکسیدان آنزیمی نشان از القای تنش اکسیداتیو توسط تنش شوری می‌باشد. ایزوفرم‌های مختلف آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان با قرارگیری در بخش‌های مختلف اندامک‌های سلول مانع از وارد شدن صدمات ناشی از رادیکال‌های آزاد اکسیژن می‌شوند (۱۳). ملازم و بشیرزاده (۱۵) با بررسی فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان و پرولین در ارقام ذرت تحت تنش شوری بیان داشتند که فعالیت SOD، POX و CAT تحت تنش شوری افزایش می‌یابد، که باعث



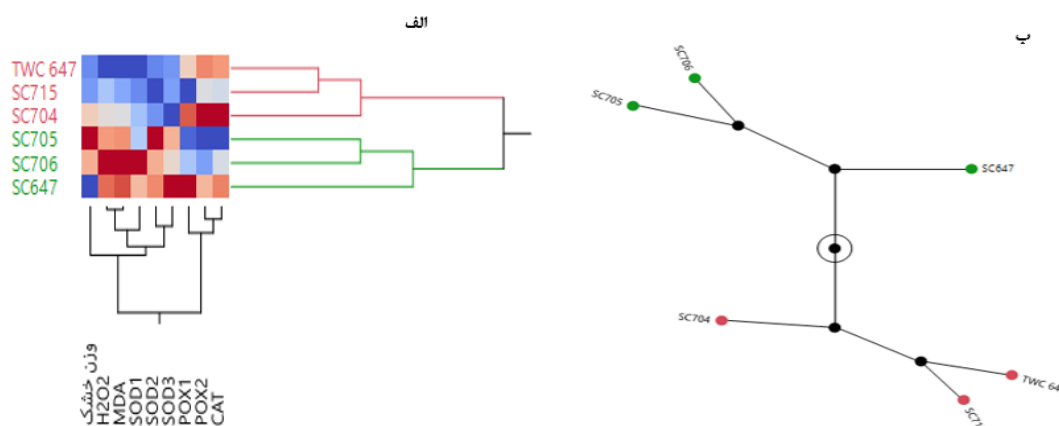
شکل ۳- همبستگی وزن خشک گیاهچه‌ای با سیستم دفاع آنتی‌اکسیدان در هیبریدهای ذرت، * و ** به ترتیب معنی‌داری در سطح احتمال پنج و یک درصد (H₂O₂: هیدروژن پراکسید، MDA: مالون دی آلدئید، SOD: سوپراکسید دیسموتاز، POX: پراکسیداز و CAT: کاتالاز) Figure 3. Correlation between dry weight and oxidative defense system in maize hybrids, * and ** significant differences at 5 and 1% probability respectively (H₂O₂: Hydrogen peroxide, MDA: Malondialdehyde, SOD: Superoxide dismutase, POX: Peroxidase and CAT: Catalase)

تجزیه خوشه‌ای

نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای به روش Ward برای هیبریدهای ذرت با استفاده از سیستم دفاع آنتی‌اکسیدان و وزن خشک گیاهچه‌ای نشان داد که دو گروه برای تقسیم‌بندی هیبریدهای ذرت تشکیل شد (شکل ۴ الف). طوری که SC704 و SC715، TWC647، در یک گروه و SC705، SC706 و SC647 در گروه دیگر قرار گرفتند. نقشه دمایی برای تعیین تأثیرگذاری صفات مورد ارزیابی در گروه‌بندی هیبریدهای ذرت نشان داد که سهم صفات POX₁، POX₂ و CAT به مراتب بیشتر هستند (شکل ۴ ب).

تجزیه خوشه‌ای در شش ژنوتیپ ذرت تحت تنش شوری توسط خویاوم و گیردمانی (۵) نشان داد که ژنوتیپ‌های ذرت مورد ارزیابی براساس خصوصیات رشدی و فیزیولوژیکی در گروه مختلف قرار گرفتند به طوری که ژنوتیپ‌های حساس و متحمل به شوری از همدیگر تفکیک شدند. که با نتایج این تحقیق مطابقت داشت.

جیانگ و همکاران (۹) با ارزیابی القای تنش شوری مبنی بر افزایش فعالیت سیستم دفاع آنتی‌اکسیدانی در ذرت اظهار کردند همبستگی معنی‌دار منفی بین میزان فعالیت SOD و غلظت شوری برقرار بود. اما ارتباط مثبت معنی‌دار بین وزن گیاهچه‌ای ذرت و فعالیت SOD وجود داشت. با افزایش غلظت شوری میزان فعالیت SOD و لیزاده و همکاران (۲۰) با بررسی اثر شوری ۱۲ خانوادۀ نانتی در یونجه بیان داشتند که همبستگی مثبت و معنی‌دار بین وزن تر، وزن خشک و ایزوفرم‌های آنزیم‌های اکسیدان بود. همچنین محرم‌نژاد و همکاران (۱۴) در ذرت نیز ارتباط مثبت و معنی‌داری بین بیوماس و فعالیت ایزوفرم‌های آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان گزارش کردند. مینی‌یس-بی‌اوینتی و همکاران (۱۱) اظهار داشتند که افزایش فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان از قبیل SOD و CAT همبستگی مثبتی با افزایش تحمل به تنش شوری در گیاه ذرت وجود دارد به طوری که افزایش فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان با بیوماس خشک گیاهچه‌های ذرت ارتباط مثبت و معنی‌دار وجود داشت.



شکل ۴- نقشه دمایی و گروه‌بندی هیبریدهای ذرت براساس بیوماس و سیستم دفاع آنتی‌کسیدان
Figure 4. Heatmap and cluster of maize hybrids using biomass and antioxidant defense system

آنتی‌اکسیدان را به‌طور معنی‌دار افزایش داد. همبستگی مثبت و معنی‌دار بین وزن خشک گیاهچه‌ای با سیستم دفاع آنتی‌کسیدان داشت. تجزیه خوشه‌ای هیبریدهای ذرت بررسی سیستم دفاع آنتی‌کسیدان و وزن خشک گیاهچه‌ای نشان داد که هیبریدها در دو گروه مجزا قرار گرفتند. همچنین به‌نظر می‌رسد که افزایش فعالیت سیستم دفاع آنتی‌کسیدان مانع کاهش بیشتر بیوماس در هیبریدهای ذرت مورد مطالعه گردید.

نتیجه‌گیری کلی

تنش شوری اعمال شده باعث کاهش معنی‌دار وزن خشک گیاهچه‌های ذرت شد. اما تنش شوری باعث افزایش معنی‌دار میزان MDA و H_2O_2 در هیبریدهای ذرت شد. این نتیجه نشان از القای تنش اکسیداتیو در هیبریدهای ذرت مورد مطالعه بود. تجزیه الکتروفورزی فعالیت آنزیم‌های آنتی‌کسیدان به ترتیب سه، دو و یک ایزوform برای SOD، POX و CAT نشان داد. تنش شوری فعالیت ایزوform آنزیم‌های

منابع

- Ashraf, M. 2009. Biotechnological approach of improving plant salt tolerance using antioxidants as markers. *Biotechnology Advance*, 27: 84-93.
- Azevedo Neto, A.D., J.T. Prisco, J. Eneas-Filho, C.E. Braga de Abreu and E. Gomes-Filho. 2006. Effects of salt stress on antioxidative enzymes and lipid peroxidation in leaves and root of salt-tolerant and salt-sensitive maize genotypes. *Environmental and Experimental Botany*, 56: 87-94.
- Carrasco-Ríos, L. and M. Pinto. 2014. Effect of salt stress on antioxidant enzymes and lipid peroxidation in leaves in two contrasting corn, 'Lluteño' and 'Jubilee'. *Cherian Journal of Agricultural Research*, 74: 89-95.
- Carpici, E.B., N. Celik, G. Bayram and B.B. Asik. 2010. The effects of salt stress on the growth, biochemical parameter and mineral element content of some maize (*Zea mays* L.) cultivars. *African Journal of Biotechnology*, 9(41): 6937-6942.
- Cha-um, S. and C. Kirdmanee. 2010. Salt tolerance screening in six maize (*Zea mays* L.) genotypes using multivariate cluster analysis. *Philippine Agricultural Scientist*, 93: 156-164.
- FAO, 2019. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize>.
- Gill, S.S. and N. Tuteja. 2010. Reactive oxygen species and antioxidant machinery in abiotic stress tolerance in crop plants. *Plant Physiology and Biochemistry*, 48(12): 909-930.
- Gupta, K.J., M. Stoimenova and W.M. Kaiser. 2005. In higher plants, only root mitochondria, but not leaf mitochondria reduce nitrite to NO, *in vitro* and *in situ*. *Journal of Experimental Botany*, 56: 2601-2609.
- Jiang, C., C. Zu, D. Lu, Q. Zhu, J. Shen, H. Wang and D. Li. 2017. Effect of exogenous selenium supply on photosynthesis, Na^+ accumulation and antioxidative capacity of maize (*Zea mays* L.) under salinity stress. *Scientific Reports*, 7: 1-14 (42039).
- Mansour, M.M.F., K.H.A. Salama, F.Z.M. Ali and A.F. Abou Hadid. 2005. Cell and plant responses to NaCl in *Zea mays* L. cultivars differing in salt tolerance. *General and Applied Plant Physiology*, 31: 29-41.
- Menezes-Benavente, L., S.P. Kernodle, M. Margis-Pinheiro and J.G. Scandalios. 2004. Salt-induced antioxidant metabolism defenses in maize (*Zea mays* L.) seedlings. *Communications in Free Radical Research*, 9: 29-36.

12. Mittler, R. 2002. Oxidative stress, antioxidants and stress tolerance. *Trends in Plant Science*, 7: 405-410.
13. Moharramnejad. S. and M. Valizadeh. 2019. A key response of grain yield and superoxide dismutase in maize (*Zea mays* L.) to water deficit stress. *Journal of Plant Physiology and Breeding*, 2: 77-84.
14. Moharramnejad, S., O. Sofalian, M. Valizadeh, A. Asghari, M.R. Shiri and M. Ashraf. 2019. Response of maize to field drought stress: Oxidative defense system, osmolytes' accumulation and photosynthetic pigments. *Pakistan Journal of Botany*, 51(3): 799-807.
15. Molazem. D. and A. Bashirzadeh. 2017. Investigation of the antioxidant enzymes and proline in varieties of maize (*Zea mays* L.) under salinity stress. *Journal of Molecular and Cellular Research*, 1: 77-90 (In Persian).
16. Munns, R. 2002. Comparative physiology of salt and water stress. *Plant, Cell and Environment*, 25: 239-250.
17. Nayyar, H. and D. Gupta. 2006. Differential sensitivity of C3 and C4 plants to water deficit stress: Association with oxidative stress and antioxidants. *Journal of Experimental Botany*, 58: 106-113.
18. Ngara. R., R. Ndimba, J. Borch-Jensen, O.N. Jensen and B. Ndimba. 2012. Identification and profiling of salinity stress-responsive proteins in *Sorghum bicolor* seedlings. *Journal of Proteomics*, 75: 4139-4150.
19. Omrani. B. and S. Moharramnejad. 2018. Study of salinity tolerance in four maize (*Zea mays* L.) hybrids at seedling stage. *Journal of Crop Breeding*, 9: 79-86 (In Persian).
20. Valizadeh, M., S. Moharamnejad, M. Ahmadi and H. Mohammadzadeh Jalaly. 2013. Changes in activity profile of some antioxidant enzymes in alfalfa half-sib families under salt stress. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 15:801-809.
21. Yusefi. M., V. Nasrollahzadeh Asl and S. Moharramnejad. 2017. Response of oxidative defense system to salt-treat in alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Fresenius Environmental Bulletin*, 8: 5219-5224.

Response of Maize Hybrids Seedlings to Salinity Stress with Oxidative Defense System on Polyacrylamide Gel

Azam Shakib Aylar¹, Salim Farzaneh², Sajjad Moharramnejad³, Raouf Seyed Sharifi⁴ and Mohammad Hasanzadeh⁵

1- Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran

2- Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran, (Corresponding author: salimfarzaneh@yahoo.com)

3- Crop and Horticultural Science Research Department, Ardabil Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Moghan, Iran

4- Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran

5- Department of Plant Production, Faculty of Agriculture and Natural Resources-Moghan, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran

Received: January 20, 2021

Accepted: February 8, 2021

Abstract

To evaluate maize hybrids response to salinity stress, a factorial experiment was performed with three replications at the Ardabil Agricultural and Natural Resources Research and Education Center during 2020. The first factors were six maize hybrids (SC647, TWC647, SC704, SC705, SC706 and SC715), and the second factors were three levels of salinity stress (0, 100 and 200 mM NaCl). Electrophoretic analyses by using 8% slab polyacrylamide gels indicated that three, two and one isoforms for superoxide dismutase (SOD), peroxidase (POX) and catalase (CAT) were observed, respectively, and for each isoform band the “density × area” scores onto gels were evaluated by MCID software as enzymatic activity. The applied salt stress reduced dry weight seedlings, but increased malondialdehyde (MDA), peroxide hydrogen (H₂O₂), and activity of SOD, POX and CAT isoforms. Significant correlations were observed between seedling dry weight and POX and CAT. The cluster analysis based Ward method was classified maize hybrids in two different groups. TWC647 hybrid with high biomass, high oxidative defense system and low MDA was salt-tolerance. The results indicated that salt-tolerance hybrids, which are associated with enhanced oxidative defense system.

Keywords: Biomass, Electrophoresis, Enzyme, Isoform, Oxidative stress



"مقاله پژوهشی"

استفاده از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) به منظور گزینش هیبریدهای جدید آفتابگردان با عملکرد بالا و خصوصیات زراعی مطلوب

امیر قلی‌زاده^۱، مهدی غفاری^۲ و فرناز شریعتی^۲

۱- استادیار بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران
(نویسنده مسوول: a.gholizadeh@areeo.ac.ir)

۲- دانشیار بخش تحقیقات دانه‌های روغنی، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

۳- استادیار بخش تحقیقات دانه‌های روغنی، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۱۱/۱۵ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۳/۱۵

صفحه: ۱۱۶ تا ۱۲۳

چکیده

تولید ارقام هیبرید پرمحصول آفتابگردان از اهداف اصلی برنامه‌های به‌نژادی این گیاه می‌باشد. بنابراین انتخاب هیبریدهای پرمحصول در این گیاه از اهمیت بالایی برخوردار است. در این راستا تعداد ۲۴ هیبرید جدید آفتابگردان به‌همراه رقم گل‌سرا در ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان در قالب طرح لاتیس ساده (۵×۵) با دو تکرار طی سال زراعی ۱۳۹۹ مورد ارزیابی قرار گرفتند. در این تحقیق به‌منظور گزینش هیبریدهای جدید آفتابگردان و مطالعه روابط میان صفات از روش شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) و تجزیه به‌عامل‌ها استفاده شد. بر اساس شاخص SIIG، ژنوتیپ‌های G5، G10، G2، G12، G3 و G19 با مقدار SIIG بیشتر (به‌ترتیب ۰/۷۴۷، ۰/۶۸۹، ۰/۶۶۰، ۰/۶۴۱، ۰/۶۴۰ و ۰/۵۷۲) جزء ژنوتیپ‌های برتر بودند. از طرفی ژنوتیپ‌های G23، G15، G24، G25 و G18 با مقدار SIIG کمتر (به‌ترتیب ۰/۲۳۳، ۰/۲۶۴، ۰/۲۷۷، ۰/۲۷۸ و ۰/۲۸۵) جزء ژنوتیپ‌های ضعیف از نظر اکثریت صفات مورد بررسی بودند. ژنوتیپ‌های G5، G19، G2، G10، G3، G9 و G11 با داشتن مقدار SIIG بالا و همچنین عملکرد دانه بالاتر از میانگین به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و سایر صفات زراعی شناخته شدند و می‌توان از آن‌ها برای انجام آزمایشات بیشتر از جمله آزمایشات سازگاری در مناطق گرم مرطوب استفاده نمود. همچنین نتایج تجزیه به‌عامل‌ها نشان‌دهنده ارتباط مثبت صفات قطر ساقه، قطر طبق و تعداد دانه در طبق با عملکرد دانه بود. به‌طور کلی می‌توان نتیجه گرفت که صفات قطر ساقه، قطر طبق و تعداد دانه در طبق می‌توانند به‌عنوان شاخص‌های مناسب در برنامه‌های اصلاحی برای انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا در آفتابگردان مورد استفاده قرار گیرند.

واژه‌های کلیدی: آفتابگردان، تجزیه به‌عامل‌ها، شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل، عملکرد دانه

مقدمه

ارزیابی ژنوتیپ‌ها با استفاده از مجموعه‌ای از صفات، احتمال پیدا کردن ژنوتیپ‌های ایده‌آل را افزایش می‌دهد. شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (Selection index of ideal genotype; SIIG) یکی از روش‌های آماری چند متغیره است که بر اساس مجموعه‌ای از صفات یا شاخص‌های مختلف، ژنوتیپ‌های مطلوب را شناسایی می‌کند (۲۵، ۲۷). از آنجاییکه ممکن است هر ژنوتیپی از نظر یک صفت یا شاخصی ژنوتیپ برتر باشد و در نهایت با افزایش تعداد صفات یا شاخص‌ها، ممکن است انتخاب ژنوتیپ مناسب برای محقق دشوار شود، ولی به‌کمک روش SIIG تمام شاخص‌ها و صفات به‌صورت یک شاخص واحد درآمده، رتبه‌بندی شده و تعیین ژنوتیپ‌های برتر بسیار راحت‌تر می‌شود. از جمله مزیت‌های این روش آن است که صفات یا شاخص‌های به‌کار رفته برای مقایسه می‌توانند دارای واحدهای سنجش متفاوتی بوده و طبیعت منفی و مثبت داشته باشند (۱۵). از روش شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) در کلزا (۱، ۲۵، ۲۶)، گندم دوروم (۱۶)، گندم نان (۲۲) و جو (۲۴) برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها بر اساس مجموعه‌ای از صفات یا شاخص‌ها استفاده شده است. تجزیه به‌عامل‌ها یکی دیگر از روش‌های آماری چند متغیره است که به‌منظور دسته‌بندی صفات، تعیین میزان اهمیت و ارتباط هر یک از آنها در ایجاد

دانه‌های روغنی پس از غلات مهمترین منابع تأمین انرژی می‌باشند. آفتابگردان بعد از سویا، کلزا، پنبه و بادام زمینی پنجمین گیاه دانه روغنی جهان محسوب می‌شود. دانه آن با توجه به نوع رقم دارای ۲۶ تا ۵۰ درصد روغن و کنجاله آن نیز حاوی حدود ۲۰ تا ۲۷ درصد پروتئین می‌باشد (۴). روغن آفتابگردان به‌دلیل داشتن اسیدهای چرب غیراشباع فراوان و فقدان کلسترول از کیفیت بالایی برخوردار است (۳). با توجه به این ویژگی‌های خاص، تولید آفتابگردان در کشور باید افزایش یابد. به‌دلیل وجود محصولات رقیب و محدودیت اراضی زراعی، یک از راه‌حل‌های موثر در افزایش تولید آفتابگردان، افزایش عملکرد در واحد سطح با کشت ژنوتیپ‌های پرمحصول خواهد بود. بنابراین به‌نژادگران آفتابگردان باید به دنبال اصلاح و تولید ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه بالا باشند. اگرچه عملکرد مهمترین معیار گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب است، ولی وراثت پیچیده و برهم‌کنش ژنوتیپ و محیط، کارایی آن را در برنامه‌های اصلاحی محدود ساخته است (۱۰). عملکرد دانه در آفتابگردان ناشی از اثرات تجمعی اجزای متشکله و برهم‌کنش آن‌ها می‌باشد. بنابراین ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های آفتابگردان باید بر مبنای مجموعه‌ای از صفات و اجزای عملکرد صورت گیرد.

زمین، قطر ساقه، طول برگ، عرض برگ، تعداد برگ، طول دمبرگ، روز تا غنچه‌دهی، روز تا گلدهی، روز تا پایان گلدهی، روز تا رسیدگی، طول دانه، عرض دانه، قطر طبق، تعداد دانه در طبق، وزن هزار دانه و عملکرد دانه مورد اندازه‌گیری قرار گرفتند.

تجزیه و تحلیل آماری

ابتدا آزمون نرمال بودن توزیع داده‌ها از طریق آزمون کولموگوروف-سیمروف (Kolmogorov-Smirnov) با استفاده از نرم‌افزار SPSS 19 (۲۱) مورد ارزیابی قرار گرفتند. سپس به منظور شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بر اساس همه صفات مورد مطالعه، از شاخص SIIG (۲۵،۲۷) استفاده شد. نحوه محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) به شرح ذیل می‌باشد:

تشکیل ماتریس داده‌ها

با توجه به تعداد ژنوتیپ‌ها و تعداد صفات مختلف مورد بررسی، ماتریس داده‌ها به صورت رابطه (۱) تشکیل می‌شود.

$$D = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & \dots & x_{1m} \\ x_{21} & x_{22} & & x_{2m} \\ \vdots & & \ddots & \vdots \\ x_{n1} & x_{n2} & \dots & x_{nm} \end{bmatrix} \quad (1)$$

در این ماتریس x_{ij} مقدار صفت i ام ($i = 1, 2, \dots, n$) در رابطه با ژنوتیپ j ام ($j = 1, 2, \dots, m$) است.

تبدیل ماتریس داده‌ها به یک ماتریس نرمال

از رابطه زیر برای نرمال کردن داده‌ها استفاده می‌شود:

$$R_{ij} = \frac{x_{ij}}{\sqrt{\sum_{i=1}^n x_{ij}^2}} \quad (2)$$

ماتریس R به صورت رابطه (۳) تعریف می‌شود:

$$R = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & \dots & r_{1m} \\ r_{21} & r_{22} & & r_{2m} \\ \vdots & & \ddots & \vdots \\ r_{n1} & r_{n2} & \dots & r_{nm} \end{bmatrix} \quad (3)$$

پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ ضعیف

در این مرحله برای هر صفت به‌طور جداگانه، بهترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ انتخاب می‌شود.

محاسبه فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ ضعیف

در این مرحله برای هر صفت، فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و فاصله از ژنوتیپ ضعیف به ترتیب از روابط (۴) و (۵) محاسبه می‌شوند:

$$d_i^+ = \sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^+)^2 \quad (4)$$

$i = 1, \dots, n$

$$d_i^- = \sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^-)^2 \quad (5)$$

$i = 1, \dots, n$

تغییرات کل داده‌ها و شناسایی صفات موثر بر عملکرد مورد استفاده قرار می‌گیرد. تشخیص صفات موثر بر عملکرد این اجازه را به بن‌نژادگر می‌دهد که بر صفات مشخصی که موجب تنوع شده است، تمرکز نماید. از روش تجزیه به عامل‌ها در گندم (۱۲)، کنجد (۱۷)، سویا (۹)، آفتابگردان (۱۱) و کلزا (۱) برای بررسی روابط بین صفات استفاده شده است.

ارزیابی تنوع ژنتیکی و بررسی روابط بین صفات بر مبنای صفات مورفولوژیک و زراعی می‌تواند برای سازمان‌دهی ژرم‌پلاسم و گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب سودمند باشد. با توجه به بررسی منابع تاکنون مطالعه‌ای در مورد بررسی تنوع ژنتیکی و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از لحاظ مجموعه‌ای از صفات در آفتابگردان با استفاده از روش شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) در ایران و دنیا انجام نشده است. بنابراین این تحقیق به منظور بررسی تنوع ژنتیکی و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر آفتابگردان بر اساس عملکرد و صفات زراعی و همچنین تعیین روابط بین صفات با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره (شاخص SIIG و تجزیه به عامل‌ها) انجام شد.

مواد و روش‌ها

این مطالعه در سال زراعی ۱۳۹۹ در ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان با عرض جغرافیایی ۳۶ درجه و ۵۴ دقیقه شمالی و طول جغرافیایی ۵۴ درجه و ۲۵ دقیقه شرقی و ارتفاع ۵ متر از سطح دریا انجام گرفت. در این مطالعه تعداد ۲۴ هیبرید جدید آفتابگردان به همراه رقم گلسا به‌عنوان شاهد که از موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج تهیه شده بودند (جدول ۱) در قالب طرح لاتیس ساده (۵×۵) با دو تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند. برای انجام عملیات خاک‌ورزی از گاوآهن برگرداندار سه خیش به‌همراه دو بار عملیات دیسک‌زنی برای از بین بردن کلوخه‌های سطحی خاک استفاده شد. کودهای مورد نیاز خاک، شامل نیتروژن (۱۵۰ کیلوگرم نیتروژن خالص در هکتار از منبع اوره)، پتاسیم (۱۰۰ کیلوگرم پتاس خالص در هکتار از منبع سولفات پتاسیم) و فسفر (۲۰۰ کیلوگرم فسفر خالص در هکتار از منبع فسفات آمونیوم) به خاک مزرعه اضافه گردید. تمام کود سولفات پتاسیم و فسفات آمونیوم و یک سوم کود ازته در زمان تهیه زمین و بقیه کود اوره طی دو نوبت یکی بعد از سبز شدن و دیگری در مرحله قبل از غنچه‌دهی پخش گردید. در زمان کشت با فاروئر جوی و پشته‌هایی به فاصله ۶۰ سانتیمتر از هم ایجاد گردید. در تاریخ ۳۱ اردیبهشت سال ۱۳۹۹ عملیات کاشت انجام شد. هر کرت شامل ۳ خط کشت به طول ۳ متر در نظر گرفته شد. کشت به صورت دستی و با قرار دادن ۳ عدد بذر در هر کپه و به فواصل ۲۵ سانتیمتر از هم انجام گردید. آبیاری به نحوی بود که یک روز بعد از کشت آبیاری انجام و آبیاری‌های بعدی با توجه به نیاز گیاه صورت گرفت. تنک کردن بوته‌ها بعد از سبز شدن و مبارزه با علف‌های هرز به صورت دستی در دو مرحله انجام گرفت.

در این آزمایش صفات مورفولوژیک، فنولوژیک و عملکرد و اجزای عملکرد شامل ارتفاع بوته، ارتفاع طبق از سطح

نظر صفات مورد بررسی در شرایط مطلوب نباشد (۲۵،۲۷). به‌طور خلاصه، ژنوتیپ ایده‌آل از مجموع مقادیر ایده‌آل هر یک از صفات به‌دست می‌آید، درحالی‌که ژنوتیپ ضعیف از مجموع مقادیر ضعیف هر یک از صفات حاصل می‌شود. به‌عنوان مثال در مورد عملکرد، حداکثر عملکرد یک ژنوتیپ، مقدار ایده‌آل و عملکرد پایین، به‌عنوان مقدار ضعیف در نظر گرفته می‌شود. همچنین در مورد ارتفاع بوته، مقدار ایده‌آل برابر کمترین مقدار ارتفاع بوته برای ژنوتیپ‌ها و مقدار ضعیف برابر با بیشترین مقدار ارتفاع بوته برای ژنوتیپ‌ها است.

در ادامه به‌منظور بررسی و درک روابط پیچیده بین صفات و شناسایی عوامل پنهانی از تجزیه به‌عوامل استفاده شد. برای استخراج عامل‌ها از روش مؤلفه‌های اصلی و برای دوران عامل‌ها از روش چرخش واریماکس استفاده گردید. برای تعیین تعداد عامل‌های مناسب، آن تعداد از عامل‌ها که دارای ریشه بزرگ‌تر از یک بودند انتخاب و برای ماتریس ضرایب عامل‌ها به کار رفتند. در هر عامل اصلی و مستقل ضرایب عاملی ۰/۵ به بالا صرف نظر از علامت آن‌ها معنی‌دار در نظر گرفته شدند.

برای انجام محاسبات از نرم‌افزارهای آماری SAS ver 9.1 (۱۸) و SPSS ver 19 (۲۱) استفاده شد.

در این روابط r_{ij} مقدار نرمال شده صفت نام $(i = 1, 2, \dots, n)$ در رابطه با ژنوتیپ نام $(j = 1, 2, \dots, m)$ است. r_j^+ و r_j^- به‌ترتیب مقدار نرمال شده ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ ضعیف برای هر صفت نام $(i = 1, 2, \dots, n)$ همچنین d_i^+ فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و d_i^- فاصله از ژنوتیپ ضعیف است.

محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل

در آخرین مرحله شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل از رابطه (۶) محاسبه می‌شود:

$$SIIG = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \quad i = 1, 2, \dots, m \quad (6)$$

مقدار SIIG بین صفر و یک تغییر می‌کند و هرچه گزینش مورد نظر به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر باشد، مقدار SIIG آن به یک نزدیک‌تر خواهد بود (۲۵،۲۷). به‌عبارت دیگر می‌توان از شاخص‌های منفی و مثبت به شکل ترکیبی در این روش استفاده کرد. براساس این روش، بهترین ژنوتیپ، نزدیک‌ترین ژنوتیپ به ژنوتیپ‌های ایده‌آل و دورترین از ژنوتیپ‌های ضعیف است. در اینجا منظور از ژنوتیپ ایده‌آل، ژنوتیپی فرضی است که از نظر صفات مورد بررسی در بهترین حالت باشد، درحالی‌که ژنوتیپ ضعیف، ژنوتیپی فرضی است که از

جدول ۱- شماره، نام و شجره ژنوتیپ‌های آفتابگردان مورد بررسی

Table 1. Code, name and pedigree of the tested sunflower genotypes.

شماره	نام/شجره	شماره	نام/شجره
G1	RGK15×AGK32	G14	RGK24×AGK2
G2	RGK15×AGK2	G15	R60×AF196
G3	RGK15×AGK222	G16	RO54×AO67
G4	RGK24×AGK58	G17	RO54×AO60
G5	RGK3×AGK110	G18	RO53×AO67
G6	RF81-65×AGK38	G19	RO53×AO35
G7	RF81-65×AGK110	G20	RO53×AO36
G8	RF81-65×AGK222	G21	RO53×AO42
G9	RF81-65×AGK370	G22	RGK15×AO67
G10	RGK60×AGK358	G23	RN1-73×AO42
G11	RGK131×AGK370	G24	RO54×AO36
G12	RN1-73×AGK110	G25	گل‌سا (شاهد)
G13	RN1-73×AF81-222		

نتایج و بحث

شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)

در این تحقیق به‌منظور انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها با استفاده از تمام صفات مورد بررسی، از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) استفاده شد. شاخص SIIG بر مبنای ۱۷ صفت (به جزء عملکرد دانه) شامل ارتفاع بوته، ارتفاع طبق از سطح زمین، قطر ساقه، طول برگ، عرض برگ، تعداد برگ، طول دم‌برگ، روز تا غنچه‌دهی، روز تا گلدهی، روز تا پایان گلدهی، روز تا رسیدگی، طول دانه، عرض دانه، قطر طبق، تعداد دانه در طبق و وزن هزار دانه محاسبه شد (جدول ۲). در محاسبه شاخص SIIG فرض بر این بود که ژنوتیپ‌هایی با بیشترین قطر ساقه، طول برگ، عرض برگ، تعداد برگ، طول دم‌برگ، طول دانه، عرض دانه، قطر طبق، تعداد دانه در طبق و وزن هزار دانه و کمترین مقدار ارتفاع بوته، ارتفاع طبق از

سطح زمین، روز تا غنچه‌دهی، روز تا گلدهی، روز تا پایان گلدهی و روز تا رسیدگی ایده‌آل می‌باشند. در واقع با استفاده از شاخص SIIG، صفات مذکور ادغام شده و به‌صورت یک شاخص واحد در آمده و در نتیجه می‌توان انتخاب ژنوتیپ‌های برتر را مطمئن‌تر و دقیق‌تر انجام داد. از آنجایی‌که میزان تغییرات شاخص SIIG بین صفر و یک تغییر می‌باشد، هرچه مقدار SIIG برای ژنوتیپی به یک نزدیک باشد آن ژنوتیپ از نظر بیشتر صفات مورد بررسی از وضعیت مطلوب‌تری برخوردار می‌باشد و هرچه مقدار SIIG برای ژنوتیپی به صفر نزدیک باشد، ژنوتیپ مورد بررسی از نظر بیشتر صفات از وضعیت مطلوبی برخوردار نیست. در واقع شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) یک مدل گزینش‌گر بوده و به‌منظور انتخاب ایده‌آل‌ترین ژنوتیپ‌ها (ها) از بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی به‌کار می‌رود و با استفاده از این شاخص محقق

پایین و همچنین عملکرد دانه کمتر از میانگین کل، به عنوان ژنوتیپ‌های ضعیف از نظر عملکرد دانه و سایر صفات زراعی شناسایی شدند (شکل ۱). در تحقیقی دیگر زالی و براتی (۲۴) از شاخص SIIG به منظور ادغام صفات زراعی در جو استفاده نمودند و بیان داشتند که شاخص SIIG یک روش ترکیبی جدید و کارا در انتخاب موثرتر ژنوتیپ‌های مطلوب می‌باشد. عبدالهی حصار و همکاران (۱) صفات زراعی مختلف کلزا را با استفاده از شاخص SIIG را ادغام نموده و گزارش کردند که شاخص SIIG با ادغام صفات مختلف، انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب را موثرتر انجام می‌دهد. زالی و همکاران (۲۵) نیز از شاخص SIIG به منظور ادغام روش‌های مختلف تجزیه پایداری کلزا استفاده کردند و بیان نمودند که شاخص SIIG روشی مناسب به منظور ادغام صفات مورفولوژیکی، فیزیولوژیکی و همچنین سایر روش‌های تجزیه پایداری می‌باشد. شاخص SIIG به منظور انتخاب ارقام و لاین‌های پایدار از نظر آماره‌های مختلف پایداری در گندم دوروم (۱۶) نیز مورد استفاده قرار گرفته است.

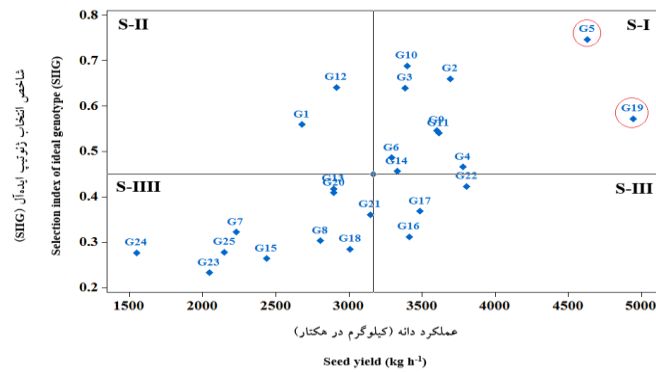
تصمیم نهایی را در انتخاب بهترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد مطالعه می‌گیرد (۲۵، ۲۷). بر اساس شاخص SIIG، ژنوتیپ‌های G1، G2، G3، G5، G10، G12، G19 و G20 با مقدار SIIG بیشتر (به ترتیب ۰/۷۴۷، ۰/۶۸۹، ۰/۶۶۰، ۰/۶۴۱، ۰/۶۴۰ و ۰/۵۷۲) جزء ژنوتیپ‌های برتر بودند (جدول ۲). از طرفی ژنوتیپ‌های G15، G23، G24، G25 و G18 با مقدار SIIG کمتر (به ترتیب ۰/۲۳۳، ۰/۲۶۴، ۰/۲۷۷، ۰/۲۷۸ و ۰/۲۸۵) جزء ژنوتیپ‌های ضعیف از نظر اکثریت صفات مورد بررسی بودند (جدول ۲).

به منظور انتخاب ژنوتیپ‌هایی که هم از نظر صفات زراعی و هم عملکرد دانه در وضعیت مطلوبی باشند، از نمودار دوبعدی (شکل ۱) استفاده شد. با توجه به نتایج نمودار دوبعدی، ژنوتیپ‌های G1، G2، G3، G5، G9، G10، G19 و G11 با داشتن مقدار SIIG بالا و همچنین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل، جزء ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و سایر صفات زراعی بودند. از طرفی دیگر ژنوتیپ‌های G18، G7، G8، G15، G23، G25 و G24

جدول ۲- شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل آفتابگردان بر مبنای همه صفات مورد مطالعه و فواصل از ژنوتیپ مطلوب (d+)، ژنوتیپ نامطلوب (d-) و عملکرد دانه

Table 2. Selection index of ideal sunflower genotype based on all studied traits and distance from ideal genotype (d+), non-ideal genotype (d-) and seed yield

نام ژنوتیپ	d+	d-	شاخص SIIG	عملکرد دانه
G1	۰/۲۲۴	۰/۲۸۵	۰/۵۵۹	۲۶۷۸
G2	۰/۱۸۴	۰/۳۵۷	۰/۶۶۰	۳۶۹۴
G3	۰/۱۸۶	۰/۳۳۲	۰/۶۴۰	۳۳۸۳
G4	۰/۲۶۸	۰/۲۳۵	۰/۴۶۶	۳۷۷۹
G5	۰/۱۳۰	۰/۳۸۲	۰/۷۴۷	۴۶۳۱
G6	۰/۲۴۶	۰/۲۳۳	۰/۴۸۶	۳۳۹۰
G7	۰/۳۴۲	۰/۱۶۳	۰/۳۲۲	۲۲۲۷
G8	۰/۳۵۲	۰/۱۵۳	۰/۳۰۳	۲۸۰۳
G9	۰/۲۲۱	۰/۲۶۶	۰/۵۴۶	۳۵۹۹
G10	۰/۱۶۵	۰/۳۶۵	۰/۶۸۹	۳۳۹۶
G11	۰/۲۲۴	۰/۲۶۳	۰/۵۴۰	۳۶۱۳
G12	۰/۱۸۷	۰/۳۳۳	۰/۶۴۱	۲۹۱۳
G13	۰/۲۸۲	۰/۲۰۳	۰/۴۱۸	۲۸۹۵
G14	۰/۲۶۶	۰/۲۲۲	۰/۴۵۶	۳۳۲۹
G15	۰/۳۶۱	۰/۱۳۰	۰/۲۶۴	۲۴۳۵
G16	۰/۳۶۶	۰/۱۶۶	۰/۳۱۲	۳۴۱۱
G17	۰/۳۵۵	۰/۱۹۵	۰/۳۶۸	۳۴۸۶
G18	۰/۳۷۱	۰/۱۴۸	۰/۲۸۵	۳۰۰۷
G19	۰/۲۲۴	۰/۲۹۹	۰/۵۷۲	۴۹۴۲
G20	۰/۲۸۴	۰/۱۹۶	۰/۴۰۹	۲۸۹۷
G21	۰/۳۲۰	۰/۱۸۱	۰/۳۶۱	۳۱۴۴
G22	۰/۲۸۹	۰/۲۱۲	۰/۴۲۳	۲۸۰۵
G23	۰/۳۷۰	۰/۱۱۳	۰/۲۳۳	۲۰۴۵
G24	۰/۳۵۵	۰/۱۳۶	۰/۲۷۷	۱۵۴۸
G25	۰/۳۴۰	۰/۱۳۱	۰/۲۷۸	۲۱۴۸
میانگین			۰/۴۵۰	۳۱۶۴



شکل ۱- نمودار دوبعدی پراکنش ۲۵ ژنوتیپ آفتابگردان بر اساس عملکرد دانه و روش SIIG
Figure 1. Two-dimensional graph of distribution of 25 sunflower genotypes based on seed yield and SIIG method

فنولوژیک (روز تا غنچه‌دهی، روز تا گلدهی، روز تا پایان گلدهی و روز تا رسیدگی) و صفات ارتفاع بوته و ارتفاع طبق از سطح زمین نشان می‌دهد که بوته‌های بلندتر طول دوره رویشی بیشتری داشته‌اند، که در توافق با گزارش ابوالقاسمی و همکاران (۲)، ضیائی فرد و درویش‌زاده (۲۹) و سینگ و چندر (۲۰) است. در پژوهش دیگری روی آفتابگردان گزارش شده است که ژنوتیپ‌هایی که طول دوره رویشی بیشتری دارند عمدتاً بلندتر از بقیه ژنوتیپ‌ها می‌شوند، چراکه طول شدن بوته‌ها تا زمان گلدهی ادامه می‌یابد (۸). عامل دوم که ۲۴/۹۴ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کند، دارای ضرایب بزرگ و مثبت برای صفات طول برگ، عرض برگ و طول دمبرگ می‌باشد که این عامل را می‌توان به‌عنوان عامل موثر بر فتوسنتز و ذخیره مواد غذایی مورد نیاز گیاه نام‌گذاری کرد (جدول ۳). عامل سوم که ۱۴/۹۰ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کند، دارای ضرایب بزرگ و مثبت برای صفات طول دانه، عرض دانه و وزن هزاردانه می‌باشد که این فاکتورها را می‌توان به‌عنوان عامل موثر بر عملکرد اقتصادی نامگذاری نمود.

تجزیه به عامل‌ها

در این مطالعه ۱۸ صفت اندازه‌گیری شده، برای تجزیه به عامل‌ها مورد استفاده قرار گرفتند. لازم به یادآوری است که مقادیر KMO بدست آمده و نیز معنی‌دار بودن آزمون اسفیریسیتی بارلت بیانگر کافی بودن مقادیر همبستگی متغیرهای اولیه برای انجام تجزیه به عامل‌ها و کفایت مدل تجزیه به عامل‌ها بود. در این تحقیق، پس از انجام تجزیه به عامل‌ها چهار عامل مشخص شد. این عامل‌ها مجموعاً توانستند ۷۷/۸۷ درصد از تنوع کل داده‌ها را توجیه نمایند (جدول ۳). سهم عامل‌های اول تا چهارم به‌ترتیب برابر ۳۱/۴۸، ۲۴/۹۴، ۱۴/۹۰ و ۶/۵۴ درصد برآورد گردید (جدول ۳). عامل اول که بیشترین میزان از تغییرات داده‌ها را توجیه نمود (۳۱/۴۸ درصد)، دارای ضرایب بزرگ و مثبت برای صفات ارتفاع بوته، ارتفاع طبق از سطح زمین، تعداد برگ، روز تا غنچه‌دهی، روز تا گلدهی، روز تا پایان گلدهی و روز تا رسیدگی می‌باشد که این عامل را می‌توان به‌عنوان عامل موثر بر ارتفاع بوته و خصوصیات رسیدگی نامگذاری کرد. انتخاب بر اساس این عامل منجر به انتخاب ژنوتیپ‌هایی با ارتفاع بلند و طول دوره رسیدگی بیشتر می‌شود. ارتباط مثبت بین صفات

جدول ۳- ضرایب عاملی در تجزیه به عامل‌ها به روش مؤلفه‌های اصلی و دوران واریماکس

Table 3. Factor coefficients in factor analysis using principal components and varimax rotation				صفات
عامل چهارم	عامل سوم	عامل دوم	عامل اول	
-۰/۰۵	۰/۰۴	-۰/۰۶	-۰/۸۲	ارتفاع بوته
-۰/۱۵	-۰/۲۵	-۰/۳۸	-۰/۷۳	ارتفاع طبق از سطح زمین
۰/۵۰	-۰/۲۱	۰/۴۳	-۰/۴۶	قطر ساقه
-۰/۱۷	-۰/۱۲	۰/۹۲	-۰/۰۳	طول برگ
۰/۲۱	-۰/۱۱	-۰/۹۳	-۰/۰۴	عرض برگ
۰/۰۲	۰/۰۲	-۰/۴۹	-۰/۵۲	تعداد برگ
-۰/۱۳	-۰/۱۲	۰/۹۶	-۰/۱۰	طول دمبرگ
۰/۰۹	-۰/۳۲	-۰/۰۶	-۰/۸۷	روز تا غنچه‌دهی
۰/۰۰	-۰/۱۰	۰/۰۹	-۰/۹۴	روز تا گلدهی
-۰/۱۹	-۰/۱۴	-۰/۲۸	-۰/۸۹	روز تا پایان گلدهی
-۰/۰۲	-۰/۱۵	۰/۲۳	-۰/۹۰	روز تا رسیدگی
-۰/۱۷	۰/۸۷	-۰/۰۹	-۰/۱۸	طول دانه
۰/۲۷	۰/۷۹	-۰/۰۶	-۰/۰۵	عرض دانه
۰/۶۰	۰/۳۷	۰/۵۴	-۰/۱۴	قطر طبق
-۰/۷۸	-۰/۲۷	-۰/۱۷	-۰/۲۰	تعداد دانه در طبق
-۰/۵۳	۰/۵۹	-۰/۱۵	-۰/۲۰	وزن هزاردانه
۰/۸۹	۰/۲۶	-۰/۱۸	-۰/۰۴	عملکرد دانه
۱/۱۸	۲/۶۸	۴/۴۹	۵/۶۷	مقادیر ویژه
۶/۵۴	۱۴/۹۰	۲۴/۹۴	۳۱/۴۸	واریانس (درصد)
۷۷/۸۷	۷۱/۳۳	۵۶/۴۲	۳۱/۴۸	واریانس تجمعی (درصد)

طرفی عملکرد دانه، صفت کمی پیچیده‌ای است که توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شود. از آنجایی که این صفت به‌شدت تحت تأثیر محیط قرار می‌گیرد، لذا از وراثت‌پذیری پایینی برخوردار است. با توجه به وراثت‌پذیری پایین عملکرد دانه می‌توان از صفاتی که رابطه بالایی با آن دارند، در انتخاب بهتر ژنوتیپ‌های مطلوب بهره برد. عملکرد دانه از اثر تجمعی اجزای متشکله آن می‌باشد. شناسایی این اجزا و رابطه آن‌ها با عملکرد دانه در گزینش ژنوتیپ‌های با عملکرد مناسب حائز اهمیت است. نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان‌دهنده ارتباط مثبت قطر ساقه، قطر طبق و تعداد دانه در طبق با عملکرد دانه بود. بنابراین انتخاب ژنوتیپ‌های با مقادیر بالای این صفات منجر به انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا می‌شود و صفات مذکور به‌عنوان صفات مناسب جهت گزینش ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه بالا در آفتابگردان به‌شمار می‌روند. در توافق با پژوهش حاضر سایر محققان نیز ارتباط مثبتی را بین صفات قطر ساقه، قطر طبق و تعداد دانه در طبق با عملکرد دانه گزارش کرده‌اند و آن‌ها گزینش غیرمستقیم برای عملکرد دانه را از طریق صفات قطر ساقه، قطر طبق و تعداد دانه در طبق را موثر دانسته‌اند (۲۳، ۵، ۷، ۱۳).

نتیجه‌گیری کلی

در این مطالعه به‌منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و سایر صفات زراعی در آفتابگردان از روش شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) استفاده شد. نتایج نشان‌داد که این روش ابزار فوق‌العاده قوی برای انتخاب ژنوتیپ‌های مختلف آفتابگردان از لحاظ همه صفات زراعی بود. بر اساس شاخص SIIG، ژنوتیپ‌های G5، G19، G2، G10، G3، G9 و G11 با داشتن مقدار SIIG بالا و همچنین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل، جزء ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و سایر صفات زراعی بودند و می‌توان از آن‌ها برای انجام آزمایشات بیشتر از جمله آزمایشات سازگاری در مناطق گرم مرطوب استفاده نمود. علاوه بر شاخص SIIG، تجزیه به عامل‌ها در دسته‌بندی صفات و شناسایی صفات موثر بر عملکرد ژنوتیپ‌های مورد بررسی موفقیت‌آمیز عمل کرد. صفات قطر ساقه، قطر طبق و تعداد دانه در طبق از جمله صفات مهم و تاثیرگذار بر عملکرد دانه آفتابگردان شناخته شدند و می‌توان با گزینش و اصلاح برای این صفات، عملکرد دانه را به نحو مطلوبی افزایش داد.

عامل چهارم که ۶/۵۴ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه نمود، دارای ضرایب بزرگ و مثبت برای صفات قطر ساقه، قطر طبق، تعداد دانه در طبق و عملکرد دانه می‌باشد (جدول ۳)، که این فاکتورها را می‌توان عوامل موثر بر عملکرد دانه نامگذاری نمود، این ضرایب نشانگر آن است که ژنوتیپ‌های برخوردار از مقادیر بالای عامل چهارم، دارای عملکرد بیشتری هستند. انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس افزایش عامل اول می‌تواند منجر به افزایش عملکرد در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه گردد. ارتباط مثبت قطر ساقه با عملکرد دانه نشان‌گر آن است که با افزایش قطر ساقه، عملکرد دانه افزایش داشته می‌یابد. با توجه به آن که قطر ساقه اندام ذخیره‌کننده مواد موردنیاز آفتابگردان می‌باشد، هر چه قدر قطر ساقه بیشتر باشد مواد غذایی کافی از طریق ساقه به اندام‌های هوایی و دانه رسیده و موجب خواهد شد که تعداد دانه‌های پر افزایش یابد (۲۸)، بنابراین ارتباط مثبت این صفت با عملکرد دانه، دور از انتظار نیست و این نشان می‌دهد که برای داشتن عملکرد دانه بالا، به گیاهانی تنومند و با قدرت رویشی مناسب، احتیاج است. ارتباط مثبتی بین قطر طبق و عملکرد دانه نیز مشاهده شد (جدول ۳). قطر طبق از عوامل موثر بر عملکرد دانه در آفتابگردان محسوب می‌شود. افزایش قطر طبق می‌تواند منجر به افزایش تعداد دانه‌های تشکیل شده در طبق و در نتیجه افزایش عملکرد گردد. بارایا و همکاران (۶) در آزمایش خود همبستگی مثبتی را بین قطر طبق با تعداد دانه در طبق و عملکرد دانه مشاهده کردند که موافق با نتایج پژوهش حاضر بود. سینسیک و گونسوک (۱۹) نیز همبستگی مثبت و بسیار قوی را بین قطر طبق و عملکرد دانه گزارش دادند و بیان کردند که در گزینش ژنوتیپ‌های آفتابگردان می‌توان گزینش را بر مبنای صفت قطر طبق انجام داد. همچنین نتایج نشان داد که بین عملکرد دانه و تعداد دانه در طبق ارتباط مثبتی وجود داشت (جدول ۳). صفت تعداد دانه در طبق از اجزای عملکرد آفتابگردان محسوب می‌شود و توارث‌پذیری نسبتاً بالایی دارد، بنابراین گزینش بر اساس این صفت ممکن است راه مطمئن و سریعی برای غربال کردن جوامع گیاهی و بهبود عملکرد باشد. مقدسی و همکاران (۱۴) نیز گزارش کردند که تعداد دانه در طبق از اجزای اصلی عملکرد دانه آفتابگردان به‌شمار می‌رود.

گزینش ژنوتیپ‌های اصلاح شده با عملکرد دانه بالا نقش مؤثری در توسعه کشت و افزایش تولید آفتابگردان دارد. از

منابع

1. Abdollahi Hesar, A., O. Sofalian, B. Alizadeh, A. Asghari and M. Zali. 2020. Evaluation of some autumn rapeseed genotypes based on morphological traits and SIIG index. *Journal of Crop Breeding*, 12: 151-159 (In Persian).
2. Abolghasemi, Z., R. Darvishzadeh, H. Kazemi, S. Besharat and M. Bayat. 2015. Genetic diversity of oily sunflower lines and sequential path analysis based on seed yield and agronomic characters. *Modares Journal of Biotechnology*, 6: 30-40 (In Persian).
3. Ahmadpour, S., R. Darvishzadeh, O. Sofalian and H. Hatamzadeh. 2019. Evaluation of yield stability of sunflower inbred lines under salt stress conditions. *Journal of Crop Breeding*, 11: 1-10 (In Persian).
4. Ansarifard, I., K. Mostafavi, M.R. Khosroshahli, M. Bihanta and H. Ramshini. 2020. A study on genotype-environment interaction based on GGE biplot graphical method in sunflower genotypes (*Helianthus annuus* L.). *Food Science & Nutrition*, 20: 1-8.
5. Arshad, M., M.A. Khan, S. Jadoon and A.S. Mohmand. 2010. Factor analysis in sunflower (*Helianthus annuus* L.) to investigate desirable hybrids. *Pakistan Journal of Botany*, 42: 4393-4402.

6. Baraiya, V.K., P. Jagtap, J. Sangani and A. Malviya. 2018. Correlation and path analysis in sunflower (*Helianthus annuus* L.). Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry, 7: 2730-2732.
7. Behradfar, A., A.H. Gorttapeh, M.R. Zardashty and F. Talat. 2009. Evaluation correlated traits for seed and oil yield in sunflower (*Helianthus annuus* L.) through path analysis in under condition relay cropping. Research Journal of Biological Sciences, 4: 82-85.
8. Bert, P.F., I. Jouan, D.T. De Labrouhe, F. Serre, J. Philippon, P. Nicolas and F. Vear. 2003. Comparative genetic analysis of quantitative traits in sunflower (*Helianthus annuus* L.). 2. Characterisation of QTL involved in developmental and agronomic traits. Theoretical and Applied Genetics, 107: 181-189.
9. Ghanbari, S., A. Nooshkam, B.A. Fakheri and N. Mahdinezhad. 2019. Relationship between yield and its component in soybean genotypes (*Glycine Max* L.) using multivariate statistical methods. Journal of Crop Breeding, 11: 85-92 (In Persian).
10. Gholizadeh, A. and H. Deghani. 2016. Graphic analysis of trait relations of Iranian bread wheat germplasm under non-saline and saline conditions using the biplot method. Genetika, 48: 473-486.
11. Kanwal, N., F. Ali, Q. Ali and H.A. Sadaqat. 2019. Phenotypic tendency of achene yield and oil contents in sunflower hybrids. Acta Agriculturae Scandinavica, Section B-Soil & Plant Science, 69: 690-705.
12. Leilah, A. and S. Al-Khateeb. 2005. Statistical analysis of wheat yield under drought conditions. Journal of Arid Environments, 61: 483-496.
13. Machikowa, T. and C. Saetang. 2008. Correlation and path coefficient analysis on seed yield in sunflower. Suranaree Journal of Science and Technology, 15: 243-248.
14. Moghadasi, M., H. Mazaherilaghab and M. Kakaei. 2014. Evaluation of oil genotypes of sunflower (*Helianthus annuus*) based on different traits and their relationships. Seed and Plant Journal, 30: 585-604 (In Persian).
15. Najafi Mirak, T., M. Dastfal, B. Andarzian, H. Farzadi, M. Bahari and H. Zali. 2018a. Assessment of non-parametric methods in selection of stable genotypes of durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. durum). Iranian Journal of Crop Sciences, 20: 126-138 (In Persian).
16. Najafi Mirak, T., M. Dastfal, B. Andarzian, H. Farzadi, M. Bahari and H. Zali. 2018b. Stability analysis of grain yield of durum wheat promising lines in warm and dry areas using parametric and non-parametric methods. Isfahan University of Technology-Journal of Crop Production and Processing, 8: 79-96 (In Persian).
17. Ramazani, S.H.R. 2016. Surveying the relations among traits affecting seed yield in sesame (*Sesamum indicum* L.). Journal of Crop Science and Biotechnology, 19: 303-309.
18. SAS, Inc. 2011. Base SAS 9.1 procedures guide. SAS Institute Inc, Cary.
19. Sincik, M. and A.T. Goksoy. 2014. Investigation of correlation between traits and path analysis of confectionary sunflower genotypes. Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca, 42: 227-231.
20. Singh, V.K. and S. Chander. 2018. Correlation analysis for seed yield and its component traits in sunflower. Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry, 7: 2299-2301.
21. SPSS, Inc. 2010. SPSS 20. Cary, NC: SPSS Institute Inc. Chicago, USA.
22. Tahmasebi, S., M. Dastfal, H. Zali and M. Rajaie. 2018. Drought tolerance evaluation of bread wheat cultivars and promising lines in warm and dry climate of the south. Cereal Research, 8: 209-225 (In Persian).
23. Zabet, M., A.P.P. Breeding, A.R. Samadzadeh and A. Shorvarzi. 2016. Selection of the most effective traits on yield of sunflower under normal irrigation and drought stress conditions in Birjand region. Environmental Stresses in Crop Sciences, 8: 217-231 (In Persian).
24. Zali, H. and A. Barati. 2020. Evaluation of selection index of ideal genotype (SIIG) in other to selection of barley promising lines with high yield and desirable agronomy traits. Journal of Crop Breeding, 12: 93-104 (In Persian).
25. Zali, H., T. Hasanloo, O. Sofalian, A. Asghari and M. Zeinalabedini. 2016. Appropriate strategies for selection of drought tolerant genotypes in canola. Journal of Crop Breeding, 8(20): 77-90 (In Persian).
26. Zali, H., T. Hasanloo, O. Sofalian, A. Asghari and M. Enayati Shariatpanahi. 2019. Identifying drought tolerant canola genotypes using selection index of ideal genotype. Journal of Crop Breeding, 11: 117-126 (In Persian).
27. Zali, H., O. Sofalian, T. Hasanloo, A. Asghari and S.M. Hoseini. 2015. Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method. Biological Forum-An International Journal, 7(2): 703-711.
28. Zeinalzadeh-Tabrizi, H. and M. Ghaffari. 2002. Regression and path analysis of oil and seed yield in sunflower single cross hybrids (*Helianthus annuus* L.). Journal of Research in Crop Sciences, 2(6): 41-54 (In Persian).
29. Ziaiefard, R. and R. Darvishzadeh. 2016. Association mapping and sequential path model for studying interrelationships among yield and related characters in confectionary sunflower (*Helianthus annuus* L.). Journal of Crop Breeding, 8: 162-153 (In Persian).

Use of Selection Index of Ideal Genotype (SIIG) in Order to Select New High Yielding Sunflower Hybrids with Desirable Agronomic Characteristics

Amir Gholizadeh¹, Mehdi Ghaffari² and Farnaz Shariati²

1- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran (Corresponding author: a.gholizadeh@areeo.ac.ir)

2- Associate Professor, Oil Crops Research Department, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.

3- Assistant Professor, Oil Crops Research Department, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

Received: February 3, 2021

Accepted: June 5, 2021

Abstract

Production of high yielding hybrid cultivars is the main objectives of breeding programs in sunflower. Therefore, the selection of high yielding hybrids is essential in this plant. In this regard, 24 new sunflower hybrids and Golsa cultivar were evaluated in a simple lattice design with two replications in the Gorgan Agricultural Research Station during 2020 cropping season. In this study, the selection index of ideal genotype (SIIG) and factor analysis was used to select new sunflower hybrids and finding interrelationships among them. Based on the SIIG index, the genotypes G5, G10, G2, G12, G3 and G19 with the highest SIIG values (0.747, 0.689, 0.660, 0.641, 0.640 and 0.572, respectively) were the best genotypes. On the other hand, G23, G15, G24, G25 and G18 genotypes with the least amount of SIIG value (0.233, 0.264, 0.277, 0.278 and 0.285, respectively) were the weakest genotypes for most studied traits. The genotypes of G5, G19, G2, G10, G3, G9 and G11 with high SIIG value and higher seed yield that total average were recognized as superior genotypes from the point of yield and other agronomic traits. Therefore, these genotypes can be used for further testing, including adaptation tests in warm wet areas. Also, the results of factor analysis indicated a positive relationship between stem diameters, head diameter and seed number per head with seed yield. Generally, it can be concluded that traits of stem diameter, head diameter and seed number per head could be used as suitable criteria in selecting for increased seed yield in sunflower breeding programs.

Keywords: Factor analysis, Seed yield, Selection index of ideal genotype (SIIG), Sunflower



"مقاله پژوهشی"

غربال ژنوتیپ‌های سویا در مرحله گیاهچه تحت تنش شوری

بهرام مسعودی^۱

۱- استادیار موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران (نویسنده مسوول: bmasoudi@gmail.com)
تاریخ دریافت: ۹۹/۱۱/۱۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۱/۲۷ صفحه: ۱۲۴ تا ۱۲۷

چکیده

به منظور درک واکنش ژنوتیپ‌های سویا به تنش شوری، ۳۰ ژنوتیپ سویا در قالب دو طرح مجزا برای تیمار نرمال (شاهد، شوری صفر) و تیمار شوری (۱۵۰ میلی مولار کلرید سدیم) در محیط کشت هیدروپونیک حاوی محلول غذایی هوکلند در گلخانه با سه تکرار ارزیابی شدند. صفات مورد بررسی در این تحقیق عبارت بودند از سطح برگ، ارتفاع اندام هوایی و طول ریشه، وزن تر و خشک اندام هوایی و ریشه، میزان کلروفیل (SPAD value)، شاخص صدمه شوری (Salt injury index)، میزان سدیم و پتاسیم در اندام هوایی و ریشه، نسبت پتاسیم به سدیم اندام هوایی و ریشه و نسبت جابجایی سدیم و پتاسیم از ریشه به اندام هوایی، تجزیه واریانس ساده صفات و همچنین تجزیه مرکب داده‌های صفات ژنوتیپ‌ها نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر کلیه صفات مورد بررسی در مرحله گیاهچه اختلاف معنی‌داری با یکدیگر داشتند، همچنین اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط برای اکثر صفات معنی‌دار بود که نشان‌دهنده واکنش متفاوت ژنوتیپ‌ها به افزایش شوری بود. بجز صفات شاخص صدمه شوری، میزان سدیم و پتاسیم در اندام هوایی، میزان سدیم در ریشه، میزان جابجایی سدیم و پتاسیم از ریشه به اندام هوایی برای سایر صفات مورد بررسی در شرایط تنش مقادیر اندازه‌گیری شده صفات نسبت به شرایط نرمال کاهش نشان دادند. بر اساس نتایج حاصل از بررسی پارامترهای آماری در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی بیشترین مقدار ضریب تنوع فنوتیپی مربوط به سطح برگ در شرایط تنش (۵۵/۳)، وزن تر ریشه در شرایط تنش (۴۵/۲۸)، وزن خشک ریشه در شرایط تنش (۴۲/۲۶) و شاخص صدمه شوری در شرایط تنش (۳۷/۹۹) بودند. کمترین ضریب تنوع فنوتیپی مربوط به طول ریشه در شرایط نرمال (۱۱/۷) و محتوای کلروفیل در شرایط نرمال (۱۳/۳) بودند. بررسی پایداری ژنوتیپ‌های مورد بررسی نشان داد که ژنوتیپ‌هایی مانند Lee, Vernal, SG13, Will, Winchستر, Douglas, LYON, Century 84, Strong, L.87-0174 و Crawford از جمله ژنوتیپ‌هایی هستند که از آنها می‌توان به عنوان والدین در بلوک‌های دورگ‌گیری به منظور بهبود تحمل به شوری ارقام جدید استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی: تجزیه بای پلات، تنش شوری، سویا، میزان سدیم و پتاسیم، هیدروپونیک

مقدمه

شوری یکی از مهم‌ترین تنش‌های غیر زنده است که رشد و عملکرد گیاهان را محدود می‌کند و همچنین یکی از عوامل تهدید کننده کشاورزی پایدار می‌باشد. تخمین زده می‌شود که حدود ۲۰٪ از اراضی آبی دنیا در معرض شوری است (۵۱). از مهم‌ترین مشکلات کشاورزی در ایران، شوری اراضی است. مشکل شوری خاک به خاطر زیاد بودن تبخیر از سطح خاک، بارندگی کم، پستی و بلندی زمین، کیفیت نامناسب آب آبیاری و سنگ‌های مادری بوجود می‌آید. مساحت خاک‌های شور در ایران بیش از ۲۵ میلیون هکتار است. در استان‌های مازندران و گلستان که بخش عمده کشت سویا در کشور در این دو استان متمرکز می‌باشد، بسیاری از اراضی بخصوص اراضی نزدیک به ساحل، شور یا در حال قلیائی شدن هستند و تخمین زده می‌شود که حدود ۲۵ درصد اراضی استان گلستان را اراضی شور یا قلیائی تشکیل می‌دهند. استفاده از ارقام متحمل به شوری یک راهکار موثر برای کاهش خسارت عملکرد در مناطقی است که شوری مسئله‌ساز است و در حال حاضر اصلاح نباتات مهم‌ترین استراتژی برای بهبود تحمل به شوری در گیاهان می‌باشد. هر چند که بهره‌وری اصلاح نباتات کلاسیک به خاطر طولانی بودن چرخه‌های اصلاحی، نامناسب بودن متدهای دورگ‌گیری و پیوستگی شدید

مکان‌های ژنی کنترل‌کننده تحمل به تنش‌های غیر زنده با صفات نامطلوب، پایین می‌باشد (۴۸).

گیاه سویا در مقایسه با دیگر بقولات بعنوان گیاهی حساس به چندین تنش غیر زنده بشمار می‌آید. با توجه به تحمل کم سویا به شوری، افزایش شوری خاک باعث افت عملکرد (۸۰-۳۰ درصد) و در صورت گسترش اراضی شور باعث کاهش سطح زیر کشت سویا در این مناطق خواهد شد (۴۵). به همین دلیل شناسایی ارقام متحمل به شوری یک ضرورت تحقیقاتی به شمار می‌رود. غربال ژنوتیپ‌های متحمل به شوری در شرایط مزرعه‌ای واقعاً سخت می‌باشد. گذشته از این تفاوت‌های بزرگی می‌تواند در سطوح شوری در سطح مزرعه حتی در چندمتری یکدیگر و حتی در یک سطح در تاریخ‌های مختلف مشاهده شود (۳۷). همچنین حفظ دقیق سطوح شوری در محیط خاک در تیمارهای مختلف در آزمایشات مشکل می‌باشد. این در حالی است که در شرایط هیدروپونیک دستیابی به غلظت دقیق نمک در تیمار مورد نظر بسیار آسان می‌باشد و این مزیت، کشت هیدروپونیک را بهترین گزینه برای ارزیابی شوری ساخته است (۳۰). اثرات شوری بسته به مرحله رشدی که گیاه در آن است و میزان سطوح شوری در گیاهان مختلف متفاوت است (۲). مرحله گیاهچه‌ای در سویا به عنوان حساس‌ترین مرحله به تنش شوری نسبت به مرحله

خان و همکاران (۲۶) تحمل به تنش شوری را در ۴۱ ژنوتیپ سویا تحت سه سطح (نرمال، ۱۰۰ و ۱۵۰ میلی مولار کلرید سدیم) مورد ارزیابی قرار دادند. سطح برگ بیشترین تاثیر را تحت تنش شوری نشان داد، در حالی که ارتفاع گیاه، حجم ریشه و میزان کلروفیل کمترین تاثیر را از خود نشان دادند. همچنین وزن خشک اندام هوایی در مقایسه با ریشه حساسیت بیشتری نشان داد.

قاسمی گلعدانی و همکاران (۱۶) شاخص محتوای کلروفیل، محتوای پروتئین و عملکرد دانه را در سه رقم زراعی سویا تحت ۴ سطح شوری (صفر، ۳، ۶ و ۹ دسی زیمنس کلرید سدیم) در شرایط گلخانه‌ای مورد ارزیابی قرار دادند. در آزمایش آنها شاخص محتوای کلروفیل و عملکرد با افزایش شوری، کاهش یافت.

پوروانین گراهایو و همکاران (۳۸) یازده ژنوتیپ سویا را تحت چهار سطح شوری (۰/۵، ۵/۸، ۸/۴ و ۱۲/۲ دسی زیمنس) مورد ارزیابی قرار دادند و صفات مختلف از جمله کاهش عملکرد، شاخص حساسیت به تنش و سوختگی سطح برگ مورد ارزیابی قرار گرفت. ایشان نتیجه گرفتند که با افزایش شوری میزان سوختگی برگ، افزایش و عملکرد، کاهش می‌یابد.

عینی و همکاران (۳) طی آزمایشات شوری در گلخانه نتیجه گیری نمودند که میزان یون‌های سدیم و پتاسیم تحت شرایط تنش در برگ‌های سویا بیشتر از ریشه بود و در اکثر ژنوتیپ‌ها با افزایش شوری میزان این یون‌ها در ریشه و برگ‌ها افزایش یافت.

سیدهیکی و همکاران (۴۵) با بررسی ۱۱ ژنوتیپ سویا در شرایط تنش شوری نتیجه گرفتند که با افزایش غلظت شوری ارتفاع اندام هوایی، طول ریشه، تعداد برگ، وزن تر و خشک کاهش می‌یابد. ژنوتیپ JS-355 بهترین عملکرد را در شرایط تنش شوری به خود اختصاص داد.

تا کنون بررسی‌های زیادی در زمینه تحمل گیاهان زراعی به شوری در کشور انجام شده است. اما تحقیق خاصی در زمینه شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل به شوری در سویا با استفاده از روش هیدروپونیک صورت نگرفته است. از طرف دیگر مکانیسم‌های تحمل به تنش‌های غیرزنده در گیاهان زراعی تا حدودی مشابه یکدیگر عمل می‌کنند. بطور مثال تحمل به تنش شوری در برخی موارد، تحمل به تنش خشکی را نیز به همراه دارد. از این جهت نتایج این بررسی حائز اهمیت خواهد بود. هدف اصلی از این تحقیق شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل به شوری جهت استفاده در پروژه‌های به‌نژادی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

تعداد ۳۰ ژنوتیپ از کلکسیون بخش دانه‌های روغنی به همراه بعضی از ارقام تجاری در این طرح مورد ارزیابی قرار گرفتند. تعداد ۵۰ بذر از هر ژنوتیپ با هیپوکلریت سدیم ۱۰٪ به مدت ۱ دقیقه ضدعفونی شده و با آب مقطر سه بار شستشو داده شدند و به مدت یک شبانه روز در پتری دیش‌های مخصوص حاوی آب مقطر خیس‌انده و سپس بر روی کاغذ

جوانه‌زنی (۲۰) و گیاه کامل (۷) شناخته شده است. محققین زیادی همبستگی‌های بالایی بین میزان رشد در مراحل اولیه با عملکرد گزارش کرده‌اند. همبستگی بالایی در شرایط شوری بین مرحله جوانه‌زنی و عملکرد بیولوژیک مشاهده شده و واکنش گیاهچه به شوری به میزان بالایی می‌تواند واکنش گیاه کامل را به شوری پیشینی کند (۵).

آستانه تحمل سویا به شوری حدود ۵ دسی زیمنس بوده و در شوری ۷/۵ دسی زیمنس نصف پتانسیل عملکرد خودش را دارد اما تنوع ژنتیکی برای تحمل به شوری در ژرم پلاسما سویا وجود دارد (۸). واکنش سویا به تنش شوری به ژنوتیپ و شرایط محیطی وابسته می‌باشد (۱۵). تنش شوری اثرات مختلفی روی واکنش‌های فیزیولوژیکی و متابولیسمی گیاه هم در سطح کل گیاه و هم در سطح سلولی دارد که از آن جمله می‌توان به سمیت یون‌ها، تغییر در رشد گیاه، توزیع مواد معدنی، تنش اسمزی، عدم تعادل عناصر، و تنش اکسیداتیو اشاره نمود (۲۷) همچنین اثرات منفی دیگری روی فتوسنتز، ساخت پروتئین و متابولیسم اسیدهای نوکلئیک دارد (۳۳). استرس شوری باعث کاهش معنی‌دار فتوسنتز شده و میزان هدر رفت انرژی را به واسطه مکانیسم خروج نمک افزایش داده و در نتیجه باعث کاهش جذب عناصر و در نتیجه افت رشد می‌گردد (۴۵).

تحمل به شوری می‌تواند توسط اندازه‌گیری عملکرد، محتوای کلروفیل برگ، وزن خشک ریشه، کانوپی، سطح برگ، تعداد برگ‌های سبز و تعداد برگ‌های پیر شده بررسی گردد (۲۱). بطور معمول صفات زراعی ژنوتیپ‌های متحمل نمود بهتری نسبت به ژنوتیپ‌های حساس دارند. پارامتر دیگری که می‌تواند استفاده شود میزان کلروز برگ، تجمع یون کلر و سدیم در برگ‌ها و ریشه‌ها، سطوح یون‌های سدیم و پتاسیم در بذرها و همچنین جوانه‌زنی و رشد گیاهچه سویا می‌باشد (۴۷، ۱۲). نتایج نشان داده است که با افزایش شوری میزان محتوای کلروفیل در برگ‌های سویا کاهش می‌یابد (۱۴).

چو و همکاران (۹) سه رقم زراعی سویا را از نظر شوری تحت شرایط گلخانه مورد ارزیابی قرار دادند و صفات محتوای پروتئین و یون‌های سدیم، پتاسیم، کلسیم، قند و نشاسته را در ساقه، ریشه و برگ ۳۰ روز بعد از اعمال تیمار شوری ۱۰۰ میلی مولار کلرید سدیم ارزیابی نمودند. بیشترین مقدار کاهش وزن در بین اندام‌های مختلف، مربوط به ریشه بود. با افزایش کلرید سدیم، مقدار یون سدیم مخصوصاً در ریشه و شاخه‌ها افزایش یافت ولی میزان یون پتاسیم و کلسیم در ریشه و شاخه‌ها کاهش نشان داد. اما میزان یون پتاسیم در برگ افزایش یافت.

همویه و زو (۱۷) در شرایط هیدروپونیک ۲۲۵ لاین F2 سویا را در آزمایشی با دو سطح شوری نرمال و ۱۲۰ میلی مولار مورد ارزیابی قرار دادند و صفات شاخص صدمه شوری، محتوای کلروفیل را ۲۰ روز پس از شروع تیمار شوری ارزیابی نمودند. نتایج آنها نشان داد که لاین‌های متحمل به شوری شاخص صدمه شوری پایین‌تر و محتوای کلروفیل بالاتری نسبت به لاین‌های حساس داشتند.

توسط چندین پمپ هوا به صورت شبانه روزی و مستمر انجام شد (یک عدد سنگ هوا داخل هر یک از جعبه‌های کشت). محلول غذایی مورد استفاده نیز طبق دستور هوگلند و آرنون (۱۹) تهیه گردید. طرح مورد استفاده در این مرحله شامل دو طرح مجزا برای تیمار نرمال (شاهد، شوری صفر) و تیمار شوری (۱۵۰ میلی مولار کلرید سدیم)

صافی واتمن با پنس منتقل تا جوانه‌دار گردند. دو روز پس از جوانه‌زنی بذور عملیات انتقال آنها به محیط کشت هیدروپونیک حاوی محلول غذایی هوگلند صورت پذیرفت. بدین منظور از صفحات کاشت یونولیتی سوراخدار به ضخامت ۲ سانتی‌متر و هم سایز جعبه‌های کشت ۲۵ لیتری که کف آنها توری چسبانده شده بود استفاده گردید. کار هوادهی



شکل ۱- نمایی از پروژه اجرا شده
Figure 1. View of the executed project

مدت ۴ ساعت در دمای ۹۰ درجه سانتی‌گراد تیمار و جهت اندازه‌گیری میزان سدیم و پتاسیم از دستگاه فلیم فتومتر (۴۱۰, Corning M410, U.K) استفاده شد. برای محاسبه نسبت جابجایی سدیم از ریشه به اندام هوایی از معادله ۱: میزان سدیم ریشه / میزان سدیم اندام هوایی = معادله ۱ و همچنین برای محاسبه نسبت جابجایی پتاسیم از ریشه به اندام هوایی از معادله ۲: میزان پتاسیم ریشه / میزان پتاسیم اندام هوایی = معادله ۲ استفاده شد. پس از تجزیه واریانس ساده و تجزیه واریانس مرکب داده‌ها با استفاده از نرم افزار SAS نسخه ۹/۱، مقادیر پارامترهای آماری صفات با استفاده از نرم افزار SPSS نسخه ۱۵ محاسبه شد، تجزیه بای‌پلات به منظور شناسایی متحمل‌ترین ژنوتیپ‌ها با استفاده از نرم‌افزار Genestat نسخه ۱۲ انجام گردید.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس ساده صفات در هر محیط و همچنین تجزیه مرکب داده‌های صفات ژنوتیپ‌ها در کشت گلخانه‌ای نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر کلیه صفات مورد بررسی در مرحله گیاهچه اختلاف معنی‌داری با یکدیگر داشتند ($p < 0.01$) (جدول ۱، ۲ و ۳). همچنین اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط برای اکثر صفات معنی‌دار بود که نشان‌دهنده واکنش متفاوت ژنوتیپ‌ها به افزایش شوری بود که این واکنش متفاوت توسط محققین مختلف در سویا مشاهده شده است (۴۰) (جدول ۳). همچنین نتایج مقایسه میانگین ژنوتیپ برای صفات مختلف در جدول ۴ آمده است.

(۱۷ و ۲۶) در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با ۳ تکرار بود (شکل ۱). در هر تکرار از هر ژنوتیپ ۴ گیاهچه داخل ۴ حفره مورد کشت و ارزیابی قرار گرفتند. پنج روز بعد از انتقال، تیمار شوری (۵۰ میلی‌مولار) اعمال گردید و این مقدار پس از سه روز به ۱۵۰ میلی‌مولار افزایش یافت. هر هفته یکبار محلول غذایی تعویض شد. pH روزانه تنظیم و در محدوده ۶-۶/۵ قرار گرفت. درجه حرارت گلخانه بین ۲۰-۳۰ درجه سانتی‌گراد و میزان رطوبت بین ۶۰-۷۰ درصد بود. زمان کاشت در فروردین‌ماه و طول دوره روشنایی به صورت ۱۶ ساعت روشنایی و ۸ ساعت تاریکی تنظیم گردید. ۲۰ روز پس از تیمار شوری نسبت به برداشت و اندازه‌گیری صفات اقدام گردید. صفات مورد اندازه‌گیری در این طرح عبارت بودند از ارتفاع اندام هوایی و طول ریشه، وزن تر و خشک اندام هوایی و ریشه، میزان کلروفیل (SPAD value)، شاخص صدمه شوری (Salt injury index) که به صورت نمره‌دهی از ۱ تا ۵ (۱ برگ عاری از لکه نکروزه و ۵ برگ کامل برگ) بر روی ۴ گیاهچه از یک ژنوتیپ در هر تکرار انجام شد، سطح برگ، میزان سدیم و پتاسیم ریشه و اندام هوایی، نسبت پتاسیم به سدیم ریشه و اندام هوایی و نسبت جابجایی سدیم و پتاسیم از ریشه به اندام هوایی. برای اندازه‌گیری سطح برگ از دستگاه اندازه‌گیری سطح برگ LI-COR مدل LI-3100C استفاده شد. برای اندازه‌گیری یون‌های سدیم و پتاسیم در ریشه و اندام هوایی ابتدا گیاهچه‌ها برداشت شده با آب مقطر شستشو داده شده و ریشه و اندام هوایی از هم جدا و به مدت ۴۸ ساعت در داخل آون در حرارت ۷۵ درجه سانتی‌گراد خشک شدند. سپس مقدار ۰/۱ گرم از ریشه و اندام هوایی هر ژنوتیپ توسط محلول ۰/۱ مولار اسید استیک به

جدول ۱- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس ژنوتیپ‌ها در محیط نرمال

Table 1. Mean squares obtained from variance analysis of genotypes in normal environment

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات								
		ارتفاع اندام هوایی	محتوای کلروفیل	وزن تر اندام هوایی	طول ریشه	وزن تر ریشه	شاخص صدمه شوری	سطح برگ	وزن خشک اندام هوایی	وزن خشک ریشه
تکرار	۲	۱۷۸/۳۷ ^{NS}	۵۰.۸ ^{NS}	۰/۱۱۹ ^{NS}	۱۰/۹۶*	۰/۰۹۳۴ ^{NS}	۰/۰ ^{NS}	۱۴۴/۵۱۸ ^{NS}	۰/۰۱۳۷ ^{NS}	۰/۰۰۰۲*
ژنوتیپ	۲۹	۶۳۳/۵**	۳۷/۸۸۹**	۱/۹۰۶**	۲۶/۵۷**	۰/۰۷۱ ^{NS}	۰/۹۳۷**	۲۱۵۸/۶۱**	۰/۰۴۰۳**	۰/۰۰۰۴**
خطا	۵۸	۱۲۱/۳۶	۳/۰۹۳	۰/۰۴۴	۳/۲۴	۰/۰۲۶	۰/۰۰	۳۰۸/۶۹	۰/۰۰۴۸	۰/۰۰۰۰۸

جدول ۲- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس ژنوتیپ‌ها در محیط تنش

Table 2. Mean squares obtained from variance analysis of genotypes in stress environment

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات								
		ارتفاع اندام هوایی	محتوای کلروفیل	وزن تر اندام هوایی	طول ریشه	وزن تر ریشه	شاخص صدمه شوری	سطح برگ	وزن خشک اندام هوایی	وزن خشک ریشه
تکرار	۲	۱/۷۱۶ ^{NS}	۰/۸۹۵ ^{NS}	۰/۰۰۶ ^{NS}	۱/۳۷۳ ^{NS}	۰/۰۰۰۰۲ ^{NS}	۰/۰۷۷ ^{NS}	۰/۵۱۱*	۰/۰۰۱۳*	۰/۰۰۰۰۳ ^{NS}
ژنوتیپ	۲۹	۸۹/۱۰۵**	۸۶/۱۳۶**	۰/۴۴۸**	۴۷/۲۱**	۰/۰۵۲۰**	۵/۰۶۷**	۴۵۶/۶۹**	۰/۰۰۴۷**	۰/۰۰۰۱۶**
خطا	۵۸	۰/۶۰۵	۰/۶۷۹	۰/۰۰۵	۰/۴۳۴	۰/۰۰۰۰	۰/۰۳۱۸	۰/۱۵۱	۰/۰۰۰۳	۰/۰۰۰۰۱

جدول ۳- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس مرکب ژنوتیپ‌ها

Table 3. Mean squares obtained from composite analysis of variance of genotypes

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات								
		ارتفاع اندام هوایی	محتوای کلروفیل	وزن تر اندام هوایی	طول ریشه	وزن تر ریشه	شاخص صدمه شوری	سطح برگ	وزن خشک اندام هوایی	وزن خشک ریشه
محیط	۱	۱۰۲۷۲۳/۱۷**	۱۲۵/۹۳**	۱۰۰/۶**	۲۴۳/۸۸**	۰/۶۵**	۶۴/۸**	۱۳۳۶۰۵/۱**	۱/۲۴**	۰/۰۰۸**
بلوک داخل محیط	۴	۳۳۲/۶۸	۵۱/۰۷	۱/۹	۱۶۹/۲۹	۰/۳۶	۶/۰۱	۴۱۴/۱۵	۰/۰۰۷	۰/۰۰۰۱
ژنوتیپ	۲۹	۴۳۰/۱۲**	۸۸/۷۹**	۱/۴۳**	۴۴/۰۱**	۰/۱۰۳**	۲/۵۲**	۱۵۴۳/۱۵**	۰/۰۲۷**	۰/۰۰۰۵**
ژنوتیپ × محیط	۲۹	۲۹۲/۴۱**	۲۸/۵۱**	۰/۵۵**	۱۷/۲*	۰/۰۲۰ ^{NS}	۲/۵**	۸۹۱/۰۳**	۰/۰۱۶**	۰/۰۰۰۱**
خطا	۱۱۶	۶۸/۴۲	۷/۵۳	۰/۲۹	۱۰/۹	۰/۰۱۸	۰/۲۱	۱۷۲/۰۳	۰/۰۰۲	۰/۰۰۰۰۶

جدول ۴- مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها در محیط نرمال و تنش برای صفات مختلف

Table 4. Comparison of genotypes mean in normal and stress environments for different traits

RDW(gr)		SDW(gr)		LA		SII		RFW(gr)		RL(cm)		SFW(gr)		CHL		SH(cm)		نام ژنوتیپ
تنش	نرمال	تنش	نرمال	تنش	نرمال	تنش	نرمال	تنش	نرمال	تنش	نرمال	تنش	نرمال	تنش	نرمال	تنش	نرمال	
./۰.۴ ^{ad}	./۰.۴ ^{ab}	./۰.۳ ^{ad}	./۰.۴ ^{bc}	۳۴/۳۴ ^{ad}	۹۲/۰.۵ ^{b-c}	۱ ^a	./۰.۶ ^{ad}	./۰.۸ ^{abc}	۲۰/۳ ^{cd}	۳۷/۳۳ ^{ab}	۱/۶۷ ^{ad}	۳/۹۶ ^{ad}	۳۲/۹۳ ^{ab}	۳۱/۴۷ ^{bc}	۳۷/۶۷ ^{ad}	۸۶ ^{bc}		Lee
./۰.۳ ^{ab}	./۰.۷ ^{ad}	./۰.۱۷ ^{cd}	./۰.۴۶ ^{cd}	۲۹/۵ ^{a-c}	۸۵/۹۱ ^{b-d}	۱ ^a	./۰.۶۳ ^{ab}	./۰.۱۸ ^{cd}	۲۹/۰.۸ ^a	۳۳/۱۷ ^{ad}	۱/۱۸۳ ^{b-c}	۲/۹۸ ^{de}	۳۴/۱۶ ^{cd}	۳۱/۱۳ ^{a-c}	۳۷/۸۳ ^{bc}	۷۸/۶۷ ^{b-c}		Vernal
./۰.۱ ^c	./۰.۳ ^{de}	./۰.۱۱ ^j	./۰.۲۹ ^{f-i}	۱۴/۳۵ ^{f-j}	۶۵/۷۶ ^{e-n}	۴ ^{bc}	./۰.۲۸ ^{c-g}	./۰.۲۸ ^{f-i}	۱۷/۸ ^{i-k}	۲۱/۸۸ ^{e-i}	./۰.۶۴۳ ^{cd}	۱/۹۳۳ ^{cd}	۲۲/۰.۵ ^{f-i}	۲۰/۷۶ ^{lm}	۱۶/۸۸ ^{f-i}	۶۱/۵ ^{b-k}		Kosamam
./۰.۳ ^{ab}	./۰.۳ ^{de}	./۰.۱۸ ^c	./۰.۲۳ ^{de}	۳۰/۱ ^{a-c}	۵۸/۹۳ ^{f-i}	۳ ^{ign}	./۰.۳ ^{bc}	./۰.۱۴ ^{e-n}	۲۳/۷۵ ^{bc}	۲۴/۹۲ ^{b-c}	۱/۲۴ ^{b-d}	۱/۶۵ ^{cd}	۳۴/۱۱ ^d	۲۶/۷۴ ^{e-i}	۳۰/۵۸ ^h	۵۰/۰.۸ ^{kl}		LYON
./۰.۳ ^{bc}	./۰.۴ ^{cd}	./۰.۱۷ ^{cd}	./۰.۳۷ ^{d-g}	۱۲/۳۵ ^{g-k}	۷۱/۱۷ ^{d-n}	۳/۵ ^{cd}	./۰.۳ ^{bc}	./۰.۴۹ ^{c-g}	۲۳/۰.۷ ^{d-d}	۲۴/۲۵ ^{d-g}	۱/۰.۱ ^{c-n}	۲/۸۳ ^{d-i}	۲۴/۳۶ ^{f-n}	۲۷/۷۱ ^{d-n}	۲۳/۱۷ ^{h-k}	۸۴/۸۳ ^{bc}		Roanoke
./۰.۱ ^c	./۰.۳ ^{de}	./۰.۱۱ ^j	./۰.۲۷ ^{g-i}	۷/۸۸ ^{kl}	۴۴/۳۱ ^{h-k}	۴/۷۵ ^{ab}	./۰.۲۷ ^{c-g}	./۰.۲۳ ^{f-i}	۱۸/۱۷ ^{h-k}	۲۱/۲۵ ^{f-i}	./۰.۵۲۳ ^{kl}	۲/۳۴ ^{f-k}	۲۳/۹۳ ^{bd}	۲۶/۸ ^{e-i}	۱۹/۱۷ ^{h-k}	۸۱ ^{b-d}		Cook
./۰.۳ ^{bc}	./۰.۳ ^{de}	./۰.۲ ^b	./۰.۲۹ ^{f-i}	۲۴/۴۶ ^{b-c}	۶۷/۸۸ ^{d-h}	۲/۷۵ ^{det}	./۰.۲۵ ^{c-n}	./۰.۴۴ ^{d-g}	۲۰/۸۸ ^{d-g}	۲۱/۸۳ ^{e-i}	./۰.۹ ^{d-n}	۲/۲۴۳ ^{g-k}	۲۹/۸۸ ^c	۲۶/۳۶ ^{f-i}	۲۶/۸۳ ^{b-d}	۷۶/۱۷ ^{d-g}		Colfax
./۰.۳ ^{ab}	./۰.۵ ^{bc}	./۰.۱۷ ^{cd}	./۰.۶۳ ^{de}	۱۸/۱۷ ^{e-i}	۱۱۴/۶ ^{ab}	۳/۵ ^{cd}	./۰.۴۳ ^{d-e}	./۰.۶۷ ^{bc}	۲۲/۰.۸ ^{b-d}	۲۴/۵۸ ^{bc}	۱/۳۵ ^{cd}	۳/۵۳ ^{c-e}	۲۲/۵ ^{h-k}	۳۲/۱ ^{ab}	۲۷/۰.۸ ^{b-d}	۷۸/۸۳ ^{b-e}		Winchester
./۰.۳ ^{bc}	./۰.۴ ^{cd}	./۰.۱۶ ^{cd}	./۰.۴۴ ^{de}	۲۲/۰.۳ ^{c-i}	۱۲۴/۵ ^a	۳/۵ ^{cd}	./۰.۲۳ ^{d-e}	./۰.۵ ^{c-g}	۲۳/۸ ^{bc}	۲۶/۲۵ ^{bc}	۱/۳۱۳ ^{cd}	۳/۰.۸ ^{c-e}	۱۷/۷۱ ⁿ	۲۸/۸ ^{c-i}	۲۲/۱۷ ^{e-i}	۷۹/۶۷ ^d		Will
./۰.۳ ^{bc}	./۰.۳ ^{de}	./۰.۱۴ ^{cd}	./۰.۲۶ ^{de}	۷/۱۹ ^{kl}	۶۹/۰.۶ ^{d-h}	۴/۷۵ ^{ab}	./۰.۲۳ ^{c-g}	./۰.۵ ^{b-i}	۲۲/۵۸ ^{bc}	۲۴/۶۷ ^{b-i}	./۰.۵ ^{kl}	۲/۱۰.۳ ^{b-i}	۲۷/۸۸ ^d	۳۰/۰.۹ ^{b-d}	۱۵/۲۸ ^{kl}	۶ ^{b-k}		Yale
./۰.۳ ^{bc}	./۰.۳ ^{de}	./۰.۲۱ ^{ab}	./۰.۲۹ ^{f-i}	۳۵/۴۷ ^a	۶۵/۷۳ ^{c-h}	۱/۵ ^{hi}	./۰.۲۲ ^{d-n}	./۰.۲۶ ^{f-i}	۱۹/۷۵ ^{e-i}	۲۲/۲۵ ^{d-i}	۱/۳۳ ^b	۱/۹۸ ^m	۲۱/۱ ^{k-m}	۲۴/۴ ^{f-i}	۲۳ ^{e-i}	۶۲/۰.۸ ^{b-k}		Douglas
./۰.۱ ^c	./۰.۳ ^{de}	./۰.۱۳ ^{gh}	./۰.۲۵ ^{h-n}	۱۸/۰.۶ ^{e-i}	۶۲/۹۳ ^{f-i}	۲/۵ ^{gh}	./۰.۲۳ ^{c-g}	./۰.۳۷ ^{f-i}	۲۱/۹۳ ^{e-i}	۲۵ ^{b-e}	./۰.۸۹۳ ^{cd}	۱/۹۱ ^{k-n}	۲۲/۵۹ ^{h-k}	۲۵/۲۹ ^{g-i}	۲۵ ^{e-i}	۶۵/۱۷ ^{e-j}		Clifford
./۰.۳ ^{ab}	./۰.۳ ^{de}	./۰.۱۷ ^{cd}	./۰.۲۳ ^{de}	۲۷/۷۱ ^{a-d}	۷۱/۵۱ ^a	۱/۷۵ ^{gh}	./۰.۲۴ ^{c-n}	./۰.۲۵ ^{f-i}	۲۱/۱۳ ^{d-i}	۲۵/۲۵ ^{b-e}	۱/۱۴۳ ^{cd}	۲/۵۳ ^{cd}	۲۴/۹۸ ^{lm}	۲۲/۹۷ ^{lm}	۲۵/۷۵ ^{c-e}	۷۷/۹۲ ^{b-i}		Crawford
./۰.۳ ^{bc}	./۰.۱ ^f	./۰.۱ ^k	./۰.۱۵ ^{kl}	۱۰/۵۴ ^{h-i}	۲۵/۳۹ ^k	۳/۲۵ ^{cd}	./۰.۱۶ ^{g-j}	./۰.۲ ^f	۱۸/۸۳ ^{f-j}	۱۹/۷۷ ^f	./۰.۵۲۳ ^{cd}	۱/۰.۹ ^{b-p}	۲۳/۳۳ ^{f-i}	۱۵/۱۷ ^{kl}	۴۲/۹۲ ^f	۴۲/۹۲ ^f		Ito san
./۰.۳ ^{bc}	./۰.۳ ^{de}	./۰.۱۳ ^{gh}	./۰.۲۷ ^{g-i}	۵/۳۳ ^{kl}	۷۲/۰.۴ ^{d-h}	۴ ^{bc}	./۰.۱۳ ^{h-j}	./۰.۴ ^{e-h}	۲۰/۱۳ ^{e-i}	۲۲/۲۵ ^{d-i}	./۰.۶۲۳ ^{cd}	۱/۵۴ ^{m-p}	۲۵/۱۸ ^{et}	۲۸/۳ ^{det}	۱۶/۸۸ ^{f-i}	۵۱/۶۷ ^{f-i}		NE3400
./۰.۱ ^c	./۰.۳ ^{de}	./۰.۱ ^{jk}	./۰.۱۴ ^{ho}	۲/۳ ^f	۲۸/۳۳ ^{kl}	۵ ^a	./۰.۲ ^{c-i}	./۰.۲۴ ^{hi}	۲۱/۱۷ ^{d-i}	۲۵/۰.۸ ^{b-e}	./۰.۵ ^f	۱/۳۳ ^{m-p}	۲۰/۲۵ ^{im}	۲۶/۰.۸ ^{f-k}	۱۵/۲۵ ^{kl}	۴۶/۰.۸ ^f		Perry
./۰.۳ ^{bc}	./۰.۳ ^{de}	./۰.۱۶ ^{cd}	./۰.۲۳ ^{de}	۱۸/۶۶ ^{e-h}	۷۸/۴۶ ^{c-g}	۳/۵ ^{cd}	./۰.۳ ^{c-i}	./۰.۴۴ ^{d-g}	۲۴/۵ ^b	۲۷/۱۳ ^{bd}	۱/۱۰.۳ ^{b-g}	۲/۵۹ ^{c-i}	۱۹/۶۹ ^{lm}	۲۲/۵۹ ^{lm}	۱۷/۱۷ ^{f-i}	۷۲/۹۲ ^{c-h}		Strong
./۰.۱ ^c	./۰.۳ ^{de}	./۰.۱۳ ^{hi}	./۰.۲۳ ^{de}	۲/۱۵ ^f	۶۸/۲۵ ^{d-h}	۴/۷۵ ^{ab}	./۰.۰۹ ^{ij}	./۰.۲۳ ^{g-i}	۱۸/۹۲ ^f	۱۹/۷۷ ^f	./۰.۴۷۳ ^{cd}	۲/۱۷ ^{g-i}	۲۶/۵ ^{de}	۲۶/۶۶ ^{e-i}	۱۳/۹۲ ^f	۶۸ ^{d-i}		Croton 3.9
./۰.۳ ^{bc}	./۰.۳ ^{de}	./۰.۱۵ ^{ef}	./۰.۲۱ ^{jo}	۱۹ ^{d-h}	۵۶/۱۶ ^{g-j}	۲/۷۵ ^{det}	./۰.۲۳ ^{b-d}	./۰.۲۶ ^{f-i}	۲۱/۷۵ ^{c-e}	۲۴/۰.۸ ^{b-n}	۱/۰.۶ ^{b-g}	۲/۲۰.۳ ^{g-i}	۲۲/۱۴ ^{f-i}	۲۴/۷۸ ^{f-i}	۲۳/۸۳ ^{c-g}	۶۸ ^{d-i}		Zane
./۰.۱ ^c	./۰.۳ ^{de}	./۰.۱ ^k	./۰.۲۲ ^{io}	۳/۲۱ ^f	۴۶/۸۳ ^{h-k}	۴/۷۵ ^{ab}	./۰.۸ ^f	./۰.۲۵ ^{f-i}	۱۲/۷۵ ^f	۲۲ ^{d-i}	./۰.۱۶۳ ^{cd}	۲/۰.۳۳ ^{im}	۱۵/۸۵ ^h	۱۷/۶۵ ^h	۱۵ ^f	۹۰/۵ ^{ab}		Dobradzanka 285
./۰.۳ ^{bc}	./۰.۵ ^{bc}	./۰.۲۱ ^{ab}	./۰.۴۸ ^b	۲۵/۵۳ ^{b-e}	۱۲۸/۱ ^a	۳/۵ ^{cd}	./۰.۲۳ ^{b-e}	./۰.۵۷ ^{c-e}	۱۸/۵۸ ^{g-j}	۲۷/۳۳ ^{bd}	۱/۱۳۳ ^{b-d}	۳/۸۳ ^{ab}	۲/۱۵ ^{im}	۳۰/۰.۹ ^{b-d}	۲۰/۳۳ ^{g-j}	۸۶/۳۳ ^{bc}		L.87-0174
./۰.۱ ^c	./۰.۴ ^{cd}	./۰.۱۳ ^{hi}	./۰.۲۳ ^{de}	۹/۴۵ ^{f-i}	۹۴/۸۴ ^{b-d}	۳ ^{ign}	./۰.۱۸ ^{f-j}	./۰.۲۳ ^{g-i}	۲۱/۱۷ ^{g-i}	۱۶ ^k	./۰.۸۵ ^{f-j}	۲/۸۳ ^{d-i}	۲۲/۶۸ ^{h-k}	۲۴/۷۵ ^{c-i}	۱۰/۲۷ ^h	۲۴/۷۵ ^{c-i}		Richland
./۰.۳ ^{bc}	./۰.۴ ^{cd}	./۰.۱ ^{jk}	./۰.۳۷ ^{d-g}	۱۳/۶ ^k	۷۲/۰.۲ ^{d-h}	۳/۵ ^{cd}	./۰.۲۱ ^{d-i}	./۰.۴۷ ^{d-g}	۲۰/۷۵ ^{d-g}	۲۴/۱۳ ^{b-n}	./۰.۶ ^{f-i}	۲/۶۵ ^{e-h}	۲۳/۱۶ ^{g-j}	۲۶/۳ ^{f-j}	۱۹/۰.۸ ^{f-k}	۶۹/۶۷ ^{d-h}		Kosar
./۰.۳ ^{bc}	./۰.۴ ^{cd}	./۰.۱۴ ^{cd}	./۰.۳ ^{e-k}	۲۰/۴۲ ^{d-g}	۷۸/۹ ^{c-g}	۲/۵ ^{gh}	./۰.۲۴ ^{c-n}	./۰.۴۸ ^{d-g}	۱۸/۳۳ ^{h-k}	۲۰/۷۵ ^h	./۰.۷۱ ^{h-i}	۲/۵۳ ^{cd}	۲۷/۴۳ ^{d-i}	۲۶ ^{e-i}	۶۳/۱۷ ^{g-k}	۶۳/۱۷ ^{g-k}		Katool
./۰.۳ ^{ab}	./۰.۵ ^{bc}	./۰.۱۸ ^c	./۰.۴۸ ^b	۳۰/۸۶ ^{ab}	۱۱۰/۳ ^{ab}	۳ ^{ign}	./۰.۳ ^{bc}	./۰.۶۱ ^{cd}	۱۹ ^{f-j}	۲۳/۶۷ ^{c-n}	۱/۳ ^{bc}	۳/۳۳ ^{cd}	۲۲/۳۲ ^{f-k}	۲۸/۱ ^{d-g}	۲۱/۶۷ ^{f-i}	۷۶/۳۳ ^{c-g}		SG13
./۰.۱ ^c	./۰.۳ ^{de}	./۰.۱۳ ^{hi}	./۰.۱۵ ^{m-o}	۱۴/۴۴ ^{f-j}	۲۹/۱ ^{jk}	۳ ^{de}	./۰.۲۱ ^{d-i}	./۰.۲۳ ^{hi}	۲۱/۱۷ ^{g-i}	۲۲/۳۳ ^{d-i}	./۰.۸۱ ^{g-k}	۱/۱۴ ^{op}	۳۶/۱ ^q	۳۳/۱۳ ^{ad}	۲۴/۹۸ ^{c-i}	۴۲/۳۳ ^f		Pharaoh
./۰.۳ ^{bc}	./۰.۵ ^{bc}	./۰.۱۳ ^{hi}	./۰.۳۹ ^{d-i}	۱۷/۳ ^{e-i}	۱۰۴/۹ ^{a-c}	۱/۵ ^{hi}	./۰.۲۱ ^{d-i}	./۰.۵۱ ^{c-i}	۱۸/۵۸ ^{g-j}	۲۵/۱۷ ^{b-e}	./۰.۹۴۳ ^{d-i}	۳/۳ ^{b-d}	۲۴/۳۱ ^{f-h}	۲۹/۴ ^{c-e}	۱۶/۸۳ ^{f-i}	۶۸/۳۳ ^{d-h}		Korona B-57-54/41
./۰.۳ ^{bc}	./۰.۴ ^{cd}	./۰.۲ ^b	./۰.۳۲ ^{de}	۱۹/۵۶ ^{d-g}	۷۲/۶۹ ^{d-h}	۲/۵ ^{gh}	./۰.۲۸ ^{c-g}	./۰.۴۹ ^{c-g}	۲۲/۰.۸ ^{b-d}	۲۵/۸۳ ^{bc}	۱/۰.۸ ^{b-g}	۲/۶۹ ^{g-i}	۲۲/۰.۲ ^{f-i}	۲۲/۸۳ ^{im}	۱۹/۴۳ ^{h-j}	۷۰/۱۷ ^{f-h}		Century 84
./۰.۳ ^{bc}	./۰.۳ ^{de}	./۰.۱۵ ^{ef}	./۰.۳ ^{c-o}	۶/۳۶ ^{f-i}	۵۸/۹ ^{f-i}	۴/۵ ^{ab}	./۰.۲۶ ^{c-g}	./۰.۲۵ ^{f-i}	۲۱/۰.۸ ^{d-i}	۲۵/۲۳ ^{d-i}	./۰.۷۱ ⁿ⁻ⁱ	۲/۰.۷۳ ^m	۲۱/۳ ^m	۲۵/۴۱ ^{g-i}	۱۶/۳۳ ^{f-i}	۵۴/۵ ^{f-j}		Tzi - Hua - N4
./۰.۱ ^c	./۰.۳ ^{de}	./۰.۲۱ ^{ab}	./۰.۱۹ ^{f-o}	۱۹/۳۵ ^{d-g}	۳۶/۱۹ ^{f-k}	۳ ^{de}	./۰.۲۵ ^{c-n}	./۰.۳۷ ^{f-i}	۲۱/۸۳ ^{c-e}	۲۱	۱/۰.۵ ^{b-g}	۲/۴۳ ^d	۲۷/۴ ^d	۲۴/۶۷ ^{c-i}	۶۴/۵ ^{f-j}			Troll

SH: ارتفاع اندام هوایی، CHL: محتوای کلروفیل، SFW: وزن تر اندام هوایی، RL: طول ریشه، RFW: وزن تر ریشه، SII: شاخص صدمه شوری، LA: سطح برگ، SDW: وزن خشک اندام هوایی، RDW: وزن خشک ریشه

کلروفیل را در شرایط تنش نسبت به نرمال به خود اختصاص داده بودند. فردوس و همکاران (۱۴) با بررسی یک رقم سویا تحت تنش شوری نتیجه گرفتند که میزان کلروفیل کاهش یافت. در رابطه با کلروفیل محققین دیگر نیز نتایج مشابهی را گزارش نموده‌اند (۳۲). البته برخی محققین افزایش کلروفیل را گزارش کرده‌اند از جمله زو و همکاران (۴۹) اشاره نمودند که تنش شوری باعث افزایش میزان کلروفیل در اندام هوایی می‌شود. اما کائو و همکاران (۲۴) در بررسی عکس‌العمل سه گونه سویا به تنش شوری اظهار داشتند تنش شوری سبب کاهش میزان کلروفیل ارقام سویا می‌شود که این کاهش با افزایش محتوی سدیم بافت‌ها رابطه مثبت داشته و هماهنگی داشت، به طوری که افزایش سدیم کاهش کلروفیل را در پی داشت. در مورد سویا مشاهده شده است که گیاه سویا تحت تنش شوری دارای برگ‌هایی کوچک‌تر با رنگ سبز تیره‌تر هستند، در این گیاهان مقدار کلروفیل ثابت مانده یا کمتر از شاهد بوده است، اما کاهش سایز برگ‌ها باعث می‌شود که نسبت کلروفیل به مساحت برگ افزایش یافته و برگ‌ها به نظر به رنگ سبز تیره برسند. همانند نتایج به دست آمده، تحقیقات کاو و همکاران (۲۴) در سویا حاکی از تاثیرپذیری محتوای کلروفیل این گیاه از تنش شوری است. ایشان بیان نمودند ارقام متحمل سویا دارای سطوح بیشتری از کلروفیل در مقایسه با ارقام حساس در سطوح بالای شوری بودند. عبدالصمد و شداد (۱) طی تحقیق خود بر روی ارقام سویا گزارش کردند که شوری باعث تخریب ساختار کلروپلاست‌ها و عدم پایداری ترکیبات رنگیزه-پروتئین می‌شود.

شاخص صدمه شوری تقریباً در همه ژنوتیپ‌ها در پاسخ به شوری افزایش یافت. ژنوتیپ‌های Lee و Vernal دارای کمترین و ژنوتیپ Perry دارای بالاترین شاخص صدمه شوری در شرایط تنش در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی بودند. همچنین ژنوتیپ‌های Lee، Vernal و Douglas کمترین افزایش شاخص صدمه شوری و ژنوتیپ‌های Perry، Yale و Cook بیشترین افزایش شاخص صدمه شوری را در شرایط تنش نسبت به نرمال به خود اختصاص داده بودند. اثرات مضر شوری بر روی سلامت برگ‌ها توسط محققین در سویا گزارش شده است (۳۰). اثرات تنش اسمزی (۲۸) و یا اثرات سمیت یون‌ها (۱۰) می‌توانند مسئول صدمات شوری باشند.

شاخص سطح برگ تحت تنش شوری در همه ژنوتیپ‌ها کاهش یافت. ژنوتیپ‌های Douglas و Croton 3.9 به ترتیب بیشترین و کمترین شاخص سطح برگ را در شرایط تنش به خود اختصاص داده بودند. ژنوتیپ‌های Douglas، Troll و LYON کمترین کاهش شاخص سطح برگ و ژنوتیپ‌های Croton 3.9، Dobradzanka 285 و NE3400 بیشترین کاهش شاخص سطح برگ را در شرایط تنش نسبت به نرمال به خود اختصاص داده بودند. شوری باعث کاهش تعداد برگ، سطح برگ و وزن خشک برگ‌ها می‌شود که در نتیجه این موارد شاهد کاهش عملکرد خواهیم بود (۴۲).

محتوای سدیم در اندام هوایی تحت تنش شوری در همه ژنوتیپ‌ها افزایش یافت. ژنوتیپ‌های Cook و Perry به

کاهش صفات در مواجهه با تنش شوری در ژنوتیپ‌های مختلف متفاوت بود. ارتفاع اندام هوایی و طول ریشه تحت تنش شوری در همه ژنوتیپ‌ها کاهش یافت. ژنوتیپ Lee و Croton 3.9 به ترتیب بیشترین و کمترین ارتفاع اندام هوایی را در شرایط تنش به خود اختصاص داده بودند. همچنین ژنوتیپ‌های Vernal و Dobradzanka 285 به ترتیب بیشترین و کمترین طول ریشه را در شرایط تنش به خود اختصاص دادند. ژنوتیپ‌های LYON، Pharaoh و Lee کمترین کاهش ارتفاع اندام هوایی و ژنوتیپ‌های Dobradzanka 285، Croton 3.9 و Strong بیشترین کاهش ارتفاع اندام هوایی را در شرایط تنش نسبت به نرمال به خود اختصاص دادند. کریم و همکاران (۲۵) پیشنهاد کرد که رشد اندام هوایی یکی از مشخصه‌های مهم برای غربال گیاهان مقاوم به شوری در مرحله گیاهچه می‌باشد. ژنوتیپ‌های Troll، Colfax و LYON کمترین کاهش طول ریشه و ژنوتیپ‌های Dobradzanka 285، L.87-0174 و Korona B-57-54/41 بیشترین کاهش طول ریشه را در شرایط تنش نسبت به نرمال به خود اختصاص داده بودند. کاهش ارتفاع اندام هوایی و ریشه به واسطه تنش شوری توسط محققین زیادی در محصولات مختلف از جمله سویا گزارش شده است (۳۹،۶).

وزن تر و خشک اندام هوایی و ریشه در شرایط تنش برای همه ژنوتیپ‌ها کاهش نشان داد. ژنوتیپ‌های Lee و Dobradzanka 285 به ترتیب دارای بالاترین و کمترین وزن تر و خشک اندام هوایی در شرایط تنش در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی بودند. ژنوتیپ‌های LYON و Pharaoh کمترین کاهش وزن تر ریشه و اندام هوایی و ژنوتیپ‌های Dobradzanka 285 و Croton 3.9 بیشترین کاهش وزن تر ریشه و اندام هوایی را در شرایط تنش نسبت به نرمال به خود اختصاص دادند. همچنین LYON و Richland به ترتیب کمترین و بیشترین کاهش وزن خشک ریشه و اندام هوایی را در شرایط تنش نسبت به نرمال به خود اختصاص داده بودند. کریم و همکاران (۲۵) و اوهاشی و همکاران (۳۴) کاهش در وزن خشک برگ‌ها را به واسطه تنش شوری مشاهده نمودند. توسعه سلولی برگ‌ها در تنش شوری کاهش یافته که این به دلیل پایین آمدن فشار پروتوپلاسم بوده و در نتیجه سطح برگ کاهش می‌یابد. کاهش وزن خشک ساقه به واسطه تنش شوری نیز توسط محققین زیادی در محصولات مختلف از جمله سویا گزارش شده است (۶). شوری همچنین باعث کاهش توده ریشه می‌شود.

واکنش محتوای کلروفیل در شرایط تنش نسبت به نرمال برای ژنوتیپ‌ها متفاوت بود و در دو سوم از آنها کاهش و در یک سوم از آنها افزایش نشان داد. ژنوتیپ‌های Pharaoh و Dobradzanka 285 به ترتیب دارای بالاترین و کمترین محتوای کلروفیل در شرایط تنش در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی بودند. ژنوتیپ‌های LYON، Cook و Colfax بیشترین افزایش محتوای کلروفیل و ژنوتیپ‌های Will، Winchester و L.87-0174 بیشترین کاهش محتوای

در ماش مشاهده نمود که یون سدیم تحت تنش شوری در ریشه افزایش نشان می‌دهد. لاجلی و وینکی (۲۹) در سویا مشاهده نمودند که ارقام متحمل به شوری به طور نسبی مقدار بالاتری از یون سدیم را در ریشه‌ها و مقدار کمتری از سدیم را در اندام هوایی خود نگهداری می‌کنند. اورکوت و نیلسون (۳۵) بیان نموده‌اند که بالا بودن نسبی میزان یون سدیم در ریشه نسبت به اندام هوایی نتیجه فرایند بازجذب می‌باشد. در خانواده بقولات بعضی از سلول‌های پارانشیمی به سلول‌های انتقال دهنده متمایز شده‌اند و یون سدیم را از جریان تعرق مجدد جذب می‌کنند (۳۱). جذب مجدد یون سدیم و انتقال آن به ریشه‌ها تنها در گونه‌های با تحمل نسبی به شوری مشاهده می‌شود.

محتوای پتاسیم در ریشه تحت تنش شوری در همه ژنوتیپ‌ها کاهش یافت. ژنوتیپ‌های Clifford و Strong به ترتیب بیشترین و کمترین محتوای پتاسیم در ریشه را در شرایط تنش به خود اختصاص داده بودند. ژنوتیپ‌های Strong، Katool و Lee بیشترین کاهش محتوای پتاسیم در ریشه و ژنوتیپ‌های Ito san، Kosamam و Clifford کمترین کاهش محتوای پتاسیم در ریشه را در شرایط تنش نسبت به نرمال به خود اختصاص داده بودند. اسلام (۲۲) در ماش مشاهده نمود که تحت تنش شوری یون پتاسیم در ریشه کاهش نشان می‌دهد.

نسبت پتاسیم به سدیم در اندام هوایی تحت تنش شوری در همه ژنوتیپ‌ها کاهش یافت. ژنوتیپ‌های Cook و Ito san به ترتیب بیشترین و کمترین نسبت پتاسیم به سدیم در اندام هوایی را در شرایط تنش به خود اختصاص داده بودند. ژنوتیپ‌های Colfax، Roanoke و Katool بیشترین کاهش نسبت پتاسیم به سدیم در اندام هوایی و ژنوتیپ‌های Kosamam، Tzi - Hua - N4 و Douglas کمترین کاهش نسبت پتاسیم به سدیم در اندام هوایی را در شرایط تنش نسبت به نرمال به خود اختصاص داده بودند. پندی و شارما (۳۶) گزارش کرده‌اند که اندام هوایی ارقام متحمل به شوری دارای نسبت سدیم به پتاسیم پایین تری نسبت به ارقام حساس می‌باشد.

نسبت پتاسیم به سدیم در ریشه تحت تنش شوری در همه ژنوتیپ‌ها کاهش یافت. ژنوتیپ‌های Cook و L504 به ترتیب کمترین و بیشترین نسبت پتاسیم به سدیم در ریشه را در شرایط تنش به خود اختصاص داده بودند. ژنوتیپ‌های Perry، Roanoke و Croton 3.9 بیشترین کاهش نسبت پتاسیم به سدیم در ریشه و ژنوتیپ‌های Kosamam، L504 و Clifford کمترین کاهش نسبت پتاسیم به سدیم در ریشه را در شرایط تنش نسبت به نرمال به خود اختصاص داده بودند.

نسبت جابجایی سدیم از ریشه به اندام هوایی تحت تنش شوری در همه ژنوتیپ‌ها افزایش یافت. ژنوتیپ‌های Cook و Richland به ترتیب کمترین و بیشترین نسبت جابجایی سدیم از ریشه به اندام هوایی را در شرایط تنش به خود اختصاص داده بودند. ژنوتیپ‌های Colfax، L504 و Richland بیشترین افزایش نسبت جابجایی سدیم از ریشه

ترتیب کمترین و بیشترین محتوای سدیم در اندام هوایی را در شرایط تنش به خود اختصاص داده بودند. ژنوتیپ‌های Will، Strong و Kosamam کمترین افزایش محتوای سدیم در اندام هوایی و ژنوتیپ‌های Lee، Ito san و Roanoke بیشترین افزایش محتوای سدیم در اندام هوایی را در شرایط تنش نسبت به نرمال به خود اختصاص دادند. آلن و همکاران (۴) مشاهده کردند که تحت تنش شوری میزان یون سدیم در ساقه و برگ افزایش یافته است و در ژنوتیپ‌های حساس این افزایش بیشتر بوده است که این مطلب در سویا (۲۹) نیز گزارش شده است. فردوس و همکاران (۱۴) نتیجه گرفتند که تحت تنش شوری میزان سدیم در برگ و ساقه افزایش یافت. به نظر می‌رسد که بعضی از ژنوتیپ‌ها مانند LYON با این‌که مقدار بالایی از یون سدیم را در اندام هوایی خود ذخیره کرده اند ولی هیچ یا علائم اندکی از صدمه شوری در آنها مشاهده می‌شود که این مطلب نشان‌دهنده تحمل بافتی بالای این ارقام به شوری می‌باشد. بنابراین این ژنوتیپ‌ها بایستی دارای توانایی کاهش تجمع یون سدیم داخل سیتوپلاسم خود باشند و محتمل است که این ژنوتیپ‌ها یون سدیم را داخل واکوئل‌های خود تقسیم‌بندی کرده و بنابراین از اثرات سمی سدیم روی آنزیم‌های سیتوزل و واکنش‌های داخل آن اجتناب می‌کنند (۴۶).

تغییرات محتوای پتاسیم در اندام هوایی در شرایط تنش نسبت به نرمال برای ژنوتیپ‌ها متفاوت بود و در دو سوم از آنها افزایش و در یک سوم از آنها کاهش نشان داد. ژنوتیپ‌های Cook و Colfax به ترتیب بیشترین و کمترین محتوای پتاسیم در اندام هوایی را در شرایط تنش به خود اختصاص داده بودند. ژنوتیپ‌های Vernal، Century 84 و Troll بیشترین افزایش محتوای پتاسیم در اندام هوایی و ژنوتیپ‌های Crawford، L.87-0174 و Colfax بیشترین کاهش محتوای پتاسیم در اندام هوایی را در شرایط تنش نسبت به نرمال به خود اختصاص داده بودند. عالم و همکاران (۴) مشاهده کرد که تحت تنش شوری میزان یون‌های پتاسیم و کلسیم در اندام هوایی کاهش یافته است. زو و همکاران (۵۲) مشاهده کردند که تنش شوری باعث کاهش میزان یون پتاسیم در اندام هوایی می‌شود. فردوس و همکاران (۱۴) تحت تنش شوری نتیجه گرفتند که میزان پتاسیم در برگ و ساقه کاهش یافت. میزان تجمع یون پتاسیم در بافت‌های گیاهی مهم‌ترین جزء در پتانسیل اسمزی سلول می‌باشد (۴۱). عدم تعادل یونی در سطح سلولی به دلیل تجمع بیش از اندازه یون‌های سدیم و کلر و کاهش بارگیری دیگر عناصر معدنی مانند پتاسیم، کلسیم و منگنز می‌باشد (۱۸).

محتوای سدیم در ریشه تحت تنش شوری در همه ژنوتیپ‌ها افزایش یافت. ژنوتیپ‌های Cook و Richland به ترتیب بیشترین و کمترین محتوای سدیم در ریشه را در شرایط تنش به خود اختصاص داده بودند. ژنوتیپ‌های Perry، Roanoke و Troll بیشترین افزایش محتوای سدیم در ریشه و ژنوتیپ‌های Tzi - Hua - N4، Kosamam و L504 کمترین افزایش محتوای سدیم در ریشه را در شرایط تنش نسبت به نرمال به خود اختصاص داده بودند. اسلام (۲۲)

ژنوتیپ‌هایی که مقادیر بالا از یون سدیم در اندام هوایی خود دارند ولی دارای تحمل‌بافتی هستند را فراموش کرد. همان‌طور که در جدول پارامترهای آماری صفات مختلف (جدول ۵) مشاهده می‌شود ژنوتیپ‌های مورد بررسی تنوع فنوتیپی خوبی را برای اکثر صفات مورد اندازه‌گیری نشان دادند. همه صفات مورد بررسی اثرات تیمار شوری را معنی‌دار نشان دادند. مقدار میانگین همه صفات تحت شرایط نرمال بالاتر از شرایط تنش بود بجز صفات شاخص صدمه شوری، میزان سدیم و پتاسیم در اندام هوایی، میزان سدیم در ریشه، میزان جابجایی سدیم و پتاسیم از ریشه به اندام هوایی. بر اساس نتایج حاصل از بررسی پارامترهای آماری در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی بیشترین مقدار ضریب تنوع فنوتیپی مربوط به سطح برگ در شرایط تنش (۵۵/۳)، وزن تر ریشه در شرایط تنش (۴۵/۲۸)، وزن خشک ریشه در شرایط تنش (۴۲/۲۶) و شاخص صدمه شوری در شرایط تنش (۳۷/۹۹) و کمترین ضریب تنوع فنوتیپی مربوط به طول ریشه در شرایط نرمال (۱۱/۷) و محتوای کلروفیل در شرایط نرمال (۱۲/۳) بودند (جدول ۵).

به اندام هوایی و ژنوتیپ‌های Crawford، Strong و Troll کمترین افزایش نسبت جابجایی سدیم از ریشه به اندام هوایی را در شرایط تنش نسبت به نرمال به خود اختصاص داده بودند.

نسبت جابجایی پتاسیم از ریشه به اندام هوایی تحت تنش شوری در همه ژنوتیپ‌ها افزایش یافت. ژنوتیپ‌های Korona B-57-54/41 و Troll به ترتیب کمترین و بیشترین نسبت جابجایی پتاسیم از ریشه به اندام هوایی را در شرایط تنش به خود اختصاص داده بودند. ژنوتیپ‌های Century 84، Troll و Lee بیشترین افزایش نسبت جابجایی پتاسیم از ریشه به اندام هوایی و ژنوتیپ‌های Crawford، Roanoke و Winchester کمترین افزایش نسبت جابجایی پتاسیم از ریشه به اندام هوایی را در شرایط تنش نسبت به نرمال به خود اختصاص داده بودند.

بنابراین با توجه به نسبت‌های بدست آمده از یون‌های سدیم و پتاسیم در ریشه و اندام هوایی، به نظر می‌رسد که هر چقدر میزان یون پتاسیم در اندام هوایی بیشتر باشد و ریشه اجازه انتقال کمتر یون سدیم به سمت اندام هوایی را بدهد، ژنوتیپ متحمل‌تر خواهد بود اما در این زمینه نباید

جدول ۵- پارامترهای آماری صفات مختلف در سویا تحت شرایط نرمال و تنش

Table 5. Statistical parameters of different traits of soybean in normal and stress conditions

انحراف معیار	درصد ضریب تغییرات	میانگین	حداکثر	حداقل	محیط	صفات
۱۴/۵۳	۲۰/۹۵	۶۹/۳۴	۱۰۲/۶۷	۴۲/۳۳	نرمال	ارتفاع اندام هوایی (سانتیمتر)
۵/۴۵	۲۵/۲۷	۲۱/۵۵	۳۷/۶۷	۱۲/۹۲	استرس	
۳/۵۵	۱۳/۳۳	۲۶/۶۵	۳۳/۷۳	۱۷/۶۵	نرمال	محتوای کلروفیل
۵/۱۴	۲۰/۵۶	۲۴/۹۹	۳۶/۱۳	۱۵/۸۵	استرس	
۰/۷۴	۳۰/۶۷	۲/۴۱	۳/۹۶	۱/۰۹	نرمال	وزن تر اندام هوایی (گرم)
۰/۳۴	۳۷/۰۳	۰/۹۱	۱/۶۷	۰/۱۶	استرس	
۲/۸۱	۱۱/۷	۲۳/۹۸	۳۳/۱۷	۱۸/۹۲	نرمال	طول ریشه (سانتیمتر)
۳/۰۲	۱۴/۶۴	۲۰/۶۶	۲۹/۰۸	۱۲/۷۵	استرس	
۰/۱۵	۳۵/۱۹	۰/۴۴	۰/۸۶	۰/۲	نرمال	وزن تر ریشه (گرم)
۰/۱۳	۴۵/۲۸	۰/۲۸	۰/۶۷	۰/۰۸	استرس	
۰/۵۳	۴۱/۱۵	۱/۰۳	۳	۱	نرمال	شاخص صدمه شوری
۱/۱۷	۳۷/۹۹	۳/۰۸	۵	۱	استرس	
۲۶/۸۲	۳۷/۳۵	۷۱/۸۱	۱۲۸/۰۵	۲۵/۳۹	نرمال	سطح برگ
۹/۵۸	۵۵/۳۲	۱۷/۳۳	۳۵/۴۷	۲/۱۵	استرس	
۰/۱۱	۳۶/۲۳	۰/۳۲	۰/۶۲	۰/۱۳	نرمال	وزن خشک اندام هوایی (گرم)
۰/۰۴	۲۵/۸۷	۰/۱۵	۰/۲۲	۰/۰۹	استرس	
۰/۰۱	۳۶/۵۶	۰/۰۴	۰/۰۷	۰/۰۱	نرمال	وزن خشک ریشه (گرم)
۰/۰۱	۴۲/۲۶	۰/۰۲	۰/۰۴	۰/۰۱	استرس	
۰/۰۱	۱۴/۹۸	۰/۱	۰/۱۲	۰/۰۷	نرمال	میزان سدیم اندام هوایی (میلی مول بر گرم وزن خشک)
۰/۰۷	۱۶/۹۸	۰/۳۹	۰/۵۳	۰/۳۱	استرس	
۰/۰۲	۱۷/۷۷	۰/۱۲	۰/۱۷	۰/۰۸	نرمال	میزان پتاسیم اندام هوایی (میلی مول بر گرم وزن خشک)
۰/۰۱	۹/۵	۰/۱۴	۰/۱۷	۰/۱۲	استرس	
۰/۰۲	۲۲/۲۶	۰/۰۹	۰/۱۴	۰/۰۷	نرمال	میزان سدیم ریشه (میلی مول بر گرم وزن خشک)
۰/۰۵	۱۵/۹۱	۰/۲۸	۰/۴۳	۰/۲۱	استرس	
۰/۰۲	۱۱/۷۴	۰/۱۷	۰/۲۱	۰/۱۳	نرمال	میزان پتاسیم ریشه (میلی مول بر گرم وزن خشک)
۰/۰۱	۵/۷۳	۰/۱۱	۰/۱۲	۰/۱	استرس	
۰/۳۱	۲۳/۹۱	۱/۳۱	۱/۹۱	۰/۷۶	نرمال	نسبت پتاسیم به سدیم اندام هوایی
۰/۰۶	۱۲/۷۵	۰/۳۵	۰/۵۴	۰/۲۷	استرس	
۰/۴۵	۲۵/۳۷	۱/۸۵	۲/۸۷	۰/۹۶	نرمال	نسبت پتاسیم به سدیم ریشه
۰/۰۸	۱۷/۷۵	۰/۴۲	۰/۵۴	۰/۲۸	استرس	
۰/۲۳	۲۲/۸۵	۱/۰۷	۱/۳۷	۰/۵۳	نرمال	نسبت جابجایی سدیم از ریشه به اندام هوایی
۰/۲۱	۸/۸۴	۱/۴۴	۱/۹	۰/۷۲	استرس	
۰/۰۸	۱۰/۲۸	۰/۷۵	۰/۹۸	۰/۵۱	نرمال	نسبت جابجایی پتاسیم از ریشه به اندام هوایی
۰/۱۳	۱۱/۰۲	۱/۲۲	۱/۵۸	۱/۰۳	استرس	

Korona جز حساس‌ترین ژنوتیپ‌ها از نظر شاخص تحمل به شوری شناخته می‌شود که در تحقیقات سایر محققین نیز این ژنوتیپ جز ژنوتیپ‌های حساس به تنش‌های زیستی شناخته شده (۵۰).

به هر حال عملکرد و تحمل به تنش‌های زیستی دو مقوله جدا از هم می‌باشند و ژنوتیپ‌هایی هستند که تحمل خوبی به تنش‌های زیستی داشته ولی عملکرد خوبی ندارند و اصولاً اصلاحگران ژنوتیپ‌هایی را به عنوان متحمل نام می‌برند که عملکردشان در شرایط تنش و نرمال تغییرات کمتری داشته باشد. اما در کنار این دسته ژنوتیپ‌های غیر متحملی می‌تواند وجود داشته باشد که پتانسیل عملکرد بالاتری نسبت به ارقام متحمل داشته و با وجود این‌که در شرایط تنش کاهش عملکرد نشان می‌دهند و نسبت کاهش عملکرد آنها بیشتر از ارقام متحمل می‌باشد ولی با این وجود باز پتانسیل عملکردشان در شرایط تنش بیشتر از عملکرد ارقام متحمل می‌باشد و آنها را می‌توان در اولویت کشت در این محیط قرار داد.

بررسی پایداری ژنوتیپ‌های مورد بررسی

الف- بررسی چندین ژنوتیپ در یک محیط:

بر اساس آنالیز مجموع کل وزن تر گیاه (اندام هوایی و ریشه) همان‌طور که مشاهده می‌شود بهترین ژنوتیپ‌ها در محیط تنش شوری به ترتیب عبارتند از Will, Vernal, Lee, Century 84, LYON, Douglas, SG13, Winchester, Crawford و Strong (شکل ۱-۳). همچنین بر اساس مجموع کل وزن خشک گیاه همان‌طور که مشاهده می‌شود (شکل ۲-۳) بهترین ژنوتیپ‌ها در محیط تنش شوری به ترتیب عبارتند از Lee, L.87-0174, Douglas, Colfax, Century 84, LYON, SG13, Vernal, Crawford.

ب- رده‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس میانگین عملکرد و پایداری

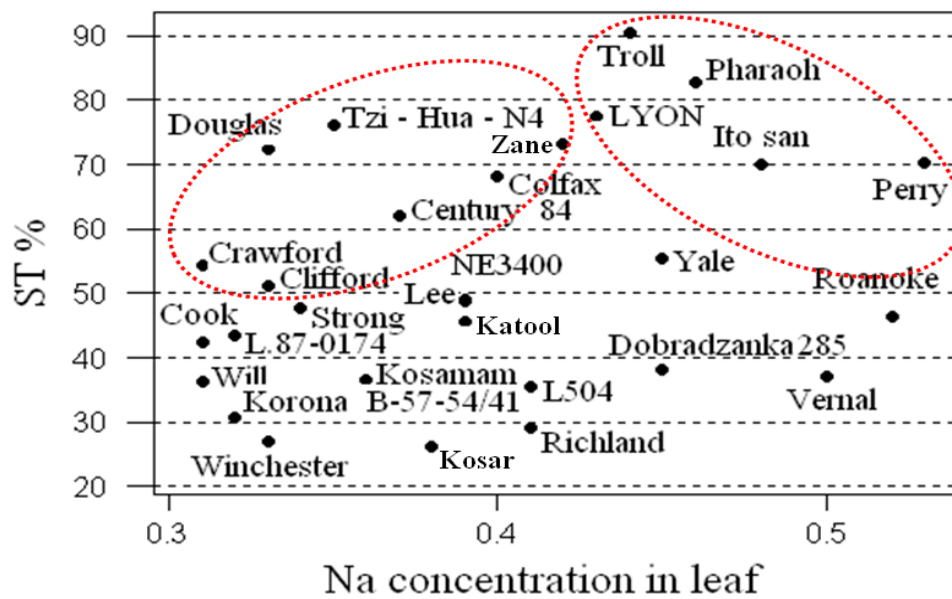
در شکل ۳-۳ با توجه به مجموع کل وزن تر گیاه رقمی را بایستی انتخاب نمود که نزدیک‌ترین فاصله را به مرکز دواپر متحدالمرکز داشته و همچنین تصویر آن روی خط سبز تقریباً صفر باشد، ژنوتیپ Winchester و ژنوتیپ SG13 به مرکز نزدیکتر هستند و بنابراین ایده‌آل‌ترین ژنوتیپ (پایدارترین با وزن تر بالاتر) می‌باشد و ژنوتیپ Lee با اینکه عملکرد تر بیشتری دارد ولی پایداری کمتری نسبت به ژنوتیپ‌های مذکور دارد. همچنین در شکل ۴-۳ بر اساس مجموع کل وزن خشک گیاه ژنوتیپ SG13 و ژنوتیپ Vernal به مرکز نزدیکتر هستند و بنابراین ایده‌آل‌ترین ژنوتیپ (پایدارترین با وزن خشک بالاتر) می‌باشد و ژنوتیپ‌های Winchester, Lee و L.87-0174 با اینکه وزن خشک بالاتری دارند ولی پایداری کمتری نسبت به ژنوتیپ‌های فوق دارند.

میزان تغییرات ارتفاع اندام هوایی نسبت به ریشه بیشتر بود. در گیاهانی مثل لوبیا، تربتی‌کاله و آفتابگردان رشد ریشه حساس‌تر از ساقه در تنش شوری می‌باشد اما در مورد سویا مشاهده شده که تغییرات اندازه اندام هوایی نسبت به شوری در مقایسه با ریشه‌ها بیشتر است و به نظر می‌رسد ریشه‌ها به شوری تحمل بیشتری نشان می‌دهند (۱۳). یکی از دلایل کاهش وزن تر و خشک اندام هوایی می‌تواند بروز تنش خشکی در گیاه باشد. شوری می‌تواند باعث ایجاد کمبود آب حتی در خاک‌های با رطوبت کافی شود که این امر به دلیل کاهش پتانسیل اسمزی در عصاره خاک و در نتیجه مشکل شدن جذب آب توسط ریشه‌ها از محیط اطراف می‌شود (۲۳). یکی از دلایل کاهش در رشد گیاه در شرایط شوری می‌تواند کاهش اسمزی آب موجود باشد که باعث افزایش مقاومت روزنه‌ها شود. کاهش در رشد گیاه به عنوان نتیجه‌ای از تنش شوری در گیاهان مختلف گزارش شده است (۴۷). شیرین و انصاری (۴۴) گزارش کردند تنش شوری با کاهش محتوی نسبی آب بافت اندام هوایی چند رقم سویا سبب کاهش معنی‌دار وزن خشک اندام هوایی آنها شد، به طوری که بین سطوح شوری و کاهش وزن اندام هوایی رابطه مثبتی مشاهده شد که این مطلب توسط محققین دیگر نیز گزارش شده است (۱).

همانند نتایج این آزمایش، مطالعه دلگادو و همکاران (۱۱) نشان داد که شوری سبب کاهش ارتفاع اندام هوایی در ارقام سویا شد. ایشان این کاهش ارتفاع بوته را ناشی از کاهش پتانسیل آب گیاه، کاهش فتوسنتز و اختلال در تولید ماده خشک دانستند.

بررسی نوع تحمل ژنوتیپ‌های مختلف

با استفاده از شاخص تحمل به شوری یا ST (نسبت وزن خشک اندام هوایی در محیط تنش تقسیم بر محیط نرمال ضربدر ۱۰۰) و میزان سدیم اندام هوایی تحت محیط تنش می‌توان بای‌پلاتی بدست آورد (شکل ۲) که از طریق آن ژنوتیپ‌های مورد بررسی را تفکیک نمود (۴۳). هرچه میزان ST بالاتر و میزان غلظت سدیم اندام هوایی پایین‌تر باشد می‌توان نتیجه گرفت که آن ژنوتیپ متحمل‌تر به شوری می‌باشد، بنابراین ژنوتیپ‌هایی مانند Douglas, Tzi - Hua - Century 84, Zane, Colfax, N4 و Crawford می‌توانند به عنوان ژنوتیپ‌های متحمل در شرایط گلخانه‌ای شناخته شوند. از طرفی اگر مقدار ST و میزان سدیم اندام هوایی هر دو بالا باشد می‌تواند نشان دهنده تحمل بافتی بهتر آن ژنوتیپ باشد، از این‌رو ژنوتیپ‌هایی مانند Pharaoh, Troll, LYON, Ito san و Perry می‌توانند دارای مکانیسم موثری برای تحمل بافتی به تنش شوری باشند و بنابراین می‌توانند منابع بالقوه‌ای برای ژن‌های جدید برای تحمل به شوری باشند. همان‌طور که مشاهده می‌شود ژنوتیپ‌هایی مانند



شکل ۲- تفکیک ژنوتیپ ها بر اساس شاخص تحمل به شوری و میزان سدیم اندام هوایی
 Figure 2. Differentiation of genotypes based on salinity tolerance index and sodium content of shoots

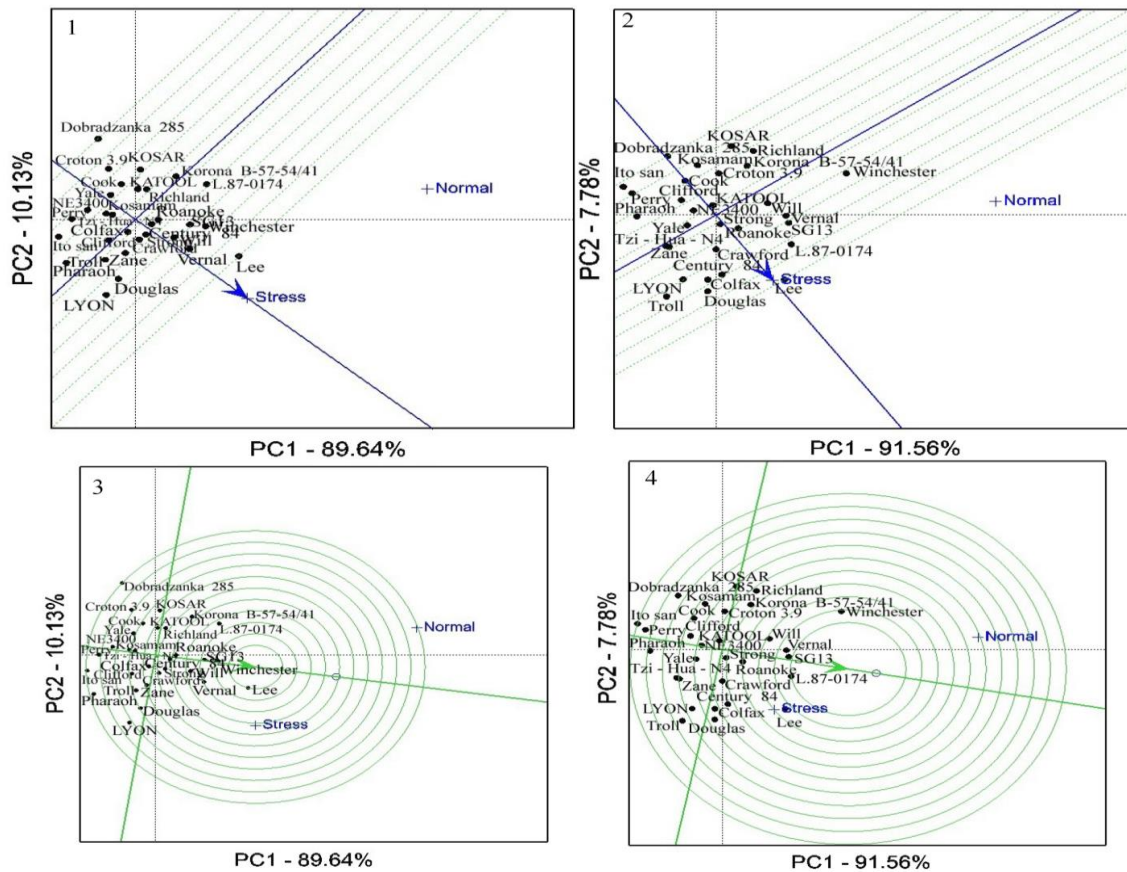
نتیجه گیری

از دیدگاه اصلاحی عملکرد به عنوان شاخصی است که در نهایت در انتخاب ارقام موثرترین صفت به شمار می رود و تحمل به تنش های زیستی به تنهایی آنقدر قابل توجه نیست. در این آزمایش وزن تر و خشک مهم ترین صفات در انتخاب ارقام بودند و ژنوتیپ های که بیشترین وزن تر و خشک را در محیط تنش داشتند به عنوان ژنوتیپ های متحمل تر به تنش شوری به شمار آمدند. به طور کلی می توان نتیجه گیری نمود که ژنوتیپ هایی مانند Will, Vernal, SG13, Lee, Century 84, LYON, Douglas, Winchester

Strong, L.87-0174 و Crawford به دلیل بالاتر بودن بیوماس تولیدی در شرایط تنش که نشان دهنده برتری ژن های آنها می باشد از جمله ژنوتیپ هایی هستند که از آنها می توان به عنوان والدین در بلوک های دورگ گیری به منظور بهبود تحمل به شوری ارقام جدید استفاده نمود.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله از موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر به خاطر تامین هزینه های این پروژه (طرح پژوهشی ۹۵۱۴۸-۰۳-۰۳) صمیمانه تشکر و قدردانی می گردد.



شکل ۳ - بررسی پایداری ژنوتیپ‌های مورد بررسی
Figure 3. Evaluation of the stability of the studied genotypes

منابع

1. Abd-Elsamad, H.M. and M.A.K. SHaddad. 1996. Salt tolerance of Soybean cultivars. *Biological Plantarium*, 39(2): 263-269.
2. Agarwal, N., A. Kumar, S. Agarwal and A. Singh. 2015. Evaluation of soybean (*Glycine max* L.) cultivars under salinity stress during early vegetative growth. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 4(2): 123-134.
3. Aini, N., S. Syekhfani, W.S.D. Yamika and A. Setiawan. 2015. Growth and physiological characteristics of soybean genotypes (*Glycine max* L.) toward salinity stress. *AGRIVITA, Journal of Agricultural Science*, 36(3): 201-209.
4. Alam, S.M., R. Ansari, S.M. Mujtaba and A. Shereen. 2001. Salinization of million of hectares of land continues to reduce crop productivity severely worldwide. In: *Saline lands and Rice: Industry & Economy*. Pakistan Economist, 17: 60-71.
5. Allen, S.G., A.K. Doberanze and P.G. Bartels. 1986. Physiological response of salt tolerant and nontolerant alfalfa to salinity during germination. *Crop Science*, 26: 1004-1008.
6. Anitha, T. and R. Usha. 2012. Effect of salinity stress on physiological, biochemical and antioxidant defense systems of high yielding cultivars of soybean. *International Journal of Pharma and Bio Sciences*, 3(4): 851-864.
7. Ashraf, M., T. McNeilly and A.D. Bradshaw. 1986. The potential for evolution of salt (NaCl) tolerance in seven grass species. *New Phytologist*, 103: 299-309.
8. Chinusamy, V., A. Jagendorf and J.K. Zhu. 2005. Understanding and improving salt tolerance in plants. *Crop Science*, (45): 437-448.
9. Cho, J.W., C.S. Kim and D.S. Jung. 2002. Effect of NaCl Stress on Inorganic Ion, L-Proline, Sugar and Starch Content of Soybean Seedlings. *Korean Journal of Crop Science*, 47(2): 75-79.
10. Cramer, G.R., G.J. Alberico and C. Schmidt. 1994. Lead expansion limits dry matter accumulation of salt-stressed maize. *Australian Journal of Plant Physiology*, 21: 663-674.

11. Delgado, M.J., F. ligero and C. Liuch. 1994. Effect of salt stress on growth and N fixation in by pea, soybean and faba bean plants. *Soil Bio and Biochemistry*, 26: 371-376.
12. Dong Lee, J., S.L.D. Smothers, M. Dunn, C.R. Villagarcia, T.E. Shumway, J. Carter and J.G. Shanon. 2008. Evaluation of simple method to screen soybean genotypes for salt tolerance. *Crop Science*, (48): 2194- 2200.
13. Essa, T.A. 2002. Effect of salinity stress on growth and nutrient composition of three soybean (*Glycine max* L.Merril) cultivars. *Agronomy and Crop science*, 188: 86-93.
14. Ferdous, J., M.A. Mannan, M.M. Haque, M.A.A. Mamun and M.S. Alam. 2018. Chlorophyll content, water relation traits and mineral ions accumulation in soybean as influenced by organic amendments under salinity stress. *Australian Journal of Crop Science*, 12(12): 1806.
15. Ghassemi-Golezani, K., M. Taifeh-Noori, S. Oustan and M. Moghaddam. 2009. Response of soybean cultivars to salinity stress. *Journal of Food, Agriculture and Environment*, 7(2): 401-404.
16. Ghassemi-Golezani, K., M. Taifeh-Noori, S. Oustan and S. Seyyed Rahmani. 2011. Physiological performance of soybean cultivars under salinity stress. *Journal of Plant Physiology and Breeding*, 1: 1-8.
17. Hamwih, A. and D. Xu. 2008. Conserved salt tolerance quantitative trait locus (QTL) in wild and cultivated soybeans. *Breeding Science*, 58(4): 355-359.
18. Hasegawa, P.H., R.A. Bressan, J.K. Zhu and H.J. Bohnert. 2000. Plant cellular and molecular responses to high salinity. *Annual review of plant physiology and plant molecular biology*, 51: 463-499.
19. Hoagland, D. and D. Arnon. 1950. The water culture method for growing plants without soil. Circular. California agricultural experiment station, 347(2nd edit).
20. Hosseini, M.K., A.A. Powell and I.J. Bingham. 2002. Comparison of the seed germination and early seedling growth of soybean in saline conditions. *Seed Science Research*, 12: 165-172.
21. Hussain, T., A. Iqbal, I. Amir and Z.A. Swati. 2013. Chlorophyll-based secreening for salinity tolerance in whea genotypes. *Journal of Agricultural and Biological Science*, 8 (8): 596-598.
22. Islam, M.S. 2001. Morpho-Physiology of blackgram and mungbean as influenced by salinity. An M. S. Thesis. Dept. of Agronomy, BSMRAU, Salna, Gazipur, 87pp.
23. Jaleel, C.A., R. Gopi, P. Manivannan and R. Panneerselvam. 2007. Antioxidative potentials as a protective mechanism in *Catharanthus roseus* (L.) G. Don. Plants under salinity stress. *Turkish Journal of Biology*, 31: 245-251.
24. Kao, W.Y., T.T. Tsai, H.C. Tsai and C.N. Shih. 2006. Response of three Glycine species to salt stress. *Environmental and Experimental Botany*, 56(1): 120-125.
25. Karim, M.A., N. Utsunomiya and S. Shigenaga. 1992. Effect of sodium chloride on germination and growth of hexaploid triticale at early seedling stage. *Japanese Journal of Crop Science*, 61(2): 279-284.
26. Khan, M.S.A., M.A. Karim, M.M. Haque, A.J.M.S. Karim and M.A.K. Mian. 2013. Screening of soybean genotypes for salt tolerance in hydroponics. *Bangladesh Agronomy Journal*, 16(1): 95-104.
27. Kristiono, A., R.D. Purwaningrahayu and A. Taufiq. 2013. Response of soybean, groundnut and mungbean crops to salinity stress. *Buletin Palawija*, 26: 45-60. [Indonesia]
28. Kumar, A. and B.K. Sharma. 1990. Specific ion effect on germination and seedling growth of wild canary grass (*Phalaris minor* (L.) Retz). *Advances in plant sciences*, 3: 321-325.
29. Lauchli, A. and J. Wieneke. 1979. Studies on growth and distribution of Na, K and Cl in soybean varieties differing in salt tolerance. *Zeitschrift für Pflanzenernährung und Bodenkunde*, 142(1): 3-13.
30. Lee, G.J., T.E. Carter, M.R. Jr, Z. Villagarcia, X. Li, M. Zhou, O. Gibbs and H.R. Boerma. 2004. A major QTL conditioning salt tolerance in S-100 soybean and descendent cultivars. *Theoretical and Applied Genetics*, 109: 1610-1619.
31. Matsushita, N. and T. Matoh. 1992. Function of the shoot base of salt tolerance reed plants from Na+ exclusion from the shoots. *Soil Science and Plant Nutrition*, 38: 565-571.
32. Muhammad, M., M.A.T. Chowdhury and I. Sarwar. 2007. Floristic condition and species distribution in Sundarban mangrove forest community, Bangladesh. *Journal of Biosciences*, 7(2): 384-388.
33. Munns, R. 2005. Genes and salt tolerance: bringing them together. *New Phytologist*, 167 (3): 645-663.
34. Ohashi, Y., H. Saneoka and K. Fujita. 2000. Effect of water stress on growth, photosynthesis, and photoassimilate translocation in soybean and tropical pasture legume siratro. *Soil Science and Plant Nutrition*, 46(2): 417-425.
35. Orcutt, M.D. and E.T. Nilsen. 2000. Salinity Stress. In: *The Physiology of plants under stress*. pp. 177-234. John Wiley and Sons, Inc. New York.
36. Pandey, U.K. and A.P. Sharma. 2002. Effect of salinity on potassium, calcium and magnesium content in rice varieties. *Indian Journal of Plant Physiology*, 73(3): 302-304 .
37. Philip, J. and R. Broadley. 2001. Chloride in soils and its uptake and movement with the plant: A review. *Annals of Botany*, 88: 967-988.
38. Purwaningrahayu, R.D. and N. Aini. 2015. Resistance level of some soybean (*Glycine max* L. Merr) genotypes toward salinity stress. *Journal of Biological Researches*, 20: 7-14.

39. Putri, P.H., G.W.A. Susanto and R. Artari. 2017. Response of soybean genotypes to salinity in germination stage. *Nusantara Bioscience*, 9(2): 133-137.
40. Rahi, A., H. Najafi Zarini, G. Ranjbar and M. Ghajar Spanlou. 2020. Evaluation of Tolerance of Some Soybean Genotypes to Drought Stress. *Journal of Crop Breeding*, 11(32): 100-115.
41. Reggiani, R., S. Bonzo and A. Bertani. 1995. The effect of salinity on early seedling growth of seeds of three wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars. *Canadian Journal of Plant Science*, 75: 175-177.
42. Sharif, M., M. Ghorbanli and H. Ebrahimzadeh. 2007. Improved growth of salinity-stressed soybean after inoculation with salt pre-treated mycorrhizal fungi. *Journal of Plant Physiology*, 164: 1144-1151.
43. Shavrukov, Y., N. Shamaya, M. Baho, J. Edwards, C. Ramsey, E. Nevo, P. Langridge and M. Tester. 2011. Salinity tolerance and Na⁺ exclusion in wheat: variability, genetics, mapping populations and QTL analysis. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 47: S85-S93.
44. Shereen, A. and R. Ansari. 2001. Salt tolerance in soybean: Effect on growth and water relationship in soybean seedling. *Pakistanian Journal of Biological Science*, 4(10): 1212-1214.
45. Sidhikki, S.A., S.G. Wagh, R.S. Sul, K.R. Pawar and S.N. Harke. 2020. Comparative Studies among Different Genotypes of Soybean (*Glycine max* L.) against Salinity Stress. *Current Journal of Applied Science and Technology*, 39(6): 91-100 .
46. Tester, M. and R. Davenport. 2003. Na tolerance and Na transport in higher plants. *Annals of Botany*, 91(5): 503-527.
47. Valencia, R., P. Chen, T. Ishibashi and M. Conatser. 2008. A rapid and effective method for screening salt tolerance in soybean. *Crop Science*, 48(5): 1773-1779.
48. Wang, J., M. Van Ginkel, D. Podlich, Y.G. Trethowan and W.R. Pfeiffer. 2003. Comparison of two breeding strategies by computer simulation. *Crop Science*, 43: 1764-1773.
49. Xu, Y.F., D.G. An, D.C. Liu, A.M. Zhang, H.X. Xu and B. Li. 2012. Mapping QTLs with epistatic effects and QTL × treatment interactions for salt tolerance at seedling stage of wheat. *Euphytica*, 186: 233-245.
50. Yahoeyan, S.H. and P. Arvin. 2019. Evaluation of Soybean (*Glycin max* L.) Genotypes under Drought Stress using Total Ranking Index (TRI). *Journal of Crop Breeding*, 10(28): 83-92.
51. Yamaguchi, T. and E. Blumwald. 2005. Developing salt-tolerant crop plants: challenges and opportunities. *Trends in plant science*, 10(12): 615-620.
52. Zhu, G.Y., J.M. Kinet and S. Lutts. 2001. Characterization of rice (*Oryza sativa* L.) F3 populations selected for salt resistance. I. Physiological behaviour during vegetative growth. *Euphytica*, 121: 251-263.

Screening of Soybean Genotypes at Seedling Stage under Salinity Stress

Bahram Masoudi¹

1- Assistant Professor and Expert, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
(Corresponding Author: bmasoudi@gmail.com)

Received: January 30, 2021 Accepted: April 16, 2021

Abstract

In order to understand the response of soybean genotypes to salinity stress, thirty soybean genotypes were evaluated in two separate experiments for normal (control, zero salinity) and salinity treatments (150 mM sodium chloride) in hydroponic culture medium containing hoagland nutrient solution with 3 replications at the greenhouse. The studied traits in this study were leaf area, shoot height, root length, fresh and dry weight of shoot and root, chlorophyll content (SPAD value), salt injury index, sodium and potassium in the shoot and root, the ratio of potassium to sodium of shoot and root, and the ratio of root to shoot Na and K ion translocation. Simple analysis of variance as well as combined analysis of lines and cultivars showed that the studied lines were significantly different from each other in terms of all studied traits at seedling stage, also, the interaction between genotype and environment was significant for most traits, indicating that the responses of cultivars and lines to salinity is different. Most of the studied traits showed a decrease compared to normal under stress conditions, except for salt injury index, sodium and potassium content in shoots, sodium content in roots, and the ratio of root to shoot Na and K ion translocation. Based on the results of statistical parameters among the studied genotypes, the highest coefficient of phenotypic diversity were related to leaf area under stress (55.3), fresh root weight under stress (45.28), root dry weight under stress (42.26) and salt injury index under stress (37.99). The lowest coefficients of phenotypic diversity were related to root length under normal conditions (11.7) and chlorophyll content under normal conditions (13.3). The stability analysis of studied genotypes showed that cultivars such as Lee, SG13, Vernal, Will, Winchester, Douglas, LYON, Century 84, Strong, L.87-0174 and Crawford are among the lines that can be used as parents in hybrid blocks to improve salinity tolerance of new cultivars.

Keywords: Biplot analysis, Hydroponics, Salinity stress, Sodium and potassium content, Soybean



"مقاله پژوهشی"

اثر غنی‌سازی گندم با استفاده از محلول‌پاشی روی و آهن بر صفات کیفی و کمی در مراحل مختلف رشدی

زهرا ابراهیمی^۱، عباس بیابانی^۲، رحمت اله محمدی^۳، حسین صبوری^۴ و علی راحمی کاریزکی^۵

- ۱- دانشجوی دکتری گروه زراعت، دانشگاه کشاورزی دانشگاه گنبد کاووس
 ۲- دانشیار گروه زراعت، دانشگاه علوم کشاورزی دانشگاه گنبد کاووس، (نویسنده مسوول: abs346@yahoo.com)
 ۳- محقق بخش تحقیقات علوم زراعی- باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان
 ۴- دانشیار گروه زراعت، دانشگاه علوم کشاورزی دانشگاه گنبد کاووس
 ۵- استادیار گروه زراعت، دانشگاه علوم کشاورزی دانشگاه گنبد کاووس
 تاریخ دریافت: ۹۹/۱۲/۱۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۲/۱۹
 صفحه: ۱۳۸ تا ۱۴۸

چکیده

عناصر روی (Zn) و آهن (Fe) از ریز مغذی‌های مهم در رشد گیاه هستند و کمبود آن در گیاهان بویژه غلات یک مشکل بزرگ تغذیه‌ای در دنیا به حساب می‌آید. به منظور مطالعه تاثیر محلول‌پاشی عناصر روی و آهن بر صفات کیفی و عملکرد دانه گندم دیم آسمان، آزمایشی در سال زراعی ۹۹-۱۳۹۸ در مرکز تحقیقات کشاورزی گنبد کاووس به صورت فاکتوریل در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در ۴ تکرار انجام شد. فاکتورهای آزمایشی شامل: محلول‌پاشی عنصر روی با غلظت دو در هزار و عنصر آهن با غلظت سه در هزار در چهار سطح (محلول‌پاشی آهن و روی و مصرف توام روی و آهن و آب خالص (شاهد) و زمان محلول‌پاشی در سه سطح (پنجه‌دهی، ساقه‌دهی و پرشدن دانه) در نظر گرفته شد. در این بررسی صفات عملکرد دانه، غلظت روی و آهن دانه و مقدار پروتئین دانه و میزان رنگیزه‌های فتوسنتزی برگ مورد مطالعه قرار گرفت. نتایج نشان داد که محلول‌پاشی اثر معنی‌داری بر صفات مورد ارزیابی به استثناء نسبت کلروفیل a/b داشت. همچنین زمان محلول‌پاشی نیز تفاوت معنی‌داری بر صفات پروتئین دانه، غلظت آهن و روی دانه، میزان کلروفیل a و کاروتنوئید داشت. تیمارهای محلول‌پاشی (روی، آهن و توام روی و آهن) سبب افزایش معنی‌دار غلظت روی و آهن در دانه و پروتئین دانه و عملکرد دانه در مقایسه با تیمار شاهد شدند. به‌طور کلی محلول‌پاشی روی و آهن به ترتیب سبب افزایش غلظت روی (۳۹/۸۵ درصد) و غلظت آهن (۸۹/۴۳ درصد) دانه نسبت به شرایط شاهد گردید، و بیشترین و کمترین پروتئین دانه به ترتیب با ۱۱/۴۵ درصد و ۷/۸۷ درصد مربوط به تیمار توام روی و آهن و شاهد بود. محلول‌پاشی توام روی و آهن منجر به افزایش ۴۲/۴۸ درصدی عملکرد دانه در مقایسه با شاهد گردید. اثر متقابل تیمارهای محلول‌پاشی × زمان محلول‌پاشی نشان داد که بیشترین مقدار عملکرد دانه با کاربرد تیمار هم‌زمان روی و آهن در مراحل پرشدن دانه و ساقه‌دهی به ترتیب با میانگین‌های ۸۱۲۵ و ۸۱۶۰۰ کیلوگرم در هکتار بدست آمد. در مجموع می‌توان چنین استنباط نمود که کاربرد روی و آهن سبب افزایش غلظت عناصر غذایی و عملکرد دانه گندم دیم در شرایط اقلیمی منطقه گردید.

واژه‌های کلیدی: آهن، روی، کلروفیل، گندم، محلول‌پاشی

مقدمه

به‌ویژه گندم و برنج در آسیا و ذرت و سورگوم در آفریقا می‌باشد. بنابراین کیفیت پایین محصولات کشاورزی، عامل اصلی کمبودهای عناصر ریزمغذی در انسان به‌ویژه در کشورهای در حال توسعه است (۲۴،۷). در بین عناصر ریزمغذی کمبود روی و آهن در بین گیاهان و انسان و دام شایع‌تر از بقیه است (۱۱،۹). کمبود روی به عنوان پنجمین رتبه عامل بیماری و مرگ و میر در کشورهای در حال توسعه می‌باشد (۲۵). بیشتر از ۲۰ درصد مرگ و میر کودکان زیر ۵ سال در دنیا به کمبود آهن و روی نسبت داده می‌شود (۴۶). خاک‌های بسیاری از نواحی کشور ما آهنی بوده و دارای اسیدیته بالا و ماده آلی کمی است و بروز کمبود آهن و روی در آن‌ها بسیار محتمل است (۳۴). گندم‌های رشد کرده در خاک‌های فقیر از نظر عناصر روی و آهن، عملکرد دانه کمی تولید کرده و غلظت روی و آهن اندکی در دانه دارند (۳۵). اگر چه اصلاح جیره غذایی و تنوع آن، پایدارترین رویه است، اما ایجاد تغییر و بهبود جیره غذایی کار مشکلی است و غذاهایی که آهن و روی قابل دسترس زیادی از لحاظ زیستی (نظیر گوشت) فراهم می‌کنند، گران هستند. غنی‌سازی زیستی زراعی، به‌عنوان کاربرد کودهای ریزمغذی به صورت خاکی یا

گندم (*Triticum aestivum* L.) با بیشترین سطح زیر کشت مهم‌ترین محصول غذایی دنیا بوده که در تغذیه انسان از ارزش غذایی بالایی برخوردار است (۳۱،۴). سطح زیرکشت، تولید و عملکرد جهانی گندم بر اساس آمار فائو در سال ۲۰۱۹ به ترتیب حدود ۲۱۵۹۰۱۹۵۸ هکتار، ۷۶۵۷۶۹۶۳۵ تن و ۳۵۴۶/۸ کیلوگرم در هکتار است. همچنین سطح زیرکشت، تولید و عملکرد گندم در ایران بر اساس آمار فائو در سال ۲۰۱۹ به ترتیب ۸۰۳۵۹۳۷ هکتار، ۱۶۸۰۰۰۰۰ تن و ۲۰۹/۶ کیلوگرم در هکتار است (۱۲). تلاش‌های پیشین در تولیدات کشاورزی در درجه اول بر افزایش عملکرد گیاهان زراعی معطوف بود؛ اما مشخص گردید که استفاده مکرر از ارقام زراعی پر محصول و با کیفیت پائین همراه شدن با کاهش غلظت عناصر کم مصرف در دانه، مشکل تهدید کننده جدیدی بر امنیت غذایی است. هدف نهایی کشاورزی مدرن تولید غذاهای مغذی به میزان کافی و پایدار است (۱۴،۴۹). در کشورهای در حال توسعه سوءتغذیه ناشی از عناصر غذایی در انسان ناشی از کمبود عناصر ریزمغذی در غذاهای اصلی

درصدی عملکرد و افزایش ۳۲/۴ درصدی مقدار آهن دانه نسبت به شاهد شد.

محلول پاشی آهن در ساخته شدن رنگیزه‌های فتوستتزی در گیاهان اثر می‌گذارد و این امر دلیلی بر بهتر شدن رشد گیاه خواهد بود (۴۸،۱۴). گزارش‌ها نشان‌دهنده اثر آهن به تنهایی یا همراه با دیگر عناصر ریزمغذی در محتوای کلروفیل، فتوستتزی و فاکتورهای عملکرد در گیاه گندم می‌باشند (۳۹،۱۵،۵).

افزایش غلظت آهن و روی، امری ضروری در بهبود سلامت غذایی است. با توجه به اهمیت گندم و زراعت دیم آن و به دلیل کمبود میزان آهن و روی در بیشتر نقاط کشور، در این پژوهش اثر محلول پاشی آهن و روی در مراحل مختلف رشدی گندم مورد بررسی قرار گرفته است.

مواد و روش‌ها

به منظور ارزیابی تاثیر محلول پاشی عناصر ریزمغذی روی و آهن بر غلظت عناصر روی و آهن در دانه و تعیین بهترین زمان محلول پاشی بر روی رقم جدید گندم دیم آسمان، آزمایشی به صورت فاکتوریل در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۴ تکرار در مرکز تحقیقات کشاورزی گنبد (استان گلستان) در سال زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۹ انجام گردید. ارتفاع از سطح دریا ۴۵ متر و عرض جغرافیایی ۳۷ درجه و ۱۶ دقیقه شمالی، طول جغرافیایی ۵۵ درجه و ۱۲ دقیقه شرقی و براساس آمار هواشناسی بلندمدت گنبد، متوسط بارش حدود ۴۵۰ میلی‌متر است. عامل محلول پاشی عناصر در چهار سطح شامل: عدم مصرف ریزمغذی (محلول پاشی با آب خالص)، محلول پاشی روی (Zn EDTA) و آهن (Fe EDDHA) و کاربرد توام آهن و روی و عامل بعدی زمان محلول پاشی در سه سطح شامل محلول پاشی در مرحله پنجه‌دهی، ساقه‌رفتن و در مرحله پرشدن دانه اجرا گردید. محلول پاشی عنصر روی با غلظت ۲ در هزار و عنصر آهن با غلظت ۳ در هزار از منابع ذکر شده در هر مرحله رشدی ذکر شده مصرف شد.

برای تعیین خصوصیات فیزیکی و شیمیایی خاک، نمونه برداری از عمق ۳۰-۰ سانتی‌متری خاک محل آزمایش انجام شد و نتایج آزمون خاک در جدول یک ارائه شده است. همچنین آمار هواشناسی بلندمدت و کوتاه‌مدت، منطقه مورد آزمایش در نمودار ۱ و ۲ ارائه گردیده است.

هر کرت شامل ۶ خط کاشت به طول چهارمتر و فاصله خطوط کاشت ۲۰ سانتی‌متر بود. کاشت به صورت دستی صورت گرفت. خاک قطعه مورد نظر برای انجام کاشت براساس آزمایش خاک صورت گرفته از لحاظ ریزمغذی آهن ppm ۲/۵ و روی ppm ۰/۵ در حد بحرانی قرار داشت. عملیات تهیه بستر با شخم پاییزه و در رطوبت مناسب خاک با دو دیسک عمود بر هم، انجام گردید. براساس تجزیه خاک ۱۰۰ کیلوگرم فسفات به‌صورت سوپرفسفات‌تریپل قبل از کاشت به خاک اضافه گردید و ۲۰۰ کیلوگرم کود نیتروژن به صورت اوره که یک سوم کود نیتروژن مورد نیاز در هنگام کاشت همراه با بذر در خاک قرار داده شد و مابقی کود

محلول پاشی برای افزایش غلظت‌های آن‌ها در دانه شناخته می‌شود که رویه‌ای انعطاف‌پذیر بوده و می‌تواند برای تمامی ارقام و گونه‌های زراعی استفاده شود. بنابراین، محلول پاشی روی و آهن، یکی از استراتژی‌های مهم کشاورزی جهت تامین روی و آهن مورد نیاز گیاهان است (۱۵،۱۱،۸).

عنصر روی در ساخته شدن برخی اسیدهای آمینه، فرایند فتوستتزی، در راه‌اندازی برخی از آنزیم‌های مسیر بیوستتزی کلروفیل و نیز برخی از آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان در مسیر حفاظت از تخریب کلروفیل توسط رادیکال‌های آزاد فعال اکسیژن نقش اساسی دارد (۲۹،۱۰). پژوهشگران در آزمایش‌های خود به این نتیجه رسیدند که محلول پاشی روی باعث افزایش عملکرد دانه در زراعت گندم دیم و آبی می‌شود که به دلیل تاثیر عنصر روی بر کاهش گونه‌های اکسیژن آزاد و افزایش رنگدانه‌های فتوستتزی می‌باشد که این امر سبب افزایش تولید ماده خشک و عملکرد می‌گردد (۲۷،۱۴،۸). محققان دیگر بر این نکته تاکید دارند که کاربرد روی موجب افزایش عنصر روی در اندام هوایی و دانه و آرد گندم می‌گردد (۳۸،۳۶). عبدلی و اسفندیاری (۱) گزارش کردند که محلول پاشی روی باعث افزایش محتوای عنصر روی دانه در زمان پر کردن دانه گردید.

عنصر آهن از عناصر ضروری برای رشد سلول‌های گیاهی، توسعه سلول‌های مختلف مربوط به فتوستتزی، تنفس، بیوستتزی هورمون‌ها و عوامل کاهش‌دهنده در فرایندهای اصلی مربوط به سوخت و ساز گیاه نقش دارد (۱۶). فرم‌های مختلف کلانه و غیرآلی از کودهای حاوی آهن از جمله $Feso_4$, FeEDTA, FeDTPA, FeEDDHA, FeIDHA وجود دارند که برای اصلاح کلروز ناشی از کمبود آهن در گیاهان زراعی کاربرد دارند. مشاهدات یک آزمایش نشان داد که محلول پاشی آهن و روی در گندم به تنهایی و یا در ترکیب با کاربرد خاکی باعث افزایش عملکرد اقتصادی و مقدار آهن و روی و محتوی پروتئین دانه گردید (۱۵). سلیسیور (۴۳) با بررسی اثرات مصرف آهن و روی در خصوصیات کمی و کیفی گندم نتیجه گرفت که با مصرف توام آهن و روی غلظت روی دانه از ۲۷/۸ به ۳۸/۸ میلی‌گرم در کیلوگرم افزایش می‌یابد و بالاترین درصد پروتئین دانه در تیمار توام آهن و روی به میزان ۱۲/۴ درصد گزارش کرد. پژوهشگران بر این باور هستند که به کار بردن آهن و روی به صورت توام زمانی تاثیر خواهد داشت که مقدار آهن به کار رفته بیشتر از مقدار روی باشد. در غیر این‌صورت عنصر روی مانع از جذب آهن شده و در نتیجه اثر منفی بر غلظت آهن دانه و عملکرد دانه خواهد داشت (۴۱). در طی یک بررسی با کاربرد محلول پاشی کلالت آهن با غلظت ۳ در هزار در گندم، تعداد پنجه‌های غیر بارور کاهش یافت. محلول پاشی عناصر غذایی به‌ویژه عناصر ریزمغذی مانند آهن رقابت را کاهش می‌دهد و اثر قابل توجهی در بالا بردن عملکرد خواهد داشت (۴۸). نظران و همکاران (۳۷) در بررسی اثر زمان محلول پاشی آهن بر خصوصیات کمی و کیفی گندم ملاحظه کردند که محلول پاشی آهن در مرحله ساقه‌دهی سبب افزایش ۹۹

نتایج و بحث

با توجه به نتایج بدست آمده از تجزیه واریانس اثرات تیمار محلول‌پاشی عناصر ریزمغذی روی و آهن بر صفات، غلظت روی و آهن و درصد پروتئین در دانه، عملکرد دانه و رنگیزه‌های فتوسنتزی بجز نسبت کلروفیل a به b در سطح احتمال یک درصد اختلاف معنی‌داری وجود داشت. همچنین اثر زمان محلول‌پاشی بر روی صفات غلظت روی دانه و درصد پروتئین دانه و کلروفیل a در سطح احتمال یک درصد و غلظت آهن دانه و کاروتنوئید در سطح احتمال ۵ درصد تفاوت معنی‌داری نشان داد. اما از نظر عملکرد دانه و کلروفیل b و کلروفیل کل و نسبت کلروفیل a به b از لحاظ زمان محلول‌پاشی تفاوت معنی‌داری ملاحظه نگردید. همچنین اثرات برهمکنش تیمار محلول‌پاشی × زمان محلول‌پاشی برای تمام صفات کیفی (غلظت روی، آهن و درصد پروتئین دانه) و صفت عملکرد دانه و کلروفیل a و کلروفیل کل و کاروتنوئید در سطح احتمال یک درصد و کلروفیل b در سطح احتمال ۵ درصد اختلاف معنی‌داری وجود داشت (جدول ۲).

عملکرد دانه

مقایسه میانگین عملکرد دانه در اثر تیمارهای محلول‌پاشی بر روی رقم گندم مورد مطالعه نشان داد که بالاترین میزان عملکرد دانه مربوط به تیمار محلول‌پاشی توام روی و آهن با میانگین ۸۲۷۵ کیلوگرم در هکتار و کم‌ترین عملکرد دانه مربوط به تیمار شاهد (آب خالص) با میانگین ۵۸۰۸ کیلوگرم در هکتار است (جدول ۳). محلول‌پاشی همزمان روی + آهن باعث افزایش ۴۲/۴۸ درصد و همچنین محلول‌پاشی آهن و روی به صورت منفرد به ترتیب ۲۱/۳۸ و ۱۱/۴۸ درصد افزایش عملکرد دانه نسبت به شاهد نشان داد (جدول ۳). نتایج این تحقیق با یافته‌های جلال و همکاران (۲۰) که در محلول‌پاشی روی و آهن در گندم بالاترین عملکرد دانه ملاحظه گردید، مطابقت دارد.

مقایسه میانگین برهم‌کنش تیمارهای محلول‌پاشی × زمان محلول‌پاشی بر عملکرد دانه گندم نشان داد که محلول‌پاشی توام روی و آهن در مراحل فنولوژیکی پر شدن دانه و ساقه‌دهی با متوسط ۸۶۲۵ و ۸۶۰۰ کیلوگرم در هکتار به ترتیب در مقایسه با تیمارهای دیگر دارای بالاترین میزان عملکرد دانه بودند (جدول ۵). در این پژوهش میزان عملکرد دانه نسبت به شرایط شاهد ۴۲/۴۸ درصد افزایش یافت، که نشان‌دهنده بهبود ظرفیت مخزن در اثر کاربرد عناصر ریزمغذی روی و آهن در مراحل پر شدن دانه کردن و ساقه‌دهی است. که سبب افزایش توان فتوسنتزی و در نهایت عملکرد دانه شده است (۱). این موضوع با نتایج محققین متعددی در گندم مطابقت داشت (۳۹، ۴۰). نتایج یک بررسی دیگر نشان داد که محلول‌پاشی آهن و روی در گندم به تنهایی و یا در ترکیب با کاربرد خاکی باعث افزایش عملکرد اقتصادی، مقدار آهن و روی و محتوای پروتئین دانه گردید (۴۰). به علاوه در پژوهش دیگری نیز، محلول‌پاشی توام آهن و روی با غلظت ۳ در هزار موجب افزایش رنگیزه‌های فتوسنتزی و در نهایت سبب افزایش عملکرد دانه گندم در زمان دانه‌بندی گردید (۴۴). در حالی‌که نتایج آزمایشی که

نیترژن در مرحله شروع پنجه‌زنی و شروع طویل شدن ساقه به صورت سرک به گیاه داده شد.

کاشت به صورت دیم در ۲۰ آذر انجام شد. محلول‌پاشی تیمارهای مورد نظر در سه مرحله شامل پنجه‌دهی، ساقه رفتن و پر شدن دانه و جهت جلوگیری از سوختگی برگ‌ها، صبح زود انجام گردید. صفات اندازه‌گیری شده شامل غلظت روی و آهن، پروتئین دانه، عملکرد دانه، مقدار کلروفیل a، کلروفیل b، کلروفیل کل، نسبت کلروفیل a به کلروفیل b و کاروتنوئید برگ بود.

اندازه‌گیری مقدار رنگدانه‌های فتوسنتزی

یک هفته پس از اعمال کلیه تیمارها کلروفیل a، کلروفیل b، کلروفیل کل و کاروتنوئید به روش آرنون اندازه‌گیری گردید. مقدار ۱۰۰ میلی‌گرم وزن تر برگ را در داخل هاون چینی با ۱۰ میلی‌لیتر استون ۸۰ درصد ساییده شد. سپس عصاره حاصل به لوله‌های سانتریفیوژ انتقال داده شد و لوله‌ها به مدت ۱۰ دقیقه با سرعت شش هزار دور در دقیقه سانتریفیوژ شدند. محلول فوقانی به بالن ژوژه ۲۵ میلی‌لیتری منتقل شد و حجم آن توسط استون ۸۰ درصد به ۲۵ میلی‌لیتر رسید. مقدار جذب محلول‌ها با دستگاه اسپکتروفتومتر در طول موج‌های ۴۷۰، ۶۴۵ و ۶۶۳ نانومتر قرائت شد. نسبت کلروفیل a به b با تقسیم میزان کلروفیل a بر میزان کلروفیل b محاسبه شد (۳).

اندازه‌گیری صفات کیفی

غلظت روی و آهن در بذر

جهت اندازه‌گیری غلظت روی و آهن دانه، مقدار یک گرم از نمونه‌های بذور آسیاب شده در دمای ۵۵۰ درجه سانتی‌گراد در کوره الکتریکی خاکستر و در اسیدکلریدریک دو مولار حل و به حجم ۵۰ میلی‌لیتر رسانده شد و غلظت روی و آهن به وسیله دستگاه جذب اتمی اندازه‌گیری شد (۲۸، ۳۱).

پروتئین دانه

برای اندازه‌گیری میزان پروتئین دانه با روش کج‌لدال مقدار نیترژن دانه برای هر تیمار بدست آمد و با روش تیتراسیون، درصد نیترژن نمونه مورد نظر اندازه‌گیری شد.

$$100 \times \frac{\text{عدد حاصل از تیتراسیون} \times 0.0014}{\text{وزن نمونه (گرم)}} = \text{درصد نیترژن}$$

بعد از بدست آوردن مقدار نیترژن درصد پروتئین با استفاده از فرمول زیر اندازه‌گیری شد (۱۶).

$$6/25 \times \text{میزان نیترژن} = \text{درصد پروتئین}$$

عملکرد دانه

برای تعیین عملکرد دانه در زمان رسیدگی کامل، خطوط اول و ششم هر کرت به عنوان خطوط حاشیه در نظر گرفته شدند. خطوط چهارم و پنجم جهت برداشت نهایی و محاسبه عملکرد در نظر گرفته شدند.

تجزیه و تحلیل داده‌ها، با استفاده از نرم‌افزارهای EXCELL، MSTATC و SAS و مقایسه میانگین‌ها از روش حداقل اختلاف معنی‌دار (LSD) در سطح احتمال ۵ درصد انجام گرفت.

روی (تا ۸۳ درصد) گندم به میزان قابل توجهی نسبت به محلول پاشی بیشترین واکنش را نشان داد (۳۱). همچنین در یک آزمایش دیگر، محلول پاشی روی و آهن منجر افزایش غلظت روی در دانه گندم شد (۲۱، ۲۰). به علاوه سلیسپور (۴۳) بیان کرد که با مصرف توام آهن و روی غلظت روی دانه از ۲۷/۸ به ۳۸/۸ میلی گرم در کیلوگرم افزایش یافت، که نتایج این محققین با نتایج حاضر مطابقت دارد. محققان بیان می کنند ارتباط متقابل آوند چوب و آوند آبکش می تواند در انتقال عنصر روی جذب شده به دانه های در حال رسیدگی موثر باشد. در این حال تبادل یون ها میان آوند چوب و آبکش در گل آذین می تواند سبب افزایش عنصر روی جذب شده در دانه ها شود (۳۳).

غلظت آهن در دانه

مقایسه میانگین تیمارهای محلول پاشی نشان داد که میزان آهن دانه از ۷۹/۴۶ پی پی ام در تیمار شاهد به ۱۵۰/۵۲ پی پی ام در تیمار محلول پاشی آهن افزایش یافت (جدول ۳) که تیمار شاهد نسبت به تیمار محلول پاشی آهن ۸۹/۴۳ درصد کاهش نشان داد. همچنین از لحاظ مقایسه میانگین زمان محلول پاشی از نظر محتوی آهن در دانه بالاترین مقادیر با میانگین ۱۳۷/۳۶ پی پی ام در مرحله ساقه دهی ملاحظه گردید (جدول ۴). با توجه به نقش عنصر آهن در تشکیل کلروفیل و فرآیندهای فتوسنتزی، نتایج این آزمایش در تیمار محلول پاشی با آهن دور از انتظار نیست. همچنین برهم کنش محلول پاشی عناصر آهن × زمان محلول پاشی نشان داد که از بین تیمارهای محلول پاشی، محلول پاشی آهن در مرحله فنولوژیکی ساقه دهی با میانگین ۱۶۹/۶۹ پی پی ام رتبه اول و تیمار توام روی + آهن در مرحله پر شدن دانه (رسیدگی در مرحله شیری) با میانگین ۱۶۴/۶۹ پی پی ام در رتبه دوم قرار گرفتند (جدول ۵). در طی آزمایش مشابهی اثر زمان محلول پاشی آهن بر خصوصیات کمی و کیفی گندم این نتایج مشاهده شد که محلول پاشی آهن در مرحله ساقه دهی سبب افزایش ۹۹ درصدی عملکرد و افزایش ۳۲/۴ درصدی مقدار آهن دانه نسبت به شاهد گردیده است (۳۷). به علاوه در تحقیق دیگری، محلول پاشی آهن و روی سبب افزایش غلظت آهن در دانه در مرحله ساقه دهی و رسیدگی در مرحله شیری گردید (۲). در مطالعه ای دیگر مشاهده شد که محلول پاشی با آهن چه در زمان قبل از گلدهی و چه بعد از گلدهی باعث افزایش غلظت آهن دانه نسبت به شاهد شد (۴۵). بر اساس نتایج آزمایشی که توسط سدری و ملکوتی (۴۰) انجام شد، نیز مصرف روی و آهن علاوه بر افزایش ۲۰ درصدی عملکرد دانه موجب افزایش غلظت عناصر ریزمغذی آهن، روی در دانه و کلش گندم و نیز افزایش درصد پروتئین دانه شد که با نتایج حاضر مطابقت دارد. کمبود آهن در خاک باعث کاهش عملکرد و کیفیت دانه گندم و در نتیجه کمبود آهن در تغذیه انسان می گردد (۴۵).

درصد پروتئین

از نظر آماری بین تیمارهای محلول پاشی و شاهد اختلاف معنی داری در سطح احتمال یک درصد مشاهده شد. مقایسه میانگین درصد پروتئین نشان داد که در صورت محلول پاشی

توسط مرادی تلاوت و همکاران (۳۳) انجام شد، محلول پاشی روی در گلرنگ تفاوت معنی داری بین مراحل مختلف فنولوژیکی (زمان های ساقه دهی - گلدهی - پر شدن دانه) از نظر عملکرد دانه مشاهده نشد. عملکرد دانه صفت کمی پیچیده ای است که تا حد زیادی تحت تاثیر حاصلخیزی خاک، نور، دما و شرایط تغذیه ای و بسیاری از عوامل محیطی قرار می گیرد (۳۰). بنابراین با توجه به نتایج بالا، میانگین عملکرد کرت های محلول پاشی روی و آهن نشان می دهد که مصرف توام آهن و روی قابلیت دسترسی مواد غذایی را برای گیاه و رشد مناسب و افزایش عملکرد دانه را فراهم می کند که تاکید بر تغذیه متعادل گیاه در مراحل ساقه دهی و پر شدن دانه است.

عناصر ریزمغذی

غلظت روی در دانه

با توجه به جدول مقایسه میانگین ۳، بین تیمارهای محلول پاشی عناصر مورد بررسی از نظر میزان غلظت روی در دانه، تیمار محلول پاشی روی با میانگین ۲۶/۲۵ پی پی ام بالاترین غلظت دانه را به خود اختصاص داد، که نسبت به شرایط شاهد (آب خالص) ۳۹/۸۵ درصد افزایش نشان داد. همچنین بهترین زمان محلول پاشی از نظر غلظت روی در دانه مرحله فنولوژیکی پر شدن دانه با میانگین ۲۳/۸۵ پی پی ام تشخیص داده شد (جدول ۴) که ناشی از تامین روی مورد نیاز دانه در مرحله پر کردن دانه می باشد که با گزارش عبدلی و اسفندیاری (۱) که افزایش محتوای روی دانه با محلول پاشی روی در زمان پر کردن دانه شد مطابقت دارد. محققین دیگری بیان کردند که محلول پاشی روی باعث بهبود عملکرد دانه و غلظت روی دانه و آرد گندم می شود (۳۸، ۳۶، ۲۶). در یک آزمایش مزرعه ای نیز محلول پاشی عناصر ریزمغذی آهن، روی در ترکیب با اوره یک درصد در گندم باعث افزایش غلظت روی و آهن دانه در مقایسه با تیمار شاهد گردید (۴۷، ۲۶).

اثر برهم کنش تیمارهای محلول پاشی × زمان محلول پاشی نیز نشان داد که بالاترین مقدار روی در دانه مربوط به مصرف روی در مرحله پر شدن دانه و مصرف همزمان روی + آهن در مرحله پر شدن دانه به ترتیب با متوسط ۳۱/۰۴ و ۲۵/۰۱ پی پی ام ملاحظه گردید. به نظر می رسد که محلول پاشی روی در هر دو مرحله رشد گیاهی قابلیت این را دارد که محتوای عنصر روی در دانه را افزایش دهد. این موضوع را می توان به ارتباطات بین آوند چوب و آبکش در گل آذین گیاه و تبادل مناسب عناصر بین آن ها مربوط دانست که قبلاً در آزمایش روی گندم توسط ژیانک و همکاران (۲۲) نیز گزارش شده است. هر چند بررسی تفاوت محلول پاشی روی در مراحل مختلف رشد به آزمایش های دیگری نیاز دارد. در یک تحقیق و بررسی در طی ۷ سال در ۱۲ کشور مختلف روی گندم، برنج و ذرت با کاربرد چندین کود خاکی و محلول پاشی عنصر روی، نتایج نشان داد که کاربرد روی در خاک در زمان کاشت تاثیر کمی بر روی غلظت روی در دانه در شرایط مزرعه ای داشت، اما محلول پاشی روی در بهبود غلظت روی دانه بسیار موثر است، در میان غلات مورد مطالعه با توجه به افزایش غلظت

محلول‌پاشی نشان داد که مصرف توام روی و آهن در مرحله ساقدهی با متوسط ۰/۸۹۲ میلی‌گرم در گرم وزن تر برگ بیشترین مقدار غلظت کلروفیل a را نسبت به دیگر تیمارهای آزمایشی برخوردار بود (جدول ۵) و کمترین مقدار با متوسط ۰/۵۱۶ مربوط به تیمار شاهد در زمان پنجه‌دهی ملاحظه گردید. از مهم‌ترین دلایل کاهش کلروفیل در شرایط شاهد بدلیل تخریب آن‌ها به وسیله گونه‌های اکسیژن فعال و ممانعت از بیوسنتز کلروفیل است که تحت شرایط دیم (تنش) و کمبود ریزمغذی‌های خاک است. زیرا محتوی کلروفیل یکی از مهم‌ترین عواملی است که ظرفیت فتوسنتزی را تحت تاثیر قرار می‌دهد و کاهش و یا بدون تغییر ماندن محتوای کلروفیل گیاه تحت شرایط تنش خشکی و کمبود عناصر غذایی در گونه‌های مختلف گیاهی مشاهده می‌شود (۱۹،۱۴). در شرایطی که کمبود آهن و روی در خاک کمتر از حد بهینه باشد، مقدار کلروفیل کاهش می‌یابد. بنابراین بهبود شرایط تغذیه ای با کاربرد کلات آهن و روی می‌تواند باعث افزایش غلظت کلروفیل‌های a, b و افزایش فتوسنتز شده که این امر موجب تولید عملکرد بیشتر در گندم می‌گردد. این موضوع با نتایج مرادی تلاوت و همکاران (۳۳) مطابقت داشت.

کلروفیل کل

مقدار کلروفیل کل به‌طور معنی‌داری تحت تاثیر تیمارهای محلول‌پاشی قرار گرفت اما از نظر تیمار زمان محلول‌پاشی اختلاف معنی‌داری مشاهده نگردید (جدول ۳ و ۴). نتایج حاصل از اندازه‌گیری مقدار کلروفیل کل نشان داد بیشترین مقدار کلروفیل کل از محلول‌پاشی توام روی + آهن بدست آمد، که نسبت به تیمار شاهد ۴۰ درصد افزایش نشان داد. همچنین از لحاظ مراحل فنولوژیکی مختلف بیشترین کلروفیل کل در مرحله ساقدهی با میانگین ۰/۹۷۸ میلی‌گرم در گرم وزن تر برگ ملاحظه گردید، نتایج آزمایش با نتایج آزمایش غفاری و رزمجو (۱۴) در گندم که محلول‌پاشی روی و آهن موجب افزایش محتوای کلروفیل کل در گیاهان است، مطابقت دارد. که این نتایج را می‌توان با نقش عناصر آهن و روی در تشکیل کلروفیل‌ها، فتوسنتز، متابولیسم نیتروژن، سیستم آنزیمی و ساختار کلروپلاست بسیار مهم است، مرتبط دانست. چنین به‌نظر می‌رسد زمانی که گیاه در مراحل رشد رویشی و یا زایشی خود باشد، محلول‌پاشی عناصری از قبیل روی و آهن می‌تواند موجب افزایش کلروفیل شود.

کاروتنوئید

مقایسه میانگین تیمارهای محلول‌پاشی نشان داد که مقدار کاروتنوئید برگ افزایش یافت و بیشترین مقدار مربوط به تیمار توام روی و آهن بود. تیمارهای محلول‌پاشی با تیمار شاهد (آب خالص) تفاوت معنی‌داری داشتند. به‌طوری‌که مصرف توام روی + آهن در مقایسه با تیمار شاهد ۱۲ درصد افزایش نشان داد. بیشترین مقدار در مرحله فنولوژیکی ساقدهی با میانگین ۰/۴۷۹ میلی‌گرم در گرم وزن تر برگ ملاحظه گردید. بورنگ و همکاران (۶) در بررسی محلول‌پاشی روی و آهن بر خصوصیات بیوشیمیایی گندم بیان کردند که محلول‌پاشی توام روی و آهن در مرحله ساقدهی موجب افزایش میانگین صفات کلروفیل a و کلروفیل b و کاروتنوئید

توام روی و آهن میزان پروتئین دانه از ۷/۸۷ درصد به ۱۱/۴۵ درصد افزایش یافت (جدول ۳). محلول‌پاشی عناصر آهن و روی سبب بهبود وضعیت ازت گیاه و سبب افزایش درصد پروتئین ناشی از افزایش نیترات در گیاه می‌گردد. نیترات بر فعالیت‌های پروتئین‌های حمل‌کننده ترکیبات نیتروژن‌دار تاثیر می‌گذارد که باعث حفظ جذب از ریشه و انتقال روی در اندام هوایی همچنین سبب فراوانی ناقل آهن و انتقال آهن به دانه می‌شود (۲).

اثرات برهم‌کنش محلول‌پاشی عناصر \times زمان محلول‌پاشی نشان داد که بالاترین درصد پروتئین مربوط به تیمار محلول‌پاشی آهن و تیمار توام روی و آهن در زمان ساقدهی به ترتیب با ۱۲/۸۹ و ۱۲/۷۳ درصد بدست آمد (جدول ۵). افزایش درصد پروتئین که به علت افزایش ازت دانه می‌باشد به‌واسطه مصرف عناصر ریزمغذی از جمله آهن و روی افزایش یافته است. محققین به تاثیر مثبت عنصر روی و آهن بر افزایش درصد پروتئین در دانه و کیفیت آرد گندم پی‌برده‌اند (۵۰،۹) و دلیل آن این است که آهن در ساختار پروتئین‌های نظیر هموگلوبین و آنزیم‌های کاتالاز و پراکسیداز و همچنین در فرآیندهای وابسته به نور در فتوسنتز تاثیر اساسی دارد (۵). به علاوه روی به عنوان یک عنصر ساختمانی در RNA پلی‌مراز در سنتز پروتئین‌ها نقش دارد. در گیاهان با کمبود روی میزان تجزیه و تخریب RNA شدت می‌یابد در نتیجه سنتز پروتئین به شدت کاهش می‌یابد (۱۸). سلیسیور (۴۳) با بررسی اثرات مصرف آهن و روی در خصوصیات کمی و کیفی گندم نتیجه گرفتند که درصد پروتئین دانه تحت تاثیر تیمارهای کودی قرار می‌گیرد و بالاترین درصد پروتئین دانه در تیمار توام آهن و روی به میزان ۱۲/۴ درصد گزارش کرد. که با نتایج این تحقیق مطابقت دارد. با توجه به نتایج بالا محلول‌پاشی در مرحله ساقه‌رفتن به دلیل این‌که در این زمان مصرف عناصر غذایی بالاست و به‌خاطر در دسترس بودن عناصر روی و آهن برای گیاه گندم، درصد پروتئین دانه آن افزایش یافت.

صفات فیزیولوژیکی

کلروفیل a و b

نتایج مقایسه میانگین تیمارهای محلول‌پاشی نشان داد، بیشترین و کمترین میزان کلروفیل a و کلروفیل b به ترتیب مربوط به تیمار محلول‌پاشی توام آهن و روی و شاهد (آب خالص) بود (جدول ۳). بنابراین این افزایش باعث مقاومت گندم در شرایط دیم می‌شود. مقایسه میانگین تیمار مراحل مختلف فنولوژیکی نشان داد که بیشترین مقدار کلروفیل a, b در زمان ساقدهی ملاحظه گردید (جدول ۴). با توجه به این‌که عنصر روی در ساخته شدن برخی اسیدهای آمینه، فرآیند فتوسنتز و همانندسازی و بیان ژن شرکت دارد و عنصر آهن نیز در در ساختار کلروفیل‌ها نقش‌های عمده‌ای بر عهده دارد. بنابراین نتایج این آزمایش دور از انتظار نبود. در آزمایشات مختلف گزارش شده، محلول‌پاشی (روی و آهن) بر روی گندم سبب افزایش محتوای کلروفیل a و کلروفیل b، غلظت آهن، نیتروژن، روی، پروتئین و عملکرد دانه گردیده است (۱۳،۹). مقایسه میانگین برهم‌کنش (محلول‌پاشی \times زمان

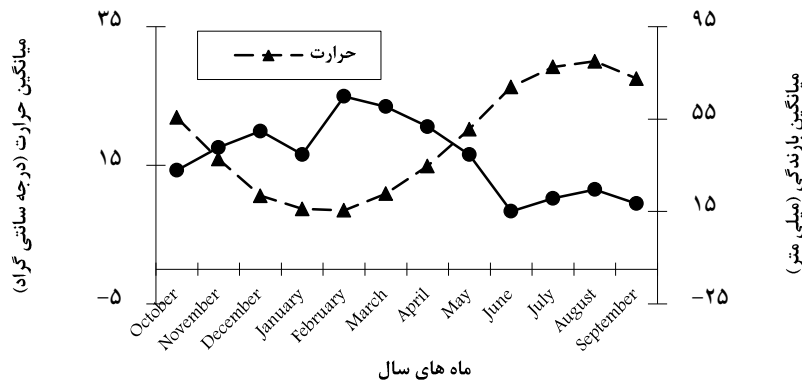
آهن سبب افزایش رنگیزه‌های فتوستنتزی و افزایش فتوستنتز شد و همین امر موجب افزایش عملکرد دانه شد. بر اساس نتایج به دست آمده به نظر می‌رسد که با استفاده از محلول‌پاشی روی و آهن می‌توان عملکرد کمی و کیفی گندم تولیدی را در خاک‌هایی که با کمبود عناصر روی و آهن مواجه هستند را بهبود بخشید. به‌علاوه این روش به‌زراعی می‌تواند به‌عنوان راهکار کوتاه‌مدت برای کاهش مشکلات تغذیه‌ای ناشی از کمبود روی و آهن و بهبود شاخص‌های امنیت غذایی مورد کاربرد قرار گیرد.

تشکر و قدردانی

این تحقیق با حمایت مالی دانشگاه گنبد کاووس انجام شده است که بدین وسیله قدردانی و تشکر می‌شود.

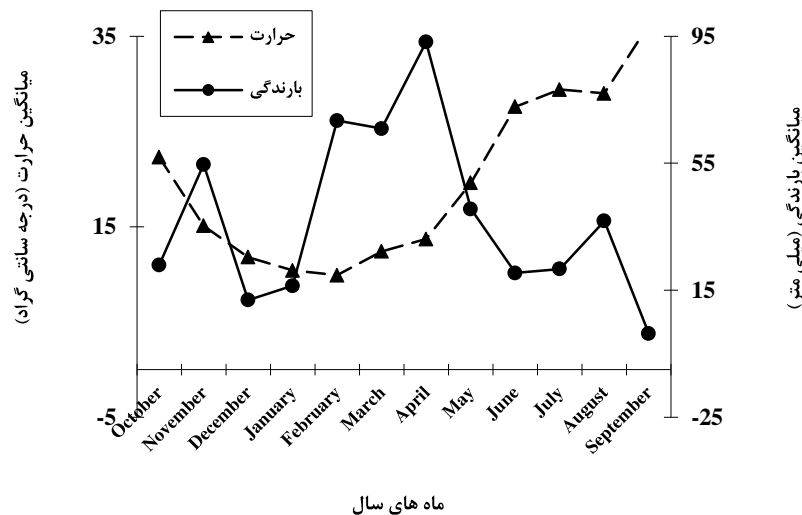
در ارقام گنبد و کریم نسبت به شرایط شاهد شد، که با یافته‌های این تحقیق مطابقت دارد. کمبود مقدار عناصر ریزمغذی در گیاه در شرایط شاهد سبب کاهش سنتز کلروپلاست در نتیجه باعث کاهش محسوس کاروتنوئید شد چرا که این رنگدانه در غشای کلروپلاست جای دارند. بنابراین وجود عناصر ریزمغذی به‌خصوص آهن برای سنتز کلروپلاست ضروری به نظر می‌رسد به‌طوری‌که افزایش غلظت کاروتنوئید از طریق محلول‌پاشی در شرایط دیم و کمبود عناصر ریزمغذی در خاک توانست تا حدودی موجب حفظ و پایداری کلروفیل شود.

مصرف توام روی و آهن در مرحله فنولوژیکی ساقه‌دهی بیشترین تاثیر را روی مقدار کلروفیل a، کلروفیل b و کلروفیل کل و کاروتنوئید برگ داشت. به‌طور کلی کمترین اثر از لحاظ زمان محلول‌پاشی بر روی صفات مورد مطالعه در مرحله فنولوژیکی پنجه‌دهی ملاحظه شد. مصرف همزمان روی و



شکل ۱- آمار هواشناسی آمبروترمیک بلندمدت ایستگاه هواشناسی سینوپتیک گنبد کاووس (۱۳۹۸-۱۳۷۱)

Figure 1. Long-term ambrothermic meteorological statistics of Gonbad Kavous synoptic meteorological station (1992-2019)



شکل ۲- آمار هواشناسی آمبروترمیک کوتاه مدت ایستگاه هواشناسی سینوپتیک گنبد کاووس (۱۳۹۹-۱۳۹۸)

Figure 2. Short-term ambrothermic meteorological statistics of Gonbad Kavous synoptic meteorological station (2019-2020)

جدول ۱- خصوصیات فیزیکی و شیمیایی خاک محل اجرای آزمایش (عمق صفر تا ۳۰ سانتی‌متر)

Table 1. Physical and chemical properties of soil (depth 0 to 30 cm)

بافت خاک Soil Texture	پتاسیم K (PPM)	فسفر P (PPM)	روی Zn (PPM)	آهن Fe (PPM)	نیترژن کل N %	هدایت الکتریکی EC (dS.m ⁻¹)	اسیدیته pH (1:5)	کربن آلی OC %	مواد خنثی شونده (TNV) %
سیلت لومی	۸۰۷	۹/۲	۰/۵	۲/۵	۰/۱۳	۰/۹۴	۲/۸	۱/۲۹	۹/۵

جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس صفات مورد بررسی در شرایط محلول‌پاشی روی و آهن

Table 2. Results of Analysis of variance on studied traits under foliar of Zn and Fe

S.O.V	منابع تغییرات	درجه آزادی df	میانگین مربعات Mean square								
			پروتئین دانه Grain protein	آهن دانه Grain Fe	روی دانه Grain Zn	عملکرد دانه Grain yield	کلروفیل a Chlorophyll a	کلروفیل b Chlorophyll b	کلروفیل کل Chlorophyll total	نسبت کلروفیل a/b Chlorophyll a/b	کاروتنوئید Carotenoid
تکرار Replication		۳	۳/۰۶ ^{ns}	۱۰۶۱/۳۹ [*]	۲/۶۴ ^{ns}	۷۶/۷۴ ^{ns}	۰/۰۱۳ ^{ns}	۰/۰۰۱۷ ^{ns}	۰/۰۱۸ ^{ns}	۰/۰۲۹ ^{ns}	۰/۰۰۶ ^{ns}
محلول پاشی Foliar application		۳	۳۱/۴۲ ^{**}	۱۲۹۰۰/۱۶ ^{**}	۱۲۴/۷۲ ^{**}	۱۳۱۴/۱۹ ^{***}	۰/۱۰۲ ^{**}	۰/۰۰۱۱ ^{**}	۰/۱۸۵ ^{***}	۰/۰۴۰ ^{ns}	۰/۰۳۶ ^{***}
زمان محلول پاشی Time Foliar application		۲	۲۲/۳۹ ^{**}	۲۴۷۳/۵ [*]	۳۲/۳۱ ^{**}	۳۶/۰۸ ^{ns}	۰/۰۳۹ ^{**}	۰/۰۰۲ ^{ns}	۰/۰۵۴ ^{ns}	۰/۱۷۹ ^{ns}	۰/۰۲۱ [*]
محلول پاشی × زمان Foliar application × Time		۱۱	۱۲/۶۹ ^{**}	۴۲۰۲/۳۱ ^{**}	۴۸/۷۰ ^{**}	۳۹۵/۰۶۶ ^{**}	۰/۰۴۸ ^{**}	۰/۰۰۵ [*]	۰/۰۸۲ ^{***}	۰/۱۵۷ ^{ns}	۰/۰۱۸ ^{***}
خطا Error		۳۳	۲/۸۴	۳۹۷/۱۶	۴/۰۶	۷۲	۰/۰۱۲	۰/۰۰۲	۰/۰۲۲	۰/۰۱۶۷	۰/۰۰۵
ضریب تغییرات (%) CV			۱۶/۴۳	۱۵/۷۹	۹/۰۷	۱۲/۲۹	۱۶/۳۲	۱۸/۶	۱۶/۴۵	۱۴/۲۲	۱۶/۱۱

ns، * و ** به ترتیب بیانگر تفاوت غیر معنی‌دار، تفاوت معنی‌دار در سطح ۵ درصد و تفاوت معنی‌دار در سطح ۱ درصد می باشد.

جدول ۳- مقایسه میانگین اثرات تیمارهای محلول پاشی آهن و روی بر صفات مورد مطالعه

Table 3. Means comparison of Fe and Zn foliar application effects on studied traits

تیمار	پروتئین دانه	آهن دانه	روی دانه	عملکرد دانه	کلروفیل a	کلروفیل b	کلروفیل کل	نسبت a/b	کارتنوئید
Treatment	Grain protein (%)	Grain Fe (PPM)	Grain Zn (PPM)	Grain yield (Kg ha ⁻¹)	Chlorophyll a (mg.g FW ⁻¹)	Chlorophyll b (mg.g FW ⁻¹)	Chlorophyll total (mg.g FW ⁻¹)	Chlorophyll a/b	Carotenoid (mg.g FW ⁻¹)
Control	۷/۸۷ ^b	۷۹/۴۶ ^c	۱۸/۷۷ ^d	۵۸۰۸ ^c	۰/۵۴۶ ^c	۰/۱۹۲ ^b	۰/۷۳۷ ^b	۲/۸۴۳ ^a	۰/۳۶۰ ^b
Zn foliar application	۱۰/۷۱ ^a	۱۲۷/۲۳ ^b	۲۶/۲۵ ^a	۶۴۷۵ ^{bc}	۰/۶۹۳ ^{ab}	۰/۲۳۸ ^a	۰/۹۵۲ ^a	۲/۸۰۷ ^a	۰/۴۶۰ ^a
Fe foliar application	۱۰/۹۷ ^a	۱۵۰/۵۲ ^a	۲۰/۷۵ ^c	۷۰۵۰ ^b	۰/۶۸۰ ^b	۰/۲۴۲ ^a	۰/۹۲۳ ^a	۲/۹۱۱ ^a	۰/۴۴۴ ^a
Zn+ Fe foliar application	۱۱/۴۵ ^a	۱۴۷/۳۶ ^a	۲۳/۱۴ ^b	۸۲۷۵ ^a	۰/۷۷۰ ^a	۰/۲۶۳ ^a	۱/۰۳۳ ^a	۲/۹۳۱ ^a	۰/۴۸۸ ^a

میانگین‌های دارای حروف مشترک در سطح پنج درصد آزمون LSD تفاوت معنی‌داری نشان نمی‌دهند.

جدول ۴- مقایسه میانگین اثرات زمان‌های مختلف محلول پاشی آهن و روی بر روی صفات مورد مطالعه در گندم

Table 4- Means comparison of Zn and Fe application times effects on studied traits of wheat

تیمار	پروتئین دانه	آهن دانه	روی دانه	عملکرد دانه	کلروفیل a	کلروفیل b	کلروفیل کل	نسبت a/b	کارتنوئید
Treatment	Grain protein (%)	Grain Fe (PPM)	Grain Zn (PPM)	Grain yield (Kg ha ⁻¹)	Chlorophyll a (mg.g FW ⁻¹)	Chlorophyll b (mg.g FW ⁻¹)	Chlorophyll total (mg.g FW ⁻¹)	Chlorophyll a/b	Carotenoid (mg.g FW ⁻¹)
Tillering زنی	۱۰/۰۹ ^b	۱۱۲/۷۷ ^b	۲۱/۲۰ ^b	۶۷۵۶ ^a	۰/۶۴۷ ^b	۰/۲۳۴ ^a	۰/۸۸۱ ^{ab}	۲/۷۸۴ ^d	۰/۴۲۳ ^b
Shoot elongation ساقه دهی	۱۱/۵۳ ^a	۱۲۸/۳ ^a	۲۱/۶۳ ^b	۶۸۹۳ ^a	۰/۷۳۹ ^a	۰/۲۳۹ ^a	۰/۹۷۸ ^a	۲/۹۹۰ ^a	۰/۴۷۹ ^a
seed filing پر شدن دانه	۹/۱۳ ^b	۱۳۷/۳۶ ^a	۲۳/۸۵ ^a	۷۰۵۶ ^a	۰/۶۴۱ ^b	۰/۲۲۷ ^a	۰/۸۷۵ ^b	۲/۸۴۵ ^a	۰/۴۱۱ ^b

میانگین‌های دارای حروف مشترک در سطح پنج درصد آزمون LSD تفاوت معنی‌داری نشان نمی‌دهند.

جدول ۵- نتایج مقایسه میانگین اثرات متقابل محلول پاشی روی و آهن در زمان محلول پاشی بر روی صفات مورد مطالعه در گندم

Table 5. Mean comparison results of interaction effects of foliar application Zn ,Fe in Time foliar application

تیمار	پروتئین دانه	آهن دانه	روی دانه	عملکرد دانه	کلروفیل a	کلروفیل b	کلروفیل کل	نسبت a/b	کارتنوئید
Treatment	Grain pro (%)	Grain Fe (PPM)	Grain Zn (PPM)	Grain yield (Kg ha ⁻¹)	Chlorophyll a (mg.g FW ⁻¹)	Chlorophyll b (mg.g FW ⁻¹)	Chlorophyll total (mg.g FW ⁻¹)	Chlorophyll a/b	Carotenoid (mg.g FW ⁻¹)
محلول پاشی روی و آهن									
شاهد	۸/۴۱ ^{et}	۷۰/۴۷ ^t	۱۸/۹۹ ^t	۵۹۰۰ ^{ed}	۰/۵۱۶ ^e	۰/۱۹۶ ^{cd}	۰/۶۹۲ ^e	۲/۹۲۰ ^{ab}	۰/۳۴۲ ^{cd}
Control	۸/۴۳ ^{et}	۷۹/۵۳ ^t	۱۸/۸۰ ^t	۵۸۵۷ ^{ed}	۰/۵۷۳ ^d	۰/۲۰۴ ^{bcd}	۰/۷۷۷ ^d	۲/۸۰۰ ^d	۰/۴۱۱ ^{bcd}
محلول پاشی روی	۶/۷۶ ^t	۸۸/۲۸ ^{et}	۱۸/۵۰ ^t	۵۶۵۰ ^e	۰/۵۵۱ ^e	۰/۱۷۷ ^d	۰/۷۴۷ ^e	۲/۸۱۰ ^{ab}	۰/۳۳۴ ^d
Zn foliar application	۹/۹۶ ^{cde}	۱۱۶/۶۹ ^{de}	۲۳/۵۸ ^{bcd}	۶۳۷۵ ^{bcd}	۰/۷۱۸ ^{bcd}	۰/۲۵۲ ^{abc}	۰/۹۷۱ ^{bcd}	۲/۸۴۵ ^{ab}	۰/۴۵۴ ^d
آهن	۱۲/۰۸ ^{abc}	۱۳۳/۰۶ ^d	۲۴/۱۴ ^{bc}	۶۱۷۵ ^{cd}	۰/۶۶۰ ^{bcd}	۰/۲۲۸ ^{bcd}	۰/۸۸۹ ^{bcd}	۲/۸۸۹ ^{ab}	۰/۴۲۵ ^{bc}
Fe foliar application	۱۰/۱۰ ^{cde}	۱۴۱/۹۴ ^{abcd}	۳۱/۰۴ ^a	۶۸۷۵ ^{bcd}	۰/۷۳۳ ^{bc}	۰/۲۶۴ ^{ab}	۰/۹۹۷ ^{bc}	۲/۷۹۵ ^d	۰/۴۲۳ ^{ab}
روی + آهن	۱۰/۴۱ ^{cde}	۱۲۷/۴۴ ^{cd}	۲۰/۲۸ ^{et}	۷۱۵۰ ^e	۰/۵۹۳ ^{cde}	۰/۲۴۷ ^{abc}	۰/۸۴۰ ^{cde}	۲/۴۵۸ ^b	۰/۴۱۱ ^{bcd}
Zn+ Fe foliar application	۱۲/۸۹ ^a	۱۶۹/۶۹ ^a	۲۱/۱۱ ^{det}	۶۹۲۵ ^{bcd}	۰/۷۹۳ ^{ab}	۰/۲۵۲ ^{abc}	۱/۰۵۰ ^{ab}	۲/۳۵۰ ^d	۰/۵۰۵ ^{ab}
شاهد	۹/۶۷ ^{de}	۱۵۴/۴۴ ^{abc}	۲۰/۸۵ ^{aer}	۷۰۷۵ ^{bcd}	۰/۶۵۴ ^{bcd}	۰/۲۲۴ ^{bcd}	۰/۸۷۸ ^{bcd}	۲/۹۲۵ ^{ab}	۰/۴۱۶ ^{bcd}
Control	۱۱/۵۹ ^{abcd}	۱۳۶/۵۰ ^{bcd}	۲۱/۹۷ ^{cde}	۷۶۰۰ ^{ab}	۰/۷۶۰ ^{ab}	۰/۲۶۰ ^{ab}	۱/۰۲۰ ^{abc}	۲/۹۱۲ ^{ab}	۰/۴۸۸ ^{ab}
محلول پاشی روی و آهن	۱۲/۷۳ ^{abd}	۱۴۰/۹۱ ^{bcd}	۲۲/۴۷ ^{bcd}	۸۶۰۰ ^a	۰/۸۹۲ ^a	۰/۳۰۵ ^a	۱/۱۹۸ ^a	۲/۹۲۱ ^{ab}	۰/۵۶۲ ^a
Zn+ Fe foliar application	۱۰/۰۴ ^{cde}	۱۶۴/۶۹ ^{ad}	۲۵/۰۱ ^d	۸۶۲۵ ^a	۰/۶۵۷ ^{bcd}	۰/۲۲۲ ^{bcd}	۰/۸۸۰ ^{bcd}	۲/۹۶۰ ^{ad}	۰/۴۱۴ ^{bcd}

میانگین‌های دارای حروف مشترک در سطح پنج درصد آزمون LSD تفاوت معنی‌داری نشان نمی‌دهند.

منابع

1. Abdoli, M. and E. Esfandiari. 2014. Effect of zinc foliar application on the quantitative and qualitative yield and seedlings growth characteristics of bread wheat (*cv. Kohdasht*). Journal of Iranian Rainfed Agriculture, 2(2): 77-96 (In Persian).
2. Aciksoz, S.B., A. Yazici, L. Ozturk and I. Cakmak. 2011. Biofortification of wheat with iron through soil and foliar application of nitrogen and iron fertilizers. Plant Soil, 349: 215-225.
3. Arnon, A.N. 1967. Method of extraction of chlorophyll in the plants. Agronomy Journal. 23:112-121.
4. Badri, H., R. Mohammadi and A.R. Atminan. 2019. Study on Adaptability and Grain yield stability of Durum wheat Genotypes. Journal of Crop Breeding, 12(33): 119-126 (In Persian).
5. Bameri, M., R. Abdolshahi, G. Mohammadi-Nejad, K. Yousefi and S.M. Tabatabaie. 2013. Effect of different microelement treatment on wheat (*Triticum aestivum*) growth and yield. International Research Journal of Applied and Basic Science, 3(1): 219-223.
6. Bourang, Sh., S. Jahanbakhsh gedakahriz and A. Ebadi. 2019. The effect of cadmium chloride and foliar application of iron and zinc on biochemical characteristics wheat under hydroponic conditions. Journal of Plant Proc. Func, 8(29): 1-13 (In Persian).
7. Cakmak, I. 2008. Enrichment of cereal grains with zinc: agronomic or genetic biofortification?. Journal of Plant and Soil, 302: 1-17.
8. Cakmaka, I. and U.B. Kutmanb. 2018. Agronomic biofortification of cereals with zinc: a review. European journal of Soil Science, 69: 172-180.
9. Cakmak, I., M. Marzorati, P.V.D. Abbeele, K. Hora, T.H. Ijalling Holwerda, M.A. Yazici, E. Savasli, J. Neri and G.D. Laing. 2020. Fate and Bioaccessibility of Iodine in food prepared from agronomically Biofortified wheat and Rice and Impact of Cofertilization with zinc and Selenium. Journal of Agric. Food chem, 68(6): 1525-1535.
10. Chereskin, B.M. and P.A. Castelfrance. 1982. Effects of iron and oxygen on chlorophyll biosynthesis II. Observation on the biosynthetic pathway in isolated detio-chloroplasts. Journal of Plant Physiology, 68: 112-116.
11. Dapker, A., P. Deshpande, M. Oak, K. Paknikar and J.M. Rajwade. 2018. Zinc use efficiency is enhanced in wheat through nanofertilization. Scientific reports, 8: 6832.
12. FAO Statistical Pocketbook. 2019. FAOSTAT database. <http://faostat.fao.org>. Characters and seed yield of wheat. Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry, 6(2): 1- 5.
13. Farhan, H.N. and T.M.B. Al-Dulaemi. 2011. The effect of foliar application of some microelements on growth and productivity of Wheat (*Triticum aestivum* L.). Journal of Agricultural Science Jordan, 7(1): 105-118.
14. Ghafari, H. and J. Razmjoo. 2015. Response of Durum wheat to foliar application of varied sources and rates of iron fertilizers. Journal of Agricultural Science and Technology, 17: 321-331.
15. Ramzan, Y., M.B. Hafeez, S. Khan, M. Nadeem, S. Rahman, S. Batool and J. Ahmad. 2020. The grain quality and yield of wheat crop. International Journal of plant production, 14: 501-510.
16. Hansch, R. and R. R. Mendel. 2009. Physiological functions of mineral micronutrients (Cu, Zn, Mn, Fe, Ni, Mo, B, Cl). Journal of Current Opinion in Plant Biology, 12: 259-266.
17. Helrich, K. 1990. Association of official analytical chemists. Journal of AOAC, Incorporated, 15(1): 673.
18. Hemantaranjan, A. and O.K. Grag. 1988. Iron and zinc fertilization with reference to the grain quality of *triticum aestivum* L. Journal of Plant Nutri, 11(6-11): 1439-1450.
19. Jagtap, V., S. Bhargava, P. Sterb and J. Feierabend. 1998. Comparative effect of water, heat and light stresses on photosynthetic reactions in *Sorghum tricolor* (L.) Moench. Journal of Experimental Botany, 49: 1715-1721.
20. Jalal, A., S. Shah, A. Khan, T. Shah, M. Iiyas and P.A. Leonel Rosa. 2020. Agro- Biofortification of zinc and Iron in wheat grains. Journal of Gesunde Pflazen, 72: 227-236.
21. Jalal, A., S. Shah, M.C.M. Telxeira Filho, A. Khan, T. Shah, Z. Hussain, M. Younis and M. Iiyas. 2020. Yield and phonological indices of wheat as affected by exogenous fertilization of zinc and Iron. Agronomy Journal, 15(1): 7130-7136.
22. Jiang, W., P.C. Struik, H. Van Keulen, M. Zhao, L.N. Jin and T.J. Stomph. 2008. Does increased zinc uptake enhance grain zinc transporter in rice. Journal of Experimental Botany, 56: 3207-3214.
23. Jomova, K. and M. Valko. 2011. Advances in metal-induced oxidative stress and human disease. Toxicology Journal, 283: 65-87.
24. Leinonen, I., P.P.M. Lannetta, M. Macleod, R.M. Rees, W. Russell, C. Watson and A.P. Barnes. 2020. Regional land use efficiency and nutritional quality of protein production. Journal of Global Food Security, 26: 100386.
25. Li, M., S. Wang, X. Tian, J. Li, H. Zhao, C. Guo, Y. Chen and A. Zhao. 2015. Zn distribution and bioavailability in whole grain and grain fractions of winter wheat as affected by applications of soil N and foliar Zn combined with N or P. Journal of Cereal Science, 61: 26-32.
26. Li, M., S. Wang, X. Tian, S. Li, Y. Chen, Z. Jia, K. Liu and A. Zhao. 2016. Zinc and iron concentrations in grain milling fractions through combined foliar applications of Zn and macronutrients. Journal of Filed Crops Research, 187: 135-141.
27. Ma, D., D. Sun, C. Wang, H. Ding, H. Qin, J. Hou, X. Huang, Y. Xie and T. Guo. 2017. Phsiological responses and yield of wheat plants in zinc- mediated alleviation of drought stress. Journal of Frontiers Plant Science, 8: 1-12.

28. Malakouti, M.J. and M. Homae. 2004. Soil fertility of arid and semi-arid regions. Tarbiat Modares University of Tehran Publications, Second Edition, 488 pp (In Persian).
29. Marschner, H. 1995. Mineral Nutrition of Higher Plants (2th Ed.). Academic Press, London
30. Mazloumi, H., H. Pirdashti, A. Ahmadpour and S.J. Hosseini. 2020. Grouping of Advanced wheat lines Based on yield and Its Components. Journal of Crop Breeding, 12(35): 41-53 (In Persian).
31. Melash, A.A., D.K. Mengistua, D.A. Aberraa and T. Alemtsehay. 2019. The influence of seeding rate and micronutrients foliar application on grain yield and quality traits and micronutrients of durum wheat, Journal of Cereal Science, 85: 221-227.
32. Mohsenzadeh, S. and S.S. Moosavian. 2017. Zinc sulphate and nano-zinc oxide effects on some physiological Parameters of *Rosmarinus officinalis*. American Journal of Plant Sciences, 8: 2635-2649.
33. Moradi Telavat, M.R., F. Roshan and S.A. Siadat. 2015. Effect of foliar application of zinc sulfate on minerals content, seed and oil yields of two safflower cultivars (*Carthamus tinctorius* L.). Iranian Journal of Crop Sciences. 17(2): 153-164 (In Persian).
34. Movahedy-Dehnavy, M., S.A.M. Modarres-Sanavy and M. Bidgoli. 2009. Foliar application of zinc and manganese improves seed yield and quality of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) grown under water deficit stress. Journal of Industrial Crop and Productions, 30: 82-92.
35. Nadeam, F., M. Farooq, A. Ullah, A. Rehman, A. Nawaz and M. Naveed. 2020. Influence of Zn nutrition on the productivity, grain quality and grain biofortification of wheat under conventional and conservation rice- wheat cropping systems. Journal of Agronomy and Soil Science, 66: 1042-1057.
36. Nan, Z., J. Li, J. Zhang and G. Cheng. 2002. Cadmium and zinc interactions and their transfer in soil-crop system under actual field conditions. Journal of Science, Total Environ, 285: 187-195.
37. Nazaran, M.H., H. Khalaj, M.R. Labafi, M. Shamsabadi and A. Razi. 2009. Study Effect Time Foliar application of nano-fertilizer Organic chelate Iron on the quantitative and qualitative properties of rain-fed wheat, Second National Conference Application of nanotechnology in agriculture. Breeding and Seed Preparation Research Institute, Karaj, pp: 16-15 (In Persian).
38. Pahlavan Rad, M., Gh. Keykha and M. Naroui Rad. 2008. Effects of application of Zn, Fe and Mn on yield, yield component, nutrient concentration and uptake in wheat grain. Journal of Pajouhesh and Sazandegi. 79: 142-150 (In Persian).
39. Rawashdeh, H.M. and S. Florin. 2015. Foliar application with iron as a vital factor of wheat crop growth, yield quantity and quality: A Review International Journal of Agricultural Policy and Research, 3(9): 368-376.
40. Rehman, A., M. Farooq, I. Ozturk, M. Asif and K.H.M. Siddique. 2017. Zinc nutrition in wheat- based .cropping systems. Journal of Plant and Soil, 422: 283-315.
41. Renildes, L., F. Fontes, D. Fred and R. Cox. 2008. Iron deficiency and zinc toxicity in soybean grown in nutrition solution with different levels of sulfur. Journal of Plant Nutrition, 21(8).
42. Sadri, M.J. and M.J. Malakouti. 1998. "Investigation of the effect of iron, zinc and copper consumption on improving the quantitative and qualitative properties of wheat. Journal of Water and Soil". Scientific and Research Journal of Soil and Water Research Institute, 12(5). (In Persian).
43. Seilsepour, M. 2007. The study of Fe and Zn effects on quantitative and qualitative parameters of winter wheat and determination of critical levels of these elements in Varamin plain soils. Journal of Pajouhesh and Sazandegi, 76: 123-133 (In Persian).
44. Sohrabi Manesh, N., M. Daneshvar, N. Akbari and F. Nazarian Firoozabadi. 2012. Effect of foliar application time of micronutrients on grain yield and its components on two wheat cultivars under rainfed conditions. The first national conference on agriculture in difficult environmental conditions. Civilica, 6 pp. (In Persian).
45. Teimoori, N., G.R. Heidari, F. Hoseinpanahi, A. Sioseharde and Y. Sohrabi. 2017. Response of physiological characteristics of sardary wheat ecotypes to foliar application of humic acid before and after flowering in dryland conditions. Journal of Plant Production Technology, 19(1): 173-190 (In Persian).
46. Velu, G., I. Ortiz-Monasterio, I. Cakmak, Y. Hao and R.P. Singh. 2014. Biofortification strategies to increase grain zinc and iron concentrations in wheat. Journal of Cereal Science, 59: 365-372.
47. Yassen, A., E.A.A. Abou El-Nour and S. Shedeed. 2010. Response of wheat to foliar spray with urea and micronutrients. Journal of Amer. Science, 6(9): 14-22.
48. Yeganehpour, F., B. Kahrarian, W. Beigi Nia, A. Moeini Rad and N. Hassani Asl. 2013. The effect of iron foliar application on some morphological and qualitative traits of rain-fed wheat. Journal of Crop Sciences, 5(19): 125-135 (In Persian).
49. Zhao, F.J. and S.P. McGrath. 2009. Biofortification and phytoremediation. Journal of Current Opinion in Plant Biology, 12(3): 373-380.
50. Ziaeiian, A. and M.J. Malakouti. 1999. The effect of zinc consumption on growth and yield of wheat in a number of highly calcareous soils of Fars province. Journal of Soil and Water Sciences (Special Issue on Wheat), 12(6): 99-110 (In Persian).

Effect of wheat Enrichment by Foliar Application of Zinc and Iron on Quantitive and Qualitative Traits at Differnt Phenological Stages

Zahra Ebrahimi¹, Abbas Biabani², Rahmatollah Mohammadi³, Hossein Sabouri⁴ and Ali Rahemi Karizki⁵

1- PhD student, Department of Agriculture, Gonbad Kavous University, University of Agriculture

2- Associate Professor, Department of Agriculture, Gonbad Kavous University, University of Agriculture
(Corresponding author: abs346@yahoo.com)

3- Researcher of Agricultural-Horticultural Research Department, Agricultural and Natural Resources Research and Training Center of Golestan Province

4- Associate Professor, Department of Agriculture, Gonbad Kavous University, University of Agricultural Sciences

5- Assistant Professor, Department of Agriculture, Gonbad Kavous University, University of Agricultural Sciences

Received: March 2, 2021

Accepted: May 9, 2021

Abstract

Zinc (Zn) and Iron (Fe) are important micronutrients in plant growth and their deficiency in plants, especially in cereal crops, is a major nutritional problem in the world. In order to study the effect of foliar application of zinc and iron on the qualitative traits and grain yield of dryland wheat of Aseman cultivar an experiment was conducted at Gonbad Kavous Agricultural Researches Center during 2019-2020. The experimental was carried out as a factorial based on Randomized Complete Block design with 4 replications. Experimental factors included: foliar application of zinc (2g. L^{-1}) and iron (3g. L^{-1}) were at four levels (foliar application of iron and zinc and combined application of zinc and iron and pure water (control)) and foliar spraying time was at three levels (tillering, shoot elongation and seed filling). The measurements included, grain yield, zinc and iron concentration of grain, grain protein content and leaf photosynthetic pigments content. Results showed that foliar application had a significant effect on the studied traits except chlorophyll a/b ratio. Foliar spraying time was also significantly different in grain protein content, iron and zinc concentration of grain, chlorophyll a and carotenoid content. Foliar application treatments (zinc, iron and mixed zinc and iron) had a significant increase in the concentration of grain zinc and iron as well as grain protein and grain yield in comparison with the control treatment. In general, foliar application of zinc and iron, respectively caused an increase zinc concentration (39.85%) and iron concentration (89.43%) of grain in compared to control. The highest (11.45%) and lowest (7.87%) grain protein obtained from mixed consumption of zinc and iron and control respectively. The foliar application mixed of zinc and iron caused an increase in grain yield (42.48%) in compared to the control. Interaction of foliar application \times foliar application time showed that the highest amount of grain yield was belonged to simultaneous treatment of zinc and iron in the stages of grain filling and shoot elongation with averages of 8625 and 8600 kg/ha, respectively. It could be concluded that zinc and iron fertilizer applications cause an increase in the concentration of nutrients and grain yield of dry wheat in the climatic conditions of the this region.

Keywords: Chlorophyll, Foliar application, Iron, Wheat, Zinc



"مقاله پژوهشی"

ارزیابی پارامترهای ژنتیکی، روابط بین صفات و گروه‌بندی هیبریدهای جدید چغندر قند از لحاظ صفات کمی و کیفی در شرایط آلودگی طبیعی رایزومانی

مهدی حسنی^۱، حمزه حمزه^۲، حامد منصوری^۳، داریوش فتح‌الله طالقانی^۴، علی جلیلیان^۵، جمشید سلطانی ایدلیکی^۶، مستانه شریفی^۷ و مؤده کاکوئی‌نژاد^۸

۱- استادیار، بخش تحقیقات چغندر قند، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان همدان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، همدان، ایران، (نویسنده مسوول: m.hasani@areeo.ac.ir)

۲- استادیار، بخش تحقیقات چغندر قند، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان همدان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، همدان، ایران

۳- استادیار، بخش تحقیقات چغندر قند، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان همدان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، همدان، ایران

۴- دانشیار، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه بذر چغندر قند، کرج، ایران

۵- دانشیار، بخش تحقیقات چغندر قند، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان کرمانشاه، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه

۶- مربی، بخش تحقیقات چغندر قند، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان خراسان رضوی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مشهد، ایران

۷- مربی، بخش تحقیقات چغندر قند، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان خراسان رضوی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مشهد، ایران

۸- استادیار موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه بذر چغندر قند، کرج، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۱۲/۱۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۳/۰۲

صفحه: ۱۴۹ تا ۱۵۹

چکیده

یکی از بیماری‌های مهم چغندر قند (*Beta vulgaris* L.) بیماری رایزومانیا (*Rhizomania*) یا ریشه گنایی (*Root madness*) است در حال حاضر در تمامی نقاط دنیا شیوع دارد. خسارت این بیماری را در ارقام حساس بیش از ۵۰ درصد و در مواردی تا ۱۰۰ درصد برآورد کرده‌اند. با توجه به افزایش جمعیت کشور و نیاز به شکر، محصول چغندر قند در میان گیاهان زراعی از جایگاه ویژه‌ای برخوردار است. با هدف ارزیابی روابط بین صفات و گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مختلف چغندر قند، تعداد ۴۴ هیبرید چغندر قند در چهار منطقه (همدان، کرمانشاه، مشهد و شیراز) در سال ۱۳۹۸ مورد ارزیابی قرار گرفتند. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های ناقص (آلفا لاتیس) در ۶ تکرار اجرا شد. نتایج نشان‌داد عیار قند و عملکرد ریشه به ترتیب با ۸۸/۲۴ و ۵۹/۵۳ درصد به ترتیب بالاترین و پایین‌ترین مقدار وراثت‌پذیری عمومی را به خود اختصاص دادند. در این مطالعه عملکرد قند خالص با عملکرد ریشه، عیار قند، عملکرد قند ناخالص، ضریب استحصال قند و درصد قند خالص همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی مثبت و معنی‌دار و با محتوی پتاسیم ریشه و درصد قند ملاس همبستگی منفی و معنی‌دار نشان داد. بر مبنای تجزیه رگرسیون گام به گام پتاسیم ریشه، عیار قند و نیتروژن مضره با تبیین ۵۲ درصد از تغییرات به عنوان مؤثرترین صفات در توجیه تغییرات عملکرد قند خالص شناسایی شدند. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها شامل ۴۴ هیبرید و ۳ شاهد رقم تجاری چغندر قند به چهار خوشه دسته‌بندی شدند که خوشه شماره چهار شامل هیبریدهای شماره ۲۰، ۴۳، ۳۱، ۲۳، ۲۵، ۲۴ و ۳۷ و ارقام شاهد خارجی *Succara* و *BTS 213* بودند، و مناسب‌ترین خصوصیات کمی و کیفی را به خود اختصاص دادند. در تجزیه به عامل‌ها از طریق تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نیز، دو عامل شناسایی شد که ۸۲/۵۲ درصد از کل واریانس داده‌ها را تبیین کردند. در این مطالعه محتوی پتاسیم ریشه و عیار قند به‌عنوان مؤثرترین صفات و هیبریدهای قرار گرفته در خوشه چهار تجزیه خوشه‌ای به‌عنوان مناسب‌ترین هیبرید برای برنامه‌های آتی به‌نژادای شناسایی شدند.

واژه‌های کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، چغندر قند، عملکرد قند خالص، وراثت‌پذیری، همبستگی

مقدمه

ترکیبی به ویروس و ناقل از طریق اصلاح نژاد کلاسیک اقتصادی‌ترین روش جهت مبارزه با این بیماری در صنعت چغندر قند معرفی شده است (۱۶).

در برنامه‌های به‌نژادی گزینش بر اساس صفات متعددی انجام می‌شود که ممکن است بین آنها ارتباط مثبت یا منفی وجود داشته باشد، بنابراین روش‌های تجزیه و تحلیل که بدون از بین بردن مقدار زیادی از اطلاعات مفید، تعداد صفات مؤثر بر عملکرد را کاهش دهند، برای محققان دارای اهمیت است. در این بین استفاده از همبستگی بین صفات متداول است اما همبستگی‌ها رابطه علی و معلولی بین صفات را نشان نمی‌دهند، به‌دلیل اینکه ارتباط را تعدادی از عوامل ناشناخته پدید می‌آورند (۲). بنابراین زمانی که به‌نژادگر تعداد زیادی مواد ژنتیکی در اختیار دارد، تعیین روابط بر اساس تجزیه علیت می‌تواند کمک مؤثری برای گزینش سریع و زود هنگام مواد ژنتیکی باشد (۱۸) تجزیه علیت، رگرسیون جزئی

چغندر قند (*Beta vulgaris* L.) یکی از محصولات مهم ریشه‌ای و منبع اصلی شکر در مناطقی با آب و هوای معتدل است. در سال ۲۰۱۸ سطح زیر کشت و مقدار ریشه آن در جهان به ترتیب $4/8 \times 10^6$ هکتار و $2/7 \times 10^8$ تن برآورد شد (۹). تولید و ارزش اقتصادی محصول چغندر قند تا حد زیادی به مقاومت مناسب این محصول در برابر بیماری مخرب ویروسی رایزومانیا بستگی دارد که برای دهه‌ها تأثیر قابل توجهی بر روی صنعت چغندر قند داشته است (۲۷). رایزومانیا به صورت معنی‌داری عملکرد ریشه و درصد قند را کاهش می‌دهد (۲۳). عامل این بیماری ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر (*Beet necrotic yellow vein virus*) می‌باشد. این ویروس در طبیعت توسط شبه قارچ *Polymyxa betae* Keskin انتقال می‌یابد (۲۶). در حال حاضر مؤثرترین روش کنترل این بیماری استفاده از ارقام مقاوم می‌باشد. مقاومت

شرایط نرمال صفات عملکرد ریشه، درصد قند خالص و ازت مضره و تحت شرایط شوری صفات درصد قند خالص و ازت مضره به‌عنوان تأثیرگذارترین صفات بر عملکرد قند خالص شناسایی کردند. با توجه به مطالب ذکر شده تحقیق حاضر با هدف شناسایی صفات مؤثر بر عملکرد ریشه و عملکرد قند خالص و گروه‌بندی، مقایسه و شناسایی ژنوتیپ‌های با پتانسیل عملکرد بالا در شرایط آلودگی طبیعی به رایزومانی انجام شد.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش تعداد ۴۷ ژنوتیپ چغندر قند (جدول ۱)، شامل ۴۴ هیبرید جدید و ۳ رقم تجاری به‌منظور ارزیابی روابط بین صفات و گروه‌بندی هیبریدهای از لحاظ صفات کمی و کیفی در شرایط آلودگی طبیعی رایزومانی در چهار منطقه (همدان، کرمانشاه، مشهد و شیراز) در سال ۱۳۹۸ مورد ارزیابی قرار گرفتند. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های ناقص (آلفا لاتیس) در ۶ تکرار اجرا شد. با توجه به اینکه مقدار کارایی طرح بلوک ناقص نسبت به بلوک کامل یکسان بود، طرح به‌صورت بلوک کامل تجزیه واریانس شد. هر کرت شامل یک ردیف به طول هشت متر و فاصله دو ردیف مجاور ۵۰ سانتیمتر بود. میزان کود مصرفی بر اساس آزمون خاک انجام شد. کود نیتروژن از منبع اوره، کود پتاس از منبع سولفات پتاسیم و کود فسفر نیز از منبع فسفات آمونیوم تأمین و بطور یکنواخت به کرت‌های آزمایشی اضافه گردید. تمامی کودها بجز نیتروژن قبل از کاشت و در هنگام تهیه زمین استفاده شدند، کود نیتروژن نیز در سه مرحله به صورت سرک مصرف شد. در هنگام برداشت پس از حذف حاشیه‌ها تعداد ریشه‌های هر کرت برداشت، شمارش و توزین گردید و پس از شستشو، توسط دستگاه اتوماتیک خمیر ریشه تهیه گردید. برای تعیین میزان درصد قند ناخالص، سدیم، پتاسیم، نیتروژن مضره نمونه‌ها از دستگاه بتالایزر استفاده شد (۱۴)

برای تعیین عملکرد قند ناخالص و عملکرد قند خالص، عملکرد ریشه در هر کرت به درصد قند ناخالص و درصد قندخالص مربوط به همان کرت ضرب و سپس ارقام به‌دست آمده به‌صورت عملکرد قند ناخالص و قند خالص در هکتار بر اساس روابط (۱)، (۲) و (۳) ثبت گردید.

(رابطه ۱) قند ملاس - درصد قند = درصد قند قابل استحصال (رابطه ۲)

درصد قند قابل استحصال × عملکرد ریشه (تن درهکتار) =
عملکرد قند خالص

(رابطه ۳)

۱۰۰ × (درصد قند ناخالص / درصد قند خالص) = ضریب استحصال قند

استاندارد شده‌ای است که اثر مستقیم و غیرمستقیم یک متغیر را بر روی متغیرهای دیگر نشان می‌دهد، همچنین می‌تواند ضریب همبستگی ساده را به اجزای آن که اثرات مستقیم و غیرمستقیم باشد مجزا نماید (۶). یکی دیگر از روش‌های تجزیه و تحلیل چند متغیره، تجزیه به عامل‌ها است که حالتی تعمیم‌یافته از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی است ولی برخلاف آن، بر مبنای یک مدل نسبتاً ویژه‌ی آماری استوار است. در این روش هدف اصلی توضیح رابطه بین متغیرها از طریق تعداد کمیت تصادفی غیرقابل مشاهده تحت عنوان عامل‌ها و درعین حال کاهش حجم داده‌ها است. در چنین شرایطی، عوامل پنهانی که موجب پدید آمدن همبستگی بین صفات می‌شوند، شناسایی گردیده و بر اساس آن‌ها متغیرها به گروه‌هایی با همبستگی درون‌گروهی بالا دسته‌بندی می‌شوند (۱۰). در مقایسه با روش‌هایی که بر اساس گروه‌هایی از افراد استوار هستند، در تجزیه خوشه‌ای، هر فرد با وزن مساوی در تجزیه شرکت می‌کند، بنابراین هم از صفات کمی و هم از صفات کیفی می‌توان استفاده نمود، لذا تمام اطلاعات مورد استفاده قرار می‌گیرد، ایده‌آل‌ترین نتیجه از تجزیه خوشه‌ای وقتی به‌دست می‌آید که واریانس داخل گروه‌ها حداقل و واریانس بین گروه‌ها حداکثر باشد (۱۵).

برادران فیروزآبادی و همکاران (۴) نشان دادند در شرایط نرمال عیار قند، درصد قند ملاس، عملکرد قند ناخالص و طول ریشه و در شرایط تنش کم آبی درصد قند ملاس، عملکرد قند ناخالص و عیار قند به صورت معنی‌داری تغییرات عملکرد قند خالص را تحت تأثیر قرار دادند. در مطالعه فتوحی و همکاران (۱۱) عملکرد قندخالص با صفات عملکرد ریشه، درصد قند ناخالص و درصد استحصال شکر همبستگی مثبت و معنی‌دار و با صفات سدیم، پتاسیم و درصد قند ملاس همبستگی منفی و معنی‌دار نشان داد. آنها بر اساس نتایج تجزیه علیت نشان دادند درصد قندناخالص، میزان آب نسبی برگ و شاخص کلروفیل اثر مستقیم و معنی‌داری بر عملکرد قندخالص نشان دادند. موسوی و همکاران (۲۰) نشان دادند عملکرد ریشه چغندر قند بالاترین همبستگی را با درصد ماده خشک ریشه داشت، در مطالعه آنها بر اساس نتایج تجزیه رگرسیون گام به گام و تجزیه علیت، وزن خشک دم‌برگ و درصد ماده خشک ریشه بیشترین تغییرات عملکرد ریشه را تبیین کردند. در مطالعه‌ای دیگر تحت شرایط بیماری رایزوکتونیا صفات عملکرد قند ناخالص و درصد قند ناخالص اثر مستقیم مثبت و معنی‌دار و درصد قند ملاس اثر مستقیم منفی و معنی‌دار بر عملکرد قند خالص داشتند، در این مطالعه بر اساس نتایج تجزیه عاملی پنج عامل شناسایی شدند که ۸۱/۶۲ درصد از کل واریانس داده‌ها را توجیه نمودند (۲۱). بشیری و همکاران (۵) براساس نتایج ضرایب همبستگی بین صفات، تجزیه رگرسیون گام به گام و تجزیه علیت تحت

جدول ۱- لیست و شجره ژنوتیپ‌های مورد بررسی

Table 1. List and pedigree of studied genotypes

شماره ژنوتیپ	شجره	شماره ژنوتیپ	شجره
۱	(7112 * SB36) * S1 - 960004	۲۵	(7112 * SB36) * S1 - 960222
۲	(7112 * SB36) * S1 - 960007	۲۶	(7112 * SB36) * S1 - 960223
۳	(7112 * SB36) * S1 - 960008	۲۷	(7112 * SB36) * S1 - 960224
۴	(7112 * SB36) * S1 - 960011	۲۸	(7112 * SB36) * S1 - 960227
۵	(7112 * SB36) * S1 - 960012	۲۹	(7112 * SB36) * S1 - 960234
۶	(7112 * SB36) * S1 - 960014	۳۰	(7112 * SB36) * S1 - 960241
۷	(7112 * SB36) * S1 - 960015	۳۱	(7112 * SB36) * S1 - 960258
۸	(7112 * SB36) * S1 - 960026	۳۲	(7112 * SB36) * S1 - 960279
۹	(7112 * SB36) * S1 - 960045	۳۳	(7112 * SB36) * S1 - 960281
۱۰	(7112 * SB36) * S1 - 960046	۳۴	(7112 * SB36) * S1 - 960283
۱۱	(7112 * SB36) * S1 - 960047	۳۵	(7112 * SB36) * S1 - 960284
۱۲	(7112 * SB36) * S1 - 960056	۳۶	(7112 * SB36) * S1 - 960290
۱۳	(7112 * SB36) * S1 - 960061	۳۷	(7112 * SB36) * S1 - 960294
۱۴	(7112 * SB36) * S1 - 960072	۳۸	(7112 * SB36) * S1 - 960295
۱۵	(7112 * SB36) * S1 - 960089	۳۹	(7112 * SB36) * S1 - 960309
۱۶	(7112 * SB36) * S1 - 960090	۴۰	(7112 * SB36) * S1 - 960313
۱۷	(7112 * SB36) * S1 - 960190	۴۱	(7112 * SB36) * S1 - 960318
۱۸	(7112 * SB36) * S1 - 960192	۴۲	(7112 * SB36) * S1 - 960328
۱۹	(7112 * SB36) * S1 - 960195	۴۳	(7112 * SB36) * S1 - 960334
۲۰	(7112 * SB36) * S1 - 960196	۴۴	(7112 * SB36) * S1 - 960336
۲۱	(7112 * SB36) * S1 - 960206	۴۵	Succara
۲۲	(7112 * SB36) * S1 - 960212	۴۶	BTS 213
۲۳	(7112 * SB36) * S1 - 960215	۴۷	Shokofa
۲۴	(7112 * SB36) * S1 - 960216		

ژنوتیپ‌ها از تجزیه کلاستر به‌روش وارد^۱ استفاده شد، تجزیه به‌عامل‌ها از طریق تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به‌کمک نرم‌افزار SPSS var21 انجام گرفت.

نتایج و بحث

ضرایب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی

نتایج حاصل از محاسبه ضرایب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی نشان داد در کلیه صفات ضرایب تغییرات فنوتیپی بزرگتر از ضرایب تغییرات ژنوتیپی بود (جدول ۲). در این مطالعه بالاترین ضرایب تنوع ژنتیکی و فنوتیپی برای محتوی سدیوم ریشه و کمترین مقدار دو شاخص مذکور برای عملکرد قند خالص برآورد شد. ضرایب تغییرات ژنوتیپی صفات نشان می‌دهند که صفات دارای تنوع بالایی می‌باشند. مسلماً هر چه تنوع موجود در صفات بیشتر باشد انتخاب در آنها از دقت بالاتری برخوردار خواهد بود (۸). در این مطالعه مقدار وراثت‌پذیری عمومی متوسط به بالایی برای کلیه صفات مورد بررسی برآورد شد به‌طوری‌که مقدار وراثت‌پذیری محاسبه شده برای عملکرد ریشه، درصد قند خالص و عملکرد قند خالص به‌ترتیب برابر ۵۹/۵۳، ۸۷/۵۰ و ۷۸/۱۳ درصد بود. بالا بودن مقدار وراثت‌پذیری عمومی در توده ژنتیکی مورد بررسی بیانگر نقش چشم‌گیر عوامل ژنتیکی در مقایسه با عوامل محیطی در کنترل صفات مذکور است. در مطالعه حسنی و همکاران (۱۳) و درشیت سینگ و همکاران (۷) وراثت‌پذیری عمومی متوسط به بالایی برای عملکرد قند خالص و اجزای مرتبط با آن گزارش شد، در مطالعه‌ای دیگر عباسی و همکاران (۱) مقدار وراثت‌پذیری عمومی را برای عملکرد ریشه برابر ۵۱ درصد برآورد نمودند.

در این بررسی آماره‌های میانگین، دامنه تغییرات، ضریب تنوع فنوتیپی و ژنتیکی، وراثت‌پذیری عمومی برای کلیه صفات با رویه Univariate در نرم‌افزار SAS محاسبه شدند. وراثت‌پذیری عمومی صفات بر اساس رابطه ۴ محاسبه شد (۲۹).

$$h^2 = [\sigma_g^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_{gl}^2) + (\sigma_e^2 / r)] \quad (\text{رابطه ۴})$$

در آن σ_g^2 و σ_{gl}^2 و σ_e^2 به‌ترتیب واریانس ژنتیکی، واریانس اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط و واریانس خطا، r تعداد تکرار و l تعداد محیط بود. ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی با استفاده از رابطه ۵ و ۶ محاسبه شد (۲۹).

$$PCV = (\sigma_p / X) \times 100 \quad (\text{رابطه ۵})$$

$$GCV = (\sigma_g / X) \times 100 \quad (\text{رابطه ۶})$$

که در آن σ_p و σ_g به‌ترتیب انحراف معیارهای فنوتیپی و ژنوتیپی و X میانگین صفت در کل جمعیت است.

ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی جهت ارزیابی روابط بین صفات با استفاده از واریانس‌ها و کواریانس‌های فنوتیپی و ژنتیکی از طریق فرمول‌های ارائه شده توسط میلر و همکاران (۱۷) به صورت روابط (۷) و (۸) محاسبه گردید.

$$\sigma_{pxy} / \sigma_{px} \times \sigma_{py} = r_p \quad (\text{رابطه ۷})$$

$$\sigma_{gxy} / \sigma_{gx} \times \sigma_{gy} = r_g \quad (\text{رابطه ۸})$$

پس از اطمینان جهت محاسبات آماری در مرحله نخست آزمون نرمال بودن داده‌ها (آزمون کولموگروف-اسمیرنوف) انجام گرفت و پس از اطمینان یکنواختی واریانس داده‌ها به‌کمک آزمون بارلت، تجزیه واریانس داده‌ها و همچنین برآورد همبستگی‌های فنوتیپی با استفاده از نرم‌افزار SAS 9.2 انجام شد. در این بررسی جهت گروه‌بندی

ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی

بر اساس نتایج همبستگی بین صفات، عملکرد قند خالص با عملکرد ریشه ($r_g=0/55^{**}$ و $r_{ph}=0/87^{**}$)، عیار قند ($r_g=0/33^{**}$ و $r_{ph}=0/98^{**}$)، عملکرد قند ناخالص ($r_g=0/56^{**}$ و $r_{ph}=0/63^{**}$)، ضریب استحصال قند ($r_g=0/71^{**}$ و $r_{ph}=0/63^{**}$)، درصد قند خالص ($r_g=0/48^{**}$ و $r_{ph}=0/52^{**}$) و همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی مثبت و معنی‌دار نشان دادند، در حالی که همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی عملکرد قند خالص با محتوی پتاسیم ریشه ($r_g=-0/31^*$ و $r_{ph}=-0/60^{**}$) درصد قند ملاس ($r_g=-0/44^{**}$ و $r_{ph}=-0/65^{**}$) منفی و معنی‌دار بود. لازم به ذکر است که همبستگی فنوتیپی عملکرد قند خالص با نیتروژن مضره ($r_g=-0/50^{**}$) منفی و معنی‌دار بود. تفاوت در مقدار همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی در صفات مورد بررسی را می‌توان به اثر محیط نسبت داد که می‌تواند به صورت مثبت یا منفی در ایجاد همبستگی بین صفات نقش ایفا کند. وجود ارتباط مثبت بین عملکرد قند خالص با عملکرد ریشه و عملکرد قند ناخالص را می‌توان به جز مشترک این صفات یعنی عملکرد ریشه نسبت داد، همچنین همبستگی مثبت عیار قند، ضریب استحصال قند و درصد قند خالص را می‌توان به جزء مشترک این صفات یعنی درصد قند خالص نسبت داد. در

این مطالعه پتاسیم ریشه هم به لحاظ فنوتیپی و هم به لحاظ ژنتیکی اثر منفی بر عملکرد قند خالص داشت، بنابراین می‌توان اظهار داشت وجود این ارتباط بیشتر تحت کنترل عوامل ژنتیکی است تا عوامل محیطی، همچنین به واسطه همبستگی ژنتیکی منفی بین این دو صفت بیان ژن‌های مرتبط با این صفات در جهت عکس یکدیگر عمل کرده و با افزایش بیان هر یک دیگری کاهش نشان خواهد داد. نتایج همچنین نشان داد عملکرد ریشه با عملکرد قند ناخالص ($r_g=-0/68^{**}$ و $r_{ph}=-0/92^{**}$) همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی مثبت و معنی‌دار نشان داد همچنین همبستگی فنوتیپی عملکرد ریشه با محتوی پتاسیم ($r_g=-0/51^{**}$)، نیتروژن مضره ($r_g=-0/55^{**}$) و درصد قند ملاس ($r_g=-0/35^*$) منفی و معنی‌دار و با محتوی آلکالیت ریشه ($r_g=0/45^{**}$) مثبت و معنی‌دار بود. لازم به ذکر است که همبستگی ژنتیکی با عیار قند ($r_g=-0/34^*$) منفی و معنی‌دار بود. در این بررسی همبستگی فنوتیپی عملکرد ریشه با عیار قند معنی‌دار نبود ولی ارتباط ژنتیکی این صفات منفی و معنی‌دار بود، می‌توان اظهار داشت عوامل محیطی بر شکل‌گیری ارتباط بین این دو صفت اثر تعیین‌کننده‌ای داشته‌اند.

جدول ۲- پارامترهای ژنتیکی محاسبه شده در ژنوتیپ‌های چغندر قند در شرایط آلودگی طبیعی رایزومونیا

Table 2. Genetic parameters calculated in sugar beet genotypes under natural Rhizomonias infection conditions

صفات	میانگین	دامنه تغییرات	ضریب تنوع فنوتیپی	ضریب تنوع ژنتیکی	وراثت‌پذیری عمومی
عملکرد ریشه	۶۰/۵۰	۹۱/۷۱	۶/۰۲	۴/۶۵	۵۹/۵۳
عیار قند	۱۶/۲۲	۸/۶۵	۳/۵۹	۳/۳۸	۸۸/۲۴
عملکرد قند ناخالص	۹/۶۸	۱۶/۴۱	۸/۶۴	۷/۴۵	۷۴/۲۹
سدیم	۱/۹۰	۷/۳۳	۴۴/۰۳	۳۷/۹۵	۷۴/۲۹
پتاسیم	۵/۴۵	۸/۴۲	۵/۸۳	۵/۰۲	۷۴/۲۶
نیتروژن مضره	۱/۸۲	۲/۸۲	۷/۳۷	۶/۰۲	۶۶/۶۷
آلکالیت	۴/۶۰	۱۱/۸۵	۱۱/۵۰	۱۰/۲۰	۷۸/۵۷
ضریب استحصال	۱۳/۱۹	۲۸/۸۴	۱۳/۲۲	۱۱/۸۲	۷۹/۹۳
درصد قند خالص	۷/۶۶	۱۰/۴۶	۹/۷۷	۹/۱۴	۸۷/۵۰
عملکرد قند خالص	۸۰/۹۱	۱۴/۱۴	۰/۹۹	۰/۸۷	۷۸/۱۳
درصد قند ملاس	۲/۵۱	۳/۹۰	۷/۲۴	۶/۳۰	۷۵/۷۶

جدول ۳- ضرایب همبستگی فنوتیپی (اعداد پایین قطر) و ژنتیکی (اعداد بالای قطر) صفات در چغندر قند تحت شرایط آلودگی طبیعی رایزومونیا

Table 3. Phenotypic (low numbers) and genetic (high numbers) correlation coefficients under natural Rhizomonias infection condition

عملکرد ریشه	عیار قند	عملکرد قند ناخالص	سدیم	پتاسیم	نیتروژن مضره	آلکالیت	ضریب استحصال	درصد قند خالص	عملکرد قند خالص	درصد قند ملاس
عملکرد ریشه	۰/۳۳*	۰/۶۸**	۰/۱۳ ^{ns}	۰/۲۶ ^{ns}	۰/۲۳ ^{ns}	۰/۰۹ ^{ns}	۰/۲۸ ^{ns}	۰/۵۵**	۰/۰۹ ^{ns}	۰/۰۹ ^{ns}
عیار قند	۰/۰۴ ^{ns}	۰/۶۵**	۰/۲۲ ^{ns}	۰/۲۷ ^{ns}	۰/۳۶ ^{ns}	۰/۰۶ ^{ns}	۰/۰۶ ^{ns}	۰/۵۶**	۰/۱۲ ^{ns}	۰/۱۲ ^{ns}
عملکرد قند ناخالص	۰/۳۱*	۰/۳۱*	۰/۱۱ ^{ns}	۰/۱۶ ^{ns}	۰/۲۱ ^{ns}	۰/۱۸ ^{ns}	۰/۲۰ ^{ns}	۰/۷۱**	۰/۳۵*	۰/۳۵*
سدیم	۰/۱۶ ^{ns}	۰/۰۷ ^{ns}	۰/۰۳ ^{ns}	۰/۰۳ ^{ns}	۰/۲۸ ^{ns}	۰/۰۱ ^{ns}	۰/۰۳ ^{ns}	۰/۰۷ ^{ns}	۰/۴۱**	۰/۴۱**
پتاسیم	۰/۰۵۱**	۰/۰۲ ^{ns}	۰/۰۶ ^{ns}	۰/۰۶ ^{ns}	۰/۱۸ ^{ns}	۰/۰۸ ^{ns}	۰/۰۳ ^{ns}	۰/۳۱*	۰/۳۴*	۰/۳۴*
نیتروژن مضره	۰/۰۵۵**	۰/۰۵ ^{ns}	۰/۰۳ ^{ns}	۰/۰۳ ^{ns}	۰/۰۸ ^{ns}	۰/۰۴ ^{ns}	۰/۰۸ ^{ns}	۰/۲۱ ^{ns}	۰/۲۲ ^{ns}	۰/۲۲ ^{ns}
آلکالیت	۰/۰۴۵**	۰/۰۵ ^{ns}	۰/۰۳ ^{ns}	۰/۰۳ ^{ns}	۰/۰۸ ^{ns}	۰/۰۴ ^{ns}	۰/۰۸ ^{ns}	۰/۰۱ ^{ns}	۰/۰۳ ^{ns}	۰/۰۳ ^{ns}
ضریب استحصال	۰/۲۳ ^{ns}	۰/۰۵ ^{ns}	۰/۰۷ ^{ns}	۰/۰۷ ^{ns}	۰/۰۲ ^{ns}	۰/۰۲ ^{ns}	۰/۰۲ ^{ns}	۰/۰۴ ^{ns}	۰/۰۷ ^{ns}	۰/۰۷ ^{ns}
درصد قند خالص	۰/۰۶ ^{ns}	۰/۰۹ ^{ns}	۰/۰۴ ^{ns}	۰/۰۴ ^{ns}	۰/۰۷ ^{ns}	۰/۰۴ ^{ns}	۰/۰۲ ^{ns}	۰/۰۵ ^{ns}	۰/۰۶ ^{ns}	۰/۰۶ ^{ns}
عملکرد قند خالص	۰/۸۷**	۰/۳۳*	۰/۰۸ ^{ns}	۰/۰۶ ^{ns}	۰/۰۵ ^{ns}	۰/۰۱ ^{ns}	۰/۰۶ ^{ns}	۰/۵۳**	۰/۴۳**	۰/۴۳**
درصد قند ملاس	۰/۰۳۵*	۰/۰۶ ^{ns}	۰/۰۵۴**	۰/۰۶۵**	۰/۰۴۳**	۰/۰۰۹ ^{ns}	۰/۰۹۴**	۰/۰۷۶**	۰/۰۶۶**	۰/۰۶۶**

ns, * و ** به ترتیب عدم معنی‌دار و معنی‌دار در سطح ۰/۰۵ و ۰/۰۱

داده شوند، معادله خط رگرسیون به صورت ذیل تبیین خواهد شد.

$$Y = 6.56 - 0.73X_1 + 0.46X_2 - 0.98X_3$$

بر اساس رابطه فوق مشاهده می‌شود که عیار قند باعث افزایش عملکرد قند خالص و پتاسیم و نیتروژن مضره ریشه موجب کاهش عملکرد ریشه در رابطه خواهند شد. نتایج تجزیه علیت صفات مؤثر بر عملکرد قند خالص (جدول ۵) نشان داد پتاسیم ریشه در سطح احتمال یک درصد و نیتروژن مضره در سطح احتمال پنج درصد اثر مستقیم منفی و معنی‌دار بر عملکرد قند خالص نشان دادند، در حالی که اثرات مستقیم عیار قند بر عملکرد قند خالص در سطح احتمال یک درصد مثبت و معنی‌دار بود.

در این مطالعه محتوی پتاسیم ریشه به صورت غیر مستقیم از طریق افزایش محتوی نیتروژن مضره اثر غیرمستقیم منفی بر عملکرد قند خالص داشت، در حالی که اثر غیرمستقیم صفت مذکور از طریق عیار قند مثبت بود. عملکرد قند ناخالص نیز به واسطه محتوی پتاسیم و نیتروژن مضره ریشه اثر غیرمستقیم منفی بر عملکرد قند خالص داشت. در نهایت نیتروژن مضره از طریق محتوی پتاسیم ریشه اثر غیرمستقیم منفی و از طریق درصد قند ناخالص اثر غیرمستقیم مثبت بر عملکرد قند خالص نشان داد.

بر اساس نتایج جدول همبستگی صفات بین نیتروژن مضره ریشه و عملکرد قند خالص همبستگی معنی‌دار دیده نشد، اما تجزیه اثرات صفت مذکور به اثرات مستقیم و غیرمستقیم توسط تجزیه علیت نشان داد که این صفت هم به صورت مستقیم و هم به صورت غیرمستقیم عملکرد قند خالص را تحت تأثیر قرار می‌دهد، وجود ارتباط مستقیم مثبت و معنی‌دار بین عیار قند و عملکرد قند خالص در مطالعه شریفی (۲۸) و فیروزآبادی و همکاران (۴) نیز گزارش شده است. غفاری و همکاران (۱۲) براساس نتایج تجزیه رگرسیون گام به گام نشان دادند صفات عملکرد ریشه، عیار قند، میزان سدیم و میزان پتاسیم بیش از ۹۹ درصد تغییرات عملکرد شکر سفید را توجیه کردند.

در مطالعه نیازبان و همکاران (۲۲) همبستگی درصد قند خالص با عیار قند و ضریب استحصال قند مثبت و معنی‌دار و با محتوی سدیم، پتاسیم، نیتروژن و قند ملاس منفی و معنی‌دار بود. در این مطالعه عملکرد قند خالص با عملکرد ریشه، عیار قند، عملکرد قند ناخالص، عملکرد قند خالص و ضریب استحصال در سطح احتمال یک درصد همبستگی مثبت و معنی‌دار و با محتوی پتاسیم ریشه و آلکالیت در سطح احتمال یک درصد همبستگی منفی و معنی‌دار نشان داد. با توجه به نتایج ضرایب همبستگی می‌توان اظهار داشت عملکرد ریشه، عیار قند، عملکرد قند ناخالص، عملکرد قند خالص، ضریب استحصال، پتاسیم ریشه و آلکالیت صفات تأثیرگذاری بر تغییرات عملکرد قند خالص هستند. در مطالعه محمدیان و همکاران (۱۹) همبستگی عملکرد قند خالص با عملکرد ریشه و درصد استحصال قند مثبت و معنی‌دار و با درصد قند ملاس، نیتروژن مضره، سدیم و پتاسیم ریشه منفی و معنی‌دار بود. همچنین در مطالعه رضایی و همکاران (۲۵) همبستگی عملکرد قند خالص با عملکرد ریشه و عملکرد قند خالص معنی‌دار بود. در تحقیقی دیگر رجبی و همکاران (۲۴) نشان دادند همبستگی عملکرد ریشه با عملکرد قند، عملکرد ریشه با عملکرد قند خالص عملکرد قند سفید و عملکرد قند ناخالص مثبت و معنی‌دار بود.

تجزیه رگرسیون و علیت

نتایج تجزیه رگرسیون چندگانه برای مشخص نمودن اجزای مؤثر بر عملکرد قند خالص به عنوان صفت وابسته در متوسط چهار مکان در جدول (۴) درج شده است. در این مطالعه میزان پتاسیم ریشه، عیار قند و نیتروژن مضره با تبیین ۵۲ درصد (ضریب تبیین تعدیل شده) از تغییرات عملکرد قند خالص به عنوان تأثیرگذارترین صفات در توجیه تغییرات عملکرد قند خالص شناسایی شدند. در بین صفات مذکور مقدار پتاسیم ریشه، عیار قند و نیتروژن مضره ریشه به تنهایی به ترتیب ۴، ۴ و ۵ درصد از تغییرات کل عملکرد خالص را به خود اختصاص دادند. چنانچه عملکرد قند خالص به عنوان متغیر وابسته با Y ، و پتاسیم ریشه، عیار قند و نیتروژن مضره به عنوان متغیرهای مستقل به ترتیب با X_1 ، X_2 و X_3 نشان

جدول ۴- نتایج تجزیه رگرسیون گام به گام صفات مؤثر بر عملکرد قند خالص

Table 4. Results of stepwise regression analysis of traits affecting white sugar yield

متغیرها	۱	۲	۳
عدد ثابت	۱۵/۱۲	۸/۴۳	۶/۵۶
پتاسیم ریشه	-۱/۲۴	-۱/۰۹	-۰/۷۳
عیار قند		-۰/۳۵	۰/۴۶
نیتروژن مضره			-۰/۹۸
ضریب تبیین R^2	۰/۶۶	۰/۷	۰/۷۴
ضریب تبیین تعدیل شده R^2	۰/۴۳	۰/۴۷	۰/۵۲

جدول ۵- تجزیه علیت صفات مؤثر بر عملکرد قند خالص

Table 5. Pathway analysis of the traits affecting white sugar yield

متغیرها	اثر مستقیم	پتاسیم	عیار قند	نیتروژن مضره	همبستگی
پتاسیم	-۰/۴۵**	-	۰/۰۹	-۰/۲۵	-۰/۶۰**
عیار قند	۰/۴۰**	-۰/۰۸	-	-۰/۰۲	۰/۳۳**
نیتروژن مضره	-۰/۲۹*	-۰/۱۶	۰/۰۱	-	۰/۱۶ ^{ns}

ns: * و **: به ترتیب عدم معنی‌دار و معنی‌دار در سطح ۰/۰۵ و ۰/۰۱

تجزیه خوشه‌ای

دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۴۷ ژنوتیپ چغندر قند در مجموع چهار مکان در شکل (۱) آمده است. بر اساس تجزیه واریانس چند متغیره در این شرایط برش دندروگرام از فاصله اقلیدوسی ۵۰ بیشترین مقدار F و در نتیجه بیشترین نسبت واریانس بین گروهی به درون گروهی را فراهم کرد (شکل ۱). بر این اساس، ژنوتیپ‌ها به چهار گروه تقسیم شدند (جدول ۶). نتایج تجزیه واریانس نشان داد اختلاف بین چهار گروه ایجاد شده از نظر عملکرد ریشه، محتوی پتاسیم ریشه، نیتروژن مضره، آلکالیتیه، ضریب استحصال قند، عملکرد قند خالص و درصد قند ملاس در سطح احتمال یک درصد و از نظر عیار قند، محتوی سدیم ریشه، و درصد قند خالص در سطح احتمال پنج درصد معنی‌دار بود (جدول ۶).

در گروه اول ژنوتیپ‌های شماره ۱، ۴، ۱۱، ۱۳، ۱۴، ۱۵، ۱۶، ۱۷ و ۴۷ (رقم شاهد داخلی شکوفا) قرار داشت که ۱۴/۱۲ درصد از کل جمعیت مورد بررسی را تشکیل دادند، ژنوتیپ‌های واقع در خوشه اول از مقادیر عملکرد ریشه، عملکرد قند خالص، آلکالیتیه ریشه، درصد استحصال قند و عملکرد قند خالص کمتر و عیار قند، مقدار سدیم، پتاسیم، درصد قند خالص و درصد ملاس قند بالاتر از دیگر گروه‌ها و متوسط هر چهار خوشه برخوردار بود.

با توجه به پایین بودن عملکرد ریشه و عملکرد قند خالص در این گروه گزینش ژنوتیپ‌ها بر اساس خوشه اول قابل توصیه نیست.

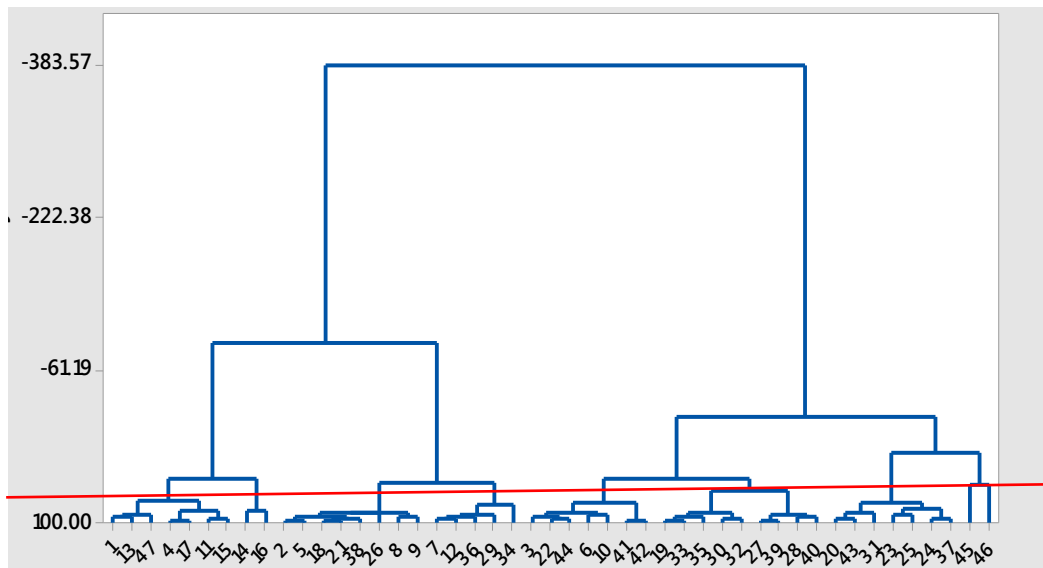
گروه دوم در بر گیرنده ۲۹/۷۸ درصد از جمعیت ژرم‌پلاسم مورد بررسی بود، در این گروه ژنوتیپ‌های شماره ۲، ۵، ۱۸، ۲۱، ۲۶، ۲۸، ۲۹، ۳۴، ۳۶، ۱۲، ۷، ۹، ۸، ۱۱، ۱۳، ۱۴، ۱۵، ۱۶، ۱۷، ۱۸، ۱۹، ۲۰، ۲۱، ۲۲، ۲۳، ۲۴، ۲۵، ۲۶، ۲۷، ۲۸، ۲۹، ۳۰، ۳۱، ۳۲، ۳۳، ۳۴، ۳۵، ۳۶، ۳۷، ۳۸، ۳۹، ۴۰، ۴۱، ۴۲، ۴۳، ۴۴، ۴۵، ۴۶، ۴۷ قرار داشت، ژنوتیپ‌های خوشه دوم از عملکرد ریشه، عیار قند، عملکرد قند ناخالص، محتوی سدیم، آلکالیتیه، ضریب استحصال قند، درصد قند خالص و عملکرد قند ناخالص کمتر از میانگین کل کلاسترها برخوردار بود، در صورتی که مقدار پتاسیم و نیتروژن مضره و همچنین درصد قند ملاس در ژنوتیپ‌های قرار گرفته در خوشه دوم بالاتر از میانگین کل خوشه‌ها بود. مقایسه خوشه یک با خوشه دو نشان داد عملکرد ریشه، عملکرد قند ناخالص و عملکرد قند خالص در خوشه دوم به صورت معنی‌داری بالاتر از خوشه اول بود، بنابراین می‌توان گفت ژنوتیپ‌های خوشه دوم در مقایسه با خوشه اول که رقم شاهد

داخلی شکوفا در آنها قرار داشت از عملکرد و اجزای عملکرد قند بالاتری برخوردار هستند.

در خوشه شماره سه ژنوتیپ‌های شماره ۲۲، ۴۴، ۶، ۱۰، ۴۱، ۴۲، ۱۹، ۳۳، ۳۵، ۳۰، ۳۲، ۲۷، ۳۹، ۲۸ و ۴۰ قرار گرفتند، ژنوتیپ‌های خوشه مذکور با ۳۱/۹۱ درصد از کل ژرم‌پلاسم مورد بررسی را به خود اختصاص دادند، ژنوتیپ‌های کلاستر سوم از عملکرد ریشه، محتوی سدیم، آلکالیتیه، عملکرد قند خالص و قند ملاس بالاتر از میانگین کل خوشه‌ها و از عیار قند، عملکرد قند ناخالص، محتوی پتاسیم و نیتروژن مضره، درصد استحصال قند، درصد قند خالص و عملکرد قند خالص کمتر از میانگین کل خوشه‌ها برخوردار بود، تفاوت بین دو خوشه شماره یک و دو با خوشه سه بدین صورت بود که خوشه شماره سه در مقایسه با دو خوشه مذکور از عملکرد ریشه و عملکرد قند خالص بالاتری برخوردار بود و ژنوتیپ‌های خوشه شماره سه در مقایسه با دو خوشه شماره یک و دو ژنوتیپ‌های مناسبتری به شمار می‌روند.

در نهایت ۱۹/۱۴ درصد از جمعیت مورد بررسی در خوشه شماره ۴ قرار داشتند که شامل ژنوتیپ‌های شماره ۲۰، ۴۳، ۳۱، ۲۳، ۲۵، ۲۴، ۳۷، ۴۵ (Succara) و ۴۶ (BTS 213) بودند. ژنوتیپ‌های کلاستر مذکور از عملکرد ریشه، عیار قند، عملکرد قند ناخالص، آلکالیتیه ریشه، درصد استحصال قند، درصد قند خالص و عملکرد قند خالص بالاتر از میانگین کل خوشه‌ها و همچنین بالاتر از میانگین سه کلاستر دیگر برخوردار بود، همچنین مقدار ناخالصی‌ها سدیم، پتاسیم، نیتروژن مضره و درصد قند ملاس در خوشه چهار کمتر از میانگین کل و میانگین سه خوشه دیگر بود.

بر اساس نتایج همبستگی و تجزیه رگرسیون و علیت محتوی پتاسیم ریشه و عیار قند به‌عنوان مؤثرترین صفات در توجیه تغییرات عملکرد قند خالص شناسایی شدند، بالا بودن عملکرد قند خالص در ژنوتیپ‌های خوشه چهار را می‌توان به کم بودن محتوی پتاسیم ریشه و بالا بودن عیار قند این ژنوتیپ‌ها در مقایسه با سایر خوشه‌ها نسبت داد. با توجه به اینکه ژنوتیپ‌های شماره ۲۰، ۴۳، ۳۱، ۲۳، ۲۵، ۲۴ با ارقام شاهد خارجی در یک خوشه قرار داشتند و خصوصیات کمی و کیفی یکسانی با شاهد خارجی نشان دادند، گزینش این ژنوتیپ‌ها به‌خصوص والد‌گرده افشان آنها برای برنامه‌های آتی به‌نژادی قابل توصیه است.



شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر ۴۷ ژنوتیپ چغندر قند در آلودگی طبیعی رایزومونیا
Figure 1. dendrogram of cluster analysis of 47 sugar beet genotypes under natural Rhizomonium infection conditions

جدول ۶- تجزیه کلاستر و مقایسه میانگین گروه‌ها از لحاظ صفات مورد بررسی در آلودگی طبیعی رایزومونیا
Table 6. Cluster analysis and comparison of mean groups in terms of under natural Rhizomonium infection conditions

SOV	درجه آزادی	عملکرد ریشه	عیار قند	عملکرد قند ناخالص	سدیم	پتاسیم	نیترोजن مضره	آلکالیته	ضریب استحصال	درصد قند خالص	عملکرد قند خالص	ملاس
بین گروه‌ها	۳	۲۴۶/۶۵**	۰/۶۴*	۷/۰۶*	۰/۱۸*	۰/۶۹**	۰/۲۱**	۱/۰۳**	۹/۱۰**	۱/۱۹*	۵/۲۸**	۰/۱۳**
درون گروه	۴۳	۲/۶۹	۰/۱۹	۰/۰۹	۰/۰۵	۰/۰۸	۰/۰۲	۰/۲۱	۱/۵۰	۰/۲۸	۰/۰۹	۰/۰۱
خوشه ۱	-	۵۱/۲۶d	۱۶/۴۰ab	۸/۲۸d	۲/۳۱b	۶/۳۲a	۲/۲۲a	۴/۲۰c	۷۸/۶۹b	۱۲/۹۴b	۶/۷۲d	۲/۸۶a
خوشه ۲	-	۵۶/۵۲c	۱۶/۳۰b	۹/۱۹c	۲/۳۳b	۶/۰۷ab	۲/۱۴a	۴/۲۸abc	۷۹/۱۲b	۱۲/۹۳b	۷/۴۱c	۲/۷۷a
خوشه ۳	-	۴۰/۲۹a	۱۶/۱۳b	۹/۷۱b	۲/۵۲a	۵/۹۷b	۱/۹۸b	۴/۸۰a	۷۸/۷۸b	۱۲/۷۴b	۷/۸۰b	۲/۷۸a
خوشه ۴	-	۶۲/۹۳a	۱۶/۷۰a	۱۰/۴۴a	۲/۲۳b	۵/۶۶c	۱/۹۰b	۴/۶۶ab	۸۰/۷۷a	۱۲/۵۲a	۸/۵۴a	۲/۵۷b
میانگین	-	۵۷/۷۵	۱۶/۳۸	۹/۴۳	۲/۳۴	۶/۰۰	۲/۰۶	۴/۴۸	۷۹/۳۴	۱۳/۰۳	۷/۶۱	۲/۷۴

ns و **: به ترتیب عدم معنی‌دار و معنی‌دار در سطح ۰/۰۵ و ۰/۰۱

تجزیه به عامل‌ها و بای پلات

در تجزیه به عامل‌ها مقدار آماره KMO برابر ۰/۸۱ بود و همچنین در هر دو شرایط آزمون اسفربستی بار تلت معنی‌دار شد که بیانگر کافی بودن مقادیر همبستگی متغیرهای اولیه برای تجزیه به عامل‌ها بود. در تجزیه به عامل‌ها از طریق تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با در نظر گرفتن مقادیر ویژه بزرگ‌تر از یک، دو عامل شناسایی شد که ۸۲/۵۲ درصد از تغییرات داده‌ها را تبیین کردند (جدول ۷). در این مطالعه ضرایب عاملی بزرگ‌تر از ۰/۵ صرف‌نظر از علامت مربوطه به‌عنوان ضرایب معنی‌دار در نظر گرفته شدند.

عامل اول که بیشترین مقدار از تغییرات داده‌ها را تبیین کرد (۵۱/۷۳ درصد) دارای ضرایب عاملی بزرگ و مثبت برای صفات درصد قند خالص، عیار قند و ضریب استحصال قند و ضرایب عاملی بزرگ و منفی برای سدیم ریشه، درصد قند ملاس و آلکالیته بودند. عامل اول را می‌توان عامل خصوصیات کیفی نامید. عامل دوم نیز که ۳۰/۷۹ درصد از کل تغییرات داده‌ها را تبیین کرد دارای ضرایب همبستگی درونی مثبت با عملکرد ریشه، عملکرد قند خالص، عملکرد

بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای می‌توان اظهار داشت که ۱۴/۱۲ درصد هیبریدهای اصلاحی مورد بررسی از خصوصیات کمی و کیفی یکسانی با آخرین رقم اصلاحی ثبت شده در کشور (رقم شکوفا) برخوردار بودند، در حالیکه ۸۵/۸۸ درصد دیگر از جامعه اصلاحی به‌صورت معنی‌داری از خصوصیات کمی و کیفی بالاتری نسبت به رقم شاهد داخلی برخوردار بودند، همچنین ۱۹/۱۴ درصد از هیبریدهای تهیه شده و مورد مطالعه از لحاظ خصوصیات کمی و کیفی با ارقام شاهد خارجی در یک گروه یکسان قرار گرفتند، که بیانگر امکان رقابت هیبریدهای اصلاحی مورد بررسی با ارقام خارجی متداول در جهان است. در مطالعه احمدی و همکاران (۲۰۲۰) ۱۲ رقم مختلف چغندر قند از لحاظ عملکرد، کیفیت محصول و همچنین شاخص آلودگی به بیماری ریزومانیا، به سه گروه دسته‌بندی شدند فتوحی و همکاران (۱۱) با استفاده از تجزیه خوشه‌ای ۳۷ فامیل ناتنی را به سه گروه دسته‌بندی کرد و اظهار داشت HSF-883 در هر دو شرایط نرمال و کم‌آبی بهترین خصوصیات کمی و کیفی را به‌خود اختصاص داد.

عملکرد قند ناخالص در این ژنوتیپ‌ها پایین و محتوی سدیم ریشه، درصد قند ملاس، آلکالیت، نیتروژن مضره و محتوی پتاسیم ریشه در این ژنوتیپ‌ها در مقایسه با دیگر ژنوتیپ‌ها بالا بود.

در ناحیه چهار بای‌پلات، ژنوتیپ‌های شماره ۳۳، ۴۳، ۴۴، ۲۲، ۲۵، ۲۳، ۲۷، ۳۹، ۲۶، ۴۰، ۴۱، ۲۸ و ۴۲ قرار داشتند، این ژنوتیپ‌ها دارای ضرایب منفی با عامل اول و ضرایب مثبت با عامل دوم بودند، یعنی در مقایسه با دیگر ژنوتیپ‌ها از درصد قند خالص، عیار قند، ضریب استحصال قند، نیتروژن مضره و محتوی پتاسیم ریشه کم و عملکرد ریشه، عملکرد قند خالص، عملکرد قند ناخالص، سدیم ریشه، درصد قند ملاس و آلکالیت بالا برخوردار بودند (شکل ۲).

نیازبان و همکاران (۲۲) در تجزیه عاملی، پنج عامل مختلف را شناسایی کردند که در مجموع ۸۲/۵۲ درصد از کل تغییرات داده‌ها را تبیین نمودند، آنها این عوامل را به ترتیب اهمیت عامل قند خالص، عامل عملکرد (ریشه و قند)، خصوصیات مورفولوژیک ریشه، مقاومت به بولتینگ و سرکوسپورا نامگذاری کردند.

نتیجه‌گیری کلی

در این بررسی صفات عیار قند و محتوی پتاسیم ریشه از مقدار وراثت‌پذیری بالایی برخوردار بودند و نقش چشم‌گیری در توجیه تغییرات عملکرد قند خالص داشتند، می‌توان نتیجه گرفت که در توده ژنتیکی مورد مطالعه گزینش بر اساس عیار قند بالا و محتوی پتاسیم کم ما را در دستیابی به ژنوتیپ‌های با عملکرد قند خالص بالا یاری خواهد کرد، همچنین در این مطالعه هیبریدهای شماره ۲۰، ۴۳، ۳۱، ۲۳، ۲۵، ۲۴ و ۳۷ و ارقام شاهد خارجی Succara و BTS 213 از لحاظ خصوصیات کمی و کیفی در یک گروه قرار داشتند، بنابراین گزینش هیبریدهای مذکور برای برنامه‌های آتی به‌نژادی و معرفی رقم قابل توصیه می‌باشند.

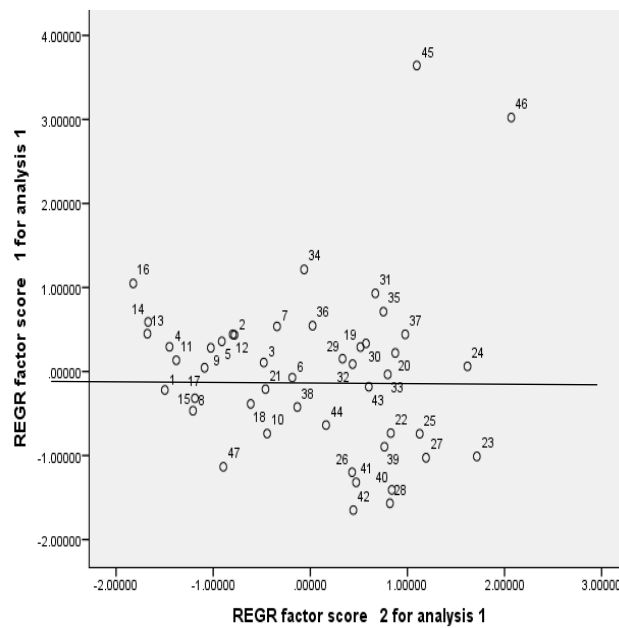
قند ناخالص و ضرایب همبستگی درونی منفی و معنی‌دار با نیتروژن مضره و محتوی پتاسیم ریشه بود، عامل دوم را می‌توان عامل عملکرد و اجزای عملکرد ریشه نامید (شکل ۲). گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس دو مؤلفه تحلیل عامل ژنوتیپ‌ها را در چهار منطقه قرار داد، در منطقه اول که دارای مقادیر مثبت با هر دو عامل بود ژنوتیپ‌های شماره ۲۴، ۲۰، ۳۷، ۳۰، ۳۲، ۱۹، ۲۹، ۳۱، ۳۵، ۳۶، ۳۴، ۴۵ (Succara) و ۴۶ (BTS 213) قرار گرفتند، قرارگیری این ژنوتیپ‌ها در این ناحیه بیانگر آن بود که این ژنوتیپ‌ها از خصوصیات کیفی (عامل اول) و عملکرد و اجزای عملکرد (عامل دوم) مناسبی برخوردارند، با این‌صورت که درصد قند خالص، عیار قند، ضریب استحصال قند، عملکرد ریشه، عملکرد قند خالص، عملکرد قند ناخالص در این ژنوتیپ‌ها بالا و محتوی سدیم ریشه، درصد قند ملاس، آلکالیت، نیتروژن مضره و محتوی پتاسیم ریشه در این ژنوتیپ‌ها در مقایسه با دیگر ژنوتیپ‌ها پایین بود. قسمت اعظم ژنوتیپ‌های قرار گرفته در ناحیه اول بای‌پلات در خوشه شماره ۴ تجزیه خوشه‌ای قرار داشتند (شکل ۲).

در ناحیه دو ژنوتیپ‌های شماره ۷، ۳، ۲، ۱۲، ۵، ۹، ۱۷، ۱۱، ۴، ۱۳، ۱۴ و ۱۶ قرار گرفت، این ژنوتیپ‌ها دارای ضرایب مثبت با عامل اول و ضرایب منفی با عامل دوم بودند، یعنی در مقایسه با دیگر ژنوتیپ‌ها از درصد قند خالص، عیار قند، ضریب استحصال قند، نیتروژن مضره و محتوی پتاسیم ریشه بالا و عملکرد ریشه، عملکرد قند خالص، عملکرد قند ناخالص، سدیم ریشه، درصد قند ملاس و آلکالیت کم برخوردار بودند (شکل ۲).

نامناسب‌ترین ژنوتیپ‌ها در ناحیه سه بای‌پلات قرار داشتند این ژنوتیپ‌ها شامل ژنوتیپ‌های شماره ۶، ۳۸، ۲۱، ۱۰، ۱۸، ۱۷، ۸، ۱۵ و ۱ بودند، ۴۷ بودند، ژنوتیپ‌های مذکور دارای ضریب منفی با هر دو عامل بودند. درصد قند خالص، عیار قند، ضریب استحصال قند، عملکرد ریشه، عملکرد قند خالص،

جدول ۷- ضرایب تجزیه به عامل‌ها برای صفات مورد مطالعه بعد از چرخش وریماکس در مجموع چهار مکان

واریانس مشترک	PC 2	PC1	صفات
۰/۹۴	۰/۲۰	۰/۹۴	درصد قند خالص
۰/۸۵	۰/۰۵	۰/۹۲	عیار قند
۰/۹۶	۰/۴۱	۰/۸۹	ضریب استحصال قند
۰/۷۳	۰/۱۴	-۰/۸۵	سدیم ریشه
۰/۸۵	-۰/۴۶	-۰/۷۳	درصد قند ملاس
۰/۷۷	۰/۴۰	-۰/۶۴	آلکالیت
۰/۸۱	۰/۸۹	-۰/۰۸	عملکرد ریشه
۰/۸۲	۰/۸۷	۰/۲۵	عملکرد قند ناخالص
۰/۸۷	۰/۸۵	۰/۳۸	عملکرد قند خالص
۰/۷۱	-۰/۸۳	۰/۱۵	نیتروژن مضره
۰/۶۸	-۰/۷۴	-۰/۳۸	پتاسیم ریشه
-	۳/۳۸	۵/۶۰	ریشه مشخصه
-	۳۰/۷۹	۷۲/۵۱	درصد واریانس توجیه شده
-	۸۲/۵۲	۷۲/۵۱	درصد تجمعی واریانس توجیه شده



شکل ۲- بای پلات حاصل از تجزیه کلاستر ۴۷ ژنوتیپ چندرقتند در آلودگی طبیعی رایزومونیا
Figure 2. Biplot of 47 sugar beet genotypes under natural Rhizomania infection conditions

منابع

1. Abbasi Z., A. Arzani and M.M. Majidi. 2014. Evaluation of Genetic Diversity of Sugar Beet (*Beta vulgaris* L.) Crossing Parents Using Agro-morphological Traits and Molecular Markers. Journal of Agricultural Science and Technology, 16: 1397-1411.
2. Acquah, G., N.W. Adams and J.O. Kelly. 1992. Factor analysis of plant variable associated with architecture and seed size in day bean. Euphtica, 60: 171-177.
3. Ahmadi, H., J. Hamidi, J. Soltani Idliki, M. Rezaei and M. Kakouinejad. 2020. Correlation between yield and quality traits of sugar beet cultivars with rhizomania disease indices in field contamination conditions. 10.22055 / PPD.2020.32377.1873 (In Persian).
4. Baradaran Firouzabadi, M., N. Farrokhi and M. Parsaeyan. 2011. Sequential path analysis of some yield and quality components in sugar beet grown in normal and drought conditions. Italian Journal of Agronomy, 6(39): 45-51.
5. Bashiri, B., T. Mir Mahmoodi and K. Foteh. 2015. Evaluation of Sugar Beet (*Beta vulgaris* L.) Genotypes for Their Trait Associations under Saline Conditions. Journal of Crop Ecophysiology, 34(2): 243-258.
6. Dewey, D.R. and R.H. Lu. 1959. A correlation and path coefficient analysis of components of crested wheat grass seed production. Agronomy Journal, 51: 515-518.
7. Drishti Singh, A., K. Mall, Varucha Misra, M. Kumar and A.D. Pathak. 2018. Assessment of Coefficient of Variation, Correlations between Yield and Yield Attributes in Sugar beet (*Beta vulgaris* L.). Plant Archives, 18: 15-18.
8. Falconer, D.S. 1989. Introduction to Quantitative Genetics. (3rd edition) Longman, New York, 415 pp.
9. FAOSTAT. 2019. Crops Production /Yield quantities of Sugar beet. Available at: <http://www.fao.org/faostat/> (Accessed October 4th 2019).
10. Farshadafar, E. 2005. Principles and multivariate statistical methods (second edition). Kermanshah, Publications Taq Bostan, 734 (In Persian).
11. Fotouhi, K., E. Majidi, A. Rajabi and R. Azizinejad. 2017. Study of genetic variation for drought tolerance in sugar beet half-sib families. Journal of Sugar Beet, 33(1): 1-16 (In Persian).
12. Ghafari, E., A. Rajabi, A. Izadi Darbandi, F. Rozbeh and R. Amiri. 2016. Evaluation of New Sugar Beet Monogerm Hybrids for Drought Tolerance. Journal of Crop Breeding, 8(17): 1-16.
13. Hassani, M., B. Heidari and P. Stevanato. 2019. Combining abilities of sugar beet genotypes for root- and sugar-related traits under multi-environment trials. Plant breeding, 139(1): 192-206.
14. ICUMSA. 2009. International Commission for Uniform Methods of Sugar Analysis, Methods Book. Berlin, Bartens.
15. Jobson, J. 2012. Applied multivariate data analysis: volume II: Categorical and Multivariate Methods, Springer Science & Business Media, 732 pp.

16. McGrann, G.R., M.K. Grimmer, E.S. Mutasa-Göttgens and M. Stevens. 2009. Progress towards the understanding and control of sugar beet rhizomania disease. *Molecular Plant Pathology*, 10: 129-141.
17. Miller, P.A., J.C. Williams, J.H.F. Robinson and R.E. Comstock. 1957. Estimates of genotypic and environmental variances and covariances in upland cotton and their implication in selection. *Agronomy Journal*, 29: 126-131.
18. Mobaser, S. and S. Shah Moradi. 1996. Correlation between protein content of the grain yield and some agronomic and morphological traits using path analysis. *Seed and Plant*, 12(2): 24-29.
19. Mohammadnia, M., A. Solaimani, A.H. Shirani Rad and M.R. Naderi. 2006. Effect of Planting Pattern on White – Sugar Yield and Components of Two Cultivars Sugar-Beet, *Journal of Agricultural Sciences*, 12(1): 75-85.
20. Moosavi, S.GH.R., S.H. Ramazani, S. Sadeghzadeh Hemayati and H. Gholizade. 2017. Effect of drought stress on root yield and some morpho-physiological traits in different genotypes of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 20: 167-174.
21. Nabizadeh, E. and K. Fotohi. 2018. Study of Relationships among Qualitative and Quantitative Traits in Sugar Beet Genotypes Infected with Rhizoctonia. *Journal of Crop Breeding*, 10(27): 94-103.
22. Niazian, M, A. Rajabi, R. Amiri, M.R. Orazizadeh and H. Sharifi. 2012. Surveying the Relations Among Traits Affecting Root Yield and Sugar Content in O-type Lines of Sugar Beet for Winter Sowing. *Journal of Plant Production*, 2(2): 115-135.
23. Pavli, O.I., P. Stevanato, E. Biancardi and G.N. Skaracis. 2011. Achievements and prospects in breeding for rhizomania resistance in sugar beet. *Field Crops Research*, 122: 165-172.
24. Rajabi, A., P. Pirniya, R. Amiri, S. Salimi, M. Ebrahimi and M. Aghaezadeh. 2014. Assessment of heritability and identification of suitable hybrids for late sowing in sugar beet. *Journal of Sugar Beet*, 29(2): 174-163 (In Persian).
25. Rezaei, K., M.J. Zare, F. Hosseinpanahi, A. Bakhshandeh and M. Hosseinpour. 2020. Investigation of the effect of growth period duration on quality and quantity yield of sugar beet (*Beta Vulgaris* L.) under autumn cultivation in Ilam province. *Journal of Plant Process and Function*, 9(38): 187-200.
26. Rush, C.M., H.Y. Liu, R.T. Lewellen and R. Acosta-Leal. 2006. The continuing saga of rhizomania of sugar beets in the United State. *Plant Disease*, 90: 4-15.
27. Safar, S., M. Bazrafshan, M. Khoshnami, A.A. Behrooz, F. Hedayati, M. Maleki, S.B. Mahmoudi and M. Ali Malboobi. 2020. Field evaluation for rhizomania resistance of transgenic sugar beet events based on gene silencing. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 2: 1-10.
28. Sharifi, M. 2014. Correlation and path analysis of white sugar yield with some of traits under irrigated regimes in sugar beet (*Beta vulgaris* L.) genotypes. *Journal of plant ecophiology*, 6(17): 74-88.
29. Therrien, M.C. 2003. Heritability estimates for forage quality in barley. *Barley Genet. Newsl*, 33: 16-17.

Evaluation of Genetic Parameters, Relationships between Traits and Grouping of New Sugar Beet Hybrids in Terms of Quantitative and Qualitative Traits under Rhizomonium Contamination Condition

Mehdi Hasani¹, Hamza Hamza², Hamed Mansori³, Dariush Fathollah Taleghani⁴, Ali Jalilian⁵, Jamshid Soltani Idliki⁶, Mastaneh Sharifi⁷ and Mojdeh Kakouinejad⁸

-
- 1- Assistant Professor Sugar Beet Research Department, Agricultural and Natural Resources Research Center of Hamedan, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Hamedan, Iran
(Corresponding author: m.hasani@areeo.ac.ir)
- 2- Assistant Professor Sugar Beet Research Department, Agricultural and Natural Resources Research Center of Hamedan, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Hamedan, Iran.
- 3- Assistant Professor Sugar Beet Research Department, Agricultural and Natural Resources Research Center of Hamedan, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Hamedan, Iran.
- 4- Associate Professor Sugar Beet Seed Institute, Karaj, Iran.
- 5- Associate Professor, Sugar Beet Research Department, Agricultural and Natural Resources Research Center of Kermanshah, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Kermanshah, Iran.
- 6- Research Instructor, Sugar Beet Research Department, Agricultural and Natural Resources Research Center of Khorasan razavi, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Mashhad, Iran.
- 7- Research Instructor, Sugar Beet Research Department, Agricultural and Natural Resources Research Center of Fars, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Shiraz, Iran
- 8- Assistant Professor, Sugar Beet Seed Institute, Karaj, Iran.
- Received: March 6, 2021 Accepted: May 23, 2021
-

Abstract

One of the most important diseases of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) is Rhizomania or Root madness, which is currently prevalent in all parts of the world. The damage of this disease in susceptible cultivars has been estimated at more than 50% and in some cases up to 100%. Due to the increase in the country's population and the need for sugar, sugar beet crop has a special place among crops. To evaluate genetic parameters, relationships between traits, and grouping of different sugar beet genotypes, 44 sugar beet hybrids in four regions (Hamedan, Kermanshah, Mashhad, and Shiraz) was evaluated in 2019. The experiment was conducted in the form of an incomplete block design (alpha latest) in 6 replications. The results showed that sugar content and root yield with 88.24 and 59.53%, respectively, had the highest and lowest values of broad-sense heritability. In this study, white sugar yield with root yield, sugar content, sugar yield, sugar extraction coefficient, and white sugar content showed a positive and significant phenotypic and genetic correlation, and with root potassium content and molasses sugar had a negative and significant correlation. Based on stepwise regression analysis root potassium, sugar content, and nitrogen content were explained 52% of the white sugar yield variation and identified as the most effective traits in justifying white sugar yield variation. Cluster analysis classified 44 hybrids and 3 controls of sugar beet cultivar into four clusters in four locations. Cluster number four included hybrids No. 20, 43, 31, 23, 25, 24, and 37 and foreign control cultivars Succara and BTS 213, and had the most suitable quantitative and qualitative characteristics. In factor analysis through principal component analysis, two factors were identified that explained 82.52% of the total variance of the data. In this study, root potassium content and sugar content were identified as the most effective traits, and hybrids located in the cluster of four identified as the most suitable hybrid for future breeding programs.

Keywords: Cluster analysis, Genetic correlation, Heritability, White sugar yield



"مقاله پژوهشی"

بررسی شاخص‌های تحمل به خشکی در لاین‌های لوبیا قرمز

بهروز اسدی^۱ و سید محسن سیدی^۲

۱- بخش تحقیقات علوم زراعی-باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مرکزی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، اراک، ایران

۲- بخش تحقیقات علوم زراعی-باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مرکزی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، اراک، ایران

(نویسنده مسوول: mohsensayyedi@yahoo.com)

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۱۲/۲۴ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۱/۲۷

صفحه: ۱۶۰ تا ۱۶۸

چکیده

به منظور ارزیابی تحمل به تنش خشکی، ۲۳ لاین لوبیا قرمز به همراه دو رقم یاقوت و افق به صورت طرح لاتیس با دو تکرار و در دو شرایط آبیاری نرمال و تنش خشکی طی سال ۱۳۹۶ در پردیس تحقیقات و آموزش لوبیا خمین مورد بررسی قرار گرفتند. اعمال تنش خشکی پس از استقرار کامل گیاهچه و در مرحله سومین سه برگچه لوبیا صورت گرفت. صفات مورد ارزیابی شامل تغییرات ناشی از تنش خشکی در عملکرد و اجزای عملکرد لوبیا، عملکرد دانه در شرایط آبیاری معمول و تنش خشکی و شاخص‌های تحمل و حساسیت تنش بود. نتایج تجزیه واریانس صفات حاکی از تفاوت معنی‌دار لاین‌ها با یکدیگر در هر دو شرایط آبیاری بود. تنش خشکی منجر به کاهش معنی‌دار صفات مورد بررسی شد. بیشترین تاثیر تنش خشکی مربوط به صفات تعداد دانه در بوته و عملکرد دانه بود. در شرایط آبیاری معمول بیشترین و کمترین میزان عملکرد دانه (به ترتیب ۲۵۴۱/۷ و ۸۴۱/۶ کیلوگرم در هکتار) به ترتیب در لاین‌های KS31338 و KS31352 مشاهده شدند. در شرایط تنش نیز بیشترین و کمترین میزان عملکرد دانه (به ترتیب ۱۹۳۴/۷ و ۶۰۲/۲ کیلوگرم در هکتار) به ترتیب در لاین‌های KS31336 و KS31357 بدست آمدند. در بین شاخص‌های تحمل تنش بیشترین مقدار شاخص بهره‌وری متوسط، شاخص میانگین هندسی بهره‌وری و شاخص تحمل به تنش به لاین KS31336 تعلق گرفت و کمترین مقدار شاخص تحمل و شاخص حساسیت به تنش در لاین KS31352 مشاهده شد. عملکرد دانه در شرایط آبیاری نرمال با عملکرد دانه در شرایط تنش خشکی و شاخص‌های تحمل تنش (شاخص تحمل، میانگین تولید، شاخص تحمل تنش و میانگین هندسی تولید) دارای همبستگی مثبت معنی‌دار بود. با توجه به ارزیابی شاخص‌های میانگین هندسی تولید (GMP) و شاخص حساسیت به تنش (SSI)، تجزیه به مولفه‌های اصلی، بای پلات مربوطه، لاین‌های KS31336، KS31337، KS31148، KS31253 متحمل به تنش خشکی شناسایی گردیدند.

واژه‌های کلیدی: شاخص تحمل، شاخص حساسیت به تنش، عملکرد دانه، میانگین هندسی بهره‌وری

مقدمه

حبوبات، دانه‌های خشک و قابل خوراک می‌باشند که به خانواده بقولات تعلق دارند و یکی از مهم‌ترین منابع غذایی سرشار از پروتئین (۲۳-۱۸٪) می‌باشند (۱۴). در بین حبوبات، لوبیا معمولی (*Phaseolus vulgaris* L.) یکی از مهمترین حبوبات دانه‌ای است. بر اساس گزارش سازمان خوار و بار جهانی سطح زیر کشت این محصول در جهان حدود ۳۴ میلیون هکتار با متوسط عملکرد ۸۸۲ کیلوگرم در هکتار می‌باشد (۳) سطح زیر کشت لوبیا در ایران بر اساس آمار سال (۱۳۹۷) حدود ۱۰۶ هزار هکتار با متوسط عملکرد ۲۴۰۱ کیلوگرم در هکتار گزارش شده است (۲). در مناطقی که میزان بارندگی سالانه کاهش یافته و پراکنش آن الگوی مشخصی ندارد، خشکی مهمترین تنش محیطی است که تولید گیاهان را به شدت کاهش داده است. کمبود آب در این مناطق، دمای بالای هوا و بادهای گرم عواملی هستند که در مجموع باعث کاهش شدید عملکرد گیاهان شده‌اند (۸، ۱۱، ۲۲). اثر تنش خشکی در لوبیا بستگی به شدت تنش، نوع تنش مدت زمان تنش و مدت زمان آن دارد (۷). پژوهشگران در مطالعات خود دریافته‌اند که تنش خشکی متوسط تا شدید می‌تواند بیوماس، تعداد دانه، تعداد دانه در غلاف، روز تا

رسیدگی، شاخص برداشت، عملکرد دانه و وزن دانه لوبیا را کاهش دهد (۲۰). در بررسی ۹ لاین لوبیا چیتی در ۳ شرایط آبیاری در خمین، تنش کمبود آب بر عملکرد و شاخص برداشت اثر منفی داشت (۷). همچنین دو لاین COS16 و Taylor در تیمارهای کمبود آب پایداری بیشتری نسبت به سایر لاین‌ها داشتند و کاهش عملکرد دانه آنها در تیمارهای پس از ۸۰ و ۱۰۰ میلی‌متر تبخیر از سطح تشک تبخیر کمتر از سایر لاین‌ها بود. تیران و سینگ (۲۴) شاخص بهره‌وری متوسط (GMP)، درصد کاهش عملکرد و شاخص حساسیت به خشکی (SSI) را برای تخمین مقاومت به خشکی به کار بردند. اسدی و آسترکی (۴) در بررسی واکنش لاین‌های لوبیا چیتی به تنش خشکی، بر اساس شاخص‌های SSI و STI و لاین‌های KS21181، KS21247، KS21255 و KS21216 را به عنوان لاین‌های متحمل به تنش خشکی گزارش نمودند.

دری و دادیور (۱۲) در بررسی تاثیر تنش آب بر کارایی مصرف آن در لاین‌های لوبیا گزارش کردند که تحت شرایط تنش خشکی عملکرد گیاه ۵۸ درصد کاهش یافت و بیشترین کارایی مصرف آب در شرایط مطلوب مربوط به لاین‌های دیررس و رونده بود.

مواد و روش‌ها

به منظور شناسایی و انتخاب لاین‌های لوبیا قرمز متحمل به تنش خشکی، آزمایشی در سال ۱۳۹۶ به مدت یک سال در پردیس تحقیقات و آموزش لوبیا خمین اجرا شد. تعداد ۲۳ لاین لوبیا قرمز به همراه ۲ رقم یاقوت و افق (به عنوان شاهد) در قالب طرح لاتیس متعادل (۵×۵) با دو تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند. عملیات آماده سازی زمین شامل شخم عمیق پائیزه، شخم سطحی بهاره، دیسک و لولر بود. عناصر غذایی ماکرو و میکرو بر اساس آزمون خاک مورد استفاده قرار گرفت و سپس اقدام به ایجاد جوی و پشته به فواصل ۵۰ سانتیمتر از یکدیگر گردید و پس از طراحی و چیدمان تصادفی تیمارهای آزمایشی، اقدام به کشت بذور گردید. بذر هر یک از لاین‌ها و رقم‌های در روی ۴ خط به طول ۳ متر کشت شدند. فواصل بوته‌ها در روی ردیف ۵ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. لاین‌های مورد ارزیابی در سال‌های گذشته از مرکز تحقیقات بین‌المللی گیاهان گرمسیری (سیات) به ایران وارد شده و در کلکسیون پردیس تحقیقات و آموزش لوبیا خمین موجود بودند. نام این لاین‌ها در جدول ۱ ارائه شده است.

یکی از مهم‌ترین اهداف در اصلاح نباتات، انتخاب لاین‌هایی است که در شرایط تنش خشکی بیشترین عملکرد را تولیدکنند. به نظر می‌رسد تولید و معرفی ارقام پرمحصول و مقاوم به خشکی در محصولات زراعی یکی از راهکارهایی موثری است که در تلفیق با سایر روش‌های مدیریت کم آبی می‌تواند تأثیر این پدیده را به حداقل برساند (۱۸). به علت اثر متقابل لاین در محیط، عملکرد در شرایط غیر تنش و یا تنش به تنهایی ملاک مناسبی برای انتخاب لاین‌های متحمل به خشکی محسوب نمی‌شود و باید لاین‌هایی مدنظر باشند که در شرایط رشدی یکسان در مقایسه با سایر لاین‌ها افت عملکرد کمتری داشته باشند (۹، ۱۳). در اصلاح لوبیا برای محیط‌های دارای تنش‌های محیطی، هدف اولیه به حداکثر رساندن عملکرد نیست بلکه تمایل بر این است که از یک حداقل عملکردی که هزینه‌های تولید را پوشش داده و نیز مقداری سود اقتصادی برای زارع داشته باشد، اطمینان حاصل شود (۵، ۱۰). هدف از این بررسی شناسایی لاین‌های لوبیا چیتی متحمل به تنش خشکی و استفاده از آن‌ها در برنامه‌های به نژادی و معرفی رقم در محصول لوبیا می‌باشد.

جدول ۱- نام لاین‌های لوبیا قرمز مورد ارزیابی

Table 1. Name of evaluated red bean lines

ردیف No.	کد لاین Line code	ردیف No.	کد لاین Line code
۱	KS31350	۱۴	KS31148
۲	KS31336	۱۵	KS31114
۳	KS31337	۱۶	KS3130
۴	KS31351	۱۷	KS31287
۵	KS31352	۱۸	KS31227
۶	KS31252	۱۹	KS31253
۷	KS31338	۲۰	KS31264
۸	KS31353	۲۱	KS31340
۹	KS31354	۲۲	KS31357
۱۰	KS31242	۲۳	KS31285
۱۱	KS31355	۲۴	Ofogh
۱۲	KS31339	۲۵	Yaghut
۱۳	KS31356		

فیزیولوژیک ۷۰ درصد هر کرت آزمایشی بود. در طول دوران رشد و نمو.

مراقبت‌های زراعی معمول شامل آبیاری کنترل مکانیکی و شیمیایی علف‌های هرز و کنترل آفات و بیماری‌ها (کنترل کنه دو نقطه‌ای با استفاده سموم توصیه شده سازمان حفظ نباتات) انجام شد. بعد از رسیدگی محصول ویژگی‌های تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در بوته، تعداد دانه در غلاف و وزن صدانه با انتخاب تصادفی ۱۰ بوته از هر کرت سنجیده شدند. عملکرد دانه نیز از محاسبه عملکرد هر کرت محاسبه و یادداشت شد. با استفاده از عملکرد دانه لاین‌ها در شرایط آبیاری مطلوب و تنش خشکی، شاخص‌های مختلف مطابق جدول ۲ محاسبه شدند. جهت انجام تجزیه واریانس داده‌ها و رسم نمودارها از نرم افزارهای SAS و SPSS استفاده شد.

آبیاری به صورت قطره‌ای (نوار تیپ)، در هر دو شرایط اجرای آزمایش (شرایط نرمال و شرایط تنش خشکی) تا استقرار کامل گیاهچه (مرحله سومین سه برگچه لوبیا) به صورت یکسان انجام گرفت. سپس آبیاری در شرایط نرمال بر اساس ۵۰-۶۰ میلی‌متر تبخیر از تشتک تبخیر کلاس A و در شرایط تنش خشکی بر اساس ۱۱۰-۱۰۰ میلی‌متر از تشتک تبخیر کلاس A تا مرحله رسیدگی فیزیولوژیک ادامه یافت. صورت گرفت. دور آبیاری نرمال ۴ تا ۵ روز و تنش آبی حدود ۸ تا ۱۰ روز بود و تفاوت میزان آب مصرفی در هر دو شرایط تنش و عدم تنش در هر لاین، تنها بر اساس تفاوت طول دوره رسیدگی بود. اعمال تنش خشکی پس از استقرار کامل گیاهچه و در مرحله سومین سه برگچه لوبیا صورت گرفت و تا پایان مرحله رسیدگی ادامه داشت. در طول دوره رشد بارندگی موثری رخ نداد. زمان قطع آبیاری نیز هنگام رسیدگی

جدول ۲- شاخص‌های ارزیابی لاین‌های مورد مطالعه لوبیا چیتی

Table 2. Evaluation indices of studied chitti bean lines

شاخص Index	معادله Equation	منبع Reference
تحمل به تنش Stress Tolerance	$STI = [Y_p * Y_s] * [\bar{Y}_p * \bar{Y}_g]$	۱۵
میانگین هندسی بهره‌وری متوسط Geometric Mean Productivity	$GMP = \sqrt{[Y_p * Y_s]}$	
شاخص تحمل Tolerance index	$TOL = [Y_p - Y_s]$	۱۶
بهره‌وری متوسط Mean Productivity	$MP = [Y_p + Y_s] * 2$	
حساسیت به تنش Stress Susceptibility	$SSI = [1 - (Y_s / Y_p)] * [1 - (\bar{Y}_g / \bar{Y}_p)]$	۲۱

در روابط بالا \bar{Y}_p ، \bar{Y}_g ، Y_p ، Y_s به ترتیب عملکرد در شرایط تنش و عدم تنش برای هر لاین و میانگین عملکرد در شرایط تنش و عدم تنش برای کلیه لاین‌ها است.

نتایج و بحث

بوته و عملکرد دانه می‌باشد، به طوری که تعداد دانه در بوته حدود ۴۷ درصد و عملکرد دانه حدود ۴۱/۶ درصد کاهش نشان داد (جدول ۴). همچنین کلیه اجزای عملکرد دانه شامل تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف و وزن صد دانه در اثر تنش خشکی روند نزولی داشتند (جدول ۴). دلیل کاهش عملکرد دانه لوبیا در تنش خشکی به اثرات نامطلوب تنش بر روی اجزای عملکرد دانه نسبت داده می‌شود (۱۹). شن کات و بریک (۲۳) نیز گزارش کردند که تنش خشکی باعث کاهش عملکرد دانه لوبیا می‌شود، اما کاهش عملکرد بسته به زمان و شدت تنش و نیز لاین مورد بررسی متفاوت است.

نتایج تجزیه واریانس مرکب داده‌های آزمایش نشان داد که اثر شرایط محیط (دارای تنش خشکی و بدون تنش) بر تعداد روز تا رسیدگی و اجزای عملکرد و عملکرد دانه (به جز تعداد غلاف در بوته) معنی‌دار شد (جدول ۳). همچنین تأثیر ژنوتیپ بر ویژگی‌های تعداد روز تا رسیدگی و اجزای عملکرد و عملکرد دانه (به جز تعداد غلاف در بوته) معنی‌دار بود (جدول ۳). به جز صفات تعداد روز تا گلدهی و روز تا رسیدگی صفات مورد بررسی دیگر در این مطالعه روند کاهشی داشتند. بیشترین تأثیر تنش خشکی مربوط به صفات تعداد دانه در

جدول ۳- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس مرکب صفات مورد ارزیابی در ژنوتیپ‌های لوبیا قرمز
Table 3. Combined analysis of variance of the evaluated traits in red bean genotypes

منابع تغییر SOV	درجه آزادی D F	تعداد روز تا گلدهی Days to flowering	تعداد روز تا رسیدگی Days to maturity	تعداد غلاف در بوته No. pod per plant	تعداد دانه در غلاف No. seed per pod	تعداد دانه در بوته No. seed per plant	وزن صد دانه 100-seed weight	عملکرد دانه Grain yield
محیط Environment	1	۴۰.۱۹/۶ ^{ns}	۶۱۶۲/۲ ^{**}	۷۲۵/۷ ^{ns}	۷/۹ ^{**}	۱۰۳۶۵/۳ [*]	۲۱۹/۳ [*]	۱۴۷۹۱۲۵/۷ ^{**}
خطای محیط Error of Environment	2	۰/۷۴	۶۴/۰۱	۶۹/۱	۰/۱۰	۳۹۶/۸	۶/۰۷	۴۶۴۸۷۱
ژنوتیپ Genotype	24	۲/۵ ^{ns}	۷۷/۸ [*]	۲۶/۶ ^s	۰/۷۶ ^{**}	۳۹۸/۲ [*]	۱۵۶/۶ [*]	۶۴۵۳۹۲/۳ ^{**}
ژنوتیپ * محیط Genotype * Environment	24	۳/۶ ^{**}	۴۰/۰ ^{**}	۲۳/۵ ^{**}	۰/۳۳ ^{ns}	۱۸۹/۸ [*]	۲۹/۹ ^{**}	۱۷۹۹۰۸/۶ ^{ns}
خطای آزمایش Error	48	۱/۳۸	۱۱/۰۷	۸/۵۶	۰/۲۶	۱۱۱/۹	۱۲/۴	۱۴۰۱۷۱/۹
ضریب تغییرات (%) CV (%)		۲/۷	۳/۶	۲۵/۸	۱۸/۹	۲۳/۶	۱۰/۶	۲۵/۶

ns، * و ** به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد

جدول ۴- میانگین و درصد تغییرات ناشی از تنش خشکی در صفات مورد ارزیابی

Table 4. Mean and percentage changes due to drought stress in evaluated traits

صفات Traits	آبیاری مطلوب Optimum irrigation	تنش خشکی Drought stress	درصد تغییرات Reduced percentage
روز تا گلدهی Days to flowering	۳۷/۲	۴۹/۹	۳۴/۱
روز تا رسیدگی Days to maturity	۸۴/۲	۹۹/۹	۱۸/۶
تعداد غلاف در بوته No. pod per plant	۱۴/۰	۸/۶	-۳۸/۶
تعداد دانه در غلاف No. seed per pod	۲/۹	۲/۴	-۱۷/۲
تعداد دانه در بوته No. seed per plant	۴۰/۲	۲۱/۳	-۴۷/۰
وزن صدانه (گرم) 100-seed weight (g)	۳۴/۹	۳۲/۱	-۸/۰
عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار) Grain yield (kg ha ^{-۱})	۱۸۴۶/۹	۱۰۷۷/۵	-۴۱/۶

شاخص حساسیت (SSI) مربوط به لاین KS31352 و بیشترین حساسیت مربوط به لاین KS31252 بود. از نظر شاخص تحمل بیشترین مقدار مربوط به لاین KS31336 و کمترین مقدار مربوط به لاین‌های KS31114، KS31357 و KS31352 بود (جدول ۵). از بین لاین‌های مورد مطالعه بیشترین و کمترین شاخص تحمل به تنش نیز به ترتیب در لاین‌های KS31336 و KS31114 مشاهده شد (جدول ۵). با تفاوت لاین‌ها در شرایط آبیاری بیانگر وجود ظرفیت تولید در لاین‌های مختلف می‌باشد که در صورت فراهم بودن شرایط مناسب می‌توانند عملکرد متفاوتی بسته به ظرفیت لاین تولید کنند لذا با وجود اینگونه تنوع امکان شناسایی لاین‌های متحمل وجود دارد.

در شرایط آبیاری مطلوب لاین KS31338 با مقدار ۲۵۴۲ کیلوگرم در هکتار بیشترین میزان عملکرد را دارا بود و پس از آن لاین KS31287 دارای عملکرد بالاتری بود. همچنین از لحاظ عملکرد در شرایط تنش خشکی لاین KS31336 با مقدار ۱۹۳۵ کیلوگرم در هکتار بیشترین میزان عملکرد و لاین KS31357 با ۶۰۲ کیلوگرم در هکتار کمترین میزان را دارا بود (جدول ۵). در بررسی شاخص‌های تحمل، بیشترین و کمترین شاخص بهره‌وری متوسط به ترتیب متعلق به لاین‌های KS31336 و KS31114 بود (جدول ۵). همچنین، بیشترین و کمترین میانگین هندسی تولید (GMP) به ترتیب مربوط به لاین KS31336 (۲۱۳۶ کیلوگرم در هکتار) و KS31114 (۸۱۳ کیلوگرم در هکتار) بود. کمترین میزان

جدول ۵- شاخص‌های تحمل به تنش خشکی در لاین‌های لوبیا قرمز

Table 5. Drought tolerance indices in red bean lines

لاین	عملکرد دانه آبیاری معمول Normal irrigation grain yield (Kg Ha ⁻¹)	عملکرد دانه شرایط تنش Stress condition grain yield (Kg Ha ⁻¹)	شاخص بهره‌وری متوسط Mean productivity index	شاخص میانگین هندسی بهره‌وری Geometric mean productivity index	شاخص تحمل Tolerance index	شاخص تحمل به تنش Stress tolerance index	شاخص حساسیت به تنش Stress susceptibility index
KS31350	۱۳۳۱/۵	۶۶۸/۴	۹۹۴/۹	۹۳۹/۸	۶۵۳/۱	-/۱۳	۱/۰۵
KS31336	۲۳۵۸/۶	۱۹۳۴/۷	۲۱۴۶/۶	۲۱۳۶/۲	۴۲۳/۹	-/۶۸	-/۳۸
KS31337	۱۵۹۳/۸	۱۳۸۰/۴	۱۴۸۷/۱	۱۴۸۳/۳	۲۱۳/۴	-/۳۳	-/۲۸
KS31351	۱۴۶۰/۵	۷۳۷/۳	۱۰۸۹/۹	۱۰۳۷/۷	۷۲۳/۲	-/۱۶	۱/۰۵
KS31352	۸۴۱/۶	۸۲۱/۹	۸۳۱/۷	۸۳۱/۷	۱۹/۷	-/۱۰	-/۰۵
KS31252	۲۳۴۹/۴	۶۴۷/۸	۱۴۹۸/۶	۱۲۳۳/۷	۱۷۰/۱/۶	-/۲۳	۱/۵۰
KS31338	۲۵۴۱/۷	۱۲۱۲/۹	۱۸۷۷/۳	۱۷۵۵/۸	۱۳۳۸/۸	-/۴۶	۱/۱۰
KS31353	۱۵۳۰/۶	۶۹۳/۲	۱۱۱۱/۹	۱۰۳۰/۰	۸۳۷/۴	-/۱۶	۱/۲۰
KS31354	۲۱۰۵/۸	۹۰۰/۹	۱۵۰۳/۳	۱۳۷۷/۳	۱۲۰۴/۹	-/۲۸	۱/۲۰
KS31242	۱۸۶۹/۶	۶۶۶/۴	۱۲۶۸/۰	۱۱۱۶/۲	۱۲۰۳/۲	-/۱۹	۱/۴۰
KS31355	۱۱۴۹/۹	۷۳۶/۵	۹۴۳/۲	۹۲۰/۳	۴۱۳/۴	-/۱۳	-/۷۶
KS31339	۱۸۸۶/۶	۱۰۳۳/۹	۱۴۶۰/۲	۱۳۹۶/۶	۸۵۲/۷	-/۲۹	-/۹۶
KS31356	۲۰۰۲/۵	۶۴۹/۵	۱۳۲۶/۰	۱۱۴۰/۴	۱۳۵۳/۰	-/۱۹	۱/۴۴
KS31148	۱۹۴۸/۳	۱۸۲۸/۳	۱۸۸۸/۳	۱۸۸۷/۳	۱۲۰/۰	-/۵۳	-/۱۳
KS31114	۹۹۵/۷	۶۶۳/۱	۸۲۹/۴	۸۱۲/۵	۳۳۲/۶	-/۰۹	-/۷۱
KS31130	۲۳۷۱/۷	۱۱۲۴/۵	۱۷۴۸/۱	۱۶۳۳/۱	۱۲۴۷/۲	-/۳۹	۱/۱۲
KS31287	۲۳۹۲/۵	۱۵۱۹/۵	۱۹۵۶/۰	۱۹۰۶/۷	۸۷۳/۰	-/۵۴	-/۷۸
KS31227	۱۷۶۷/۱	۹۷۳/۱	۱۳۶۹/۶	۱۳۱۰/۶	۷۵۹/۰	-/۲۶	-/۹۶
KS31253	۲۲۸۴/۵	۱۹۳۴/۶	۲۱۰۹/۵	۲۱۰۲/۳	۳۴۹/۹	-/۶۶	-/۳۲
KS31264	۱۹۵۸/۸	۱۰۲۱/۸	۱۴۹۰/۳	۱۴۱۴/۷	۹۳۷/۰	-/۳۰	۱/۰۲
KS31340	۲۲۸۳/۳۳	۱۲۷۲/۴	۱۷۷۷/۸	۱۷۰۴/۵	۱۰۱۰/۹	-/۴۳	-/۹۴
KS31357	۱۲۰۹/۸	۶۰۲/۲	۹۰۶/۶	۸۵۳/۵	۶۰۷/۶	-/۱۱	۱/۰۷
KS31285	۲۱۵۸/۸	۱۱۹۶/۲	۱۶۷۷/۵	۱۶۰۶/۹	۹۶۲/۶	-/۳۹	-/۹۵
Ofogh	۲۳۲۷/۱	۱۶۴۹/۹	۱۹۳۸/۵	۱۹۱۶/۹	۵۷۷/۲	-/۵۵	-/۵۵
Yaghut	۱۵۶۲/۳	۱۰۶۹/۹	۱۳۱۶/۱	۱۲۹۲/۹	۴۹۲/۴	-/۲۵	-/۶۷

شاخص‌ها آنهایی هستند که دارای همبستگی بالا با عملکرد تحت هر دو شرایط تنش و بدون تنش باشند (۱۵) و از طرفی لاین‌هایی که دارای عملکرد بالا در هر دو شرایط آبیاری بوده و از طرفی کمترین حساسیت به تنش خشکی را داشته باشند مورد نظر می‌باشد، لذا انتخاب بر اساس دو شاخص میانگین هندسی تولید و شاخص حساسیت به تنش حائز اهمیت است. در این پژوهش نیز با توجه به نتایج بدست آمده بهترین شاخص‌های ارزیابی شاخص‌های میانگین هندسی تولید و حساسیت به تنش بودند. آب و همکاران (۱) و وایت و همکاران (۲۵) موثرترین معیار انتخاب جهت تشخیص لاین‌های متحمل به تنش خشکی را در میان صفات مورفولوژیکی، فیزیولوژیکی، فنولوژیکی، عملکرد و صفات وابسته به عملکرد، میانگین عملکرد دانه (میانگین حسابی و هندسی) گزارش نمودند.

بر اساس ضرایب همبستگی (جدول ۶)، عملکرد دانه در شرایط آبیاری نرمال با عملکرد دانه در شرایط تنش خشکی و شاخص‌های ارزیابی تحمل تنش مورد مطالعه، شامل شاخص تحمل (TOL)، میانگین تولید (MP)، شاخص تحمل تنش (STI) و میانگین هندسی تولید (GMP) دارای همبستگی مثبت معنی‌دار بود. عملکرد در شرایط تنش خشکی نیز با میانگین تولید، میانگین هندسی تولید و شاخص تحمل دارای همبستگی مثبت و معنی‌دار و با شاخص حساسیت به تنش (SSI) دارای همبستگی منفی معنی‌دار بود. محمدی و همکاران (۱۷) در بررسی پانزده لاین لوبیا سفید در شرایط آبیاری نرمال و تنش آبی گزارش کردند که شاخص‌های GMP، STI و SSI با عملکرد همبستگی مثبت معنی‌دار ولی با شاخص‌های TOL و MP همبستگی منفی داشت و با استفاده از بای پلات مولفه‌های مقاومت و حساسیت به تنش دو لاین متحمل را شناسایی نمودند. با توجه به اینکه بهترین

جدول ۶- ضرایب همبستگی شاخص‌های تحمل در لاین‌های لوبیا قرمز

Table 6. Correlation coefficient between drought tolerance indices in red bean lines

شاخص‌ها Indices	YP	YS	MP	GMP	TOL	STI	SSI
YP	۱						
YS	۰/۵۷**	۱					
MP	۰/۹۰**	۰/۸۷**	۱				
GMP	۰/۸۳**	۰/۹۳**	۰/۹۹**	۱			
TOL	۰/۵۷**	-۰/۳۵ ^{ns}	۰/۱۶ ^{ns}	۰/۰۱ ^{ns}	۱		
STI	۰/۷۸**	۰/۹۵**	۰/۹۷**	۰/۹۹**	۰/۰۶ ^{ns}	۱	
SSI	-۰/۲۲ ^{ns}	-۰/۶۵**	-۰/۲۱ ^{ns}	-۰/۳۳ ^{ns}	۰/۸۹**	-۰/۴۰*	۱

ns: * و **: به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد

می‌باشند گزینش نمود. اسدی و آسترکی (۴) در بررسی ۲۱ لاین و رقم لوبیا چیتی در دو شرایط آبیاری نرمال و تنش خشکی بر اساس تجزیه به مولفه‌های اصلی شاخص‌های تحمل گزارش نمودند که دو مولفه اصلی در مجموع ۹۹/۷ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه نمود که در مولفه اول بیشترین ضرایب مثبت مولفه‌ای مربوط به عملکرد در شرایط نرمال و تنش، شاخص میانگین تولید، میانگین هندسی تولید و شاخص تحمل بود. همچنین در مولفه دوم شاخص حساسیت به تنش و تحمل دارای بیشترین ضرایب عاملی بودند و بر اساس بای پلات این دو مولفه، سه لاین لوبیا چیتی متمم به تنش خشکی شناسایی نمودند.

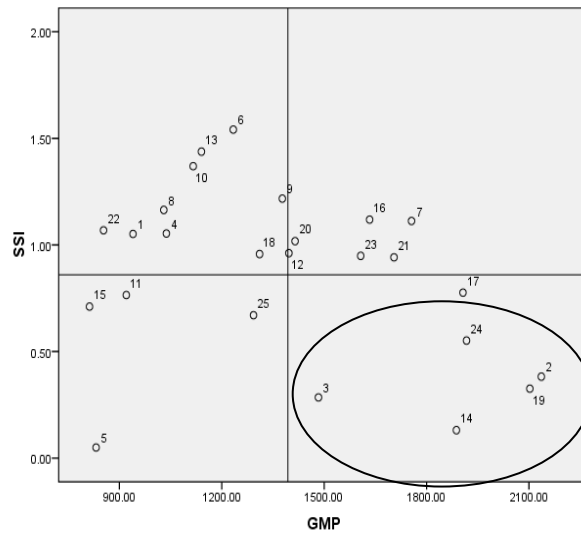
همچنین در این مطالعه بر اساس بای پلات حاصل از دو مولفه اول و دوم (شکل ۲) نیز لاین‌های KS31336، KS31253، KS31148، KS31337 متحمل به تنش خشکی شناخته شدند.

با توجه به نمودار دو طرفه شاخص‌های میانگین هندسی تولید و حساسیت به تنش (شکل ۱) بهترین لاین‌ها آنهایی هستند که دارای بیشترین مقدار GMP و کمترین مقدار SSI می‌باشند، لذا لاین‌های KS31136، KS31253 و KS31148 جزء متحمل ترین لاین‌ها بودند. نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی شاخص‌های مورد ارزیابی مشخص ساخت که دو مولفه اصلی توانستند ۹۹/۲ درصد تغییرات کل داده‌ها را نشان دهند. مولفه اول ۶۵/۶ درصد تغییرات داده‌ها را توجیه نمود و مولفه دوم نیز ۳۳/۶ درصد از تغییرات را توجیه نمود (جدول ۷). بر اساس تجزیه به مولفه‌های اصلی در مولفه اول عملکرد در هر دو شرایط، شاخص‌های میانگین تولید، میانگین هندسی تولید و شاخص تحمل بیشترین مقادیر را دارا بودند، لذا بر اساس این مولفه می‌توان لاین‌هایی با عملکرد بالا در هر دو محیط را گزینش نمود. در مولفه دوم شاخص حساسیت به تنش دارای بیشترین ضریب بود، بر اساس این مولفه می‌توان لاین‌هایی که دارای کمترین میزان این شاخص را دارا

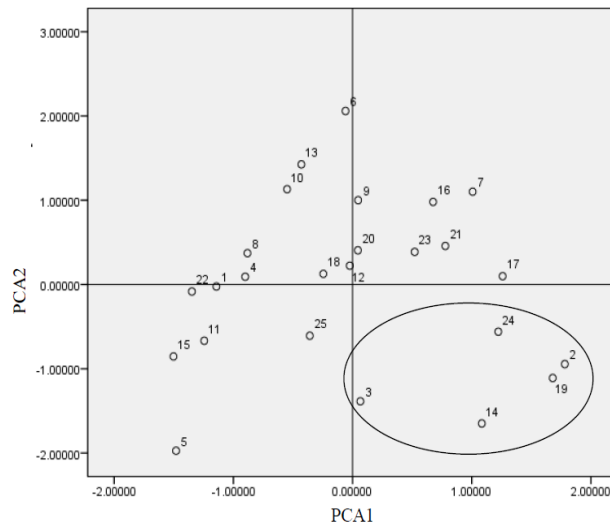
جدول ۷- تجزیه به مولفه‌های اصلی شاخص‌های تحمل به خشکی

Table 7. Principal component analysis of drought tolerance indices

مولفه Component	درصد واریانس Percentage of variance	YP	YS	MP	GMP	TOL	STI	SSI
1	۶۵/۶	۰/۸۸	۰/۸۹	۰/۹۹	۰/۹۹	۰/۱۱	۰/۹۸	-۰/۲۵
2	۳۳/۶	۰/۴۷	-۰/۴۵	۰/۰۵	-۰/۰۹	۰/۹۹	-۰/۱۷	۰/۹۵



شکل ۱- بای پلات شاخص‌های میانگین هندسی تولید و حساسیت
Figure 1. Biplot based on STI and SSI indices



شکل ۲- بای پلات حاصل از دو مولفه اصلی شاخص‌های تحمل
Figure 2. Biplot of drought tolerance indices based on the two principal components

و حساسیت و بای پلات حاصل از دو مولفه اول و دوم لاین‌های KS31337, KS31148, KS31253, KS31336 همراه با رقم افق متحمل به تنش خشکی شناسایی شدند تا بتوان با انجام آزمایشات تکمیلی و نیز طرح‌های مزرعه‌ای کشاورزان بتوان در برنامه‌های به نژادی و به‌زراعی محصول لوبیا از آنها بهره گرفت.

نتیجه‌گیری کلی

با توجه به ارزیابی عملکرد دانه لاین‌های مختلف لوبیا در دو شرایط آبیاری معمول و نیز تنش آبیاری اعمال شده و نیز ارزیابی شاخص‌های تحمل تنش شامل شاخص بهره‌وری متوسط، شاخص میانگین هندسی بهره‌وری، شاخص تحمل، شاخص تحمل به تنش و شاخص حساسیت به تنش و نیز رسم بای پلات بای پلات شاخص‌های میانگین هندسی تولید

منابع

1. Abebe, A., M.A. Brick and R. Kirkby. 1998. Comparison of selection indices to identify productive dry bean lines under diverse environmental conditions. *Field Crops Research*, 58: 15-23.
2. Anonymous. 2019. Statistics of Agricultural Crops. Center of Statistics and Information, Ministry of Jihad-e-Agriculture, Tehran, Iran (In Persian).
3. Anonymous. 2018. FAO. <http://WWW.FAO.ORG>.
4. Asadi, B. and H. Astaraki. 2015. Response of Chitti Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Lines to Drought Stress Based on Tolerance Indices. *Seed and Plant Improvement Journal*, 31(1): 233-248 (In Persian).
5. Bagheri, A., A. Mohmoudi and F. Ghezeli. 1991. Common Beans Research for Crop Improvement. Jihade-Daneshgahi of Mashhad University Press. Mashhad, Iran, 556 pp (In Persian).
6. Baghizadeh, A., S. Mohammadinejad and M. Rahimi. 2019. Evaluation of Some Biochemical Characteristics of Some Red Bean Ecotypes under Drought Stress Conditions. *Journal of Crop Breeding*, 11(29): 55-64 (In Persian).
7. Bayat, A.A., A. Sepehri, G. Ahmadvand and H.R. Dorri. 2010. Effect of water deficit stress on yield and yield component of pinto bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Iranian Journal of Crop Science*, 12(1): 42-54 (In Persian).
8. Beebe, S.E., I.M. Rao, C. Cajiao and M. Grajales. 2008. Selection for drought resistance in common bean also improves yield in phosphorus limited and favorable environments. *Crop Science*, 48: 582-592.
9. Dastneshan, S., M.R. Bihamta, A. Abbasi and M. Sabokdast. 2019. The Effect of Different Levels of Drought Stress on some Physiological Traits and Chlorophyll Fluorescence of Bean Genotypes (*Phaseolus Vulgaris* L.). *Journal of Crop Breeding*, 11(31): 92-104 (In Persian).
10. Dastneshan, S. and M. Sabokdast Nodehi. 2019. Evaluation of Tolerance Rate of Some Genotypes of Beans to Salinity Stress. *Journal of Crop Breeding*, 11(32): 184-194 (In Persian).
11. Delfan, S., M.R. Bihamta, A. Hoseinzade and M. Sabokdast. 2018. Genetic Diversity in Bean Genotypes under Drought Stress Conditions. *Journal of Crop Breeding*, 10(26): 104-119 (In Persian).
12. Dorri, H.R. and M. Dadivar. 2004. Final report of Evaluation of tolerance to water stress in bean (*Phaseolus vulgaris*) genotypes. Markazi Agricultural and Natural Resources Research and Education Center. Final Report, (In Persian).
13. Eberhart, S.A. and W.A. Russel. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6: 36-40.
14. Majnon Hoseini, N. 2009. Agronomy and Pulses Production, 4th edition. Tehran University Jihad Publications, Tehran, Iran, (In Persian).
15. Fernandez, G.C.J. 1992. Effective selection criteria for assessing plant stress tolerance. pp. 257-270. In: Kuo, C. G. (ed.) Proceedings of the International Symposium on Adaptation of Vegetables and Other Food Crops in Temperature and Water Stress, Tainan, Taiwan.
16. Fischer, R.A. and R. Maurer. 1978. Drought resistance in spring wheat cultivars. I. Grain yield response. *Australian Journal of Agriculture Science*, 29(5): 897-912.
17. Mohammadi, A., M.R. Bihamta, M. Soluoki and H.R. Dorri. 2008. Study of quantitative and qualitative traits and their relationships with grain yield in white bean (*Phaseolus vulgaris*) under optimum and limited irrigation condition. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 10(3): 231-243 (In Persian).
18. Nasrollahzadeh Asl, V., M.R. Shiri, S. Moharam Nejad, M. Yusefi and F. Baghbani. 2017. Effect of drought tension on agronomy and biochemical traits of three maize hybrids (*Zea mays* L.). *Crop Physiology Journal*, 8(32): 45-60 (In Persian).
19. Rafiiohossaini, M., F. Salehi and M. Mazhari. 2016. The Effect of Drought Stress Intensity and Stage on Agronomic Characteristics of Two Common Bean Cultivars. *Desert Ecosystem Engineering Journal*, 5(11): 45-56 (In Persian).
20. Ramirez-Vallejo, P. and J.D. Kelly. 1998. Traits related to drought resistance in common bean. *Euphytica*, 99: 127-136.
21. Rosielle, A.A. and J. Hamblin. 1981. Theoretical aspect of selection for yield in stress and non - stress environment. *Crop Science*, 21(6): 943-946.
22. Shafiee Khorshidi M., M.R. Bihamta, F. Khialparast and M.R. Naghavi. 2012. Assessment of Genetic Variation in Common Bean Genotypes under Drought Condition Using Cluster and Canonical Discriminant Analysis (CDA). *Journal of Crop Breeding*, 4(10): 1-17 (In Persian).
23. Shenkut, A.A. and M.A. Brick. 2003. Traits associated with dry edible bean (*Phaseolus vulgaris* L.) productivity under diverse soil moisture environments. *Euphytica*, 133(3): 339-347.
24. Teran, H. and S.P. Singh. 2002. Comparison of sources and lines selected for drought resistance in common bean. *Crop Science*, 42: 64-70.
25. White, J.W., R.M. Ochoa, F.P. Ibarra and S.P. Singh. 1994. Inheritance of seed yield, maturity and seed weight of common bean (*Phaseolus vulgaris*) under semi-arid rainfed conditions. *Journal of Agriculture Science*, 122: 265-273.

Evaluation of Drought Tolerance Indices in Red Bean Lines

Behroz Asadi¹ and Seyed Mohsen Seyedi¹

1- Crop and Horticultural Science Research Department, Markazi Agricultural and Natural Resources Research and Education Center Research and Education Center (AREEO), Arak, Iran.

2- Crop and Horticultural Science Research Department, Markazi Agricultural and Natural Resources Research and Education Center Research and Education Center (AREEO), Arak, Iran

(Corresponding author: mohsensayyedi@yahoo.com)

Received: March 14, 2021

Accepted: April 16, 2021

Abstract

In other to evaluation of drought stress tolerance, 23 lines of red beans with tow cultivars (Yaghout and Ofogh), were studied in lattice design with two replications in both normal irrigation and drought stress at the Khomein Bean station in 2017. Drought stress applied after complete stability of each plant in third trifoliolate leaflet stage. Changes of yield and yield components, grain yield in normal irrigation and drought stress and tolerance and susceptibility indices evaluated in the stages accomplished. Analysis of variance showed that a significant difference among lines are both irrigation. Drought stress reduced evaluated properties, significantly. Drought stress resulting in decreased the most of traits, so that maximum effect of drought stress-related traits were number of seeds plant⁻¹ and yield. In normal condition the highest and the lowest grain yield (2541.7 and 841.6 Kg Ha⁻¹, respectively) were observed in KS31338 and KS31352 line, respectively. In stress condition the highest and the lowest grain yield (1934.7 and 602.2 Kg Ha⁻¹, respectively) were obtained in KS31336 and KS31357 line, respectively. Between stress tolerance indices the highest MP, GMP and STI belonged to KS31336 line and the lowest tolerance index and stress susceptibility index (SSI) were observed in KS31352 line respectively. Grain yield under normal irrigation conditions with grain yield under drought stress conditions and stress tolerance indices (TOL, MP, STI and GMP) had significant positive correlation. Based on the geometric mean of production and the susceptibility indexes, principal component analysis and biplot STI and GMP, KS31336, KS31253, KS31148, KS31337 tolerant to drought stress were identified.

Keywords: Geometric mean productivity, Grain yield, Stress susceptibility index, Tolerance index



"مقاله پژوهشی"

بررسی بیان برخی از ژن‌های مقاومت به بیماری برق‌زدگی در گیاه نخود زراعی

سمیرا حسینیان^۱، امید سفالیان^۲، ناصر زارع^۳، علیرضا تازی نژاد^۴ و مهدی داوری^۵

۱- دانشجوی دکتری اصلاح نباتات، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران

۲- استاد گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران، (sofalian@gmail.com)

۳- دانشیار گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران

۴- دانشیار گروه بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید مدنی آذربایجان، تبریز، ایران

۵- دانشیار بیماری‌شناسی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۱/۵ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۳/۲

صفحه: ۱۶۹ تا ۱۷۸

چکیده

بیماری برق‌زدگی که به وسیله قارچ *Ascochyta rabiei* ایجاد می‌شود، یکی از مهم‌ترین عوامل محدودکننده کشت و تولید نخود در بیشتر مناطق دنیا و از جمله ایران است. القای مقاومت نسبت به پاتوژن‌ها از راهکارهایی است که گیاهان برای مقابله با تنش‌های زیستی به کار می‌برند. این تحقیق در سال ۱۳۹۷ به صورت آزمایش فاکتوریل دو عاملی (زمان-ژنوتیپ) در قالب طرح کامل تصادفی در سه تکرار برای هر کدام از زمان‌های انتخاب شده و گیاه شاهد در آزمایشگاه گروه اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی دانشگاه محقق اردبیلی انجام شد. به منظور درک بهتر سیستم‌های دفاعی گیاه نخود در سطح مولکولی، دو ژنوتیپ حساس (FLIP 03-135C) و مقاوم نخود (FLIP 00-40C) در گلخانه کشت شد و میزان بیان ژن‌های درگیر در مقاومت به بیماری برق‌زدگی نخود (Protein with leucine zipper, Snakin2, AFP-ca و PGIP) در این ژنوتیپ‌ها مورد مطالعه قرار گرفت. برای این منظور بعد از این که گیاهان به مرحله‌ی پنج تا هفت برگ‌ی رسیدند، با سوسپانسیون اسپور با غلظت $10^6 \times 1/2$ آلوده شدند و در زمان‌های ۰، ۶، ۱۲، ۲۴، ۴۸، ۷۲ و ۹۶ ساعت پس از مایه‌زنی گیاه با قارچ *A. rabiei* RNA کل از برگ‌های گیاهان مورد آزمایش استخراج و رشته اول cDNA سنتز شد. سطح تظاهر ژن‌های مذکور در نمونه‌های تیمار شده و شاهد، در ژنوتیپ نخود حساس و مقاوم به برق‌زدگی با استفاده از روش ارزیابی Real-Time PCR بررسی شد. سطح بیان هر چهار ژن مورد بررسی در این تحقیق در گیاه مقاوم نسبت به بیماری *A. rabiei* افزایش یافت. نتایج نشان داد که ژن‌های انتخاب شده Snakin2 و protein with leucine zipper در ارقام مقاوم در زمان ۱۲ ساعت پس از مایه‌زنی، ژن AFP-ca از خانواده پپتیدهای ضد میکروبی در زمان‌های اولیه ۲۴-۶ ساعت پس از مایه‌زنی و همچنین ژن PGIP از خانواده پروتئین‌های مهارکننده گالاتوروناز در زمان ۴۸ ساعت پس از مایه‌زنی حداکثر بیان را دارند. به طور کلی نتایج این تحقیق نشان داد که تمام ژن‌های مورد بررسی در این تحقیق در ارتباط با برهمکنش گیاه و بیمارگر بوده و ممکن است باعث کمک به القاء مقاومت در گیاه شوند.

واژه‌های کلیدی: بلایت باکتریایی نخود، تنش زیستی، ژن‌های دفاعی، سنجش کمی، Real Time PCR

مقدمه

Lab می‌باشد. این بیماری اولین بار در ابتدای قرن بیستم، با شناسایی عامل بیماری‌زای آن در پاکستان، مشاهده شد، و پس از آن از اغلب کشورهای جهان گزارش شد (۲۶). این بیماری، باعث خسارت شدید به قسمت‌های هوایی گیاه می‌شود که با آلودگی اندام‌های هوایی باعث از بین رفتن کامل گیاه و مانع گسترش و رشد گیاه شده و در نهایت باعث خشکیدگی گیاه می‌گردد (۳۳). در برهمکنش بین گیاه و پاتوژن، فعالیت پاتوژن روی تسخیر میزبان و مصرف منابع آن متمرکز می‌شود، در حالی که گیاه تلاش می‌کند تا پاتوژن را تشخیص داده و مکانیسم‌های دفاعی خود را برای مقابله با آن متوقف کردن حمله میکروبی، فعال نماید. یکی از فاکتورهای مهم در گیاهان بعد از آلودگی سرعت پاسخ‌دهی گیاه می‌باشد. بنابراین تشخیص به موقع یک موجود مهاجم و القاء سریع و موثر پاسخ‌های دفاعی، گیاه مقاوم را از انواع حساس متمایز می‌کند (۹). مکانیسم‌های دفاعی گیاه شامل ترکیبی از پاسخ‌های دفاعی دایمی و القایی است. پاسخ‌های دایمی شامل موانع فیزیکی و شیمیایی موجود در گیاه از قبیل

نخود (*Cicer arietinum* L.) یکی از منابع مهم تغذیه انسان به شمار می‌رود. سطح زیر کشت این محصول در ایران حدود ۵۶۶ هزار هکتار بوده و با متوسط عملکرد ۴۷۸ کیلوگرم در هکتار، تولید کل آن در کشور معادل ۲۷۱ میلیون کیلوگرم می‌باشد. در سطح جهانی، نخود با سطح زیرکشت بیش از ۱۴/۶ میلیون هکتار و متوسط تولید ۱۰۱۹ کیلوگرم در هکتار به عنوان سومین گیاه مهم از گروه حبوبات می‌باشد (۱۲). کشت نخود به دلیل هزینه کم تولید، سازگاری وسیع آب و هوایی، استفاده در تناوب گیاهی و توانایی تثبیت نیتروژن اتمسفری، یکی از مهم‌ترین گیاهان لگوم در سیستم کشاورزی پایدار به شمار می‌رود (۲۲). اهداف اصلاحی نخود، به‌دست آوردن ژنوتیپ‌هایی است که دارای عملکرد بالا باشند و در مقابل بیماری‌ها مقاومت پایدار داشته و تنش‌های زیستی و غیرزیستی را به خوبی تحمل کنند (۲۹). از بین تنش‌های زیستی که محصول نخود را تحت تأثیر قرار می‌دهند، بیماری برق‌زدگی است که مخرب‌ترین بیماری نخود در سطح جهان است (۲۷) که عامل آن *Ascochyta rabiei* (pass.)

بافت‌های گیاهی، سیگنال‌هایی تولید می‌شوند که توسط گیاه قابل شناسایی هستند. این سیگنال‌ها تحت عنوان الیسیتور (Elicitor) نامیده می‌شود (۱۹). الیسیتورهای حاصل از پاتوژن‌ها و دیواره سلول‌های گیاهی، جهت فعال‌سازی بیان ژن‌های دفاعی در داخل سلول منتشر می‌شوند و به صورت اختصاصی به گیرنده‌های غشای پلاسمایی متصل شده و فرآیندهای سیگنالی لازم در جهت واکنش‌های دفاعی را آغاز می‌کنند (۲۵).

مطالعات نشان داده که تنش‌های زنده مانند قارچ‌ها و باکتری‌ها، رشد و توسعه گیاهان را تحت تاثیر قرار می‌دهند. واکنش‌های گیاه در برابر آن‌ها با تغییرات زیادی در شبکه‌های پیچیده ژن همراه است و بر این اساس بررسی الگوی بیان ژن‌هایی که در انطباق یا تحمل به این تنش‌ها نقش دارند، ضروری است. در مطالعه حاضر تغییرات الگوی بیان برخی از ژن‌های مقاومت به بیماری برق‌زدگی در گیاه نخود زراعی در زمان‌های مختلف پس از آلودگی با قارچ بیماری برق‌زدگی، در دو ژنوتیپ حساس و مقاوم به بیماری برق‌زدگی بررسی شده است تا واکنش گیاه به آلودگی قارچی مورد ارزیابی قرار گرفته و نقش هر کدام از این ژن‌ها در ایجاد مقاومت به بیماری، مشخص شود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و شرایط رشد: این تحقیق در سال ۱۳۹۷ در آزمایشگاه گروه اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی دانشگاه محقق اردبیلی انجام شد. در این تحقیق، از دو ژنوتیپ نخود حساس (FLIP 03-135C) و مقاوم (FLIP 00-40C) گزینش شده از آزمایش‌های پیشرفته مقایسه عملکرد و مقاومت به بیماری برق‌زدگی، استفاده شد (۱۵). بذرها از مرکز تحقیقات کشاورزی کچساران تهیه گردید. سطح بذور، قبل از کشت توسط هیپوکلریت سدیم ۲ درصد به مدت ۱۵ دقیقه ضدعفونی شد. بذور پس از شستشو با آب مقطر، برای رشد به پتری دیش انتقال داده شدند. بعد از ۳۶ ساعت رشد در دمای ۲۴-۲۲ و روشنایی ۱۲ ساعت، بذور جوانه زده، در گلدان‌هایی به قطر ۲۰ سانتی‌متر حاوی مخلوط خاک، ماسه و کود دامی (به ترتیب با غلظت‌های ۱:۱:۳) در عمق ۲/۵ سانتی‌متری کاشته شدند. در هر گلدان، پنج بذر کشت گردید. این تحقیق به صورت آزمایش فاکتوریل دو عاملی (زمان-ژنوتیپ) در قالب طرح کامل تصادفی در سه تکرار برای هر کدام از زمان‌های انتخاب شده و گیاه شاهد انجام شد.

آماده سازی نمونه قارچ و تهیه سوسپانسیون اسپور: جدایه شماره ۱۳ پاتوتیپ III (۳۸) قارچ *A. rabiei* به عنوان بیمارگر پرآزار از بانک ملی ژن گیاهی (ایران) تهیه شد. این جدایه روی محیط کشت جامد عصاره نخود (CDA Chickpea Dextrose Agar) کشت گردید و در شرایط دمایی ۱۸ درجه سانتی‌گراد و ۱۴ ساعت روشنایی نگهداری و پس از ۷ تا ۱۰ روز، ۰/۵ سانتی‌مترمربع از نمونه قارچ برای تولید اسپور به داخل ویال حاوی محیط کشت مایع (Chickpea CDB Dextrose Broth) منتقل شد. ظروف در شرایط دمایی ۲۲/۵ درجه سانتی‌گراد و تناوب نوری ۱۴

لایه ضخیم کوتیکولی یا ترکیبات ضد میکروبی موجود در گیاه می‌باشد (۱۴). مکانیسم‌های دفاعی القایی شامل موانع مکانیکی با تجمع موادی که به منظور ممانعت از ورود بیمارگر تولید می‌گردد. موانع شیمیایی از جمله تولید ترکیبات فنلی، فیتوالکسین‌ها و افزایش غلظت یا فعالیت مواد پروتئینی است در برابر ورود بیمارگر به گیاه تولید می‌شوند (۱۳). در رابطه متقابل گیاه و بیمارگر، پس از شناخت میکروارگانیسم توسط مولکول‌های گیرنده الیسیتور، مجموعه‌ای از پاسخ‌های دفاعی در میزبان گیاهی صورت می‌گیرد. طی این فرآیند پس از دریافت پیام توسط مولکول گیرنده، از طریق مسیر سیگنالینگ تولید رادیکال‌های سمی اکسیژن، فیتوالکسین و تعدادی از ترکیبات ضد میکروبی، تجمع ترکیبات پروپانوتید فنلی در دیواره سلولی گیاهی، رسوب کالوس، سنتز آنزیم‌های دفاعی و همچنین سنتز و تولید یک سری زنجیره‌های کوچک پروتئینی صورت می‌گیرد (۱۸). پاسخ‌های دفاعی القایی موضعی یا سیستمیک بوده و دارای پیچیدگی می‌باشند، زیرا مستلزم مراحل مختلفی از جمله شناسایی پاتوژن به وسیله گیاه میزبان، انتقال پیام و بیان تعداد زیادی ژن می‌باشد تا بعد از حمله پاتوژن، این پاسخ‌های دفاعی سریع و به طور هماهنگ القاء شده و گیاه را در برابر حمله پاتوژن مقاوم سازند (۳۵). کانونی و همکاران (۱۳۸۹)، به منظور تعیین تعداد ژن‌های کنترل کننده مقاومت به برق‌زدگی و اندازه برگ در نخود و نوع عمل این ژن‌ها، مطالعه‌ای انجام دادند و روش انتخاب دوره‌ای که به نحو مطلوب از واریانس افزایشی استفاده می‌کند را به عنوان بهترین روش اصلاحی جهت انتخاب ژنوتیپ‌های والدینی و ایجاد مقاومت به برق‌زدگی در نخود پیشنهاد کردند (۱۶). سینگ و ردی (۱۹۸۳) ژنتیک مقاومت به *D. rabiei* را در یک مجموعه از لاین‌های مقاوم بررسی کرده و نتیجه‌گیری کردند که مقاومت از یک مدل ژنتیکی ساده تبعیت نموده و دو عبارت rar1 و rar2 را برای مشخص کردن مقاومت به ترتیب در دو لاین ICC191 و ILC200 پیشنهاد کردند (۳۴). محققان مرکز بین‌المللی تحقیقات کشاورزی در مناطق خشک (ایکاردا)، در بررسی ژنوتیپ‌های ذخیره ژنتیکی این مرکز پی‌بردند که مقاومت به صورت تک‌ژنی کنترل می‌شود (۱۱). در مطالعه دیگری تکه‌اوغلو و همکاران (۲۰۰۰) گزارش کردند که سه ژن اصلی تکمیلی و مغلوب با تعداد زیادی تغییردهنده، مقاومت به برق‌زدگی را کنترل می‌کنند. آن‌ها در ادامه افزودند که عدم حضور یک یا دو ژن اصلی باعث بروز حساسیت شده، در حالی که وجود تغییردهنده‌ها، درجه مقاومت را تعیین می‌کند (۳۶). افضل و همکاران (۱) در تحقیقی، بیان ژن ایزوفرم‌های اسیدی و بازی این دو آنزیم را در سطح مولکولی در گیاه نخود زراعی مورد مطالعه قرار دادند. به این ترتیب که سطح تظاهر ژن‌های مذکور در نمونه‌های تیمار شده و شاهد، در ژنوتیپ نخود حساس MCC403 و ژنوتیپ مقاوم MCC496 نسبت به آلودگی با قارچ برق‌زدگی (*A. rabiei*) با استفاده از روش ارزیابی نیمه کمی RT-PCR بررسی شد و نتایج، حاکی از افزایش بیان ایزوفرم اسیدی هر دو ژن کیتیناز و بتا-۱ و گلوکاناز پس از آلودگی بود. در زمان حمله پاتوژن‌ها به

(مشاهده باند قوی RNA ریوزومی 18S و 28S نشاندهنده کیفیت خوب RNAهای استخراج شده بود). با استفاده از نانودراپ غلظت نمونه های RNA با یکدیگر یکسان شدند و سپس RNAهای با غلظت ۲۵۰ نانوگرم در میکرولیتر برای ساخت cDNA با استفاده از کیت سنتتاز (Fermentas, USA) مطابق دستورالعمل شرکت تولید کننده، مورد استفاده قرار گرفت. cDNA سنتز شده در دمای ۲۰- درجه سانتی گراد نگهداری شد.

طراحی آغازگرها: ژنهایی که میزان بیان آنها در ژنوتیپهای مورد نظر بعد از آلودگی به بیماری برقزدگی، مورد مقایسه قرار گرفت، شامل ژنهای *Cicer arietinum*، protein with leucine zipper، actin (ACT1)، SNAKIN2، AFP-ca، و PGIP بودند (۶). ژن خانه دار ACT1 با آغازگرهای اختصاصی در این تحقیق به عنوان ژن کنترل داخلی انتخاب شد که mRNA این ژن ها در سلولهای گیاهی تقریباً در تمام سلولها، بافتها و اندامهای مختلف، به یک اندازه نسخه برداری می شوند و از طرفی غلظت cDNA ساخته شده برابر با غلظت mRNA وارد شده به واکنش نسخه برداری معکوس است (۸). به منظور طراحی آغازگر ژنهای مورد بررسی، توالی محافظت شده آنها از پایگاه داده NCBI گرفته شد و سپس آغازگرهای الیگونوکلئوتیدی جهت انجام واکنش Real Time Pcr براساس توالیهای موجود با استفاده از نرم افزار Primer3 طراحی شدند.

ساعت روشنایی - ۱۰ ساعت تاریکی، روی شیکر با دور ۱۵۰ RPM قرار گرفتند. بعد از سه روز، اسپورها آماده تکثیر بودند و تا شش روز بعد نیز اسپورها توانایی بیماری زایی داشتند. در این مرحله، سوسپانسیون محیط کشت از پارچه ململ دولایه عبور داده شد و غلظت محلول عبوری با استفاده از لام گلبول شمار به غلظت $10^6 \times 1/2$ اسپور در هر میلی لیتر رسانده شد (۳۲).

تلقیح گیاهان نخود: سوسپانسیون اسپور با آب پاشهای پلاستیکی به طور یکنواخت بر روی گیاهچه های ۱۴ روزه نخود اسپری شد. عمل اسپری تا مرحله ریزش اولین قطره از سطح برگ ادامه یافت و گلدانها به مدت ۵ روز در زیر پلاستیک به منظور حفظ رطوبت تا ۹۰ درصد نگهداری شدند و روزانه سه تا پنج بار آب پاشی در زیر پلاستیک انجام شد و پس از آن پوشش پلاستیکی به تدریج برداشته شد و رطوبت گلخانه در سطح ۷۰ درصد تنظیم گردید.

استخراج RNA و ساخت cDNA: RNA کل از برگهای گیاهان در بازه های زمانی ۰، ۶، ۱۲، ۲۴، ۴۸، ۷۲ و ۹۶ ساعت بعد از آلودگی قارچی با استفاده از کیت RNXTTM plus (شرکت سیناژن، ایران) مطابق دستورالعمل شرکت تولید کننده استخراج شد. قبل از استخراج RNA، نمونه های برگ و ساقه گیاهان هر تیمار باهم مخلوط شدند. RNA کل استخراج شده (۳۰ میکروگرم برای هر واکنش) با استفاده از آنزیم DNaseI (Fermentas, USA) تیمار شد تا DNAی ژنومی حذف شود. کمیت و کیفیت RNA استخراجی، با استفاده از اسپکتروفتومتر و ژل مخصوص RNA تعیین گردید

جدول ۱- مشخصات آغازگرهای مورد استفاده در این تحقیق

Table 1. List of primer sequences used for RT-PCR in this study

نام ژن	توالی آغازگرها	شماره دسترسی در NCBI	دمای اتصال (°C)	طول قطعه (bp)
Act1-F	AGA CGA GCG TTT CAG ATG TC	EU529707.1	۶۰	۱۶۰
Act1-R	TAT CAG CAA TGC CTG GGA AC			
Protein with leucine zipper-F	CCT AGT GCG CAA AGT GAA GG	CV793599.1	۵۸	۱۴۰
Protein with leucine zipper-R	CAA GGC TTT GCT CCA AGA GG			
Snakin2-F	CTA GTT GCT TCC CTT CTC GC	CV793608.1	۵۹	۱۵۰
Snakin2-R	TAC GCT GAA GAA GAG AGC CC			
PGIP-F	GCT TCA GAA ACC GAC TCT C	Loc101504619	۵۸	۳۱۷
PGIP-R	CGA TGG AAT CTG ACC ACA C			
AFP-Ca-F	TGG CTT GTG CTT CCT CTT C	DQ288897.2	۵۷	۱۸۴
AFP-Ca-R	ACA ACG AAA GTC ATC CCT GC			

میزان بیان داده های Real Time Pcr با میزان رونویسی هر ژن خانه دار از طریق روش مقایسه کمی و روش دلتا دلتا سی تی انجام گرفت (۲۱). تجزیه واریانس و تحلیل داده های به دست آمده به صورت آزمایش فاکتوریل در قالب طرح کامل تصادفی در سه تکرار صورت گرفت و مقایسه میانگین با استفاده از آزمون دانکن در سطح احتمال ۱ درصد با استفاده از نرم افزار SAS8.2 انجام گرفت. نمودارهای مربوط به بیان نسبی ژن ها در سطح رونوشت نیز با استفاده از نرم افزار Excel Office Microsoft 2010 رسم شد.

بررسی بیان ژن: برای بررسی بیان ژنهای دفاعی نخود در برابر بیماری برقزدگی از روش سنجش کمی Real Time PCR استفاده شد. انجام PCR در زمان واقعی با استفاده از دستگاه Rotor gene-Q از شرکت Qiagene صورت گرفت. واکنش PCR با حجم نهایی ۱۴ میکرولیتر انجام شد. برنامه واکنش شامل: ۹۵ درجه به مدت ۵ دقیقه و سپس طی ۴۰ سیکل با ۹۵ درجه برای ۳۰ ثانیه، ۶۰ درجه برای ۲۰ ثانیه و ۷۲ درجه ۲۰ ثانیه، بود. الگویابی منحنی ذوب از ۶۰ تا ۹۵ درجه در پایان واکنش برای هر PCR جهت تشخیص اختصاصی بودن واکنش انجام گردید.

نتایج و بحث

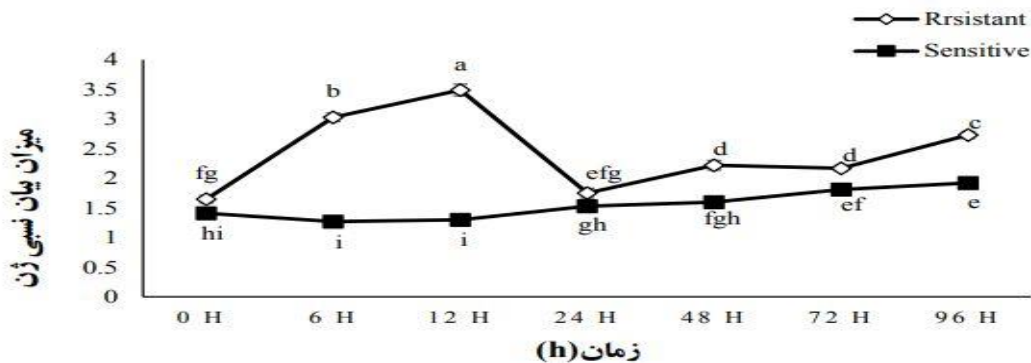
مقایسه میزان بیان ژن‌ها:

نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل آماری نشان داد که بیان ژن Snakin2 در اثر تلقیح سوسپانسیون قارچی در رقم مقاوم نسبت به رقم حساس به صورت معنی‌داری (سطح احتمال $P < 0.01$) افزایش نشان داد. میزان بیان این ژن در هر دو ژنوتیپ در ساعات بعد از آلودگی روند متفاوت داشت. در ژنوتیپ FLIP 00-40C (مقاوم)، ۱۲ ساعت بعد از تلقیح سوسپانسیون قارچ، بیشترین میزان بیان مشاهده شد و در این ژنوتیپ بیان این ژن تشکیل دو فاز داد که در زمان‌های ۶ و ۱۲ ساعت بعد از آلودگی، میزان بیان افزایش یافت و در زمان ۲۴ ساعت، به کمترین حالت خود رسید و پس از آن، بیان این ژن در زمان‌های ۴۸ ساعت به بعد، افزایش یافت (شکل ۱). در ژنوتیپ FLIP03-135C (حساس) بعد از تلقیح سوسپانسیون به گیاه، بیان ژن تا زمان ۱۲ ساعت بعد از آلودگی، نسبتاً ثابت بود و بعد از زمان ۲۴ ساعت، بیان به صورت خطی افزایش یافت و همانطور که در شکل ۱ نشان داده شده است، نوع افزایش بیان در زمان‌های مختلف در دو ژنوتیپ به صورت معنی‌داری متفاوت بود.

Snakinها، پپتیدهای ضد میکروبی گیاه از خانواده Snakin/Gasa هستند که از سه منطقه جدا از هم شامل سیگنال ترمینال -N، یک سایت متغیر و منطقه گاسا در ناحیه ترمینال -C که توسط ۱۲ سیستمین حفاظت شده که باعث پایداری بیوشیمیایی مولکول‌ها می‌شود، تشکیل شده

است. این پپتیدها نقش‌های مختلفی در پاسخ به تنش‌های زیستی (باکتری‌ها، قارچ‌ها و نماتد) و تنش‌های غیرزیستی (شوری و خشکی) و همچنین پیام‌های انتقال یافته توسط هورمون‌های گیاهی، با تأکید بر آبسزیک اسید و سالیسیلیک اسید دارند. افزایش بیان این ژن در نخود باعث افزایش مقاومت نخود در برابر بیماری برق‌زدگی می‌شود (۲۸).

افزایش بیان ژن Snakin2 در گوجه فرنگی باعث افزایش تحمل گیاهان تراریخته گوجه فرنگی در برابر بیماری شانکر باکتریایی (*Clavibacter michiganensis*) می‌شود (۳). با خاموش شدن ژن Snakin2 در گیاه توتون (*Nicotiana Benthiana*) حساسیت به بیماری شانکر باکتریایی (*Clavibacter michiganensis*) بیشتر می‌شود (۲). در این آزمایش نیز میزان بیان ژن SNAKIN2 در شرایط بیماری افزایش یافت. همچنین مشخص شد که بیان ژن ضد میکروبی SNAKIN2 در واکنش به آلودگی *A. rabiei* افزایش یافت. مطالعات ریزآرایه هم نشان داد که این ژن در رقم مقاوم به طور واضحی افزایش بیان داشت و این افزایش بیان در ۲۴ ساعت پس از مایه‌زنی صورت گرفت (۷). پروتئین SNAKIN2 ترکیب ضد میکروبی به شکل سه بعدی کروی و غنی از سیستمین و دارای باندهای پایدار دیسولفیدی بود. گزارش شد که بیان SNAKIN2 در واکنش به مایه‌زنی القاء شد و با SNAKIN1 به حالت سینرژیستی تجمع پیدا کرد (۵).



شکل ۱- الگوی بیان ژن Snakin2 نسبت به ژن خانه‌دار به عنوان کنترل داخلی در ژنوتیپ‌های مقاوم و حساس بعد از مایه‌زنی قارچ (حروف متفاوت نشان‌دهنده اختلاف معنی‌داری به وسیله آزمون دانکن در سطح احتمال ۰/۰۱ می‌باشد)

Figure 1. Gene expression of Snakin2 in comparison with the housekeeping gene as an internal control for resistant and susceptible genotypes over the time course of infection with *A. rabiei* isolate. Different letters indicate significant differences based on Duncan's test ($P < 0.01$) ($n=3$)

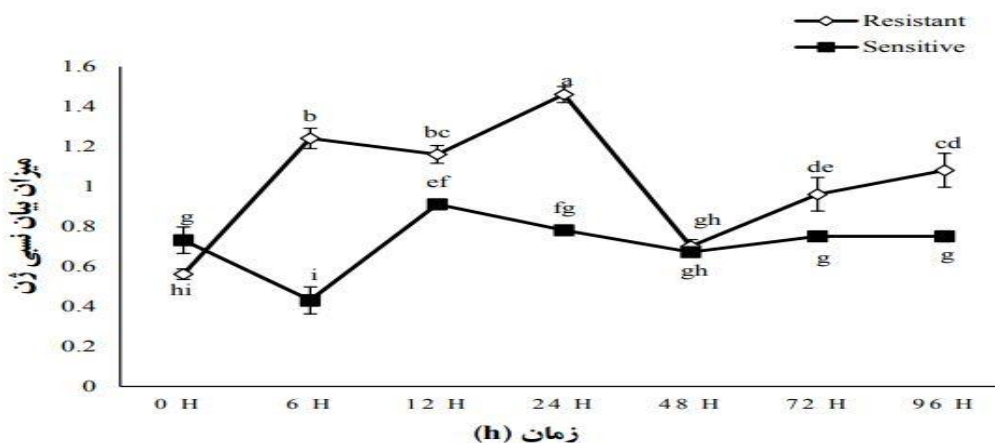
بیان این ژن به حداقل میزان خود رسید و بعد از زمان‌های ۷۲ و ۹۶ ساعت بعد از مایه‌زنی دوباره میزان بیان افزایش نسبی یافت. در ژنوتیپ حساس میزان بیان در زمان ۶ ساعت بعد از مایه‌زنی، به حداقل رسید و پس از آن، میزان بیان نسبت به زمان صفر به صورت خطی افزایش یافت.

در بررسی حاضر بیان ژن AFP-ca در رقم مقاوم و حساس عکس هم بود و در زمانی که بیان این ژن در رقم مقاوم بیشترین (۱/۵) شد در رقم حساس کمترین میزان

نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل آماری نشان داد که بیان ژن AFP-ca (ژن کاندید از خانواده زنجیره‌های پروتئینی ضد میکروبی) در اثر تلقیح سوسپانسیون قارچی در رقم مقاوم نسبت به رقم حساس به صورت معنی‌داری (سطح احتمال $P < 0.01$) افزایش نشان داد. میزان بیان این ژن در هر دو ژنوتیپ در ساعات بعد از آلودگی روند متفاوت دارد. در ژنوتیپ مقاوم، از زمان صفر تا زمان ۲۴ ساعت بعد از تلقیح قارچ، بیان ژن افزایش یافت اما در زمان ۲۴ ساعت بعد از تلقیح قارچ

شروع بیماری و حساسیت داشته باشد. همچنین باتوجه به اینکه این پروتئین در دیگر گیاهان ترکیب ضد قارچی است، افزایش بیان در ۲۴ ساعت پس از مایه‌زنی می‌تواند باعث مرگ میسلیم تازه نفوذ کرده قارچ شود (۱۷). در بررسی‌های انجام گرفته در استرالیا مشخص شد که تنوع ژنتیکی رقم‌های نخود کم بوده و این نشان‌دهنده پتانسیل تنوع کم مکانیسم‌های دفاعی رقم‌ها است (۲۰). طی بررسی ژن‌های دفاعی همولوگ نخود و مقایسه آنها با دیگر لگوم‌ها، تنوع کم مکانیسم دفاعی ثابت شده است (۳۹). بنابراین اختلاف بالای سطحی بیان ۱۵ ژن دفاعی در میان ۱۰ ژنوتیپ نخود و در زمان‌های ابتدایی آلوده‌سازی ۲ تا ۶ ساعت پس از مایه‌زنی نشان می‌دهد که میان ارقام در زمان تشخیص پاتوژن تفاوت وجود داشته و به طبع آن سرعت سیگنالینگ مکانیسم دفاعی پایین دستی تحت تاثیر قرار گرفت (۲۰).

(۰/۸) مشاهده شد. به طور کلی در رقم مقاوم در تمام زمان‌های مورد مطالعه، بیان این ژن به طور معنی‌دار و با اختلاف زیاد بیشتر از رقم حساس بود. بیان در رقم مقاوم دارای دو الگوی افزایش در زمان‌های ۶ و ۲۴ ساعت پس از مایه‌زنی بود و در همین زمان‌ها بیان در رقم حساس کمترین مقدار مشاهده شد (شکل ۲). با توجه به زیست‌شناسی بیماری‌زایی قارچ *A. rabiei*، مشخص شد که این ژن یکی از ژن‌های بسیار مهم دخیل در مقاومت بوده و احتمالاً در تشخیص میزبان و نفوذ به گیاه نقش دارد. اما با توجه به این‌که در زمان ۴۸ ساعت پس از مایه‌زنی بیان در رقم مقاوم کاهش پیدا کرد، ممکن است در رشد پاتوژن در گیاه و حمله به سلول‌های مجاور تاثیر کمتری داشته باشد. رقم حساس تنها در زمان ۱۲ ساعت پس از مایه‌زنی افزایش بیان داشت و این زمان همان زمان جوانه زنی اسپور است و به نظر می‌رسد تاخیر بیان AFP-ca در رقم حساس نقش بسیار مهمی در

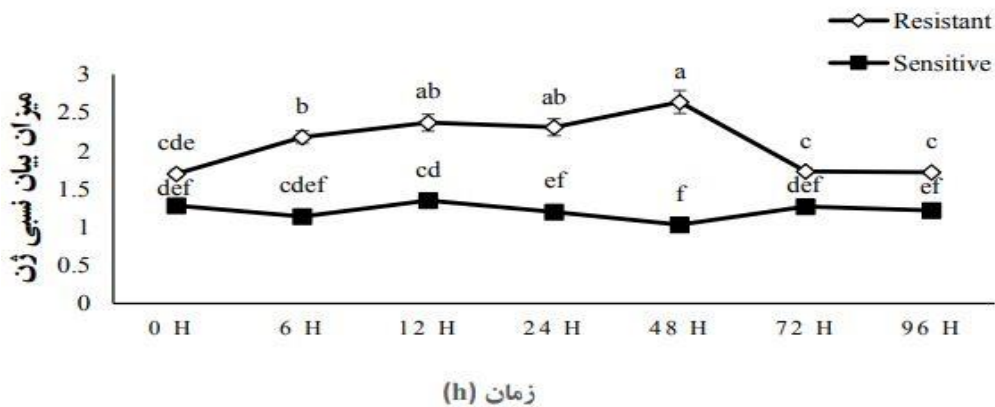


شکل ۲- الگوی بیان ژن AFP-ca نسبت به ژن خانه‌دار به عنوان کنترل داخلی در ژنوتیپ‌های مقاوم و حساس بعد از مایه‌زنی قارچ (حروف متفاوت نشان‌دهنده اختلاف معنی‌داری به وسیله آزمون دانکن در سطح احتمال ۰/۰۱ می‌باشد)

Figure 2. Gene expression of AFP-ca in comparison with the housekeeping gene as an internal control for resistant and susceptible genotypes over the time course of infection with *A. rabiei* isolate. Different letters indicate significant differences based on Duncan's test ($P < 0.01$) ($n=3$)

پس از مایه‌زنی، روند ثابتی داشت. ژن‌های PGIP دارای منشاء تکاملی مشترکی در گیاهان مختلف می‌باشند. در این مطالعه مشخص شد که بیان ژن PGIP در رقم حساس ثابت بود اما در رقم مقاوم بیان در تمام زمان‌ها بالا بود و در زمان ۴۸ ساعت پس از مایه‌زنی در رقم مقاوم به بیشترین میزان خود رسید در این زمان اوج اختلاف بیان ژن در ژنوتیپ حساس و مقاوم مشاهده گردید و پس از ۴۸ ساعت پس از مایه‌زنی، کاهش ناگهانی بیان داشت و میزان بیان این ژن در رقم حساس و مقاوم معکوس هم بود (شکل ۴). ژن PGIP دارای تشابه ۷۳٪ نوکلئوتیدی با ژن PGIP گیاه سویا با شماره دسترسی (NP001304551) است که باعث مقاومت علیه قارچ‌ها می‌شود (۱۰). PGIP نخود در این تحقیق با PGIP گیاه لوبیا ۷۳٪ تشابه نوکلئوتیدی دارد و مشخص شده که این ژن PvPGIP2 در ارقام لوبیا دارای توالی حفاظت شده غنی از لوسین می‌باشد (۱۰).

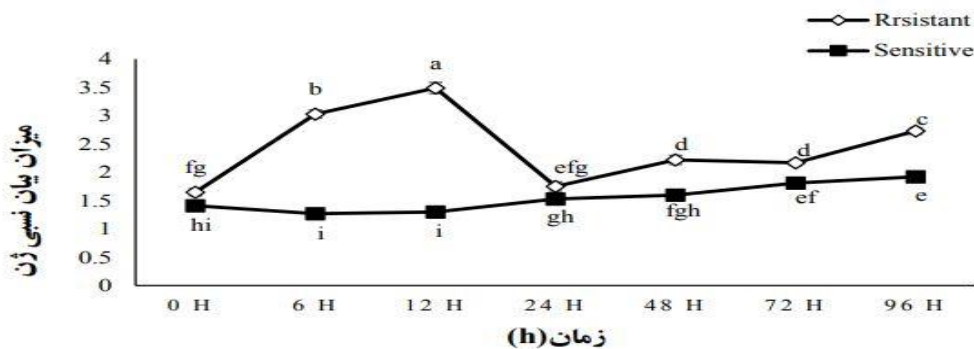
بیان نسبی ژن PGIP از خانواده پروتئین‌های مهارکننده پلی‌گالاکتوروناز در ۷ زمان تعیین شده بعد از تلقیح سوسپانسیون قارچ و ایجاد علائم بیماری روی برگ و ساقه نخود مورد بررسی قرار گرفت که نتایج مقایسه میانگین‌ها به روش دانکن نشان داد که الگوی بیان این ژن در بازه‌های زمانی مختلف با یکدیگر اختلاف معنی‌داری داشته است. همان‌طور که در شکل ۳ نشان داده شده است در ژنوتیپ مقاوم، در ساعت اولیه میزان بیان افزایش یافت که این افزایش بیان در زمان ۴۸ ساعت پس از مایه‌زنی به اوج خود رسید و پس از آن میزان بیان در ۷۲ و ۹۶ ساعت پس از مایه‌زنی کاهش یافت (شکل ۳). نتیجه مقایسه میانگین‌ها نشان داد که بیان ژن PGIP بعد از تلقیح سوسپانسیون قارچ در زمان ۴۸ ساعت پس از مایه‌زنی، بیشترین میزان را داشت. همان‌طور که در شکل ۳ نشان داده شده است در رقم حساس میزان بیان به صورت نسبتاً ثابتی بود و در زمان‌های مختلف



شکل ۳- الگوی بیان ژن PGIP نسبت به ژن خانه‌دار به عنوان کنترل داخلی در ژنوتیپ‌های مقاوم و حساس بعد از مایه‌زنی قارچ (حروف متفاوت نشان‌دهنده اختلاف معنی‌داری به وسیله آزمون دانکن در سطح احتمال ۰/۰۱ می‌باشد)
 Figure 3. Gene expression of PGIP in comparison with the housekeeping gene as an internal control for resistant and susceptible genotypes over the time course of infection with *A. rabiei* isolate. Different letters indicate significant differences based on Duncan's test ($P < 0.01$) ($n=3$)

گیاه نخود در مقابل بیماری سوختگی در دو رقم مقاوم و حساس نشان داد که میزان بیان ژن Protein with leucine zipper در برابر بیماری سوختگی *Ascochyta blight* قرار می‌گیرد افزایش می‌یابد که نشان دهنده مشارکت بالقوه این EST در دفاع از نخود در برابر بیماری *Ascochyta blight* می‌باشد که با نتایج این آزمایش مطابقت دارد (۳۷).

مقایسه میزان بیان ژن Protein with leucine zipper در شرایطی که گیاه تحت بیماری برق‌زدگی قرار داشت نسبت به شرایط نرمال در دو ژنوتیپ حساس (FLIP 03-135C) و مقاوم نخود (FLIP 00-40C) نشان داد که میزان بیان این ژن در این دو ژنوتیپ افزایش یافت. آزمایشات تریستن و همکاران (۲۰۰۵) در تجزیه و تحلیل سه EST مرتبط با دفاع



شکل ۴- الگوی بیان ژن Protein with leucine zipper نسبت به ژن خانه‌دار به عنوان کنترل داخلی در ژنوتیپ‌های مقاوم و حساس بعد از مایه‌زنی قارچ (حروف متفاوت نشان‌دهنده اختلاف معنی‌داری به وسیله آزمون دانکن در سطح احتمال ۰/۰۱ می‌باشد)
 Figure 4. Gene expression of Protein with leucine zipper in comparison with the housekeeping gene as an internal control for resistant and susceptible genotypes over the time course of infection with *A. rabiei* isolate. Different letters show significant differences based on Duncan's test ($P < 0.01$) ($n=3$)

تغییرات بیانی در زمان ۲۴ تا ۷۲ ساعت پس از مایه‌زنی اتفاق می‌افتد. ممکن است این روند تغییرات نشان دهنده‌ی زمان تشخیص پاتوژن و سپس تغییرات رونویسی ژن‌های واکنش دفاعی به *A. rabiei* در هر ژنوتیپ باشد. در تحقیقی بیشترین بیان افتراقی در رقم مقاوم ICC3996 در زمان ۶ تا ۱۲ ساعت بعد از مایه‌زنی مشاهده شده است، که نشان دهنده تشخیص سریع‌تر پاتوژن نسبت به رقم حساس FLIP94-508C و Lasseter می‌باشد (۸). مشخص شده است که میزان بیان ژن‌های مرتبط با دفاع در ارقام مقاوم در مقایسه با

گزارشات زیادی در مورد مطالعه مولکولی ژن‌های دفاعی نخود در واکنش به *A. rabiei*، هم به صورت تک ژنی (۶) و هم چند ژنی توسط ریزآرایه cDNA در مقیاس کوچک (۷) و یا qRT-PCR (۲۰) و همچنین ریز آرایه در سطح وسیع (۳۱) وجود دارد که نشان‌دهنده سطوح مختلف بیان ژن در زمان‌های مختلف بعد از مایه‌زنی بوده و همچنین نشان می‌دهد که بین ارقام مقاوم و حساس اختلاف در میزان بیان وجود دارد. در تحقیقی مشاهده کردند که cDNA مربوط به ۹۷ ژن گرفته شده از کتابخانه cDNA نخود و خلر زراعی در زمان‌های مختلف به طور متفاوتی بیان می‌شوند. اکثر این

به درک ما از کنترل مولکولی این بیماری کمک کند. بطور کلی تحقیقات نشان داده است که نخود دارای تعدادی مکانیسم دفاعی بوده که می‌توانند هر زمان در واکنش با آلودگی *A. rabiei* فعال شده و این مکانیسم‌ها باعث مقاومت غیر اختصاصی نژاد شده و تاثیر آنها به صورت تجمعی است (۲۰). در واقع مجموعه‌ای از مکانیسم‌های دفاعی القائی و موجود در مقاومت نخود در برابر قارچ عامل بیماری برق‌زدگی درگیر هستند. مکانیسم‌های مقاومت در هر دو نوع گیاه حساس و مقاوم وجود دارد، ولی سرعت تجمع یا تجزیه ترکیبات دفاعی در انواع مقاوم و حساس با یکدیگر متفاوت است. ممکن است که تجزیه این ترکیبات از طریق مکانیسم سمیت‌زدائی قارچ، بویژه در وارپته‌های حساس و به وسیله نژادهای با شدت بیماریزائی بالا، سریع باشد و کاملاً مشخص شده است که نژادهای *A. rabiei* که دارای شدت مختلف بیماریزائی هستند با وارپته‌های میزبان که سطوح متفاوتی از مقاومت را نشان می‌دهند، رفتار متفاوتی دارند.

نتیجه گیری کلی: بیماری برق‌زدگی که به وسیله قارچ *Ascochyta rabiei* [pass] labar ایجاد می‌شود، یکی از محدود کننده‌های کشت و تولید نخود در بیشتر مناطق دنیا و از جمله ایران بشمار می‌رود. برای این‌که مطالعات بیان ژن دقیق باشد، تهیه آغازگر اختصاصی، طول قطعه مناسب، شرایط بهینه واکنش PCR و انتخاب کنترل داخلی مناسب لازم است. بسیاری از مطالعات مربوط به سازوکارهای دفاعی و تنش در گیاهان بر بیان ژن استوار می‌باشد. در این زمینه مطالعات رونوشت (ترانسکرپتوم) به ارائه درک بهتری از پاسخ‌های تنش گیاه کمک کرده‌اند (۲۴). بیان ژن، نیاز به سنجش همزمان ژن یا ژن‌های مرجع دارد تا اطمینان حاصل شود که هر نوع تغییر در سیستم انتقال پیام ژن هدف، بیانگر تغییر در میزان الگوی بیان می‌باشد و به تغییرات غلظت RNA نمونه‌ها مربوط نمی‌شود. بررسی نمونه‌های آزمایشی RNA و کنترل خطا بین نمونه‌ها امری ضروری به نظر می‌رسد، چرا که تنوع بین نمونه‌ها ممکن است در مقدار و کیفیت مواد آغازین، آماده‌سازی RNA، سنتز cDNA و رقیق سازی آن‌ها تفاوت ایجاد کند.

آنالیز کمی QRT-PCR نشان داد که بیماری برق‌زدگی در الگوی بیان ژن‌های درگیر در مقاومت ژنوتیپ‌ها به بیماری برق‌زدگی دخیل بوده و بیان آن‌ها در فرایند پاسخ، به صورت افزایش یا کاهش تغییر یافته است. نتایج این آزمایش نشان داد که میان ژنوتیپ‌های نخود از نظر بیان ژن‌های مرتبط با مقاومت به بیماری برق‌زدگی در شرایط آلودگی به بیماری برق‌زدگی نسبت به شرایط نرمال تفاوت‌هایی وجود دارد. حساسیت یا مقاومت گیاهان به بیماری‌ها توسط ژنتیک گیاه میزبان و بیمارگر تعیین شده و باعث بروز یک سری دفاع‌های فیزیکی و شیمیایی علیه آلودگی می‌شوند، که این دفاع به صورت فعال و غیر فعال می‌باشد. واکنش‌های دفاعی فعال پس از تشخیص پاتوژن توسط میزبان شروع می‌شود. نخود دارای هر دو نوع دفاع فعال و غیر فعال می‌باشد که باعث جلوگیری از آلودگی اولیه توسط پاتوژن‌ها و حمله موفق به سلول‌های اطراف ناحیه آلوده می‌شود (۸).

ارقام حساس بیشتر بوده و بنابراین به نظر می‌رسد که این ژن‌ها در ارتباط با مقاومت به قارچ *A. rabiei* می‌باشند (۳۰). تعداد زیادی ژن احتمالی مقاومت به *A. rabiei* در ژنوتیپ‌های مختلف شناخته شده‌اند که در کل نشان می‌دهند مقاومت توسط چندین ژن کنترل می‌شود. در ژنوتیپ‌های حساس ممکن است بیان این ژن‌ها نسبت به ژنوتیپ‌های مقاوم کمتر باشد و یا این‌که ممکن است دارای آلل‌های مختلفی باشند که بعضی از آنها کم تاثیر بوده و یا رقم مقاوم ممکن است دارای یک ژن تنظیمی باشد که این ژن تعداد زیادی از ژن‌های مقاومت را کنترل کند (۸). همچنین ممکن است ژن‌های دفاعی توسط تنظیم کننده‌هایی کنترل شوند که با ممانعت از فعالیت ژن‌های بازدارنده دفاع، باعث مقاومت بشوند و یا توسط siRNA که نقش تنظیمی بیان دارند در سطح خاموشی بعد از رونویسی عمل کنند (۴). مثلاً در رقم حساس نخود افزایش بیان ژن‌های SNKIN2 و PRP ممکن است در غیاب نسخه‌های siRNA کد شونده توسط آلل‌های حساس صورت گیرد (۸). از دلایل تفاوت بیان ژن‌ها در ژنوتیپ حساس و مقاوم در زمان‌های مختلف، تولید، حذف و یا انتخاب افکتورهای قارچ در جدایه بیماریزا می‌باشد که می‌تواند روی تشخیص پاتوژن اثر بگذارد و این خود می‌تواند مکانیسم‌های دفاعی مختلف گیاه را القاء کند. شناسایی اختلاف بیان آلی میان رقم حساس و مقاوم و نسبتاً مقاوم، می‌تواند در انتخاب ژرم‌پلاسما مقاوم مفید واقع گردد (۲۰). آنالیز الگوی بیانی و مطالعات کمی بیان ژن‌ها می‌تواند در سطح مولکولی به درک واکنش‌های دفاعی کمک کند. مطالعات الگوی بیان دسته‌های تک ژنی نخود می‌تواند به صورت دقیق و کارا، در مورد شناسایی ژن‌هایی که بیان آن‌ها تحت تاثیر پاتوژن تغییر می‌کند و همچنین احتمالاً در مورد نقش آن‌ها در اختیار ما قرار می‌دهد. همچنین نقشه بیانی بعضی از ژن‌ها می‌تواند به عنوان معرف حساسیت یا مقاومت سلول‌ها و بافت‌های گیاهی مورد استفاده قرار گیرد (۸). بررسی‌های انجام گرفته نشان می‌دهد که سطوح مختلف بیان ژن در زمان‌های مختلف بعد از مایه‌زنی بوده و همچنین نشان داد که بین ارقام مقاوم و حساس اختلاف در میزان بیان وجود داشت. بیشتر تغییرات بیان ژن‌ها در زمان ۱۲ تا ۴۸ ساعت پس از مایه‌زنی صورت گرفت که منعکس کننده زمان نفوذ پاتوژن و فعال شدن آبنش‌های سیگنالی است که باعث واکنش‌های اکسیداتیو، القای HR و سنتز پروتئین‌های ضد قارچی می‌شود (۸). مطالعات دیگر مربوط به بیان ژن‌های القایی پس از آلوده سازی نیز تغییرات سریع بیان ژن در ۴۸ ساعت اول پس از آلوده سازی را نشان داد (۲۳). مطالعات ثابت کرده که سطح بیان ژن‌های مرتبط با دفاع گیاهان در برابر پاتوژن در ارقام مقاوم در مقایسه با ارقام حساس بیشتر می‌باشد و واکنش‌های دفاعی در ارقام حساس نسبت به ارقام مقاوم به کندی عمل می‌کنند (۲۹). به طور کلی نتایج نشان داد که واکنش‌های نخود به *A. rabiei* توسط بیان ژن‌ها در زمان‌های مختلفی بعد از آلودگی، به صورت شبکه پیچیده‌ای صورت می‌گیرد. این تحقیق اطلاعاتی در مورد واکنش دفاعی نخود در مقابل *A. rabiei* به ما داده و این اطلاعات می‌تواند

منابع

1. Afzal, R., S.H. Marashi, N. Moshtaghi and H. Kavousi. 2014. Gene expression profiling of chitinase and β -1, 3 glucanase in chickpea infected by *Ascochyta* blight. Iranian Journal of Pulses Research, 1: 151-158 (In Persian).
2. Balaji, V., G. Sessa and C.D. Smart. 2011. Silencing of host basal defense response-related gene expression increases susceptibility of *Nicotiana benthamiana* to *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis*. Phytopathology, 101: 349-357.
3. Balaji, V. and C.D. Smart. 2012. Over-expression of snakin-2 and extensin-like protein genes restricts pathogen invasiveness and enhances tolerance to *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* in transgenic tomato (*Solanum lycopersicum*). Transgenic Research, 21: 23-37.
4. Bartel, D.P. 2004. MicroRNAs: genomics, biogenesis, mechanism, and function. Cell. 116: 281-297.
5. Berrocal-Lobo, M., A. Segura, M. Moreno, G. Lopez, F. Garcia-Olmedo and A. Molina. 2002. Snakin-2, an antimicrobial peptide from potato whose gene is locally induced by wounding and responds to pathogen infection. Plant Physiology, 128: 951-961.
6. Coram, T.E. and E.C. Pang. 2005. Isolation and analysis of candidate ascochyta blight defence genes in chickpea. Part I. Generation and analysis of an expressed sequence tag (EST) library. Physiological and Molecular Plant Pathology, 66(5): 192-200.
7. Coram, T. E. and E.C. Pang. 2005. Isolation and analysis of candidate ascochyta blight defence genes in chickpea. Part II. Microarray expression analysis of putative defence-related ESTs. Physiological and Molecular Plant Pathology, 66(5): 201-210.
8. Coram, T.E. and E.C. Pang. 2006. Expression profiling of chickpea genes differentially regulated during a resistance response to *Ascochyta rabiei*. Plant Biotechnology Journal, 4(6): 647-666.
9. Davar, R., R. Darvishzadeh and A. Majd 2013. Changes in antioxidant systems in sunflower partial resistant and susceptible lines as affected by *Sclerotinia sclerotiorum*. Biologia, 68(5): 821-829.
10. D'Ovidio, R., S. Roberti, M.D. Giovanni, C. Capodicasa, M. Melaragni and L. Sella. 2006. The characterization of the soybean polygalacturonaseinhibiting proteins (Pgip) gene family reveals that a single member is responsible for the activity detected in soybean tissues. Planta, 224: 633-645.
11. ICARDA. 2000. Gene-pyramiding to control *Ascochyta* blight of chickpea. in: ICARDA Annual Report. Aleppo, Syria, pp: 45-47.
12. FAO. 2017. FAOSTAT database results from FAO website. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations.
13. Garcia-Brugger, A., O. Lamotte, E. Vandelle, S. Bourque, D. Lecourieux, B. Poinssot and A. Pugin. 2006. Early signaling events induced by elicitors of plant defenses. Molecular Plant-Microbe Interactions, 19(7): 711-724.
14. Graham, J.H. and M.E. Myers. 2011. Soil application of SAR inducers imidacloprid, thiamethoxam, and acibenzolar-S-methyl for citrus canker control in young grapefruit trees. Plant Disease, 95(6): 725-728.
15. Hasanian, S., O. Sofalian, N. Zare, A. Tarinejad, M. Davari and A. Pirzad. 2020. Evaluating resistance to *Ascochyta* blight in some chickpea genotypes and its impact on antioxidant enzymes activities, containing of Proline and carbohydrate. Plant Protection, 43(2): 19-33 (In Persian).
16. Kanouni, H., A.R. Taleei, R.S. Malhotra, S.A. Peyghambari, S.M. Okhovat and H.G. Khaligh. 2010. Genetics of ascochyta blight resistance in chickpea. Iranian Journal of Field Crop Science, 41 (2): 365-374 (In Persian).
17. Karri, V. and K.P. Bharadwaja. 2013. Tandem combination of *Trigonella foenumgraecum* defensin (Tfgd2) and *Raphanus sativus* antifungal protein (RsAFP2) generates a more potent antifungal protein. Functional and Integrative Genomics, 13(4): 435-443.
18. Kaur, J., M. Thokala, A. Robert-Seilaniantz, P. Zhao, H. Peyret, H. Berg and D. Shah. 2012. Subcellular targeting of an evolutionarily conserved plant defensin MtDef4. 2 determines the outcome of plant-pathogen interaction in transgenic Arabidopsis. Molecular Plant Pathology, 13(9): 1032-1046.
19. Kim, J., E. Bortz, H. Zhong, T. Leeuw, E. Leberer, A.K. Vershon and J.P. Hirsch. 2000. Localization and signaling of G(beta) subunit Ste4p are controlled by a factor receptor and the a-specific protein Asg7p. Molecular Cell Biology, 20(23): 8826-35
20. Leo, A.E., R. Ford and C.C. Linde. 2016. Genetic homogeneity of a recently introduced pathogen of chickpea, *Ascochyta rabiei*, to Australia. Biological Invasions, 17: 609-623.
21. Livak, K.J. and T.D. Schmittgen. 2001. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the 2 - $\Delta\Delta$ CT Method. Methods, 25(4): 402-408.
22. Mahdavi Mashaki, K., A.A. Nasrollahnezhad Ghomi, M. Thudi, K. Zaynali Nezhad, A. Yamchi and H. Soltanloo. 2019. Transcription Factors Evaluation in a Transcriptome Analysis on Chickpea (*Cicer arietinum* L.) Under Drought Stress. Journal of Crop Breeding, 11(30): 133-141 (In Persian).
23. Moy, P., D. Qutob, B. Chapman, I. Atkinson and M. Gijzen. 2004. Patterns of gene expression upon infection of soybean plants by *Phytophthora sojae*. Molecular Plant-Microbe Interactions, 17: 1051-1062.

24. Nicot, N., J. Hausman, L. Hoffmann and D. Evers. 2005. Housekeeping gene selection for real-time RT-PCR normalization in potato during biotic and abiotic stress. *Journal of Experimental Botany*, 56 (421): 2907-2914
25. Nürnberg, D., D. Fütterer, F. Niessen, N. Norgaard-Pedersen, C.J. Schubert, R.F. Spielhagen and M. Wahsner. 1995. The depositional environment of the Laptev Sea continental margin: preliminary results from the R/V Polarstern ARK IX-4 cruise. *Polar Research*, 14(1): 43-53.
26. Pande, S., K.H.M. Siddique, G.K. Kishore, B. Bayaa, P.M. Gaur, C.L.L. Gowda, T.W. Bretage and J.H. Crouch. 2005. Ascochyta blight of chickpea (*Cicer arietinum* L.): a review of biology, pathogenicity and disease management. *Australian Journal of Agricultural Research*, 56: 317-332.
27. Pandey, P., V. Irulappan, M. Bagavathiannan and M. Kumar. 2017. Impact of combined abiotic and biotic stresses on plant growth and avenues for crop improvement by exploiting physio-morphological traits. *Frontiers in Plant Science*, 8(537): 1-15.
28. Porto, W.F. and O.L. Franco. 2013. Theoretical structural insights into the snakina/gasa family. *Peptides*, 44: 163-167.
29. Rao, L.S., U.P. Ran, P.S. Deshmukh, P.A. Kumar and S.K. Panguluri. 2007. RAPD and ISSR fingerprinting in cultivated chickpea (*Cicer arietinum* L.) and its wild progenitor *Cicer reticulatum* Ladizinsky. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54: 1235-1244.
30. Rea, G., O. Metoui, A. Infantino, R. Federico and R. Angelini. 2002. Copper amine oxidase expression in defense responses to wounding and *Ascochyta rabiei* invasion. *Plant Physiology*, 128: 865-875.
31. Sabokbari Abarghan, M., K. Zaynali Nezhad, E. Ebrahimie and H. Soltanloo. 2020. Identification of Pathways and Candidate Genes Associated with Resistance to Ascochyta Blight in a Mutant Chickpea Variety using RNA-Seq Analysis. *Journal of Crop Breeding*, 12(33): 69-75 (In Persian).
32. Santra, D.K., M. Tekeoglu, M. Ratnaparkhe, W.J. Kaiser and F.J. Muehlbauer. 2000. Identification and mapping of QTLs conferring resistance to *Ascochyta* blight in chickpea. *Crop Science*, 40: 1606-1612.
33. Santra, S., P. Zhang, K. Wang, R. Tapeç and W. Tan. 2001. Conjugation of biomolecules with luminophore-doped silica nanoparticles for photostable biomarkers. *Analytical Chemistry*, 73(20): 4988-4993.
34. Singh, K.B. and M.V. Reddy. 1983. Inheritance of resistance to *Ascochyta* blight in chickpea. *Crop Science*, 23: 9-10.
35. Thakur, M. and B.S. Sohal. 2013. Role of elicitors in inducing resistance in plants against pathogen infection: a review. *ISRN Biochemistry*, 2013: 1-10.
36. Tekeoglu, M., D.K. Santra, W.J. Kaiser and F.J. Muehlbauer. 2000. Ascochyta blight resistance inheritance in three chickpea recombinant inbred line populations. *Crop Science*, 40: 1251-1256.
37. Tristan, E., T.E. Coram and E.C. Pang. 2005. Isolation and analysis of candidate ascochyta blight defence genes in chickpea. Part II. Microarray expression analysis of putative defence-related ESTs. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 66: 201-210.
38. Udupa, S.M., F. Weigand, M.C. Saxena and G. Kahl. 1998. Genotyping with RAPD and microsatellite markers resolves pathotype diversity in the ascochyta blight pathogen of chickpea. *Theoretical and Applied Genetics*, 97: 299-307.
39. Varshney, R.K., C. Song, R.K. Saxena, S. Azam, S. Yu, A.G. Sharpe and T. Millan. 2013. Draft genome sequence of chickpea (*Cicer arietinum*) provides a resource for trait improvement. *Nature Biotechnology*, 31(3): 240-246.

Gene Expression Analysis of some Resistance Genes in *Ascochyta* Blight Infected Chickpea (*Cicer arietinum*)

Samira Hasanian¹, Omid Sofalian², Naser Zare³, Alireza Tarinejad⁴ and Mahdi Davari⁵

1- PhD Student of Plant Breeding, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili

2- Associate professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili (Corresponding author: sofalian@gmail.com)

3- Associate professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili

4- Associate Professor, Department of Agricultural Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Azarbaijan Shahid Madani

5- Associate Professor, Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili

Received: April 4, 2021

Accepted: May 23, 2021

Abstract

The fungal disease, ascochyta blight, caused by *Ascochyta rabiei* is a major yield-limiting factor of chickpea (*Cicer arietinum* L.) around the world. A clear understanding of the chickpea defense mechanism against *A. rabiei* is very important for breeding resistant cultivars and better management of this fungal disease. Induced resistance to a pathogen is one of the ways which plants use against biotic stresses. This study was conducted in 2018 as a two-factor factorial experiment (time-genotype) in a completely randomized design with three replications for each of the selected times and the control plant in the laboratory of the Plant Breeding Department of the Faculty of Agriculture, University of Mohaghegh Ardabili. In this study, AFP-ca, Protein with leucine zipper, Snakin2, and PGIP genes were selected and plant responses to pathogen were studied in two susceptible and resistant genotypes. The experimental system was conducted in a greenhouse, for both inoculated and mock-inoculated plants a control plant with three technical replicates. RNA extractions from FLIP00-40C (resistant) and FLIP03-135C (sensitive) genotypes were performed using RNX-plus kit at 0, 6, 12, 24, 48, 72 and 96 hours post inoculation (hpi) and also for mock-inoculated plants. The expression of these genes after inoculation by *Ascochyta rabiei* was measured in susceptible and resistant plants via Real-Time PCR. The results showed an increase in the expression level of all genes studied in this research in resistant cultivar compared with susceptible cultivar. Results showed that the candidate gene from the antimicrobial family (AFP-ca) was upregulated in resistant cultivar at early hours after inoculation (6-24 hpi), and also for PGIP from galacturonase-inhibit protein family, the gene was maximally expressed to early hours of inoculation to 48 hpi. In general, it can be concluded that all genes studied in this research contribute to plant-pathogen interactions and all of them may increase the resistance response to *Ascochyta* blight disease.

Keywords: Antimicrobial Peptides proteins, Biotic stresses, Chickpea bacterial blight, Defense gene, Quantitative PCR, Real Time PCR



"مقاله پژوهشی"

تجزیه مسیر اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و بررسی پایداری عملکرد لاین‌های امیدبخش جو در اقلیم گرم

علی براتی^۱، حسن زالی^۲، ایرج لک‌زاده^۳، شیرعلی کوهکن^۴، جبار جعفریای^۵، مهدی جباری^۶، آرش حسین‌پور^۱، اکبر مرزوقیان^۳، احمد قلی‌پور^۳، امید بودینه^۴ و معصومه خیرگو^۵

- ۱- استادیار پژوهشی، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
 ۲- استادیار و مربی پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران (نویسنده مسوول: Hzali90@yahoo.com)
 ۳- مربی و استادیار پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، اهواز، ایران
 ۴- استادیار و مربی پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی سیستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، زابل، ایران
 ۵- استادیار و مربی پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گنبد، ایران
 ۶- استادیار پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی اردبیل، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مغان، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۰۱/۲۸ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۲/۲۹
صفحه: ۱۷۹ تا ۱۹۲

چکیده

ارزیابی ژنوتیپ‌ها در چندین محیط پیش‌شرط توسعه ژنوتیپ‌های پایدار و برتر برای تولید پایدار جو در شرایط مختلف محیطی است. به منظور بررسی پایداری عملکرد و تعیین سهم صفات مختلف مورفو-فولوژیک در اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در لاین‌های جو، ۱۷ لاین امیدبخش جو همراه با سه شاهد شامل ارقام نیمروز/صحرا و اکسین و لاین WB-94-3 در طی دو سال زارعی ۹۸-۱۳۹۶ در پنج ایستگاه منطقه گرم کشور شامل ایستگاه‌های اهواز، داراب، زابل، گنبد و مغان در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار مورد بررسی قرار گرفتند. تجزیه پایداری با استفاده از روش‌های مختلف ناپارامتری انجام شد و نتایج آماره‌های ناپارامتری با استفاده از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) ادغام شدند. داده‌های مورفو-فولوژیک با استفاده از مدل تجزیه مسیر که از یک اثر اصلی و چهار اثر ضربی تشکیل شده است، مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. زمان گل‌دهی (X_1)، زمان رسیدگی (X_2)، ارتفاع بوته (X_3) و وزن هزار دانه (X_4) به‌عنوان صفات متوالی برای توجیه عملکرد دانه (Y) در نظر گرفته شدند. نتایج تجزیه واریانس عملکرد دانه با استفاده از روش‌های پارامتری و ناپارامتری نشان داد که اثر ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار است. براساس بیشتر روش‌های ناپارامتری (شاخص SIIG) ژنوتیپ‌های شماره‌ی G10، G18، G19، G16 و G15 جزء ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد دانه بالاتر از متوسط کل بودند. همبستگی مثبت شاخص SIIG با اجزاء ژنوتیپی تعداد روز تا گل‌دهی (V_1) و وزن هزار دانه (V_4) نشان داد که وزن هزار دانه و تعداد روز تا گل‌دهی نقش اصلی را در اثر متقابل ژنوتیپ × محیط جو در مناطق گرم دارند.

واژه‌های کلیدی: تجزیه پایداری، روش‌های ناپارامتری، شاخص SIIG

مقدمه

روش‌های ناپارامتری متعددی به‌منظور تعیین پایداری ارقام پیشنهاد شده است که در اکثر آن‌ها ارقام در محیط‌های مختلف رتبه‌بندی شده و ژنوتیپی پایدار محسوب می‌شود که در کلیه محیط‌ها رتبه مشابهی داشته باشد (۱۲). معیارهای ناپارامتری دارای مزایایی در مقایسه با روش‌های پارامتری هستند.

آماره‌های میانگین تفاوت قدرمطلق ($S_i^{(1)}$) و واریانس یا انحراف استاندارد ($S_i^{(2)}$) جزء آماره‌های ناپارامتری هستند که توسط ناسر و هیون (۲۹) برای برآورد اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط و پایداری فنوتیپی (پایداری ژنوتیپ‌ها در همه‌ی محیط‌ها) به‌کار برده شده است. تنازات (۳۷) چهار روش ناپارامتری $NP_i^{(1)}$ ، $NP_i^{(2)}$ ، $NP_i^{(3)}$ و $NP_i^{(4)}$ را بر مبنای رتبه‌های تصحیح شده پیشنهاد کرد. کاربرد این آماره‌ها در گزینش ارقام مناسب برای گیاهان جو (۱۹، ۳۹)، گل‌رنگ (۲۳)، گندم دوروم (۲۴)، گندم نان (۴۳) و لوبیا (۳۶) نیز گزارش شده است.

جو (*Hordeum vulgare* L.) یکی از مهم‌ترین گیاهان خانواده غلات است و از نظر اهمیت اقتصادی پس از گندم، برنج و ذرت در مقام چهارم جهان قرار گرفته است (۱۴). براساس آمار منتشره در سال ۲۰۱۹، میزان تولید جو در جهان حدود ۱۵۸/۹ میلیون تن و در ایران ۳/۶ میلیون تن گزارش شده است (۹). در مجموع جو با درجه سازگاری وسیع‌تر ولی با ارزش اقتصادی کم‌تر، در مناطقی از نواحی خشک که بارندگی برای تولید گندم کافی نیست، جایگزین گندم می‌شود (۴۲). یکی از مواردی که عملکرد جو را تحت‌تأثیر قرار می‌دهد واکنش متفاوت ژنوتیپ‌های جو در محیط‌های مختلف است که این موضوع به اثر متقابل ژنوتیپ × محیط نسبت داده می‌شود.

به‌همین دلیل اثر متقابل ژنوتیپ × محیط یکی از مسائل مهم در اصلاح نباتات می‌باشد که در توسعه و گسترش ارقام و لاین‌های اصلاح شده دارای اهمیت فراوان است (۱۲، ۸).

ژنوتیپ، محیط و یا اثر متقابل آن‌ها قرار دارد و روش تای (۳۴) بر همین اساس از تجزیه ضرایب مسیر برای تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و تعیین سهم اجزاء ژنوتیپی و اجزاء محیطی در شکل‌گیری آن استفاده نمود. لذا عوامل محیطی آثار متفاوتی را بر اجزاء عملکرد دارند که این عوامل، اجزاء محیطی موثر بر اجزاء عملکرد نامیده می‌شوند. تنش‌های محیطی که در طول رشد متوالی اجزای عملکرد ایجاد می‌شوند، ترکیبات اصلی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط را برای عملکرد تشکیل می‌دهند (۲۶). چندین محقق (۳۸،۳۵،۳۴،۲۲،۷) مفهوم روند رشد متوالی اجزای عملکرد را ارائه دادند. دو فرض مهم برای این مدل وجود دارد: اولاً توالی زمانی رشد اجزای عملکرد از X_1 به X_2 سپس به X_3 و در نهایت به X_4 است و عملکرد (Y) محصول ضرب نهایی فرآیند توسعه متوالی این اجزاء است (یعنی $Y = X_1 \times X_2 \times X_3 \times X_4$). ثانیاً پاسخ محیطی را می‌توان به گروه‌های مستقلی مانند R_1, R_2, R_3 و R_4 تقسیم کرد. روش تجزیه و تحلیل مسیر برای بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در سب‌زمینی تحت تنش آبی (۲۲) و شرایط تنش گرمایی (۳۵) و در گندم تحت سطح مختلف ازت (۷) و در گندم دوروم تحت شرایط دیم (۲۶) استفاده شده است.

فرشادفر (۱۰) از روش تجزیه مسیر برای تعیین سهم اجزای عملکرد در لاین‌های جایگزین شده کروموزومی گندم استفاده کرد و نتیجه گرفت که سهم نسبی تعداد دانه در سنبله در اثر متقابل ژنوتیپ × محیط بیشتر از سهم نسبی تعداد سنبله در بوته و وزن دانه می‌باشد. همچنین مشاهده کرد که حساسیت تعداد دانه در سنبله به تغییرات محیطی کمتر از دو جزء دیگر یعنی تعداد سنبله در بوته و وزن دانه می‌باشد و بنابراین نقش بیشتری در پایداری فنوتیپی گندم در شرایط بررسی داشته است.

هدف از این تحقیق، تعیین سهم تعدادی از صفات مختلف مورفو-فنولوژیک در اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در لاین‌های امیدبخش جو و شناسایی و معرفی لاین‌های دارای عملکرد اقتصادی و پایدار جهت معرفی و کشت در مناطق مختلف اقلیم‌های گرم و خشک جنوب و اقلیم گرم و مرطوب شمال کشور بود.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق به منظور تجزیه پایداری عملکرد و تعدادی از صفات مورفو-فنولوژیک و تعیین سهم نسبی آن‌ها در اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در اقلیم‌های گرم جنوب و شمال کشور، تعداد ۱۷ لاین امیدبخش (جدول ۱) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی همراه با سه شاهد صحرا/نیمروز، اکسین و WB-94-3 در مراکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس (ایستگاه داراب)، خوزستان (اهواز)، سیستان (زابل)، اردبیل (ایستگاه مغان) و گلستان (ایستگاه گنبد) طی سال‌های زراعی ۹۸-۱۳۹۶ مورد ارزیابی قرار گرفتند. با توجه به این که رقم شاهد اول (صحرا/نیمروز) در همه محیط‌ها مشترک نبود و فقط برای مقایسه لاین‌های جدید با رقم رایج منطقه استفاده شده بود، در نتیجه حذف و تجزیه‌ها با استفاده از نوزده ژنوتیپ باقی‌مانده انجام شد.

پایداری از دو دیدگاه استاتیک و دینامیک (۳۲) مورد بررسی قرار می‌گیرد. پایداری استاتیک یا بیولوژیک به عدم پاسخ ژنوتیپ به هر محیطی اشاره دارد و معمولاً مربوط به ژنوتیپ‌های با عملکرد پایین است در حالی که پایداری دینامیک یا آگرونومیکی به این واقعیت بر می‌گردد که ژنوتیپ به‌طور قابل پیش‌بینی به شرایط رشدی مناسب پاسخ خواهد داد و مفهوم آگرونومیک با پتانسیل خوب تکمیل می‌گردد (۲۳،۲۵). مقدم و پورداد (۲۳) چندین معیار پارامتری و ناپارامتری را در ژنوتیپ‌های گلرنگ مورد مطالعه قرار دادند. نتایج نشان داد بیش‌تر روش‌های ناپارامتری هیون (۱۷) و تنارازو (۳۷) از مفهوم پایداری ایستا بهره می‌برند. محمدی و امری (۲۵) در تحقیقی که به منظور مقایسه روش‌های مختلف تجزیه پایداری انجام دادند بیان نمودند که آماره‌های هیون $(S_1^{(1)})$ و $(S_1^{(2)})$ و آماره $NP_1^{(1)}$ تنارازو هیچ‌کدام با عملکرد همبستگی معنی‌داری نداشتند. در کل این پارامترها ژنوتیپ‌هایی با سازگاری به محیط‌هایی با شرایط نامناسب رشد را معرفی می‌کنند. از طرفی آماره‌های $S_1^{(3)}$ ، $S_1^{(6)}$ و $NP_1^{(1)}$ و $NP_1^{(3)}$ دارای مفهوم پایداری دینامیکی بودند. بنابراین ژنوتیپ‌های معرفی شده توسط این پارامترها مناسب شرایط رشد مطلوب می‌باشند.

برای انتخاب ارقام پرمحصول با عملکرد پایدار استفاده از یک روش به‌تهدایی ممکن است منجر به نتایج مطلوبی نگردد، ولی با ارزیابی ژنوتیپ‌ها با استفاده از روش‌های مختلف تجزیه پایداری، احتمال پیدا کردن ژنوتیپ‌های پایدار افزایش می‌یابد. شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) با ادغام روش‌های مختلف تجزیه پایداری، دقت ارزیابی ژنوتیپ‌ها را افزایش می‌دهد (۴۱،۴۰). روش SIIG، برای اولین بار توسط زالی و همکاران (۴۰) برای ادغام روش‌های مختلف تجزیه پایداری معرفی شد. از روش SIIG می‌توان برای رتبه‌بندی و مقایسه بهتر ژنوتیپ‌های مختلف و انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها و تعیین فواصل بین ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی آن‌ها استفاده نمود. از ویژگی‌های روش SIIG این است که برای محاسبه آن از همه روش‌های تجزیه پایداری به‌طور هم‌زمان (۴۰) یا شاخص‌های مختلف تحمل به خشکی به‌طور هم‌زمان (۴۱) و یا صفات مختلف (۴۲) استفاده نمود و کارایی انتخاب را افزایش داد. از آنجایی که ممکن است هر ژنوتیپی از نظر یک شاخص یا صفتی ژنوتیپ برتر باشد و در نهایت با افزایش تعداد صفات یا شاخص‌ها، ممکن است انتخاب ژنوتیپ مناسب برای محقق دشوار شود، ولی به کمک روش SIIG تمام شاخص‌ها و صفات به صورت یک شاخص درآمده، رتبه‌بندی و تعیین ژنوتیپ‌های برتر بسیار راحت‌تر می‌شود. از جمله مزیت‌های این روش آن است که معیارها یا شاخص‌های به کار رفته برای مقایسه می‌توانند دارای واحدهای سنجش متفاوتی بوده و طبیعت منفی و مثبت داشته باشند (۴۰).

گرافیسوس و توماس (۱۵) روشی را برای مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط ارائه دادند. آنها بیان داشتند که ظهور یک صفت اقتصادی مانند عملکرد در یک گیاه زراعی نتیجه یک‌سری فعالیت‌های فیزیولوژیکی در طول دوره رشد آن است و هر صفتی از اجزاء متفاوت تشکیل یافته که تحت تأثیر

$$\chi^2_{(E)} = \frac{12}{m(N+1)} \sum_{j=1}^m (\bar{R}_{.j} - \bar{R}_{...})^2 \quad (\text{رابطه ۷})$$

در این روش ارزش X_{ijk} ابتدا به ارزش X_{ijk}^* به صورت رابطه ۸ تبدیل می‌شود:

$$(X_{ijk}^* = X_{ijk} - \bar{X}_{i..} - \bar{X}_{.j.} + 2\bar{X}_{...}) \quad (\text{رابطه ۸})$$

با استفاده از این ارزش رتبه‌بندی انجام و آزمون معنی‌داری اثر متقابل به صورت رابطه ۹ محاسبه می‌شود:

$$\chi^2_{(GE)} = \frac{12}{lm(N+1)} \sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^m (\bar{R}_{ij.} - \bar{R}_{i..} - \bar{R}_{.j.} + \bar{R}_{...})^2 \quad (\text{رابطه ۹})$$

روش دی کرونی/وان دیرلان

در روش دی کرونی/وان دیرلان (۵) ارزش‌های عملکرد (X_{ijk}) برای هر محیط به‌طور جداگانه رتبه‌بندی می‌شود و آزمون معنی‌داری اثر اصلی ژنوتیپ از طریق رابطه ۱۰ محاسبه می‌شود:

$$\chi^2_{(G)} = \frac{12}{lmn^2(ln+1)} \sum_{i=1}^l R_{i..}^2 - 3m(ln+1) \quad (\text{رابطه ۱۰})$$

برای آزمون معنی‌داری اثر اصلی محیط ارزش‌های عملکرد (X_{ijk}) برای هر ژنوتیپ به‌طور جداگانه رتبه‌بندی می‌شود و آزمون معنی‌داری اثر اصلی به‌شکل رابطه ۱۱ محاسبه می‌شود:

$$\chi^2_{(E)} = \frac{12}{lmn^2(mn+1)} \sum_{j=1}^m R_{.j.}^2 - 3l(mn+1) \quad (\text{رابطه ۱۱})$$

برای آزمون اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، همانند آزمون اثر اصلی ژنوتیپ، ارزش‌های عملکرد (X_{ijk}) برای هر محیط به‌طور جداگانه رتبه‌بندی می‌شود. سپس این آزمون با فرض عدم تغییر رتبه ژنوتیپ‌ها در سراسر محیط (اثر متقابل متقاطع) محاسبه می‌شود (رابطه ۱۲):

$$\chi^2_{GE} = \frac{12}{ln^2(ln+1)} \left(\sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^m R_{ij.}^2 - \frac{l}{m} \sum_{i=1}^l R_{i..}^2 \right) \quad (\text{رابطه ۱۲})$$

آماره‌های ناپارامتری ناسار و هیون

چهار آماره‌ی ناپارامتری $S_i^{(1)}$ ، $S_i^{(2)}$ ، $S_i^{(3)}$ و $S_i^{(6)}$ به ترتیب به صورت روابط ۱۳، ۱۴، ۱۵ و ۱۶ محاسبه می‌شوند:

$$S_i^{(1)} = 2 \sum_{j=1}^{m-1} \sum_{(j'=j+1)}^m |r_{ij'}^* - r_{ij}^*| / [m(m-1)]$$

$$S_i^{(2)} = \sum_{j=1}^{m-1} (r_{ij}^* - \bar{r}_{i.})^2 / (m-1)$$

$$S_i^{(3)} = \frac{\sum_{j=1}^m |r_{ij} - \bar{r}_{i.}|}{\bar{r}_{i.}}$$

$$S_i^{(6)} = \frac{\sum_{j=1}^{m-1} (r_{ij} - \bar{r}_{i.})^2}{\bar{r}_{i.}}$$

آزمون معنی‌دار بودن بر پایه توزیع نرمال برای این $S_i^{(1)}$ و $S_i^{(2)}$ به صورت رابطه ۱۷ تعیین می‌شود:

$$Z_i^{(c)} = \frac{[S_i^{(c)} - E(S_i^{(c)})]}{\sqrt{V(S_i^{(c)})}} \quad (\text{رابطه ۱۷})$$

ژنوتیپ‌های مورد بررسی در اواخر آذر ماه در شش خط به طول شش متر به فاصله ۱۵ سانتی‌متر از یک‌دیگر و ۲ سانتی‌متر فاصله بوته‌ها روی ردیف کشت و به صورت نشتی آبیاری شدند. میزان بذر مصرفی بر مبنای ۳۰۰ دانه در متر مربع و با در نظر گرفتن وزن هزار دانه برای هر ژنوتیپ تعیین گردید. در طول فصل زراعی، کلیه عملیات‌های زراعی مرسوم انجام شد. در طول دوره رشد، یادداشت‌برداری‌های زراعی لازم شامل تعداد روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی، تعداد روز تا ۵۰ درصد رسیدگی، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته صورت گرفت و در زمان برداشت عملکرد دانه در واحد سطح با برداشت کامل هر کرت محاسبه شد.

در این تحقیق به منظور تجزیه پایداری عملکرد ژنوتیپ‌ها، از روش‌های ناپارامتری $S_i^{(1)}$ ، $S_i^{(2)}$ ، $S_i^{(3)}$ و $S_i^{(4)}$ معرفی شده توسط ناسار و هیون (۲۹) و هیون (۱۷) و چهار روش ناپارامتری $NP_i^{(1)}$ ، $NP_i^{(2)}$ ، $NP_i^{(3)}$ و $NP_i^{(4)}$ معرفی شده توسط تنارزو (۳۷) استفاده شد. به منظور آزمون اثر اصلی به روش ناپارامتری از سه روش بریدینکامپ (۴)، هیلدیراند (۱۶) و دی کرونی/وان دیرلان (۵) استفاده شد.

روش بریدینکامپ

در روش بریدینکامپ (۴) ارزش عملکرد دانه (X_{ijk}) برای کلیه ژنوتیپ‌ها ($i = 1, 2, \dots, l$)، محیط‌ها ($j = 1, 2, \dots, m$) و تکرارها ($k = 1, 2, \dots, n$) رتبه‌بندی انجام می‌شود. با استفاده از ارزش رتبه‌بندی شده (R_{ijk}) این اثرها به صورت روابط ۱، ۲ و ۳ محاسبه می‌شوند.

$$\chi^2_{(G)} = \frac{12l}{N^2(N+1)} \sum_{i=1}^l R_{i..}^2 - 3(N+1)$$

$$\chi^2_{(E)} = \frac{12m}{N^2(N+1)} \sum_{j=1}^m R_{.j.}^2 - 3(N+1)$$

$$\chi^2_{GE} = \frac{12lm}{N^2(N+1)} \sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^m \left(R_{ij.}^2 - \frac{1}{m} R_{i..}^2 - \frac{1}{l} R_{.j.}^2 \right) + 3(N+1)$$

روش هیلدیراند

در روش هیلدیراند (۱۶) برای آزمون اثر ژنوتیپ ارزش X_{ijk} ابتدا به ارزش X_{ijk}^* به صورت رابطه ۴ تبدیل می‌شود:

$$(X_{ijk}^* = X_{ijk} - \bar{X}_{ij.} + \bar{X}_{i..}) \quad (\text{رابطه ۴})$$

سپس با استفاده از این ارزش رتبه‌بندی انجام می‌شود و آزمون معنی‌داری اثر اصلی ژنوتیپ به صورت رابطه ۵ محاسبه می‌شود:

$$\chi^2_{(G)} = \frac{12}{l(N+1)} \sum_{i=1}^l (\bar{R}_{i..} - \bar{R}_{...})^2 \quad (\text{رابطه ۵})$$

برای آزمون اثر محیط ارزش X_{ijk} ابتدا به ارزش X_{ijk}^* به رابطه ۶ تبدیل می‌شود:

$$(X_{ijk}^* = X_{ijk} - \bar{X}_{.j.} + \bar{X}_{...}) \quad (\text{رابطه ۶})$$

سپس با استفاده از این ارزش رتبه‌بندی انجام و آزمون معنی‌داری اثر اصلی محیط به صورت رابطه ۷ محاسبه می‌شود:

بنابراین بعد از نرمال نمودن داده‌های اولیه (ماتریس D)، ماتریس R به صورت رابطه ۲۷ تعریف می‌شود:

$$R = \begin{bmatrix} \Gamma_{11} & \Gamma_{12} & \dots & \Gamma_{1m} \\ \Gamma_{21} & \Gamma_{22} & \dots & \Gamma_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \Gamma_{n1} & \Gamma_{n2} & \dots & \Gamma_{nm} \end{bmatrix} \quad \text{رابطه (۲۷)}$$

پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ غیرایده‌آل (ضعیف) برای هر صفت (شاخص): در این مرحله با توجه به نوع صفت و نظر محقق برای هر صفت به طور جداگانه، بهترین ژنوتیپ (ایده‌آل) و ضعیف‌ترین (غیرایده‌آل) انتخاب می‌شود. به عنوان مثال در مورد عملکرد، حداکثر مقدار عملکرد یک ژنوتیپ مقدار ایده‌آل و پایین‌ترین مقدار عملکرد به عنوان ژنوتیپ غیرایده‌آل (ضعیف) در نظر گرفته می‌شود. هم‌چنین در مورد تعداد روز تا رسیدگی (DMA; Days to maturity)، چنانچه زودرسی ژنوتیپ‌ها مهم باشد، مقدار ایده‌آل برابر کم‌ترین مقدار DMA و مقدار ضعیف برابر با حداکثر مقدار DMA برای ژنوتیپ‌ها می‌باشد.

محاسبه فاصله از ژنوتیپ‌های ایده‌آل (d_i^+) و ژنوتیپ‌های ضعیف (d_i^-): در این مرحله برای هر ژنوتیپ، فاصله ژنوتیپ‌های ایده‌آل (d_i^+) و ژنوتیپ‌های ضعیف (d_i^-) به ترتیب با استفاده از روابط ۲۸ و ۲۹ محاسبه می‌شود.

$$d_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^+)^2} \quad i = 1, \dots, n \quad \text{رابطه (۲۸)}$$

$$d_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^-)^2} \quad i = 1, \dots, n \quad \text{رابطه (۲۹)}$$

در روابط فوق Γ_{ij} مقدار نرمال شده ژنوتیپ نام ($i = 1, 2, \dots, n$) در رابطه با شاخص (صفت) نام ($j = 1, 2, \dots, m$) می‌باشد. Γ_j^+ و Γ_j^- به ترتیب مقدار نرمال شده ژنوتیپ‌های ایده‌آل و ژنوتیپ‌های ضعیف برای هر شاخص (صفت) نام ($j = 1, 2, \dots, m$) است.

محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG): در آخرین مرحله برای محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل برای هر ژنوتیپ از رابطه ۳۰ استفاده می‌شود:

$$SIIG_i = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \quad i = 1, 2, \dots, n \quad \text{رابطه (۳۰)}$$

مقدار $SIIG_i$ بین صفر تا یک تغییر می‌کند و هرچه گزینه موردنظر به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر باشد مقدار $SIIG$ آن به یک نزدیک‌تر خواهد بود. بر اساس این روش بهترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ، به ترتیب نزدیک‌ترین و دورترین ژنوتیپ به ژنوتیپ‌های ایده‌آل است (۴۰، ۴۱).

در این تحقیق با استفاده از مدل تای (۳۴) و تجزیه پایداری بر مبنای تجزیه ضرایب مسیر، سهم هر یک از صفات در اثر متقابل ژنوتیپ × محیط تعیین شد. در این مدل فرض بر آن است که ترتیب رشد صفات از X_1 (تعداد روز تا گل‌دهی) به X_2 (تعداد روز تا رسیدگی) سپس X_3 (ارتفاع بوته) و در نهایت به X_4 (وزن هزاردانه) می‌باشد همچنین

$E(S_i^{(c)})$ و $V(S_i^{(c)})$ از روابط ۱۸، ۱۹ و ۲۰ محاسبه می‌شوند.
(روابط ۱۸، ۱۹ و ۲۰)

$$E(S_i^{(1)}) = \frac{k^2 - 1}{3k} \quad E(S_i^{(2)}) = \frac{k^2 - 1}{12}$$

$$Var(S_i^{(1)}) = \left[\frac{(k^2 - 1)[(k^2 - 4)(N + 3) + 30]}{45k^2 N(N - 1)} \right]$$

$$Var(S_i^{(2)}) = \frac{(k^2 - 1)[2(k^2 - 4)(N - 1) + 5(k^2 - 1)]}{360N(N - 1)}$$

آماره‌های ناپارامتری تنازوز

آماره‌های ناپارامتری تنازوز (۳۷) براساس روابط ۲۱، ۲۲، ۲۳ و ۲۴ محاسبه می‌شوند:
(روابط ۲۱، ۲۲، ۲۳ و ۲۴)

$$NP_i^{(1)} = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m |r_{ij}^* - M_{di}^*|$$

$$NP_i^{(2)} = \frac{1}{m} \left(\sum_{j=1}^m |r_{ij}^* - M_{di}^*| / M_{di} \right)$$

$$NP_i^{(3)} = \frac{\sqrt{\sum (r_{ij}^* - \bar{r}_i)^2} / m}{\bar{r}_i}$$

$$NP_i^{(4)} = \frac{2}{m(m-1)} \left(\sum_{j=1}^{m-1} \sum_{j+1}^m |r_{ij}^* - r_{ij}^*| / \bar{r}_i \right)$$

در اینجا M_{di} و \bar{r}_i به ترتیب میانه و میانگین رتبه ژنوتیپ‌های i ام در محیط نام است که از عملکرد تصحیح نشده بدست می‌آیند و M_{di}^* و \bar{r}_i^* نیز میانه و میانگین رتبه‌های ژنوتیپ نام است که از عملکرد تصحیح شده بدست می‌آیند.

برای ادغام روش‌های ناپارامتری و افزایش کارایی انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار از روش SIIG (۴۰) استفاده شد که نحوه محاسبه این شاخص به شرح ذیل می‌باشد:
تشکیل ماتریس داده‌ها: با توجه به تعداد ژنوتیپ‌ها و صفات مختلف مورد بررسی، ماتریس داده‌ها به صورت رابطه ۲۵ تشکیل می‌شود (ماتریس D).
رابطه (۲۵)

$$D = \begin{bmatrix} X_{11} & X_{12} & \dots & X_{1m} \\ X_{21} & X_{22} & \dots & X_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ X_{n1} & X_{n2} & \dots & X_{nm} \end{bmatrix}$$

در این ماتریس x_{ij} مقدار ژنوتیپ نام ($i = 1, 2, \dots, n$) در رابطه با صفت نام ($j = 1, 2, \dots, m$) می‌باشد. به عبارت دیگر ردیف‌ها را ژنوتیپ‌ها و ستون‌ها را صفات تشکیل می‌دهند.
تبدیل ماتریس داده‌های اولیه (ماتریس D) به یک ماتریس نرمال (ماتریس R): از رابطه ۲۶ برای نرمال کردن داده‌ها (بدون واحد کردن داده‌ها) استفاده می‌شود:
رابطه (۲۶)

$$r_{ij} = \frac{x_{ij}}{\sqrt{\sum_{i=1}^n x_{ij}^2}}$$

ثابت می‌باشد و هرچه قدر مطلق r برای صفتی بیشتر باشد، یعنی آن صفت بیشتر تحت تأثیر محیط قرار می‌گیرد و ناپایدار است. در واقع از این روش برای تعیین این که کدام ژنوتیپ در کدام مرحله رشد بیشترین حساسیت را به عوامل محیطی دارد، استفاده می‌شود.

به منظور بررسی آثار متقابل با استفاده از تجزیه مسیر، ضرایب همبستگی بین عملکرد و صفات مورد مطالعه (اجزاء) برای ژنوتیپ‌های مختلف به طور جداگانه تعیین و آثار مستقیم صفات بر عملکرد، آثار منابع محیطی بر عملکرد و اجزای آن برای هر ژنوتیپ محاسبه شد. در نهایت اجزای ژنوتیپی پایدار برای اجزای عملکرد هر ژنوتیپ و اجزای محیطی تأثیرگذار بر آنها در طی مراحل رشد تعیین شدند (۳۴).

در این مطالعه جهت تجزیه داده‌ها با استفاده از تجزیه مسیر از نرم‌افزارهای Excel و Matrix Calculator pro استفاده شد. برای محاسبه آماره‌های ناپارامتری از نرم‌افزار STABILITYSOFT (۳۰) و برای انجام تجزیه واریانس از نرم‌افزار SAS، برای محاسبه SIIG از نرم‌افزار Excel و برای رسم نمودار از نرم‌افزار Statistica استفاده شد.

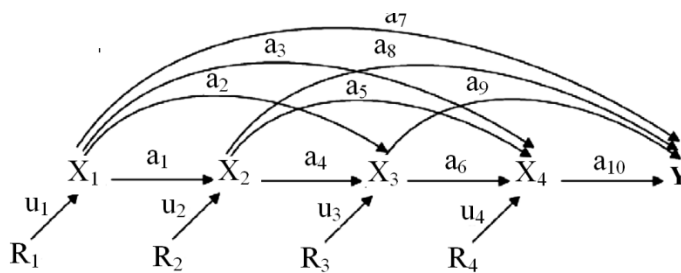
فرض بر آن است که منابع محیطی را می‌توان به چهار گروه مستقل R_1, R_2, R_3 و R_4 تجزیه کرد. روابط مسیر بین عملکرد دانه و چهار صفت در شکل ۱ نشان داده شده است. u_1, u_2, u_3 و u_4 ضرایب مسیر به ترتیب از R_1 به R_2, R_3, X_2, X_3 به R_4 و X_4 هستند و $a_1, a_2, a_3, a_4, a_5, a_6, a_7, a_8, a_9, a_{10}$ به ترتیب ضرایب مسیر بین X_1, X_2, X_3, X_4 و Y (عملکرد دانه) هستند.

در روش تای عملکرد ژنوتیپ i در محیط j به صورت رابطه ۳۱ نشان داده می‌شود:

$$Y_{ij} = \mu w_i + V_{1j}I_{1j} + V_{2j}I_{2j} + V_{3j}I_{3j} + V_{4j}I_{4j} + e_{ij} \quad (31)$$

در رابطه ۳۱ عملکرد یک ژنوتیپ در یک محیط (Y_{ij}) حاصل اثر میانگین ژنوتیپ در محیط‌های مختلف (μw_i) ، چهار اثر ضرب پذیر آثار متقابل ژنوتیپ \times محیط که به وسیله چهار جزء ژنوتیپی V_{1j}, V_{2j}, V_{3j} و V_{4j} نشان داده می‌شود. I_{1j}, I_{2j}, I_{3j} و I_{4j} چهار جزء محیطی و e_{ij} خطا می‌باشد.

چهار جزء ژنوتیپی نشان دهنده کارایی ژنوتیپ برای استفاده از اجزاء محیطی در طول دوره رشد برای تشکیل عملکرد می‌باشند و هر یک از اجزای محیطی، بیانگر اهمیت نسبی آن عامل محیطی بر جزء عملکرد مربوط است که در هر محیط



شکل ۱- نمودار مسیر نشان دهنده رابطه رشدی صفات X_1 (تعداد روز تا گل دهی)، X_2 (تعداد روز تا رسیدگی)، X_3 (ارتفاع بوته)، X_4 (وزن هزار دانه) و Y (عملکرد دانه)

Figure 1. Causality diagram showing the growth relationship of X_1 (days to flowering), X_2 (days to maturity), X_3 (plant height), X_4 (1000-kernal weight) and Y (grain yield) traits

جدول ۱- شجره ارقام ولاین‌های امیدبخش جو مورد بررسی در سال‌های زراعی ۹۸-۱۳۹۶

شماره ژنوتیپ‌ها	کد ژنوتیپ‌ها	شجره	منشاء
G1	Nimrooze/Sahra	Trompillo L.B.LRAN/Una-QL-//Glorias"s"Com	بین المللی
G2	Auxin	Rojo/Sahra	کراس داخلی
G3	WB-96-3	Yousef/3/Rhn-03//L.527/NK1272	کراس داخلی
G4	WB-96-4	Lignee 527/Chn-01//Gustoe/4/Rhn-08/3/Deir Alla 106//DI71/Strain 205/5/Teran78	کراس داخلی
G5	WB-96-5	Lignee 527/Chn-01//Gustoe/4/Rhn-08/3/Deir Alla 106//DI71/Strain 205/5/Teran78	کراس داخلی
G6	WB-96-6	Rhn-03//L.527/NK1272/4/Arar/3/Cr.115/pot//Giza 121	کراس داخلی
G7	WB-96-7	Ashar/Victoria//CWB117-5-9-6/5/Yousef/6/Nosrat/3/D-10(Rhn-03//L.527/NK1272)	کراس داخلی
G8	WB-96-8	Novosadski-444/3/Lignee 527/NK1272//JLB 70-63	کراس داخلی
G9	WB-96-9	Lignee527/Aths//Lignee527/NK1272	بین المللی
G10	WB-96-10	BLLU/KASOTA	بین المللی
G11	WB-96-11	MELUSINE/ALELI/3/MATICO/JET//SHYRI/4/...ARUPO/K8755/MORA/3/CANELA/5/Arbaya	کراس داخلی
G12	WB-96-12	PINON/TOCTE//CHAMICO/3/Lignee 527/NK1272//JLB 70-63	کراس داخلی
G13	WB-96-13	Gob96Dh/3/ND10277/Shyri/ND11231/Shyri/4/Azaf/5/Sahra	کراس داخلی
G14	WB-96-14	Zabol-11	کراس داخلی
G15	WB-96-15	Fajr30/3/Rhn-03//L.527/NK1272	کراس داخلی
G16	WB-96-16	Sahra/Torsh	کراس داخلی
G17	WB-96-17	Nosrat/3/D-10(Rhn-03//L.527/NK1272)/4/Lignee 527/NK1272//JLB 70-63	کراس داخلی
G18	WB-96-18	Nosrat/3/D-10(Rhn-03//L.527/NK1272)/4/Lignee 527/NK1272//JLB 70-63	کراس داخلی
G19	WB-96-19	354/14-TF	بین المللی
G20	WB-94-3	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA 1/6/Lignee 527/NK1272//JLB 70-63	کراس داخلی

نتایج و بحث

به منظور بررسی اثرات ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط از روش‌های مختلف ناپارامتری (جدول ۳) و روش تجزیه واریانس مرکب (جدول ۲) استفاده شد. نتایج تجزیه واریانس عملکرد دانه نشان داد که اثرات ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار است. اثر متقابل ژنوتیپ × محیط ۲۴/۲ درصد از مجموع مربعات کل را به خود اختصاص داد، در حالی که این مقدار برای ژنوتیپ و محیط به ترتیب برابر با ۵/۰ و ۷۰/۷ درصد بود (جدول ۲). کم بودن اثر ژنوتیپ در توجیه تنوع موجود احتمالاً به این دلیل می‌باشد که در سال‌های گذشته در برنامه‌های اصلاحی ژنوتیپ‌های برتر از لحاظ عملکرد انتخاب شده و تنوع کاهش پیدا کرده است و این ژنوتیپ‌های برتر در آزمایشات چند محیطی نسبت به محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط نقش کم‌تری در توجیه تنوع موجود داشته‌اند (۸).

نتایج بررسی اثرات ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با استفاده از روش‌های مختلف ناپارامتری نشان داد که اثر ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در هر سه روش دی‌کرون و وان‌دیرلان (۵)، هیلدبراند (۱۶) و بریدینکاپ (۴) در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار است (جدول ۳). این مطلب نشانگر وجود اثر متقابل ژنوتیپ × محیط غیرمقاطع براساس آزمون‌های هیلدبراند (۱۶) و بریدینکاپ (۴) و وجود اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به صورت مقاطع (غیرافزایشی) براساس آزمون دی‌کرون و وان‌دیرلان (۵) است. اکبر پور و همکاران (۲) در جو و فرشادفر و همکاران در نخود (۱۲) از آزمون‌های ناپارامتری برای تعیین ضرب‌پذیر بودن یا افزایشی بودن اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط استفاده کردند.

در تحقیق نجفی میرک و همکاران (۲۸) اثر ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با روش‌های ناپارامتری بریدینکاپ (به جزء اثر ژنوتیپ) و هیلدبراند برای عدم وجود اثر متقابل غیرمقاطع (بدون تغییر در رتبه) و آزمون دی‌کرون و وان‌دیرلان (به جزء اثر متقابل ژنوتیپ × محیط) برای عدم وجود اثر متقابل مقاطع (تغییر در رتبه) در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار بود. جمشیدی مقدم و پورداد (۱۸) اثر معنی‌داری را برای ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با دو روش دی‌کرون و وان‌دیرلان (۵) و هیلدبراند (۱۶) گزارش کردند اما در تحقیق آن‌ها اثر ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در گلرنگ در روش هیلدبراند (۱۶) معنی‌دار نبود. عبدی پور و همکاران (۱) اثر معنی‌داری را برای اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با هر سه روش در جو گزارش کردند. اکبرپور و همکاران (۲) با استفاده از داده‌های چند-مکانی جو، معنی‌داری اثرات اصلی ژنوتیپ و محیط را با استفاده از آزمون‌های ناپارامتری دی‌کرون و وان‌دیرلان (۵)، هیلدبراند (۱۶) و بریدینکاپ (۴) آزمون نمودند. نتایج نشان داد که برای اثر ژنوتیپ فقط آزمون هیلدبراند (افزایشی و غیرضربی) معنی‌دار شد و سایر آزمون‌ها معنی‌داری اثر ژنوتیپ را نشان ندادند. آماره‌های ناپارامتری پایداری مورد مطالعه برای گزینش ژنوتیپ‌های پایدار جو براساس معیارهای

پیشنهادی هیون (۱۷) و تنارازو (۳۷) به ترتیب در جدول ۴ ارائه شده است. در همه‌ی روش‌های تجزیه پایداری ناپارامتری استفاده شده در این تحقیق، ژنوتیپی از نظر تولید عملکرد دانه پایدار محسوب می‌شود که کم‌ترین مقدار این آماره‌ها را داشته باشد.

با توجه به میانگین و واریانس آماره‌های ناسار و هیون (۲۹) در جدول ۴ می‌توان گفت که ژنوتیپ‌های با مقادیر $S_i^{(1)}$ کمتر از میانگین $S_i^{(1)}$ یا $E(S_i^{(1)}) = ۶/۳۳$ در گروه ژنوتیپ‌های پایدار قرار می‌گیرند و مقادیر بیشتر از میانگین در گروه ارقام ناپایدار قرار می‌گیرند، در مورد $S_i^{(2)}$ نیز ژنوتیپ‌های با مقادیر $S_i^{(2)}$ کمتر از $E(S_i^{(2)}) = ۳۰$ در گروه ژنوتیپ‌های پایدار و بیشتر از این مقدار در گروه ارقام ناپایدار قرار می‌گیرند. با توجه به مقادیر واریانس و میانگین این دو آماره و محاسبه ضریب تغییرات آنها می‌توان گفت که دقت آماره $S_i^{(1)}$ در انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار بیشتر است. زیرا براساس روابط ۱۷، ۱۸، ۱۹ و ۲۰ امید ریاضی $S_i^{(1)}$ بزرگتر از امید ریاضی $S_i^{(2)}$ و واریانس $S_i^{(1)}$ کوچکتر از واریانس $S_i^{(2)}$ می‌باشد، لذا $S_i^{(2)}$ حساس‌تر و دقیق‌تر می‌باشد. براساس معیار $S_i^{(1)}$ ژنوتیپ‌های شماره‌ی G20، G14، G5، G16، G4، G10، G18 و G13 جزء پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند.

ناسار و هیون (۲۹) برای آزمون پایداری بین ژنوتیپ‌ها، مقادیر $Z_i^{(1)}$ و $Z_i^{(2)}$ را به صورت انفرادی برای هر ژنوتیپ پیشنهاد دادند. در این تحقیق نیز مقادیر $Z_i^{(1)}$ و $Z_i^{(2)}$ برای تمام ژنوتیپ‌ها محاسبه شد، سپس این مقادیر برای آزمون χ^2 روی تمام ارقام و ژنوتیپ‌ها جمع زده شدند که نتایج در جدول ۴ ذکر شده است. مقادیر $Z_i^{(1)}$ و $Z_i^{(2)}$ هیچ‌کدام از ژنوتیپ‌ها بزرگتر از $\chi^2_{Z_1, Z_2} = ۷/۸۸$ نبود بنابراین مقادیر $Z_i^{(1)}$ و $Z_i^{(2)}$ هیچ‌کدام از ژنوتیپ‌ها معنی‌دار نشد که مشابه نتایجی است که در گندم نان (۲۱)، عدس (۲۰) و گلرنگ (۲۳) گزارش شده است. همچنین مقادیر مجموع Z ها $\sum Z_i^{(1)} = ۲۱/۷۳$ و $\sum Z_i^{(2)} = ۱۷/۵۲$ برای کلیه ژنوتیپ‌ها در هر دو آماره $Z_i^{(1)}$ و $Z_i^{(2)}$ کم‌تر از مقادیر χ^2 جدول $\chi^2_{sum(Z_1, Z_2)} = ۳۰/۱$ با درجه آزادی ۱۹ بود.

براساس معیار $S_i^{(3)}$ ژنوتیپ‌های شماره‌ی G10، G1، G10، G14، G18، G5 و G2 جزء پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند و براساس معیار $S_i^{(6)}$ ژنوتیپ‌های شماره‌ی G20، G10، G18، G16، G2 و G9 پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. با توجه به معیار ناپارامتری $NP_i^{(1)}$ ژنوتیپ‌های شماره‌ی G20، G16، G5، G19، G10، G14 و G2، با توجه به معیار $NP_i^{(2)}$ ژنوتیپ‌های شماره‌ی G20، G19، G16، G2، G10 و G18، با توجه به معیار $NP_i^{(3)}$ ژنوتیپ‌های شماره‌ی G20، G15، G10، G2، G19 و G18 و با توجه به معیار $NP_i^{(4)}$ ژنوتیپ‌های شماره‌ی G20، G10، G2، G18، G16، G19 و G2، به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها معرفی شدند. ژنوتیپ‌های شماره‌ی G9، G12 و G13 با توجه به آماره‌های تنارازو جزء ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها از نظر پایداری عملکرد دانه بودند. جمشیدی مقدم و پورداد (۱۸) نشان دادند که آماره‌های ناپارامتری هیون (۱۷) و تنارازو (۳۷) جزء مفهوم ایستایی

معنی‌داری با عملکرد دانه نداشتند. سوقی و همکاران (۳۳) در بررسی پایداری ارقام گندم بیان نمودند که روش‌های تنازرو (۳۷) و هیون (۱۷) اغلب بیانگر جنبه بیولوژیک پایداری است و قادر به شناسایی ژنوتیپ‌های گندم با عملکرد بالا و پایدار نیست.

با توجه به آماره‌های هیون (۱۷) و تنازرو (۳۷) مشخص است که مفاهیم پایداری در این روش‌ها بیشتر بر مفاهیم بیولوژیکی و استاتیکی بوده و در این روش‌ها معمولاً ژنوتیپ‌هایی با عملکرد پایین به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار معرفی می‌شوند. بنابراین در این تحقیق روش‌های مختلف ناپارامتری با استفاده از شاخص SIIG ادغام شد (جدول ۴) و در یک نمودار دو بعدی که یک بعد آن عملکرد دانه است ژنوتیپ‌ها نقطه‌یابی شدند (شکل ۱).

پایداری هستند و ژنوتیپ‌های پایدار بر اساس این روش‌ها از عملکرد بالایی برخوردار نیستند. در نهایت نتایج نشان داد که آماره‌های تنازرو (۳۷) جزء مفهوم پایداری ایستایی هستند و ژنوتیپ‌های پایدار معرفی شده براساس این روش‌ها ممکن است از عملکرد بالایی برخوردار نباشند. نتایج مشابهی در جو (۱، ۱۹ و ۳۹)، گندم دوروم (۲۵)، گلرنگ (۲۳)، عدس (۳۲) و گندم نان (۲۱) گزارش شده است.

نتایج همبستگی بین میانگین عملکرد دانه و روش‌های مختلف ناپارامتری نشان داد که آماره‌های $S_i^{(3)}$ ، $S_i^{(6)}$ ، $NP_i^{(1)}$ ، $NP_i^{(3)}$ ، $NP_i^{(4)}$ همبستگی منفی بالایی با عملکرد دانه دارند از طرفی $S_i^{(1)}$ و $S_i^{(2)}$ همبستگی معنی‌داری با عملکرد دانه نداشتند. عبادی سقرلو و همکاران (۶) نشان دادند که آماره‌های $S_i^{(3)}$ و $S_i^{(6)}$ دارای همبستگی منفی با عملکرد دانه نخود بودند و آماره‌های $S_i^{(1)}$ و $S_i^{(2)}$ همبستگی

جدول ۲- تجزیه واریانس عملکرد دانه ژنوتیپ‌های جو در محیط‌های مختلف در سال‌های زراعی ۹۸-۱۳۹۶

Table 2. Grain yield variance analysis of barley genotypes in different environments in 2017-2019 cropping years

منابع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	درصد توجیه SS
تیمار	۱۸۹	۵۶۹۱۳۳۵۸۴	۳۰۱۱۲۸۹**	۵/۰
ژنوتیپ	۱۸	۲۸۷۲۴۰۳۶	۱۵۹۵۷۸۰**	۷۰/۷
محیط	۹	۴۰۲۴۰۷۰۳۳	۴۴۷۱۱۸۹۳**	۲۴/۲
ژنوتیپ × محیط	۱۶۲	۱۳۸۰۰۲۵۱۵	۸۵۱۸۶۷**	
خطا	۳۸۰	۱۲۱۷۱۳۰۹۴	۳۲۰۲۹۸	

** معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۱

جدول ۳- نتایج روش‌های مختلف آماری برای آزمون معنی‌داری اثر ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای عملکرد دانه ۱۹ ژنوتیپ جو در ۱۰ محیط

Table 3. Results of the different statistical test methods of grain yield of 19 barley genotypes in 10 environments

منابع تغییرات	درجه آزادی	دی کروم و وان‌دیرلان	هیلدبراند	بریدینکاپ
ژنوتیپ‌ها	۱۸	۵۱/۲۱**	۱۵۹/۷۶**	۳۴/۱۱*
محیط‌ها	۹	۴۴۱۸/۴**	۲۸۹/۴**	۳۰۸/۶۶**
ژنوتیپ × محیط	۱۶۲	۳۴۱/۱۸**	۵۶۵/۷۳**	۳۶۰۷/۳۶**

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

‡ فرض صفر برای روش‌های ناپارامتری بریدینکاپ (۴) و هیلدبراند (۱۶) عدم وجود اثر متقابل غیرمقطع (بدون تغییر در رتبه) و برای آزمون دی کروم و وان‌دیرلان (۵) عدم وجود اثر متقابل متقاطع (تغییر در رتبه) است.

معنی‌داری بین این شاخص و عملکرد دانه وجود دارد و بنابراین انتخاب براساس این شاخص منجر به انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا خواهد شد (جدول ۵).

به‌منظور انتخاب هم‌زمان عملکرد و پایداری از نمودار دو بعدی (شکل ۲) استفاده شد. در این نمودار، محور افقی نشان‌دهنده میانگین عملکرد و محور قائم نشان‌دهنده مقدار SIIG است. نقطه‌چین افقی در این نمودار نشان‌دهنده میانگین SIIG است. ژنوتیپ‌هایی که در بالای محور نقطه چین افقی قرار دارند از پایداری عملکرد بالایی از نظر بیش‌تر آماره‌های ناپارامتری برخوردار هستند. بنابراین ژنوتیپ‌های شماره‌ی G10، G18، G19، G16، G15 و ژنوتیپ‌های شاهد شماره‌ی G2 (اکسین) و G20 (WB-94-3) جزء ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد دانه بالاتر از متوسط کل بودند. ژنوتیپ‌های شماره‌ی G9 و G12 با کمترین مقدار SIIG و عملکرد پایین‌تر از متوسط کل جزء ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها در این تحقیق بودند.

در این تحقیق علاوه بر استفاده از تک‌تک آماره‌های تجزیه پایداری ناپارامتری، به‌منظور انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر ثبات عملکرد در محیط‌های مختلف، از شاخص SIIG نیز استفاده شد و همه آماره‌های تجزیه پایداری ناپارامتری ادغام شده و تبدیل به یک شاخص واحد یعنی SIIG شدند (جدول ۴). میزان تغییرات SIIG بین صفر تا یک می‌باشد و هرچه SIIG به یک نزدیک‌تر باشد نشان‌دهنده ایده‌آل‌تر بودن آن ژنوتیپ است (۴۰، ۴۱). با توجه به شاخص SIIG، ژنوتیپ‌های شماره‌ی G19، G2، G5، G18، G10، G16، G20، G04، G15 و G19 به ترتیب با بیشترین مقدار SIIG (۱/۰۰)، ۰/۸۳، ۰/۸۰، ۰/۷۶، ۰/۷۳، ۰/۷۲، ۰/۷۱، ۰/۷۰، ۰/۶۸ و ۰/۶۷ جزء پایدارترین ژنوتیپ‌ها براساس بیشتر روش‌های تجزیه ناپارامتری بودند. ژنوتیپ‌های شماره‌ی G12، G9 و G13 به ترتیب با کمترین مقدار SIIG (۰/۴۹ و ۰/۴۳، ۰/۱۵) جزء ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. نتایج همبستگی بین شاخص SIIG و عملکرد دانه نشان داد که همبستگی

جدول ۴- تجزیه پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های جو براساس روش‌های ناپارامتری در ۱۰ محیط (۹۸-۱۳۹۶)
Table 4. Stability analysis of grain yield of barley genotypes based on nonparametric methods in 10 environments (2017-2019)

رتبه	شاخص SIIG		آماره‌های ترازو				آماره‌های هیون				کد ژنوتیپ‌ها	
	SIIG	NP ₁ ⁽⁴⁾	NP ₁ ⁽³⁾	NP ₁ ⁽²⁾	NP ₁ ⁽¹⁾	S ₁ ⁽⁶⁾	S ₁ ⁽³⁾	Z ₁ ⁽²⁾	S ₁ ⁽²⁾	Z ₁ ⁽¹⁾		S ₁ ⁽¹⁾
۶	۰/۷۲	۰/۴۴	-۰/۳۷	-۰/۳۶	۴/۳	۳/۲۸	۲۱/۲	-۰/۰۲	۳۴/۷	-۰/۰۴	۶/۴۲	G2
۱۶	۰/۵۱	۰/۷۲	-۰/۶۱	-۰/۶۵	۵/۶	۵/۳۳	۳۴/۳	-۰/۲۸	۳۸/۸	-۰/۴۲	۷/۳۸	G3
۹	۰/۶۸	۰/۶۱	-۰/۶۳	-۰/۴۶	۴/۸	۴/۴۸	۲۱/۴	۱/۴۱	۲۰/۷	۱/۴۱	۵/۳۱	G4
۵	۰/۷۳	۰/۵۶	-۰/۶۳	-۰/۴۵	۴/۰	۳/۷۵	۱۸/۸	۱/۹۲	۱۸/۵	۲/۱۳	۵/۰۰	G5
۱۴	۰/۵۳	۰/۸۲	-۰/۷۱	-۰/۵۴	۴/۴۰	۵/۳۲	۳۶/۹	-۰/۰۳	۳۱/۶	-۰/۰۸	۶/۳۳	G6
۱۱	۰/۶۰	۰/۶۵	-۰/۶۱	-۰/۵۴	۴/۹	۴/۱۰	۲۹/۰	-۰/۰۰	۳۳/۸	-۰/۰۱	۶/۷۸	G7
۱۲	۰/۵۶	۰/۷۳	-۰/۶۳	-۰/۵۸	۴/۹	۵/۰۴	۳۱/۷	-۰/۰۱	۳۲/۴	-۰/۰۰	۶/۷۱	G8
۱۹	۰/۱۵	۱/۰۶	۱/۱۰	۱/۸۰	۵/۸	۷/۲۱	۴۹/۴	-۰/۰۶	۳۰/۷	-۰/۴۳	۵/۹۱	G9
۳	۰/۸۰	۰/۲۸	-۰/۳۵	۱/۴۰	۴/۳	۲/۴۷	۱۵/۲	-۰/۶۵	۲۴/۷	-۰/۸۶	۵/۶۰	G10
۱۳	۰/۵۴	۰/۷۲	-۰/۵۴	-۰/۴۷	۵/۰	۵/۱۹	۳۶/۱	-۰/۹۰	۴۳/۳	-۰/۹۲	۷/۷۳	G11
۱۸	۰/۴۳	۰/۸۴	-۰/۷۴	۱/۸۰	۵/۵	۵/۸۱	۳۹/۱	-۰/۰۹	۳۶/۵	-۰/۱۴	۷/۰۷	G12
۱۷	۰/۴۹	۰/۸۱	-۰/۷۲	۱/۸۰	۴/۵	۵/۴۲	۳۴/۳	-۰/۱۷	۲۸/۹	-۰/۲۱	۶/۱۳	G13
۸	۰/۷۰	۰/۵۸	-۰/۶۲	-۰/۶۴	۴/۳	۳/۹۵	۱۶/۸	-۰/۰۴	۱۴/۸	۳/۳۰	۴/۶۰	G14
۱۰	۰/۶۷	۰/۵۳	-۰/۵۰	-۰/۴۰	۵/۵	۳/۴۴	۲۳/۳	-۰/۰۰	۳۳/۱	-۰/۰۲	۶/۸۰	G15
۲	۰/۸۳	۰/۴۵	-۰/۳۴	-۰/۳۲	۳/۲	۲/۲۲	۱۵/۳	۱/۶۶	۱۹/۶	۱/۸۰	۵/۱۳	G16
۱۵	۰/۵۱	۰/۶۷	-۰/۶۰	-۰/۵۴	۶/۶	۴/۷۹	۳۵/۰	۱/۸۱	۴۷/۵	۱/۷۳	۸/۱۳	G17
۴	۰/۷۶	۰/۴۴	-۰/۴۲	-۰/۴۰	۴/۸	۲/۹۶	۱۷/۷	-۰/۴۱	۲۶/۵	-۰/۴۰	۵/۹۳	G18
۷	۰/۷۱	۰/۴۹	-۰/۳۹	-۰/۳۲	۴/۱	۳/۴۱	۲۲/۹	-۰/۰۱	۳۴/۳	-۰/۰۰	۶/۶۰	G19
۱	۱/۰۰	۰/۲۸	-۰/۳۷	-۰/۳۳	۲/۸	۱/۹۲	۶/۸	۴/۰۷	۹/۴	۷/۸۴	۳/۴۹	G20

تست آماری

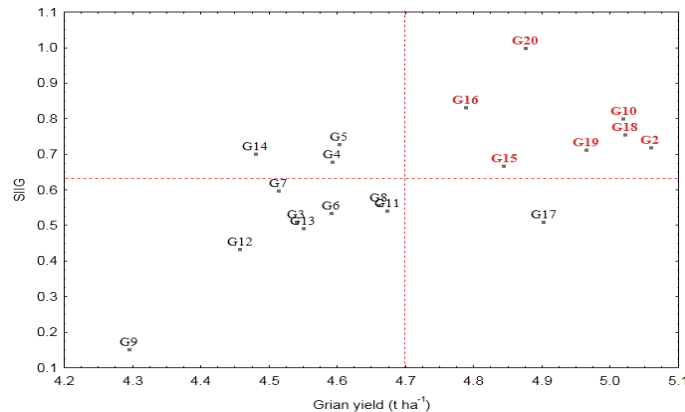
$$\begin{aligned} \sum Z_1^{(2)} &= ۱۷/۵۲ & \sum Z_1^{(1)} &= ۲۱/۷۳ \\ E(S_1^{(2)}) &= ۳۰ & E(S_1^{(1)}) &= ۶/۳۲ \\ V(S_1^{(2)}) &= ۹۳/۹۸ & V(S_1^{(1)}) &= ۱/۱۷ \\ \chi^2_{Z1, Z2} &= ۷/۸۸ & \chi^2_{\sum(Z1, Z2)} &= ۳۰/۱ \end{aligned}$$

S₁⁽¹⁾: میانگین تفاوت قدر مطلق ژنوتیپ × محیط‌ها؛ S₁⁽²⁾: واریانس مشترک انحراف از رتبه‌ها؛ S₁⁽³⁾: واریانس بین رتبه‌ها در محیط‌ها؛ S₁⁽⁶⁾: مجموع انحراف مطلق‌ها؛ NP₁⁽¹⁾، NP₁⁽²⁾، NP₁⁽³⁾ و NP₁⁽⁴⁾: آماره‌های ناپارامتری ترازو؛ SIIG: شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل

جدول ۵- همبستگی رتبه بین آماره‌های مختلف ناپارامتری و میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های جو
Table 5. Rank correlation among different nonparametric statistics and grain yield of barley genotypes

SIIG	NP ₁ ⁽⁴⁾	NP ₁ ⁽³⁾	NP ₁ ⁽²⁾	NP ₁ ⁽¹⁾	S ₁ ⁽⁶⁾	S ₁ ⁽³⁾	S ₁ ⁽²⁾	S ₁ ⁽¹⁾	Yield
								۰/۹۷**	S ₁ ⁽²⁾
							۰/۷۰**	۰/۶۹**	S ₁ ⁽³⁾
						-۰/۹۱**	۰/۴۶*	۰/۴۷*	S ₁ ⁽⁶⁾
					۰/۶۸**	-۰/۷۷**	۰/۶۸**	۰/۷۵**	NP ₁ ⁽¹⁾
				۰/۶۸**	-۰/۹۱**	-۰/۷۳**	-۰/۲۸	-۰/۳۲	NP ₁ ⁽²⁾
			-۰/۸۷**	-۰/۴۹*	-۰/۸۷**	-۰/۷۱**	-۰/۱۱	-۰/۱۵	NP ₁ ⁽³⁾
		۰/۹۰**	۰/۹۰**	۰/۶۶**	۰/۹۸**	۰/۹۱**	۰/۴۱	۰/۴۴	NP ₁ ⁽⁴⁾
	-۰/۹۴**	-۰/۷۹**	-۰/۸۸**	-۰/۸۰**	-۰/۹۶**	-۰/۹۴**	-۰/۶۰	-۰/۶۱**	SIIG
۰/۶۶**	-۰/۷۷**	-۰/۸۰**	-۰/۸۰**	-۰/۳۶	-۰/۷۶**	-۰/۵۳*	۰/۰۳	-۰/۰۱	Yield

S₁⁽¹⁾: میانگین تفاوت قدر مطلق ژنوتیپ × محیط‌ها؛ S₁⁽²⁾: واریانس مشترک انحراف از رتبه‌ها؛ S₁⁽³⁾: واریانس بین رتبه‌ها در محیط‌ها؛ S₁⁽⁶⁾: مجموع انحراف مطلق‌ها؛ NP₁⁽¹⁾، NP₁⁽²⁾، NP₁⁽³⁾ و NP₁⁽⁴⁾: آماره‌های ناپارامتری ترازو؛ SIIG: شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل؛ Yield: عملکرد دانه
* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد



شکل ۲- نمودار دو بعدی پراکنش ۱۹ ژنوتیپ جو براساس عملکرد دانه و روش SIIG
Figure 2. Two-dimensional graph of distribution of 19 barley genotypes based on grain yield and SIIG method

بودند (جدول ۶). در ارقام با عملکرد بالا نیز جزء V_2 دارای سهم بیشتری در اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط نسبت به سایر اجزاء است. این مطلب نشان‌دهنده آن است که رسیدگی سهم بیشتری نسبت به سایر صفات در اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط در این تحقیق دارد. بنابراین ارقام پرمحصول حساسیت بیشتری نسبت به تغییرات محیطی در مرحله رسیدگی دانه دارند و اگر چنانچه شرایط محیطی در انتهای فصل مساعد باشد و باعث طولانی‌تر شدن دوره پرکردن دانه در مناطق گرمسیر شود این ژنوتیپ‌ها پتانسیل عملکرد خوبی را از خود نشان خواهند داد.

ضریب همبستگی بین میانگین عملکرد دانه، شاخص SIIG و اجزاء ژنوتیپی در جدول ۷ نشان داده شده است. نتایج نشان داد که همبستگی معنی‌داری بین عملکرد دانه و شاخص SIIG مشاهده شد؛ بنابراین روند مثبتی بین عملکرد دانه بالا و پایداری عملکرد در بیشتر مواد ژنتیکی مورد بررسی وجود داشت. همبستگی معنی‌داری بین اجزاء ژنوتیپی و شاخص SIIG مشاهده نشد ولی بیشترین همبستگی را اجزاء V_1 و V_4 با شاخص SIIG داشتند که نشان از اهمیت بیشتر وزن هزار دانه و تعداد روز تا گل‌دهی در اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط برای عملکرد دانه بود (جدول ۷). در بررسی محمدی و همکاران (۲۶) همبستگی مثبت بین واریانس پایداری با جزء V_4 نشان داد که وزن دانه عامل اصلی اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط برای عملکرد دانه در گندم دوروم در شرایط دیم است. مهتابی و همکاران (۲۷) از تجزیه مسیر به روش تای در ژنوتیپ‌های نخود بیان کردند که جزء ژنوتیپی V_2 (تعداد دانه در غلاف) مهم‌ترین جزء تأثیرگذار پایداری فنوتیپی عملکرد دانه است. فرشادفر و همکاران (۱۰) سهم نسبی وزن هزار دانه (V_3) در اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط بیشتر از سهم نسبی تعداد سنبله در بوته (V_1) و تعداد دانه در سنبله (V_2) در گندم نان بیان کرد. عسگری‌نیا و همکاران (۳) در بررسی اجزای محیطی در ارقام مختلف گندم بیان کردند که مراحل تشکیل دانه حساس‌ترین مراحل رشد ارقام به عوامل محیطی بودند. از طرفی جزء ژنوتیپی وزن دانه به‌عنوان مهم‌ترین جزء تأثیرگذار بر عملکرد دانه و پایداری بود همچنین بیان کردند در ارقام ناپایدار بیشترین سهم اثر متقابل ژنوتیپ و محیط ناشی از تعداد سنبله در واحد سطح است. محمدی و همکاران (۲۶) با بررسی سهم اجزاء ژنوتیپی V_1 (تعداد روز تا گل‌دهی)، V_2 (تعداد روز تا رسیدگی)، V_3 (ارتفاع بوته) و V_4 (صفت وزن هزار دانه) در اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط نشان دادند که عملکرد دانه بالاتر با وزن دانه بیشتر (V_4) مرتبط است که ناشی از گل‌دهی زودتر (V_1) است و بنابراین برای بهبود پتانسیل عملکرد گندم دوروم در شرایط مناطق کوهستانی دیم ایران باید بر این صفت تأکید بیشتری شود. فرشادفر (۱۱) با استفاده تجزیه مسیر سازگاری بر روی شاخص‌های حساسیت به خشکی نشان داد که بیشتر QTL‌های کنترل‌کننده تحمل و یا حساسیت به خشکی در جو روی کروموزوم‌های 3H و 6H قرار دارند. در تحقیقی دیگر با استفاده از این روش مشخص شد که تعداد دانه در غلاف بیشترین نقش را در پایداری فنوتیپی عملکرد دانه در نخود دارد (۱۳).

با توجه به معنی‌دار شدن اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط عملکرد دانه (جدول ۲ و ۳) و صفات مورد بررسی (نتایج نشان داده نشده است)، لذا با استفاده از تجزیه مسیر و مدل‌های بیان شده، علت معنی‌دار بودن آن و سهم هر یک از صفات مورفو-فولوژیک در اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. تجزیه اثر متقابل به‌روش تجزیه مسیر برمبنای همبستگی صفات با عملکرد استوار است، بنابراین ابتدا ضرایب همبستگی بین عملکرد و صفات مورفو-فولوژیک برای همه ژنوتیپ‌ها محاسبه شد (نتایج نشان داده نشده است). در این روش V_1 سهم تعداد روز تا گل‌دهی، V_2 سهم تعداد روز تا رسیدگی، V_3 سهم ارتفاع بوته و V_4 سهم صفت وزن هزار دانه در اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط است. اجزای ژنوتیپی پایداری (V_1, V_2, V_3, V_4) در جدول ۶ آورده شده است. نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های مختلف از نظر صفات مورد بررسی واکنش‌های پایداری متفاوتی نشان دادند. در واقع بزرگتر بودن مقدار جزء پایداری نشان‌دهنده نقش بیشتر آن جزء عملکرد در بیان اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط می‌باشد، زیرا آن جزء پایداری در مرحله تکوینی خود اثر متقابل بیشتری با عوامل محیطی نشان داده است (۳۴). نتایج نشان داد مقدار V_1 در ژنوتیپ‌های شماره‌ی $G11, G17$ بیشتر از سایر اجزاء بود که نشان داد تعداد روز تا گل‌دهی اصلی‌ترین جزء در ایجاد اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط نسبت به سایر صفات مورد بررسی در این ژنوتیپ‌ها بوده است. برخلاف V_1 ، همه ژنوتیپ‌ها (به‌جز ژنوتیپ شماره‌ی $G17$) برآورد مثبت V_2 و V_4 را نشان دادند. بنابراین بهره‌وری عملکرد بیشتر ژنوتیپ‌ها تحت تأثیر اجزای V_2 و V_4 است. بیشتر بودن مقدار V_2 و V_4 در ژنوتیپ‌های $G3, G5, G12$ و $G16$ نشان داد که صفات تعداد روز تا رسیدگی و وزن هزار دانه بیشترین تأثیر را در ایجاد اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط برای عملکرد دانه در این ژنوتیپ‌ها دارند. در بیشتر ژنوتیپ‌ها با عملکرد بالا مانند ژنوتیپ‌های شماره‌ی $G10, G18$ و $G20$ سهم تعداد روز تا رسیدگی بیشتر از سایر اجزاء ژنوتیپی بود. مقایسه چهار جزء ژنوتیپی V_1, V_2, V_3 و V_4 نشان داد پایداری ژنوتیپ‌های شماره‌ی $G10, G16, G20$ ، $G10, G18, G19, G2, G5, G10$ و $G19$ بیشتر مربوط به تعداد روز تا رسیدگی و وزن هزار دانه می‌باشد (به‌جز ژنوتیپ شماره‌ی $G19$ که سهم V_3 بیشتر از بقیه اجزاء ژنوتیپی بود). مقادیر اجزای V_2 و V_4 در بیشتر ژنوتیپ‌ها بزرگتر از جزء V_1 بود (به‌جز ژنوتیپ‌های شماره‌ی $G7, G11$ و $G17$). بنابراین بیشتر ژنوتیپ‌ها در مرحله رسیدگی و پر شدن دانه نسبت به تنش‌های محیطی حساس بودند. تنش گرمایی انتهای فصل یکی از تنش‌های محیطی مهم در مناطق گرم و خشک جنوب می‌باشد که باعث رسیدگی زودتر جو و چروکیده و کوچک شدن دانه و کاهش وزن هزار دانه در جو و در نتیجه کاهش عملکرد خواهد شد (۳۱).

مطابق با همه اجزای ژنوتیپی (V_1, V_2, V_3, V_4) ژنوتیپ شماره‌ی $G20$ (WB-94-3) بیشترین تحمل را نسبت به تنش‌های محیطی داشت در حالی که ژنوتیپ‌های شماره‌ی $G7$ و $G3$ حساس‌ترین ژنوتیپ‌ها نسبت به تنش‌های محیطی

دانه در جدول ۹ نشان داده شده است. نتایج نشان‌داد که همبستگی مثبت بالایی بین جزء T_1 با جزء T_3 ($0/890^{**}$) مشاهده شد که نشان از روند مثبت بین ارتفاع بوته و تاریخ گل‌دهی در محیط‌های مورد بررسی بود.

نتیجه‌گیری کلی

در مجموع نتایج نشان‌داد که براساس بیشتر روش‌های ناپارامتری (شاخص SIIG) ژنوتیپ‌های شماره‌ی G10، G18، G19، G16 و G15 جزء ژنوتیپ‌های پایدار و عملکرد دانه بالاتر از متوسط کل بودند. ژنوتیپ‌های شماره‌ی G9 و G12 با کمترین مقدار SIIG و عملکرد پایین‌تر از متوسط کل جزء ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها در این تحقیق بودند. براساس نتایج اجزای ژنوتیپی ژنوتیپ شماره‌ی G20 (WB-94-3) بیشترین تحمل را نسبت به تغییرات محیطی داشت در حالی‌که ژنوتیپ‌های شماره‌ی G3 و G7 حساس‌ترین ژنوتیپ‌ها نسبت به تنش‌های محیطی بودند. با توجه به سهم بالای V_2 در ژنوتیپ‌های پرمحصول، بنابراین این ژنوتیپ‌ها حساسیت بیشتری نسبت به تغییرات محیطی در مرحله رسیدگی دانه دارند و اگر چنان‌چه شرایط محیطی در انتهای فصل مساعد باشد و باعث طولانی‌تر شدن دوره پرشدن دانه در مناطق گرم‌سیر شود این ژنوتیپ‌ها پتانسیل عملکرد خوبی را از خود نشان خواهند داد. همبستگی مثبت شاخص SIIG اجزاء V_1 و V_4 نشان داد که تعداد روز تا گل‌دهی و وزن هزار دانه نقش اصلی را در اثر متقابل ژنوتیپ × محیط جو نسبت به سایر صفات در مناطق گرم دارند.

با توجه به اینکه T_1 سهم تعداد روز تا گل‌دهی، T_2 سهم تعداد روز تا رسیدگی، T_3 سهم ارتفاع بوته و T_4 سهم وزن هزار دانه در محیط است. هر قدر مقدار T برای صفتی بیشتر باشد یعنی آن صفت بیشتر تحت‌تأثیر محیط قرار گرفته و پایداری کمتری دارد. برآورد چهار جزء محیطی d_1 ، d_2 ، d_3 و d_4 در ده محیط در جدول ۸ نشان داده شده است. اجزاء محیطی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط نشان داد که در همه محیط‌ها مقدار T_2 از سایر اجزای محیطی بیشتر است. بنابراین تعداد روز تا رسیدگی بیشتر تحت‌تأثیر محیط قرار گرفته و پایداری کمتری دارد و نشان‌داد که در مناطق گرم و خشک بیشترین حساسیت محیطی در مرحله رسیدگی است و هر گونه تنش در این مرحله می‌تواند باعث کاهش عملکرد دانه به‌مقدار قابل توجهی گردد. در مجموع، یک روند مشخصی بین اجزاء محیطی d_1 ، d_2 ، d_3 و d_4 و مناطق گرم خشک جنوب و مناطق گرم شمال مشاهده نشد تنها در مناطق گرم شمال بیشترین مقدار جزء T_2 را نسبت به مناطق گرم جنوب (به جزء Ah2) مشاهده شد. این موضوع اهمیت تعداد روز تا رسیدگی را برای فرار خشکی و گرمای انتهای فصل نشان می‌دهد. محمدی و همکاران (۲۶) بیان کردند دو جزء محیطی T_1 و T_3 بیشترین مقدار قدرمطلق را نسبت به T_2 و T_4 در بیشتر محیط‌های دیم مورد بررسی داشتند و در کل اجزاء محیطی روند مشخص را که نشان از ارتباط با تنش‌های محیطی باشد را نشان ندادند. در مجموع جزء T_3 بیشترین تأثیر را روی بهبود عملکرد دانه داشت. نتایج همبستگی بین اجزاء محیطی و میانگین عملکرد

جدول ۶- میانگین عملکرد دانه و اجزاء ژنوتیپی (V_1 ، V_2 ، V_3 و V_4) اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای ۱۹ ژنوتیپ در ۱۰ محیط
Table 6. Mean grain yield and genotypic components of GE interaction (V_1 ، V_2 ، V_3 and V_4) for 19 genotypes across 10 environments

شماره ژنوتیپ‌ها	کد ژنوتیپ‌ها	میانگین عملکرد	اجزای ژنوتیپی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط
			V_4 V_3 V_2 V_1
G2	Auxin	۵/۰۶	-۰/۰۶۲
G3	WB-96-3	۴/۵۴	-۰/۲۶۶
G4	WB-96-4	۴/۵۹	-۰/۰۷۸
G5	WB-96-5	۴/۶۰	-۰/۰۵۸
G6	WB-96-6	۴/۵۹	-۰/۲۰۲
G7	WB-96-7	۴/۵۱	-۰/۴۶۸
G8	WB-96-8	۴/۶۶	-۰/۱۰۱
G9	WB-96-9	۴/۲۹	-۰/۱۴۹
G10	WB-96-10	۵/۰۲	-۰/۲۱۱
G11	WB-96-11	۴/۶۷	-۰/۲۶۹
G12	WB-96-12	۴/۴۶	-۰/۰۸۷
G13	WB-96-13	۴/۵۵	-۰/۰۷۴
G14	WB-96-14	۴/۴۸	-۰/۱۲۱
G15	WB-96-15	۴/۸۴	-۰/۰۳۸
G16	WB-96-16	۴/۷۹	-۰/۰۷۶
G17	WB-96-17	۴/۹۰	-۰/۲۳۸
G18	WB-96-18	۵/۰۲	-۰/۰۸۲
G19	WB-96-19	۴/۹۷	-۰/۱۵۵
G20	WB-94-3	۴/۸۷	-۰/۰۱۹
میانگین		۴/۷۰	-۰/۰۱۵

جدول ۷- ضریب همبستگی پیرسون بین اجزاء ژنوتیپی میانگین عملکرد دانه و شاخص SIIG
Table 7. Pearson correlation coefficients between genotypic components of mean grain yield and SIIG index

اجزاء ژنوتیپی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط				میانگین عملکرد	
V ₄	V ₃	V ₂	V ₁	V ₁	V ₂
			-۰/۳۶۲	-۰/۱۱۹	
		۰/۱۳۰	-۰/۱۷۲	-۰/۲۱۷	
	-۰/۲۴۶	۰/۱۵۶	-۰/۱۴۹	-۰/۳۰۲	
	-۰/۰۹۱	۰/۲۱۴	۰/۳۲۲	-۰/۱۷۷	
-۰/۳۲۰				-۰/۶۶۰	SIIG

جدول ۸- صفات مورفولوژیک و اجزاء محیطی (t₁، t₂، t₃ و t₄) اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در ۱۰ محیط مورد بررسی
Table 8. Morpho-phenological traits and environmental components of GE interaction for 10 test environments

اجزای محیطی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط				صفات مورفولوژیک				محیطها		کد محیطها
t ₄	t ₃	t ₂	t ₁	YLD	TKW	PLH	DMA	DHE		
-۰/۹۳	-۰/۲۹	۱۲/۶۲	-۱/۷۲	۲۴۷۱	۳۷	۷۸	۱۴۰	۹۴	اهواز سال اول	Ah1
۲/۰۰	-۰/۰۳	۲۲/۴۰	-۱/۴۰	۳۹۵۶	۴۴	۹۸	۱۴۸	۱۰۳	اهواز سال دوم	Ah2
-۰/۱۲	-۰/۶۰	۱۵/۵۶	-۱/۷۷	۴۰۹۴	۴۴	۹۴	۱۴۲	۱۰۵	داراب سال اول	Da1
-۰/۲۹	۰/۷۹	۱۵/۱۹	-۱/۴۳	۴۰۷۲	۴۲	۱۱۰	۱۴۱	۱۰۴	داراب سال دوم	Da2
-۰/۶۹	-۰/۸۲	۱۴/۴۱	-۲/۹۹	۳۶۲۴	۳۷	۸۳	۱۴۳	۱۰۹	زابل سال اول	Za1
۲/۸۷	۰/۳۹	۱۳/۴۲	-۰/۹۴	۴۱۷۴	۳۹	۷۸	۱۳۶	۱۰۷	زابل سال دوم	Za2
-۰/۹۳	۰/۴۲	۱۷/۱۶	۳/۳۳	۴۷۴۷	۴۲	۹۳	۱۶۱	۱۲۳	گنبد سال اول	Go1
-۱/۷۳	۱/۰۱	۱۸/۹۴	-۰/۲۰	۴۷۰۸	۳۸	۱۰۶	۱۵۹	۱۱۸	گنبد سال دوم	Go2
۲/۱۲	۰/۳۴	۱۹/۵۸	-۰/۵۷	۵۵۳۱	۴۴	۱۰۵	۱۵۶	۱۰۴	مغان سال اول	Mo1
۲/۰۷	-۰/۰۳	۲۲/۴۸	-۱/۴۴	۶۳۲۱	۴۴	۹۸	۱۴۹	۱۰۳	مغان سال دوم	Mo2

t₁، t₂، t₃ و t₄ به ترتیب اجزای محیطی تاثیرگذار بر صفات تعداد روز تا گل دهی (DHE)، تعداد روز تا رسیدگی (DMA)، ارتفاع بوته (PLH) و وزن هزاردانه (TKW) می باشد.

جدول ۹- ضریب همبستگی پیرسون بین اجزاء محیطی و میانگین عملکرد دانه
Table 9. Pearson correlation coefficients between environmental components and grain yield mean

t ₄	t ₃	t ₂	t ₁	میانگین عملکرد
			-۰/۲۹۳	t ₂
		۰/۱۸۳	-۰/۸۹۰*	t ₃
	۰/۰۷۳	۰/۱۵۹	۰/۱۴۶	t ₄
-۰/۲۴۱	-۰/۱۱۹	۰/۳۱۴	-۰/۱۱۳	

t₁، t₂، t₃ و t₄ به ترتیب اجزای محیطی تاثیرگذار بر صفات تعداد روز تا گل دهی (DHE)، تعداد روز تا رسیدگی (DMA)، ارتفاع بوته (PLH) و وزن هزاردانه (TKW) می باشد.

منابع

1. Abdipour, M., B. Vaezi, M. Younessi-Hamzекhanlu, S.H. R.Ramazani. 2017. Nonparametric phenotypic stability analysis in advanced barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes. Journal of Crop Science and Biotechnology, 20(4): 305-314.
2. Akbarpour, O.A., H. Dehghani, B. Sorkheh Lalelu and M.S. Kang. 2016. A SAS macro for computing statistical tests for two-way table and stability indices of nonparametric method from genotype-by-environment interaction. Acta Scientiarum Agronomy, 38(1): 35-50.
3. Askarinia, P., G. Saeidi and A. Rezai. 2008. Assessment genotype × environment interaction in ten wheat cultivars with regression and path coefficient analysis. Iranian Society of Agronomy and Plant Breeding, 1(1): 64-81 (In Persian).
4. Bredekamp, J. 1974. Nonparametrische prüfung von wechselwirkungen. Psychologische Beiträge, 16: 398-416.
5. De Kroon, J.P.M. and P. Van der Laan. 1981. Distribution-free test procedures in two-way layouts: a concept of crossover-interaction. Statistica Neerlandica, 35: 189-213.
6. Ebadi Segherloo, A., S.H. Sabaghpour, H. Dehghani and M. Kamrani. 2008. Non-parametric measures of phenotypic stability in chickpea genotypes (*Cicer arietinum* L.). Euphytica, 162: 221-229.
7. Ehdaei, B., M.R. Shakiba and J.G. Waines. 1999. Path analysis of genotype x environment interactions of wheats to nitrogen. Agronomie, 19: 45-56.
8. Esmailzadeh Moghaddam, M., S. Tahmasebi, G.A.L.A. Ayeneh, H. Akbari Moghadam, K. Mahmoudi, M. Sayyahfar, S.M. Tabib Ghaffari and H. Zali. 2018. Yield stability evaluation of bread wheat promising lines using multivariate methods. Cereal Research, 8(3): 333-344 (In Persian).
9. FAO. 2019. Statistical data. WWW. Fao. org/faostat.
10. Farshadfar, E., V. Rasoli, R. Mohhamadi and Z. Veusi. 2012. Path analysis of phenotypic stability and drought tolerance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). International Journal of Plant Breeding, 6(2): 106-112.
11. Farshadfar, E. 2013. Path analysis of genotype × environment interaction in wheat-barley disomic addition lines. Acta Agronomica Hungarica, 61(4): 255-266.

12. Farshadfar, E., S.H. Sabaghpour and H. Zali. 2012. Comparison of parametric and non-parametric stability statistics for selecting stable chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes under diverse environments. Australian Journal of Crop Science, 6(3): 514-524.
13. Farshadfar, E., E. Mahtabi and M.M. Jowkar. 2017. Evaluation of genotype × environment interaction in chickpea genotypes using path analysis. International Journal of Advanced Biological and Biomedical Research, 5(4): 168-173.
14. Ferreira, J.R., J.F. Pereira, C. Turchetto, E. Minella, L. Consoli and C.A. Delatorre. 2016. Assessment of genetic diversity in Brazilian barley using SSR markers. Genetics and Molecular Biology, 39(1): 86-96.
15. Grafius, J.E. and R.L. Thomas. 1971. The case for indirect genetic control of sequential traits and the strategy of deployment of environmental resources by the palm. Heredity, 27: 433-442.
16. Hildebrand, H. 1980. Asymptotisch verteilungsfreie Rangtests in linearen Modellen. Medizinische Informatik und Statistik, 17: 344-349.
17. Huehn, V. M. 1990. Non-parametric measures of phenotypic stability. Part I: Theory. Euphytica, 47: 189-194.
18. Jamshidimoghaddam, M. and S.S. Pourdad. 2013. Evaluation of seed yield adaptability of spring safflower genotypes using nonparametric parameters and GGE biplot method in rain-fed conditions. Seed and Plant Improvement Journal, 19(1): 45-63 (In Persian).
19. Khalili, M. and A. Pour-Aboughadareh. 2016. Parametric and non-parametric measures for evaluating yield stability and adaptability in barley doubled haploid lines. Journal of Agricultural and Science Technology, 18: 789-803.
20. Karimizadeh, R., M. Safikhani, M. Mohammadi, F. Seyyedi, A. Mahmoodi and B. Rostami. 2008. Determining rank and stability of lentil in rainfed condition by nonparametric statistics. Journal of Science and Technology of Agriculture and Natural Resources, 43(1): 93-103 (In Persian).
21. Kaya, Y. and S. Taner. 2003. Estimating genotypic ranks by nonparametric stability analysis in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Journal of Central European Agriculture, 4(1): 47-53.
22. Lynch, D.R. and G.C.C. Tai. 1989. Yield and yield component response of eight potato genotypes to water stress. Crop Science, 29: 1207-1207.
23. Moghaddam, M.J. and S.S. Pourdad. 2009. Comparison of parametric and nonparametric methods for analysing genotype× environment interactions in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). Journal of Agricultural Science, Cambridge, 147: 601-612.
24. Mohammadi, R., A. Abdulahi, R. Haghparast and M. Armion. 2007. Interpreting genotype× environment interactions for durum wheat grain yields using nonparametric methods. Euphytica, 157: 239-251.
25. Mohammadi, R. and A. Amri. 2008. Comparison of parametric and non-parametric methods for selecting stable and adapted durum wheat genotypes in variable environments. Euphytica, 159(3): 419-432.
26. Mohammadi, R., E. Farshadfar and A. Amri. 2016. Path analysis of genotype× environment interactions in rainfed durum wheat, Plant Production Science, 19(1): 43-50.
27. Mahtabi, E., E. Farshadfar and M.M. Jowkar. 2014. Stability analysis of yield components in chickpea genotypes. Agricultural Communications, 2(4): 1-8.
28. Najafi Mirak, T., M. Dastfal, B. Andarzian, H. Farzadi, M. Bahari and H. Zali. 2018. Assessment of non-parametric methods in selection of stable genotypes of durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. durum). Iranian Journal of Crop Sciences, 19(2): 126-138 (In Persian).
29. Nassar, R. and M. Huehn. 1987. Studies on estimation of phenotypic stability: Tests of significance for non-parametric measures of phenotypic stability. Biometrics, 43: 45-53.
30. Pour-Aboughadareh, A., M. Yousefian, H. Moradkhani, P. Poczai, and K. H. M. Siddique. 2019. STABILITYSOFT: A new online program to calculate parametric and non-parametric stability statistics for crop traits. Applications in Plant Sciences, 7(1): 1-6.
31. Oraki, A., M.R. Siahpoosh, A. Rahnama and I. Lakzadeh. 2016. The effects of terminal heat stress on yield, yield components and some morpho-phenological traits of barley genotypes (*Hordeum vulgare* L.) in Ahvaz weather conditions. Iranian Journal of Filed Crop Science, 47(1): 29-41 (In Persian).
32. Sabaghnia, N., H. Dehghani and S.H. Sabaghpour. 2006. Nonparametric methods for interpreting genotype × environment interaction of lentil genotypes. Crop Science, 46: 1100-1106.
33. Soughi, H.A., N.A. Babaeian Jelodar, G.A. Ranjbar and M. Hadi Pahlevani. 2016. Simultaneous selection based on yield and yield stability in bread wheat genotypes. Journal of Crop Breeding, 8(18): 119-125 (In Persian).
34. Tai, G.C.C. 1979. Analysis of genotype-environment interaction of potato yield. Crop Science, 19: 434-438.
35. Tai, G.C.C., D. Levy and W.K. Coleman. 1994. Path analysis of genotype-environment interactions of potatoes exposed to increasing warm-climate constraints. Euphytica, 75: 49-61.
36. Temesgen, T., G. Keneni, T. Sefera and M. Jarso. 2015. Yield stability and relationships among stability parameters in faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes. The Crop Journal, 3: 258-268.

37. Thenarasu, K. 1995. On certain non-parametric procedures for studying genotype-environment interactions and yield stability. Ph.D. Thesis. P. J. School, IARI, New Delhi.
38. Thomas, R.C., J.E. Grafius and S.K. Hahn. 1971. Stress: An analysis of its source and influence. *Heredity*, 27: 423-432.
39. Vaezi, B., A. Pour-Aboughadareh, A. Mehraban, T. Hossein-Pour, R. Mohammadi, M. Armion and M. Dorri. 2017. The use of parametric and non-parametric measures for selecting stable and adapted barley lines. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 64(5): 597-611.
40. Zali, H., O. Sofalian, T. Hasanloo, A. Asgharii and S.M. Hoseini. 2015. Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method. *Biological Forum – An International Journal*, 7(2): 703-711.
41. Zali, H., T. Hasanloo, O. Sofalian, A. Asghari and M. Zeinalabedini. 2016. Appropriate strategies for selection of drought tolerant genotypes in canola. *Journal of Crop Breeding*, 8(20): 77-90 (In Persian).
42. Zali, H. and A. Barati. 2020. Evaluation of selection index of ideal genotype (SIIG) in other to selection of barley promising lines with high yield and desirable agronomy traits. *Journal of Crop Breeding*, 12(34): 93-104 (In Persian).
43. Zarei, L., E. Farshadfar, R. Haghparast, R. Rajabi, M. Mohammadi Sarab Badieh and H. Zali. 2012. Comparison of different methods of stability evaluation in bread wheat genotypes under drought stress conditions. *Electronic Journal of Crop Breeding*, 5(3): 81-97 (In Persian).

Path Analysis of Genotype× Environment Interaction and Evaluation of Grain Yield Stability of Barley Promising Lines in Warm Zones

Ali Barati¹, Hassan Zali², Iraj Lakzadeh³, Shirali Koohkan⁴, Jabbar Jafarby⁵, Mehdi Jabari², Arash Hosseinpour⁶, Akbar Marzoghiyan³, Ahmad Gholipour⁵, Omid Poodineh⁴ and Masoome Kheirgo⁵

1- Assistant Prof., Seed and Plant Improvement Department, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

2- Assistant Prof. and Res. Instructor, Crop and Horticultural Science Research Department, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran (Corresponding author: HZali90@yahoo.com)

3- Res. Instructor and Assistant Prof., Crop and Horticultural Science Research Department, Khuzestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Ahvaz, Iran

4- Assistant Prof. and Res. Instructor, Crop and Horticultural Science Research Department, Sistan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Zabol, Iran

5- Assistant Prof. and Res. Instructor, Crop and Horticultural Science Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gonbad, Iran

6- Assistant Prof., Crop and Horticultural Science Research Department, Ardabil Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Moghan, Iran

Received: April 17, 2021

Accepted: May 19, 2021

Abstract

Evaluation of genotypes under multiple environments is the prerequisite for the development of stable and superior genotypes for sustainable barley production in different environmental conditions. In order to evaluate the yield stability and determine the portion of different morpho-phenologic traits in the interaction of genotype × environment in promising barley lines, 17 barley promising lines with three checks including Nimrooze/Sahra and Auxin cultivars and WB-94-3 line) were evaluated in two years (2017 – 2019) using RCBD with three replications in five stations of warm zone including Ahvaz, Darab, Zabol, Gonbad and Moghan. Stability analysis was performed using different nonparametric methods. The results of the nonparametric methods were integrated using selection index of ideal genotype (SIIG). The morpho-phenologic data were analyzed by path analysis model which is composed of a main effect and four multiplicative effects. The flowering time (X_1), maturity time (X_2), plant height (X_3), and 1000-kernel weight (X_4) were assumed to be sequential characters to justify grain yield productivity (Y) in barley. The results of analysis of variance of grain yield using parametric and non-parametric methods showed that the effect of genotype, environment and genotype × environment interaction was significant at the level of 1% probability. The results showed that based on the nonparametric methods (SIIG index), lines no. G10, G18, G19, G16 and G15 were stable lines and higher than average grain yield. The positive correlation of SIIG with genotypic components of flowering time (V_1) and 1000-kernal weight (V_4) indicated that the 1000-kernal weight and flowering time are the main contributor towards GE interaction for grain yield in warm zone barley.

Keywords: Nonparametric methods, SIIG index, Stability analysis



"مقاله پژوهشی"

ارزیابی تحمل به تنش خشکی در ارقام و لاین‌های پیشرفته گندم پاییزه

علی‌رضا خانی‌زاده^۱، وراهرام رشیدی^۲، علی‌رضا عیوضی^۳، ابراهیم خلیل‌وند بهروزیار^۴ و مهرداد یارنیا^۵

۱- دانشجوی دکترای اصلاح نباتات، گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد تبریز، دانشگاه آزاد اسلامی، تبریز، ایران
۲- دانشیار گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد تبریز، دانشگاه آزاد اسلامی، تبریز، ایران (نویسنده مسوول: rashidi.varahram@gmail.com)

۳- استادیار مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان آذربایجان غربی

۴- استادیار گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد تبریز، دانشگاه آزاد اسلامی، تبریز، ایران

۵- استاد گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد تبریز، دانشگاه آزاد اسلامی، تبریز، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۱۲/۳ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۳/۲۷

صفحه: ۱۹۳ تا ۲۰۹

چکیده

به منظور ارزیابی اثر تنش خشکی بر روی ۱۴ رقم و لاین پیشرفته گندم پاییزه و جهت تعیین تحمل نسبی آنها با استفاده از کارایی انتخاب شاخص‌های مختلف مقاومت به خشکی که در مراحل نهایی آزاد سازی بعنوان وارینه‌های گندم نان در مرکز تحقیقات استان آذربایجان غربی قرار داشتند؛ دو آزمایش جداگانه در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار تحت دو شرایط تنش و عدم تنش خشکی در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه آزاد اسلامی واحد تبریز طی سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶ انجام گردید. نتایج تجزیه واریانس مرکب نشان داد که تنش خشکی باعث کاهش معنی‌دار عملکرد دانه می‌گردد. در شرایط عدم تنش خشکی ژنوتیپ‌های ۴، ۱۲ و ۱۳ بیشترین عملکرد دانه را دارا بوده ولی در شرایط تنش خشکی اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر عملکرد دانه مشاهده نگردید. نتایج تجزیه همبستگی بین شاخص‌های تحمل به تنش و عملکرد دانه نشان داد که عملکرد دانه در شرایط تنش (Ys) با شاخص‌های STI، HARM و GMP دارای همبستگی مثبت و بسیار معنی‌دار بوده و این شاخص‌ها می‌توانند معیار مناسبی برای لاین‌های متحمل به خشکی باشند. همچنین نتایج حاصل از تجزیه به مولفه‌های اصلی نشان داد که این چهار شاخص بهترین شاخص‌ها جهت شناسایی ارقام متحمل به تنش بودند. در واقع این شاخص‌ها بهتر از سایر شاخص‌ها، ژنوتیپ‌های گروه A فرناندز را از سایر گروه‌ها مجزا ساختند. در تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس کلیه شاخص‌های تحمل به تنش خشکی در هر دو شرایط بدون تنش و تنش در ۳ گروه قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۱۱ و ۱۲ که بعنوان متحمل‌ترین ژنوتیپ‌های این آزمایش معرفی شدند به همراه چند ژنوتیپ دیگر در گروه دوم قرار داشته و این گروه از نظر اکثر شاخص‌های تحمل به تنش خشکی از میانگین بالاتری نسبت به میانگین کل برخوردار بودند. درصد انحراف از میانگین این گروه نسبت به دو گروه دیگر کمتر بود و نتایج سایر روش‌های مورد استفاده در این تحقیق را مورد تایید قرار داد. با در نظر گرفتن نتایج حاصل از بررسی مقدار عددی شاخص‌ها و همچنین همبستگی آنها با عملکرد دانه در شرایط عدم تنش و تنش شاخص‌های STI، MP، GMP و HARM بهترین شاخص‌های تحمل به تنش و ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۱۱ و ۱۲ بعنوان متحمل‌ترین ژنوتیپ‌های مورد تحقیق شناخته شدند.

واژه‌های کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، تنش خشکی، شاخص‌های مقاومت به خشکی، گندم نان

مقدمه

عملکرد و کیفیت نانوائی محصول را کاهش می‌دهد (۲۰). به گزارش فائو (۲۰۱۳) ۹۰ درصد کشور ایران در نواحی خشک و نیمه خشک واقع شده است. یکی از راه کارهای اساسی غلبه بر مشکلات ناشی از تنش، انتخاب ارقام مقاوم و اصلاح ژنوتیپ‌های سازگار می‌باشد (۶). در این راستا، روش‌های مختلفی برای انتخاب ارقام مقاوم به خشکی پیشنهاد گردیده است. بطوری‌که عده‌ای از محققین گزینش تحت شرایط عدم وجود تنش را برای بهبود تحمل و مقاومت نسبی پیشنهاد نموده‌اند (۲۸). سایر محققین انتخاب تحت شرایط تنش را مناسب تر دانسته‌اند (۲۹، ۱۳). در حالی که تعداد دیگری از محققین راه بینابین، یعنی انتخاب تحت شرایط عدم تنش و در عین حال شرایط تنش را پیشنهاد کرده‌اند (۸، ۱۰، ۱۱ و ۲۴). در این رابطه زبردی و همکاران (۳۳) به منظور ارزیابی تحمل به خشکی در ژنوتیپ‌های پیشرفته گندم دوروم و معتمدی و صفری (۲۵) در بررسی تحمل به تنش خشکی در برخی از ارقام گندم نان، آزمایش‌هایی را تحت دو شرایط بدون تنش و تنش خشکی

گندم یکی از مهم‌ترین محصولات زراعی و تامین‌کننده غذای اصلی حدود یک سوم از مردم جهان بوده و نقش بسیار مهمی در تامین امنیت غذایی انسان دارد، اما میزان تولید آن متأسفانه تحت تاثیر عوامل محیطی به ویژه تنش خشکی قرار گرفته است. (۱۴). با توجه به محدودیت ذخایر آب موجود در سراسر جهان باید سیاست‌های کشاورزی جهت افزایش تولید گندم نان، تدوین برنامه‌های استراتژیک در سطح جهان برای تحقیقات در زمینه این گیاه، تشویق سرمایه‌گذاری کارآمد در این جهت و توسعه ژنوتیپ‌های متحمل به شرایط تنش خشکی صورت بپذیرد (۱۲). تغییرات آب و هوایی منجر به خشکسالی در برخی کشورها شده است که باید با توسعه ارقام متحمل به خشکی، بهره‌وری تولید گندم نان افزایش یابد (۹). بنابراین ارزیابی عملکرد دانه گیاه، مهم‌ترین شاخص جهت شناسایی ارقام سازگار به محیط دارای تنش می‌باشد (۳۲). کمبود شدید آب موجب ایجاد تغییرات فیزیولوژیکی، متابولیکی و مورفولوژیکی قابل توجهی در گندم می‌شود و در نهایت

داشتند که شاخص‌های مذکور بهترین شاخص‌ها جهت شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در گندم دوروم هستند. نورمند موید و همکاران (۲۷) گزارش کردند که شاخص STI در یافتن ژنوتیپ‌های گندم نان که پتانسیل عملکرد بالایی داشته و متحمل به تنش می‌باشند از سایر شاخص‌های معرفی شده موفق‌تر است. کرمی و همکاران (۱۶) در بررسی شاخص‌های کمی مقاومت به خشکی در ارقام جو به این نتیجه رسیدند که سه شاخص MP، GMP و STI نسبت به دو شاخص TOL و SSI نتیجه مناسبی را ارائه می‌کنند. در تحقیقی دیگر که توسط صادق زاده اهری بر روی گندم دوروم (۳۱) انجام گرفت شاخص‌های MP، GMP و STI به عنوان بهترین شاخص‌ها جهت شناسایی ژنوتیپ‌های مقاوم توصیه گردید. همچنین محمدی و همکاران (۲۱) اظهار داشتند که ژنوتیپ‌های با میزان بالای شاخص‌های GMP و STI و میزان کم SSI به عنوان ژنوتیپ‌های متحمل شناخته شدند. با توجه به اهمیتی که گندم بعنوان یک محصول استراتژیک در کشورمان دارد و همچنین محدودیت‌های کم آبی و تنش خشکی که در سالیان اخیر کشورمان با آن درگیر می‌باشد، هدف از این تحقیق ارزیابی واکنش برخی از ارقام تجاری و تعدادی از لاین‌های پیشرفته اصلاحی گندم نان نسبت به تنش خشکی، شناسایی ارقام و لاین‌های متحمل و تعیین مناسب‌ترین شاخص‌های تحمل به خشکی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

به منظور ارزیابی اثر تنش خشکی بر روی رقم و لاین اصلاحی گندم نان و جهت تعیین میزان تحمل نسبی آنها با استفاده از تعدادی از شاخص‌های تحمل به خشکی، این تحقیق بصورت دو آزمایش جداگانه در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی هر کدام با سه تکرار تحت دو شرایط تنش و عدم تنش در سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶ در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه آزاد اسلامی واحد تبریز اجرا شد. ژنوتیپ‌های مورد آزمایش عبارت بودند از پنج رقم زراعی اوروم، زارع، میهن، حیدری، نوتا و ۹ لاین پیشرفته اصلاحی که در مراحل نهایی آزادسازی بعنوان ارقام سازگار در منطقه شمالغرب کشور بودند. پس از انجام عملیات آماده سازی زمین مورد آزمایش، ارقام و لاین‌ها بصورت ۴ خط ۶ متری با فاصله خطوط ۲۰ سانتی متری در ۲۴ ام مهرماه سال ۱۳۹۶ کشت شد. در هر دو آزمایش، دو ردیف کناری بعنوان حاشیه در نظر گرفته شد. عملکرد کل، از طریق برداشت کامل دو ردیف وسطی پس از حذف نیم متر از اول و آخر ردیف‌ها انجام پذیرفت. به منظور رشد گیاهچه‌ها در هر دو شرایط آزمایش، عمل آبیاری بصورت متداول، هفته‌ای یکبار پس از کاشت انجام گرفت. برای ایجاد شرایط تنش، آبیاری از زمان شروع مرحله سنبله دهی بطور کامل قطع گردید. آورده شده است. پس از استقرار کامل گندم‌های مورد آزمایش برای مبارزه با علف‌های هرز از سموم مربوطه و همچنین مبارزه دستی بصورت هفته‌ای یکبار استفاده گردید.

انجام دادند. آنها بر اساس نتایج تجزیه واریانس مرکب، اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه در هر دو شرایط محیطی (تنش و عدم تنش) مشاهده کردند. مجموعاً برای شناسایی ژنوتیپ‌های مقاوم چندین معیار پیشنهاد شده است، یکی از آنها انتخاب بر اساس شاخص‌های مقاوم به تنش خشکی است. بر این اساس ژنوتیپ‌های مقاوم انتخاب می‌شوند. فیشر و مورر (۱۱) با محاسبه شاخص شدت تنش^۱ (SSI) جهت تعیین میزان حساسیت ژنوتیپ‌ها به خشکی، شاخص حساسیت به خشکی را پیشنهاد کرده و اظهار داشتند که مقدار SSI کمتر از یک نشان‌دهنده مقاومت ژنوتیپ به خشکی است. شاخص تحمل به تنش^۲ (STI) توسط فرناندز (۱۰) معرفی گردید و بنام شاخص تحمل به تنش معروف است. هر چه مقدار STI بیشتر باشد نشان دهنده تحمل بیشتر نسبت به خشکی است و عملکرد بالقوه بیشتر است. این شاخص قادر به شناسایی ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و متحمل به خشکی است. شاخص بهره‌وری متوسط^۳ (MP) در سال ۱۹۸۱ توسط رزیل و هامبلین معرفی شد. ارقام متحمل‌تر دارای مقادیر بیشتر MP می‌باشند. شاخص میانگین هندسی بهره‌وری^۴ (GMP) توسط فرناندز (۱۰) به همراه شاخص STI معرفی شد. این شاخص حساسیت کمتری به مقادیر بسیار متفاوت Yp و Ys دارد و بیشتر بودن آن نشانه تحمل بیشتر به تنش است. همچنین شاخص میانگین هارمونیک^۵ (HARM) توسط فرناندز (۱۰) و شاخص تحمل نیز توسط رزیل و هامبلین (۳۰) توصیه گردید. فرناندز (۱۰) با بررسی عملکرد گیاه لوبیا در دو محیط تنش و بدون تنش، ژنوتیپ‌ها را از نظر واکنش به دو محیط در چهار گروه طبقه بندی کرد: گروه A (ژنوتیپ‌هایی که در هر دو محیط عملکرد بالایی داشتند) گروه B (ژنوتیپ‌هایی که فقط در محیط بدون تنش عملکرد بالایی دارند) گروه C (ژنوتیپ‌هایی که در محیط تنش عملکرد خوبی دارند) گروه D (ژنوتیپ‌هایی که در هر دو محیط عملکرد پایینی دارند). ژنوتیپ‌های گزینش شده بر اساس شاخص^۶ (TOL) در شرایط بدون تنش، عملکرد کم و در شرایط تنش، عملکرد نسبتاً زیادی دارند. شاخص مقاومت به خشکی^۷ (DI) توسط فرناندز (۱۰) برای تعیین ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا در هر دو شرایط تنش و عدم تنش بکار برده شد. برای انتخاب ارقام مقاوم یا حساس به خشکی بکار بردن یک شاخص به تنهایی مطلوب نیست بلکه بهتر است مقاومت ژنوتیپ‌ها با استفاده از چند شاخص ارزیابی گردد تا احتمال پیدا نمودن ژنوتیپ‌های ایده آل افزایش یابد. بی‌همتا و همکاران (۵) شاخص‌های STI، GMP، MP و TOL را برای شناسایی بهترین ژنوتیپ‌های گندم دوروم از لحاظ پاسخ به تنش خشکی استفاده کردند. محمدی و همکاران (۲۱) از میان شاخص‌های تحمل به خشکی MP، GMP، STI، TOL و HARM را جهت شناسایی ارقام متحمل به تنش خشکی معرفی کردند. خاکسار و همکاران (۱۷) نشان دادند که شاخص‌های HARM، MP و GMP دارای همبستگی مثبت و معنی‌داری با عملکرد دانه در شرایط دیم و آبیاری تکمیلی بودند و اظهار

1- Stress Susceptibility Index
5- Harmonic Index

2- Stress Tolerance Index
6- Tolerance Index

3- Mean productivity 4- Geometric Mean Index
7- Drought Resistance Index

در معادلات بالا \bar{Y}_p ، \bar{Y}_s و Y_p به ترتیب میانگین عملکرد در شرایط تنش و نرمال برای هر ژنوتیپ و عملکرد در شرایط تنش و نرمال برای کلیه ژنوتیپ‌ها می‌باشد. پس از محاسبه شاخص‌های مختلف، جهت تعیین بهترین شاخص تحمل به تنش، همبستگی بین عملکرد دانه در شرایط نرمال و تنش آبی (Y_p , Y_s) با شاخص‌های تحمل به تنش محاسبه گردید و شاخص‌هایی که همبستگی بالا و معنی‌داری با عملکرد دانه در هر دو شرایط را داشتند بعنوان بهترین شاخص معرفی شدند (۲۷). همچنین برای بررسی دقیق‌تر ارقام متحمل به تنش آبی از تجزیه به مولفه‌های اصلی برای شاخص‌های تحمل به تنش مورد آزمایش استفاده گردید و با توجه به روابط بین مولفه‌ها و شاخص‌های مورد اندازه‌گیری، نمودار بای پلات برای شناسایی ارقام نسبتاً متحمل ترسیم شد. با استفاده از تجزیه خوشه‌ای نیز ارقام و لاین‌های مورد آزمایش در گروه‌های جداگانه تفکیک شدند. در انتها، ارقام نسبتاً متحمل به تنش خشکی برای شرایط آب و هوایی منطقه شمالغرب ایران شناسایی شدند. جهت تجزیه و تحلیل داده‌ها از نرم‌افزارهای SPSS، EXCEL و Minitab استفاده شد.

نتایج و بحث

در این پژوهش، مهم‌ترین متغیر مورد اندازه‌گیری، عملکرد دانه در واحد سطح در دو شرایط نرمال (Y_p) و تنش آبی (Y_s) بود که با اندازه‌گیری آن میزان تغییرات برای هر لاین و رقم و شاخص‌های مختلف تحمل به تنش آبی محاسبه شد. شدت تنش (SI) در این آزمایش معادل ۰/۳۰ بود (۱۱).

درصد تغییرات عملکرد برای ارقام و لاین‌های مورد آزمایش

نتایج نشان داد (جدول ۱) که از نظر معیار درصد تغییرات عملکرد، ژنوتیپ شماره ۳ با ۷/۴۴ درصد و ژنوتیپ شماره ۹ با ۱۴/۱۲ درصد دارای کمترین درصد تغییر و ژنوتیپ شماره ۱۲ با ۳۹/۲۶ درصد و ژنوتیپ شماره ۴ با ۳۹/۰۷ دارای بیشترین درصد تغییرات عملکرد بودند و سایر ژنوتیپ‌های مورد آزمایش در بین این دو گروه قرار گرفتند. بنابراین بر اساس معیار درصد تغییرات می‌توان دو ژنوتیپ اول را متحمل به تنش کم آبی و دو ژنوتیپ دیگر را بعنوان حساس به تنش و سایر ژنوتیپ‌های مورد آزمایش را نیمه متحمل نام‌گذاری نمود. چوگان و همکاران (۷) و محمدی و همکاران (۲۱) نیز، معیار درصد تغییرات عملکرد را جهت شناسایی ارقام با تحمل نسبی پیشنهاد نموده‌اند.

تجزیه واریانس مرکب

تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه در دو شرایط عدم وجود تنش و تنش خشکی نشان داد که محیط و همچنین تفاوت بین ژنوتیپ‌ها در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار می‌باشد (جدول ۲). میانگین عملکرد دانه برای کلیه ژنوتیپ‌ها در شرایط عدم تنش و تنش خشکی به ترتیب ۵۶۶۸ و ۳۹۷۰ گرم بر واحد سطح (۶ متر مربع) بود. تنش خشکی موجب کاهش ۳۰ درصد از عملکرد دانه در مقایسه با شرایط عدم تنش گردید. اثر متقابل ژنوتیپ در محیط غیرمعنی‌دار بود که

پس از محاسبه عملکرد گیاهان تحت آزمایش، شاخص درصد تغییرات عملکرد هر رقم و لاین با استفاده از فرمول زیر محاسبه گردید:

$$\text{درصد تغییرات عملکرد هر رقم} = \left[\frac{\text{عملکرد عدم تنش} - \text{عملکرد تنش}}{\text{عملکرد عدم تنش}} \right] \times 100$$

تجزیه‌های آماری از جمله تجزیه واریانس مرکب برای دو شرایط عدم تنش و تنش خشکی و همچنین تجزیه واریانس جداگانه برای هر دو آزمایش انجام گرفت. قبل از انجام تجزیه‌های واریانس ابتدا نرمال بودن داده‌ها با استفاده از آزمون‌های کولموگروف-اسمیرنوف و شاپیرو-ویک و همگنی واریانس از طریق آزمون بارتلت بررسی شد. برای مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها از آزمون LSD استفاده شد و جهت اجتناب از استفاده از کدهای حرفی تنها به اشاره به مقدار LSD در پایین جداول مقایسه میانگین اکتفا گردید. برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها از نظر تحمل و یا حساسیت به تنش، شاخص‌های زیر با استفاده از عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها در شرایط عدم تنش و تنش خشکی محاسبه گردید.

۱- شاخص حساسیت به تنش (SSI):

$$SI = 1 - \frac{\bar{Y}_s}{\bar{Y}_p} \quad SSI = \frac{1 - \frac{Y_s}{Y_p}}{SI}$$

۲- شاخص تحمل به تنش (STI):

$$STI = \frac{(Y_s \times Y_p)}{(\bar{Y}_p)^2}$$

۳- شاخص تحمل (TOL):

$$TOL = Y_p - Y_s$$

۴- شاخص بهره‌وری (MP):

$$MP = \frac{(Y_p + Y_s)}{2}$$

۵- شاخص میانگین هارمونیک (HARM):

$$HARM = \frac{(Y_p \times Y_s)}{(Y_p + Y_s)}$$

۶- شاخص میانگین هندسی (GMP):

$$GMP = \sqrt{(Y_p \times Y_s)}$$

۷- شاخص درصد حساسیت به تنش (SSPI):

$$SSPI = \left[\frac{(Y_p - Y_s)}{2(\bar{Y}_p)} \right] \times 100$$

۸- شاخص خشکی نسبی (RDI):

$$RDI = \frac{\left(\frac{Y_s}{\bar{Y}_p} \right)}{\left(\frac{\bar{Y}_s}{\bar{Y}_p} \right)}$$

۹- شاخص میزان محصول محیط غیر تنش به تنش (SNPI):

$$SNPI = \left[\sqrt[3]{\frac{(Y_p + Y_s)}{(Y_p - Y_s)}} \right] \times \left[\sqrt[3]{\bar{Y}_p \times Y_s \times Y_p} \right]$$

تحت تنش خشکی برای اثر متقابل تنش و کلیه صفات مورد بررسی گزارش نمودند. در آزمایش آنها عملکرد دانه معنی‌دار بود که نشان‌دهنده واکنش‌های متفاوت ارقام تحت تنش خشکی می باشد. تجزیه واریانس جداگانه نیز نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها اختلاف بسیار معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد در شرایط عدم تنش وجود داشت ولی در شرایط تنش خشکی اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها مشاهده نشد. علت عدم معنی‌دار بودن اثر متقابل محیط و ژنوتیپ‌ها در این آزمایش احتمالاً به شدت تنش مربوط می باشد که ممکن است با بارندگی ناخواسته تعدیل گردیده باشد.

نشانگر پاسخ مشابه ژنوتیپ‌ها به هر دو محیط می باشد. عبارت بهتر عملکرد ژنوتیپ‌ها در شرایط تنش خشکی کاهش یافته و در شرایطی که میزان آب کافی به آنها رسیده است از عملکرد بالاتری برخوردار بوده‌اند. زبرجدی و همکاران (۳۳) و معتمدی و صفری (۲۵) نیز اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه در هر دو شرایط محیطی (تنش و عدم تنش خشکی) مشاهده کردند. نقوی و همکاران (۲۶) در ارزیابی ارقام گندم بهاره از نظر صفات فیزیولوژیک، مورفولوژیک و زراعی تحت تنش خشکی تفاوت معنی‌داری را بین ارقام مشاهده نمودند. آنها همچنین تفاوت معنی‌داری،

جدول ۱- درصد تغییرات عملکرد دانه در دو شرایط عدم تنش و تنش آبی برای ارقام و لاین‌های مختلف مورد آزمایش

Table 1. Percentage of grain yield changes in two conditions of no stress and water stress for different genotypes

ژنوتیپ‌ها	عملکرد در شرایط بدون تنش	عملکرد در شرایط تنش خشکی	درصد تغییرات عملکرد دانه
Oroum	۴۷۷۶	۳۲۷۸	۳۱/۲۷
Zareh	۶۱۲۸	۴۰۹۰	۳۳/۲۶
Mihan	۵۱۲۳	۴۷۴۲	۷/۴۴
Haydari	۷۴۸۹	۴۵۶۳	۳۹/۰۷
Alvd/Bezostaya/3/Alvd//SW89.3064/Borl 95	۵۶۹۲	۴۰۳۹	۲۹/۰۴
CMH82A.678//Yaco/2*Parus/3/2*Alvd	۴۹۶۷	۳۵۴۱	۲۸/۷۱
Pishtaz/MV17	۵۵۳۷	۳۶۱۳	۳۴/۶۳
Rsk/CA8055//Cham6/7/362K2.111/6/Nkt...	۴۸۲۲	۳۴۸۸	۲۷/۶۶
Nota	۴۵۵۴	۳۹۱۱	۱۴/۱۲
Ji5418/Maras//Shark/F4105W2.1	۶۰۸۶	۳۸۸۰	۳۶/۲۵
Charger/OWL 85224*-3H-*O-*HOH//Alvd	۵۹۸۰	۴۳۷۰	۲۶/۹۲
Shark-1/3/Agri/Bjy//Vee/4/Shark/F4105W2.1	۷۱۳۰	۴۳۳۱	۳۹/۲۶
Bluegil-2/Bucur//Sirena	۶۱۶۶	۴۱۵۹	۳۲/۵۵
Or2071681	۴۹۱۰	۳۵۷۳	۲۷/۲۳

۷۱۳۰ و ۶۰۸۶ گرم در واحد سطح دارای بیشترین عملکرد دانه بوده و ژنوتیپ‌های شماره ۱ و ۹ به ترتیب با ۴۷۷۶ و ۴۵۵۴ گرم بر واحد سطح دارای کمترین میزان عملکرد دانه بودند. در شرایط تنش خشکی اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها در سطح احتمال ۵ درصد مشاهده نگردید. علت این امر را می‌توان پاسخ یکنواخت ژنوتیپ‌های مورد مطالعه به شرایط کمبود آب ذکر نمود.

مقایسه میانگین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر عملکرد دانه

بعلت عدم معنی‌دار شدن اثر متقابل محیط در ژنوتیپ و جهت انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها به تفکیک شرایط عدم تنش و تنش خشکی با استفاده از آزمون LSD در سطح احتمال ۵ درصد انجام گرفت (جدول ۴). نتایج حاصل نشان داد که در شرایط عدم تنش ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۱۲ و ۱۰ به ترتیب با ۷۴۸۹،

جدول ۲- تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه برای ارقام و لاین‌های مختلف تحت شرایط نرمال و تنش خشکی

Table 2. Combined analysis of variance of grain yield

میانگین مربعات	درجه آزادی	منابع تغییرات
۶۰۵۵۰۶۸۰/۰۵**	۱	محیط
۱۶۵۹۵۰۴/۳۳	۴	تکرار X محیط
۲۲۰۸۷۵۴/۳۰**	۱۳	ژنوتیپ
۷۴۶۲۰۹/۵۶ ^{ns}	۱۳	ژنوتیپ X محیط
۵۵۲۸۹۸/۶۸	۵۲	خطای آزمایش
۱۵/۴۳	---	ضریب تغییرات %

^{ns}: عدم اختلاف معنی‌دار *: اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد **: اختلاف بسیار معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد

جدول ۳- تجزیه واریانس عملکرد دانه برای ارقام و لاین‌های مختلف به تفکیک شرایط آزمایش (نرمال و تنش خشکی)
Table 3. Analysis of variance of grain yield by test conditions (normal and drought stress)

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات (عدم تنش)	میانگین مربعات (تنش خشکی)
بلوک	۲	۱۶۹۹۷۶/۶۰ ^{ns}	۱۶۱۹۰۳۲/۰۷*
ژنوتیپ	۱۳	۲۳۸۱۶۵۹/۷۳**	۵۷۳۳۰۴/۱۳ ^{ns}
خطای آزمایش	۲۶	۷۴۴۰۰۴/۰۰	۳۶۱۷۹۲/۳۵
ضریب تغییرات %	-----	۱۵/۲۲	۱۵/۱۵
ns: عدم اختلاف معنی‌دار	*: اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد	**: اختلاف بسیار معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد	

و لاین‌های انتخابی بودند لاین‌های انتخابی در آستانه آزاد سازی بعنوان ارقام جدید و پر محصول و همچنین متحمل به شرایط تنش در منطقه می‌باشند. دلیل دوم برای این موضوع نیز بارندگی غیر متعارف در زمان اجرای آزمایش و اعمال تنش خشکی در محل انجام آزمایش می‌تواند باشد که ممکن است موجب اختلال در اعمال تنش خشکی در این تحقیق است.

با توجه به جدول تجزیه واریانس (جدول ۳) در شرایط تنش اختلاف معنی‌داری از لحاظ عملکرد دانه مشاهده نشد و همچنین با در نظر گرفتن مقایسه میانگین صفت عملکرد دانه (جدول ۴) اکثر ارقام در شرایط عدم تنش از میانگین عملکرد دانه غیر معنی‌داری برخوردار بودند. دلیل این امر را می‌توان گزینش ژنوتیپ‌های موجود در این تحقیق از یک کار اصلاحی وسیع در مورد گندم نان در منطقه شمال غرب کشور بر شمرد که همگی ارقام و لاین‌های موجود جزو بهترین ارقام

جدول ۴- مقایسه میانگین عملکرد دانه برای ارقام و لاین‌های مختلف در شرایط عدم تنش و تنش
Table 4. Comparison of average grain yield under non-stress and stress conditions

ژنوتیپ	کد ژنوتیپ	عملکرد دانه (عدم تنش) (gr/ 6m ²)	عملکرد دانه (تنش) (gr/ 6m ²)
Oroum	۱	۴۷۷۶	۳۲۷۸
Zareh	۲	۶۱۲۸	۴۰۹۰
Mihan	۳	۵۱۲۳	۴۷۴۲
Haydari	۴	۷۴۸۹	۴۵۶۳
Alvd/Bezostaya/3/Alvd/SW89.3064/Bor1 95	۵	۵۶۹۲	۴۰۳۹
CMH82A.678//Yaco/2*Parus/3/2*Alvd	۶	۴۹۶۷	۳۵۴۱
Pishtaz/MV17	۷	۵۵۲۷	۳۶۱۳
Rsk/CA8055//Cham6/7/362K2.111/6/Nkt...	۸	۴۸۲۲	۳۴۸۸
Nota	۹	۴۵۵۴	۳۹۱۱
Ji5418/Maras//Shark/F4105W2.1	۱۰	۶۰۸۶	۳۸۸۰
Charger/OWL 85224*-3H-*O-*HOH//Alvd	۱۱	۵۹۸۰	۴۳۷۰
Shark-1/3/Agri/Bjy//Vee/4/Shark/F4105W2.1	۱۲	۷۱۳۰	۴۳۳۱
Bluegil-2/Bucur//Sirena	۱۳	۶۱۶۶	۴۱۵۹
Or2071681	۱۴	۴۹۱۰	۳۵۷۳
LSD 5%	-	۱۴۴۸	۱۰۱۰

معنی‌دار با عملکرد دانه در شرایط نرمال داشت. با توجه به ضریب همبستگی ساده بین عملکرد دانه در دو شرایط عدم تنش و تنش با شاخص‌های مختلف تحمل به تنش مشخص می‌گردد که می‌توان از شاخص‌های STI، HM و GMP برای شناسایی ارقام و لاین‌های متحمل به خشکی در هر دو شرایط عدم تنش و تنش و همچنین از شاخص MP جهت شناسایی ارقام و لاین‌های متحمل به تنش در شرایط عدم تنش خشکی استفاده نمود. خاکسار و همکاران (۱۷) نشان دادند که شاخص‌های HARM، MP، GMP دارای همبستگی مثبت و معنی‌داری با عملکرد دانه در شرایط دیم و آبیاری تکمیلی بودند و بیان داشتند شاخص‌های مذکور بهترین شاخص‌ها برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر هستند. بی‌همتا و همکاران (۵) از شاخص‌های STI، GMP، MP و TOL برای شناسایی برترین ژنوتیپ‌ها از لحاظ پاسخ به تنش خشکی استفاده کردند در حالیکه موسوی و همکاران (۲۴) مطلوبترین شاخص جهت انتخاب ژنوتیپ‌های گروه A را شاخص SNPI معرفی نمودند. مجیدی و همکاران (۱۹)

ضریب همبستگی ساده بین شاخص‌های مختلف و عملکرد دانه تحت دو شرایط نرمال و تنش خشکی

طبق نظر فرناندز (۱۰) ژنوتیپ‌ها بر اساس عملکردشان در محیط‌های بدون تنش و تنش دار به چهار گروه تقسیم می‌شوند. لذا برای تعیین بهترین شاخص، همبستگی بین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های مورد آزمایش تحت دو شرایط عدم تنش و تنش کم آبی با شاخص‌های تحمل به تنش محاسبه گردید (جدول ۵). نتایج نشان داد که بین عملکرد دانه در شرایط عدم تنش و تنش خشکی همبستگی مثبت و معنی‌داری وجود دارد. یعنی ژنوتیپ‌های دارای عملکرد زیاد در شرایط عدم تنش می‌توانند عملکرد خوبی در شرایط تنش خشکی نیز از خود بروز دهند. همچنین نتایج نشان می‌دهد که بین شاخص‌های تحمل به تنش کم آبی با عملکرد دانه در شرایط عدم تنش و تنش همبستگی‌های معنی‌داری مشاهده می‌گردد بطوری که شاخص‌های STI، HM و GMP همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری با عملکرد دانه در هر دو شرایط عدم تنش و تنش دارند؛ شاخص RDI همبستگی منفی و بسیار

با این حال، هیچ یک از شاخص‌ها به وضوح نمی‌تواند ژنوتیپ‌های پر بازده را تحت شرایط عدم تنش و تنش مشخص کند. باید توجه داشت که هر یک از شاخص‌های تحمل به خشکی دارای اشکالاتی در تعیین نمودن متحمل‌ترین ارقام به تنش خشکی هستند لذا در تعیین بهترین رقم بر اساس هر کدام از این شاخص‌ها باید توجه ویژه ای مبذول داشت.

همبستگی مثبت و معنی‌داری را بین شاخص‌های Yp و TOL، MP، GMP، STI و همچنین SSI گزارش کردند. آنها همچنین دریافتند که همبستگی قابل توجهی بین Ys و GMP و STI وجود دارد که نشان می‌دهد که انتخاب بر اساس این شاخص‌ها ممکن است باعث افزایش عملکرد در شرایط تنش و عدم تنش شود. تحت تنش شدید، TOL، YSI و SSI برای تفکیک ژنوتیپ‌های متحمل مفیدتر بودند،

جدول ۵- همبستگی بین شاخص‌های تحمل به تنش خشکی و عملکرد دانه تحت دو شرایط تنش و عدم تنش خشکی
Table 5. Correlation between water stress resistance indices and grain yield under both stress and non-stress conditions

	Yp	Ys	SSI	STI	TOL	MP	HM	GMP	SSPI	RDI	SNPI
Ys	۰/۶۲*	۱									
SSI	۰/۶۵*	-۰/۱۷	۱								
STI	۰/۹۴**	۰/۸۴**	۰/۳۸	۱							
TOL	۰/۸۷**	-۰/۰۴	۰/۹۴**	۰/۶۸**	۱						
MP	۰/۹۶**	۰/۱۷	۰/۴۲	۰/۹۹**	۰/۷۰**	۱					
HM	۰/۹۱**	۰/۸۲**	۰/۳۱	۰/۹۹**	۰/۶۱*	۰/۹۹**	۱				
GMP	۰/۹۴**	۰/۸۹**	۰/۳۷	۰/۹۹**	۰/۶۶*	۰/۹۹**	۰/۹۹**	۱			
SSPI	۰/۸۷**	۰/۱۷	۰/۹۴**	۰/۶۸**	۱/۰۰**	۰/۷۰**	۰/۶۱*	۰/۶۶*	۱		
RDI	-۰/۶۵**	۰/۱۷	-۱/۰۰**	-۰/۳۸	-۰/۹۴**	-۰/۴۲	-۰/۳۱	-۰/۳۷	-۰/۹۴**	۱	
SNPI	-۰/۰۶	۰/۴۰	-۰/۴۴	۰/۱۱	-۰/۳۲	۰/۱۰	۰/۱۶	۰/۱۳	-۰/۳۲	۰/۴۴	۱

***: اختلاف بسیار معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد

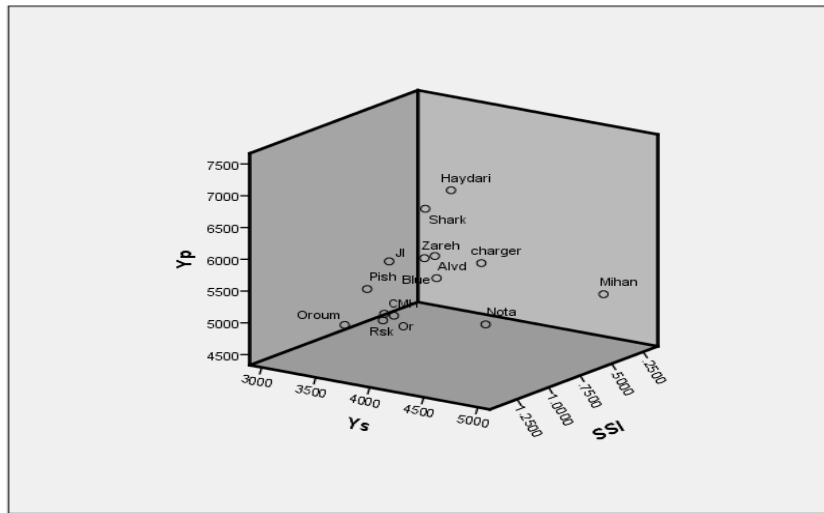
**: اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد

ns: عدم اختلاف معنی‌دار

گروه C را ندارد (۱۱) بطوری که در گروه A کاهش مقدار SSI به خاطر افزایش عملکرد دانه در هر دو شرایط عدم تنش و تنش می‌باشد. در حالیکه علت این کاهش در گروه C بعلت زیاد بودن مقدار نسبی محصول در شرایط تنش نسبت به شرایط عدم تنش می‌باشد. (۲۸). با توجه به مقدار شاخص SSI و همچنین درصد تغییرات عملکرد دانه (جدول ۱) ژنوتیپ شماره ۱۱ بعنوان ژنوتیپ متحمل به تنش خشکی و همچنین کمترین درصد تغییرات عملکرد دانه انتخاب شد. از طریق شاخص TOL، ژنوتیپ‌هایی با عملکرد دانه کم در شرایط تنش ولی عملکرد تقریباً متوسط به بالا در شرایط عدم تنش انتخاب می‌گردند (شکل ۲). با استفاده از این شاخص ژنوتیپ‌های شماره ۳، ۸ و ۹ انتخاب و هر سه از درصد تغییرات عملکرد کمی برخوردار هستند. این شاخص نیز همانند شاخص SSI دارای نقص تمایز گروه A از C می‌باشد (۱۱). در نتیجه با استفاده از این شاخص ژنوتیپ‌هایی در این تحقیق انتخاب می‌شوند که از عملکرد مطلوبی در شرایط عدم تنش و تنش برخوردار نمی‌باشند و نمی‌توان به تغییرات کم درصد عملکرد دانه آنها توجه داشت.

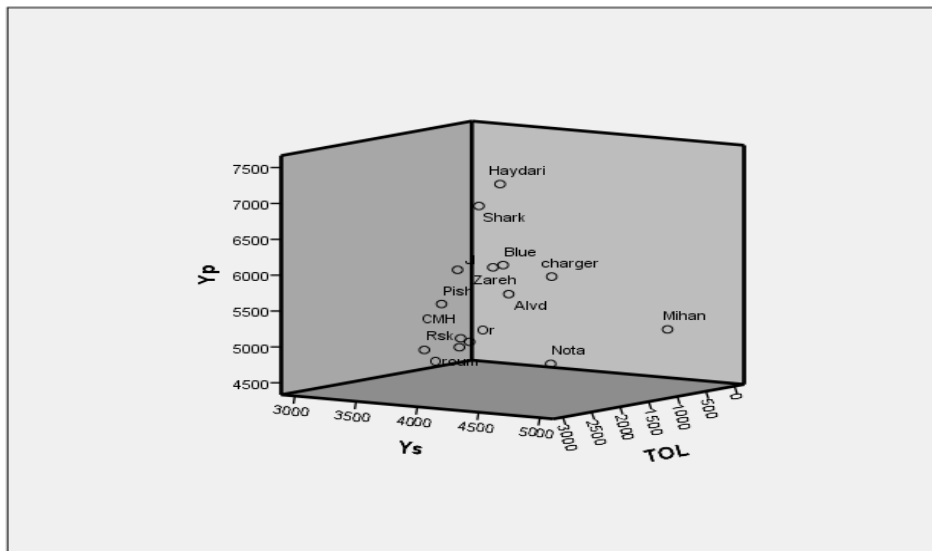
تعیین ارقام متحمل با استفاده از مقدار عددی شاخص‌های تحمل به خشکی

در جدول ۶ مقادیر عملکرد دانه در شرایط عدم تنش و تنش و همچنین مقادیر شاخص‌های تحمل به خشکی به همراه رتبه‌بندی آنها نشان داده شده است. با توجه به داده‌های جدول، ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۱۰ و ۱۲ دارای بیشترین عملکرد دانه در شرایط عدم تنش و ژنوتیپ‌های شماره ۳، ۴ و ۱۲ دارای بیشترین میزان عملکرد دانه در شرایط تنش خشکی بودند. با استفاده از این شاخص ژنوتیپ‌های شماره ۳، ۹ و ۱۱ بعنوان ژنوتیپ‌های دارای تحمل به تنش خشکی انتخاب شدند. از بین این ژنوتیپ‌ها تنها ژنوتیپ شماره ۱۱ دارای عملکرد نسبتاً بالا در شرایط عدم تنش برخوردار بود. شاخص SSI ژنوتیپ‌هایی با مقدار عملکرد نسبتاً کم در شرایط عدم تنش اما دارای عملکرد تقریباً زیاد (نسبت به سایر ارقام) در شرایط تنش را انتخاب نموده است (شکل ۱). مقدار کمتر این شاخص نشانگر تحمل بیشتر یک ژنوتیپ نسبت به تنش خشکی می‌باشد. مهمترین اشکال این شاخص این است که توانایی تفکیک گروه A از



شکل ۱- نمودار سه بعدی تعیین ژنوتیپ‌های متحمل به تنش با استفاده از شاخص SSI

Figure 1. Three-dimensional chart Determination of drought stress tolerant genotypes using indices of SSI



شکل ۲- نمودار سه بعدی تعیین ژنوتیپ‌های متحمل به تنش با استفاده از شاخص TOL

Figure 2. Three-dimensional chart Determination of drought stress tolerant genotypes using indices of TOL

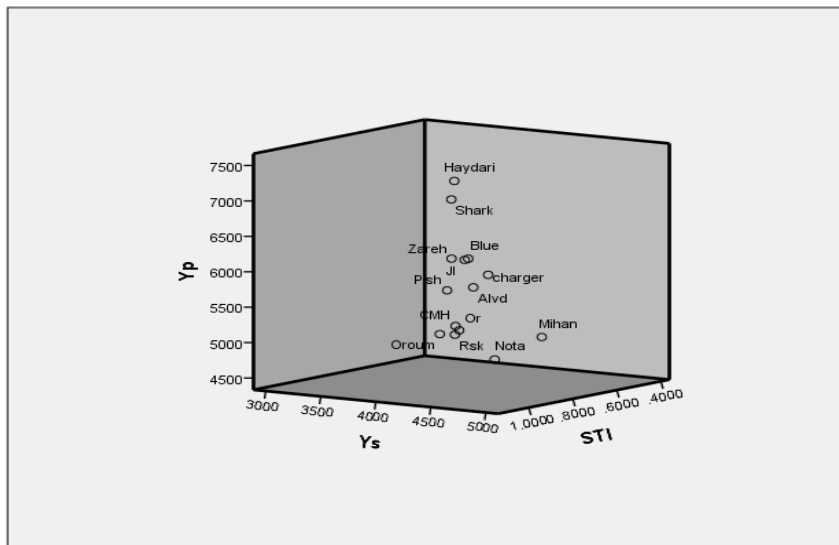
دانه ارقام در هر دو شرایط عدم تنش و تنش مورد محاسبه قرار می‌گیرند. با توجه به همبستگی مثبت و بسیار معنی‌دار بین شاخص STI با شاخص‌های مربوطه یعنی MP و HARM و همانگونه که انتظار می‌رفت ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۱۱ و ۱۲ بعنوان بهترین ژنوتیپ‌های متحمل به خشکی با استفاده از شاخص‌های مربوط به میانگین انتخاب می‌شوند (شکل ۴). SSPI شاخص جدیدی است که تحمل نسبی ژنوتیپ‌ها به تنش خشکی را محاسبه می‌کند. ماهیت این شاخص بر اساس مکانیسم بقای یک ژنوتیپ در شرایط تنش خشکی می‌باشد با عدم توجه به اینکه این ژنوتیپ عملکرد دانه زیاد و یا کمی در هر دو شرایط عدم تنش و تنش داشته باشد. با استفاده از این شاخص ژنوتیپ‌هایی با درصد تغییرات عملکرد کم مورد انتخاب قرار می‌گیرند (۲۸) با تکیه بر این شاخص ژنوتیپ‌های شماره ۳، ۸ و ۹ با کمترین میزان

با توجه به مقدار عددی شاخص STI (جدول ۶) ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۱۱ و ۱۲ بعنوان برترین ژنوتیپ‌های متحمل به شوری در این تحقیق انتخاب می‌گردند. بر اساس جدول مربوطه و همچنین نمودار سه بعدی (شکل ۳) ژنوتیپ‌های انتخابی توسط این شاخص دارای بیشترین عملکرد دانه در شرایط عدم تنش بوده و از نظر میانگین عملکرد دانه در شرایط تنش نیز با یکدیگر تفاوت معنی‌داری نشان نمی‌دهند. علی و همکاران (۱) با بررسی شاخص‌های تحمل به تنش خشکی بر روی ۴۹ لاین گندم نشان دادند که شاخص STI به همراه شاخص‌های MP و GMP بهترین شاخص‌های تعیین لاین‌های گندم برای تحمل نسبی به تنش خشکی می‌باشند.

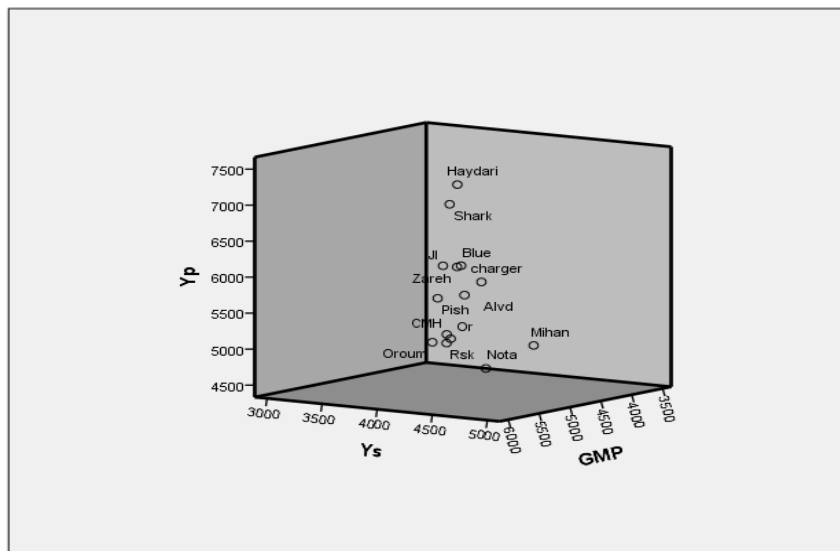
شاخص‌های MP، GMP و HARM از شاخص‌های قدیمی و معتبر می‌باشند که همگی بر اساس میانگین عملکرد

این شاخص جهت انتخاب ارقامی با تحمل نسبی بالا توسط موسوی و همکاران (۲۴) نیز معرفی گردیده‌اند. با توجه به مقدار شاخص RDI (جدول ۶) ژنوتیپ‌های شماره ۳ و ۹ بعنوان متحمل‌ترین ارقام و لاین‌ها تعیین می‌گردند که دارای کمترین درصد تغییرات عملکرد نیز می‌باشند ولی هر دو این ژنوتیپ‌ها از عملکرد دانه مناسبی در هیچ یک از شرایط این آزمایش نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برخوردار نبوده و قابل معرفی بعنوان ژنوتیپ‌های برتر و متحمل به تنش خشکی نمی‌باشند.

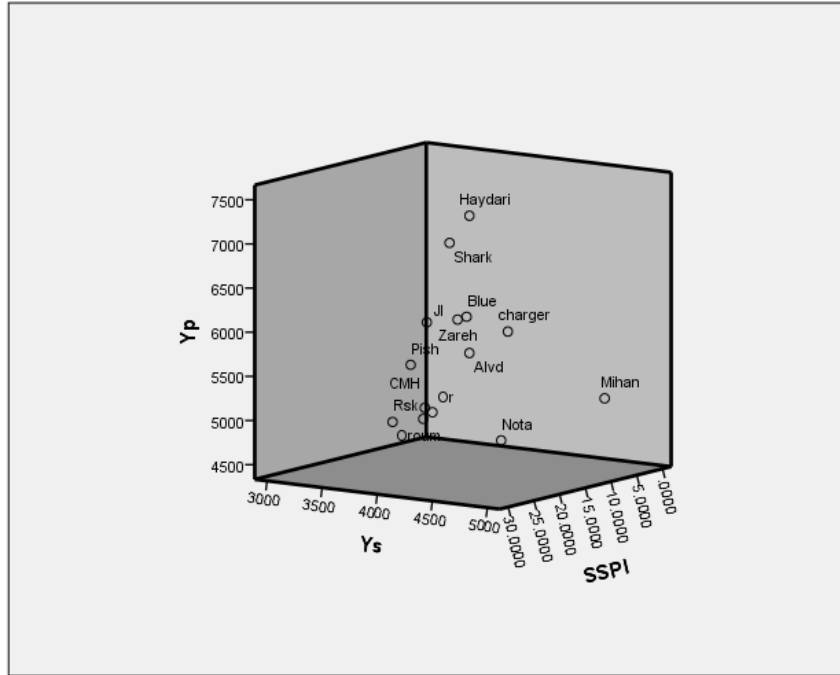
درصد تغییرات عملکرد بعنوان متحمل‌ترین ژنوتیپ‌ها در این تحقیق معرفی می‌شوند (شکل ۵). همان گونه که در جدول ۱ مشخص می‌باشد ژنوتیپ‌های انتخابی توسط این شاخص همگی از درصد تغییرات عملکرد مناسبی برخوردار بوده‌اند ولی همانگونه که انتظار می‌رفت این ژنوتیپ‌ها از عملکرد دانه مناسبی در شرایط عدم تنش و تنش خشکی برخوردار نبوده و تنها دلیل انتخاب شدن آنها توسط شاخص جدید SSPI بقای بهتر آنها در شرایط تنش خشکی بوده و نمی‌توان در این تحقیق از این ژنوتیپ‌ها بعنوان ژنوتیپ‌های برتر استفاده نمود.



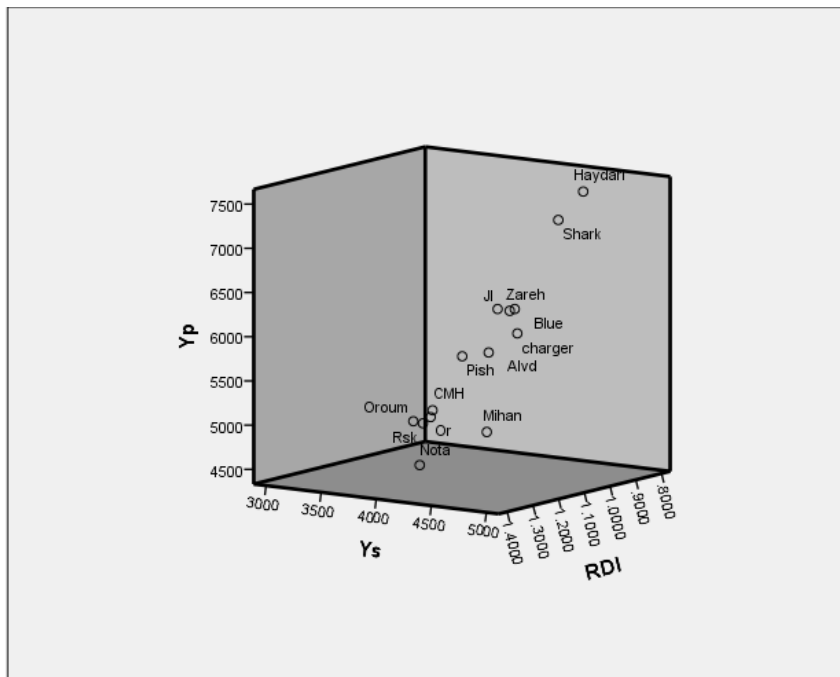
شکل ۳- نمودار سه بعدی تعیین ژنوتیپ‌های متحمل به تنش با STI با استفاده از شاخص
Figure 3. Three-dimensional chart Determination of drought stress tolerant genotypes using indices of STI



شکل ۴- نمودار سه بعدی تعیین ژنوتیپ‌های متحمل به تنش با استفاده از شاخص GMP
Figure 4. Three-dimensional diagram of determination of genotypes tolerant to drought stress using of GMP index



شکل ۵- نمودار سه بعدی تعیین ژنوتیپ‌های متحمل به تنش با استفاده از شاخص SSPI
Figure 5. Three-dimensional chart determination of genotypes tolerant to drought stress using the index of SSPI



شکل ۶- نمودار سه بعدی تعیین ژنوتیپ‌های متحمل به تنش با استفاده از شاخص RDI
Figure 6. Three-dimensional diagram of determination of genotypes tolerant to drought stress using the index of RDI

همچنین کمترین تغییرات درصد عملکرد دانه را نیز به خود اختصاص دادند. شاخص‌های تحمل به خشکی STI، MP، HARM و GMP نیز مناسبترین شاخص‌های تحمل به تنش خشکی در این آزمایش انتخاب شدند. سایر شاخص‌های مورد استفاده در این تحقیق از کارایی مناسبی برای انتخاب مناسب‌ترین ژنوتیپ‌های متحمل به خشکی برخوردار نبودند.

با در نظر گرفتن کلیه عوامل و شاخص‌های تحمل به تنش می‌توان در مورد ارقام و لاین‌های متحمل و حساس تصمیم‌گیری نمود. ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۱۱ و ۱۲ بعنوان متحمل‌ترین ارقام و لاین‌های مورد آزمایش انتخاب گردیده و دارای بیشترین عملکرد دانه در شرایط عدم تنش خشکی و همچنین عملکرد دانه بالا در شرایط تنش کم آبی بودند و

تعیین ارقام متحمل با استفاده از تجزیه به مولفه‌های اصلی

تجزیه به مولفه‌های اصلی نشان داد (جدول ۷) که بیشترین واریانس در میان داده‌ها توسط دو مولفه اول توجیه می‌شود، بنحوی که مولفه اول به تنهایی بیشتر از ۶۶ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه نمود. مولفه دوم نیز حدود ۲۸ درصد از تغییرات کل را توجیه کرد. بر اساس داده‌های جدول ۷، مولفه اول با شاخص‌های STI، GMP و HARM همچنین عملکرد دانه در شرایط عدم تنش همبستگی مثبت و معنی‌داری دارد که می‌توان این مولفه را "مولفه مقاومت به تنش خشکی" نامید یعنی هر چقدر مقدار این مولفه بیشتر باشد مطلوب‌تر می‌باشد. با توجه به اینکه مولفه دوم با شاخص‌های SSI همبستگی منفی و معنی‌داری و با عملکرد در شرایط تنش و با شاخص SNPI همبستگی مثبت و معنی‌داری دارد می‌توان این مولفه را "مولفه حساسیت به تنش" نامید یعنی هر قدر مقدار این مولفه کمتر باشد نشان‌دهنده حساسیت کمتر نسبت به تنش خشکی است با در نظر گرفتن رابطه بین مولفه‌ها و شاخص‌های مورد بررسی مقادیر بالاتر مولفه اول بعلاوه اینکه درصد بیشتری از تغییرات را توجیه می‌نماید و مقدار مولفه دوم کمتر مد نظر قرار می‌گیرند. از این رو ناحیه ۱ نمودار بای پلات (شکل ۷) بهترین ناحیه نمودار بوده و ژنوتیپ‌ها و همچنین شاخص‌هایی که در این ناحیه قرار می‌گیرند بعنوان مطلوب‌ترین ارقام و لاین‌ها معرفی می‌شوند. بنابراین مطابق نتایج شکل بای پلات، ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۱۱ و ۱۲ بعنوان متحمل‌ترین ارقام و لاین‌های مورد مطالعه در این تحقیق معرفی می‌شوند. و همچنین شاخص‌های STI، GMP و HARM بعنوان برترین شاخص‌های مورد بررسی انتخاب شدند. نتایج حاصل از تجزیه به مولفه‌های اصلی کاملاً در راستای نتایج حاصل از بررسی ارقام و شاخص‌ها بر اساس اعداد مربوطه در این تحقیق قرار گرفتند. نتایج حاصل از تحقیقات محمدنیا و همکاران (۲۳) با استفاده از تحلیل عاملی نشان داد که ۹۸/۵۸ درصد تغییرات داده‌ها بین شاخص‌ها را دو عامل اول توجیه نمود. بطوری که ۵۰/۰۲ درصد از تغییرات کل داده‌ها را عامل اول توجیه کرد و دارای ضرایب عاملی بزرگ و مثبت برای شاخص‌های MP، HARM، GMP، STI و SNPI بود. و عامل اول را عامل تحمل تنش نام گذاری کردند. عامل دوم ۴۴/۵۶ درصد از تغییرات کل شاخص‌ها را تبیین کرد و دارای ضرایب عاملی منفی و بزرگ برای شاخص‌های DI، YSI و RDI بود. این عامل، عامل حساسیت به تنش خشکی نامیدند. علی و همکاران (۱) با انجام تجزیه به مولفه‌ها بر روی ۴۹ لاین گندم نشان دادند که حدود ۹۸ درصد از تغییرات داده‌های موجود بین شاخص‌ها توسط دو عامل اول توجیه می‌گردد.

حسن عسگری و همکاران (۴) در ارزیابی ژنوتیپ‌های جو در تحمل به شوری نشان دادند که می‌توان شاخص‌های STI، MP و GMP را بعنوان معیار مناسب به منظور گزینش ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا در سطوح مختلف تنش شوری و نرمال معرفی کرد.

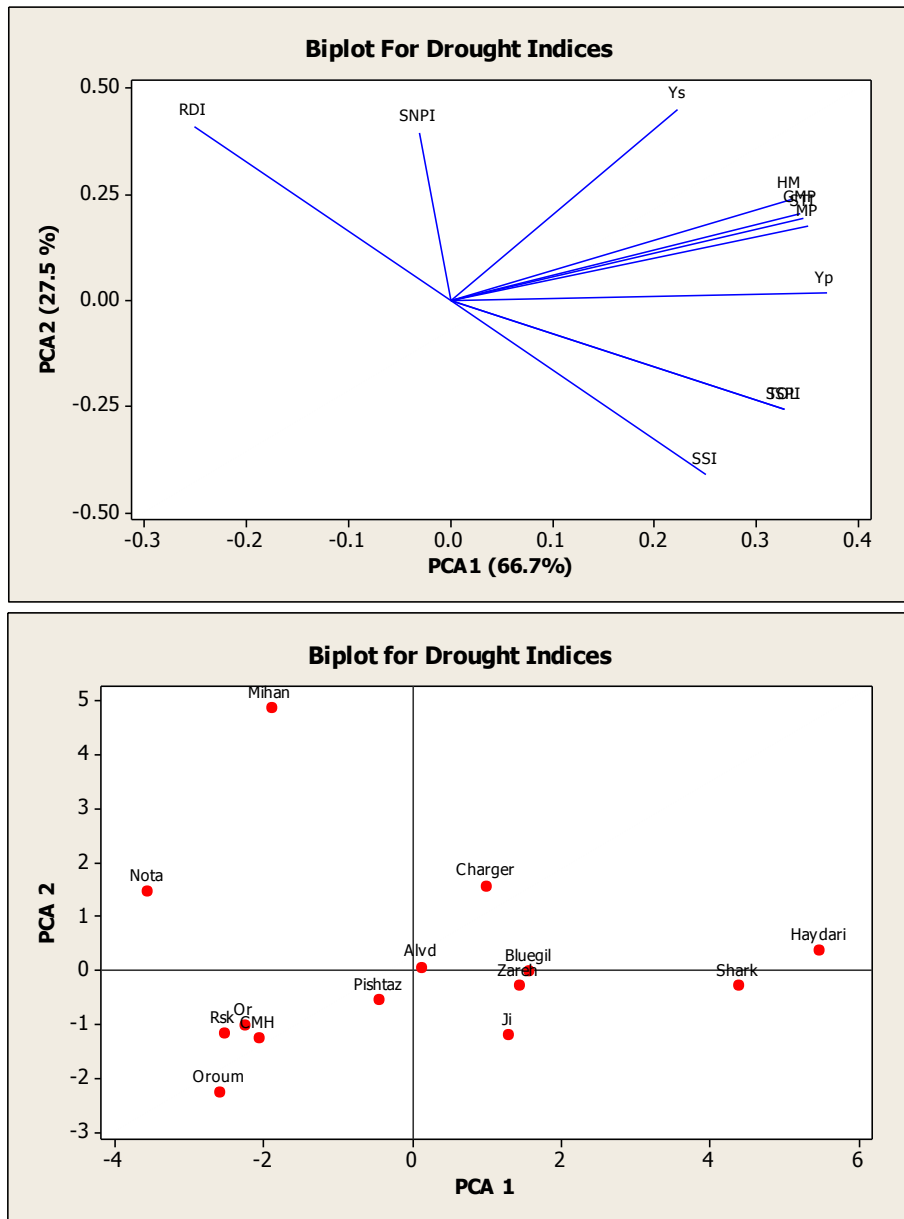
در پژوهشی که علی اضغری و همکاران (۳) بر روی ژنوتیپ‌های گندم دوروم انجام دادند اعلام نمودند که شاخص‌های MP، STI، HARM و GMP بعنوان بهترین شاخص‌ها برای شناسایی لاین‌های متحمل به تنش خشکی می‌باشند.

تجزیه خوشه‌ای

تجزیه خوشه‌ای بر اساس تجزیه تابع تشخیص و تجزیه واریانس چند متغیره برای تعیین محل برش نمودار درختی انجام گرفت. دندروگرام حاصل از نتایج گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس عملکرد دانه و شاخص‌های تحمل به تنش خشکی، بر پایه تجزیه خوشه‌ای به روش حداقل واریانس وارد (شکل ۸) نشان داد که ژنوتیپ‌ها در ۳ گروه قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های شماره ۱، ۶، ۸ و ۱۴ در گروه اول قرار گرفتند که از نظر شاخص‌های تحمل به تنش خشکی از مقدار پایین‌تری برخوردار بودند. درصد تغییرات عملکرد دانه ژنوتیپ‌های این گروه از مقدار متوسطی نسبت به ژنوتیپ‌های گروه‌های ۲ و ۳ برخوردار بود. همچنین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های قرار گرفته در این گروه در هر دو شرایط عدم تنش و تنش از مقدار پایینی برخوردار بودند لذا ژنوتیپ‌های این گروه را می‌توان حساس به تنش خشکی معرفی نمود. ژنوتیپ‌های شماره ۲، ۴، ۵، ۹، ۱۰، ۱۱، ۱۲ و ۱۳ در گروه دوم قرار گرفتند و از نقطه نظر عملکرد دانه در هر دو شرایط آزمایش و همچنین درصد تغییرات عملکرد دانه در شرایط بهتری نسبت به گروه‌های دیگر قرار گرفتند لذا ژنوتیپ‌های این گروه را می‌توان متحمل به تنش خشکی در نظر گرفت. تنها ژنوتیپ‌های شماره ۳ و ۷ در گروه سوم جای گرفتند که از نظر عملکرد دانه و شاخص‌های تحمل به تنش خشکی در حد واسطه دو گروه ۱ و ۲ بودند. جدول شماره ۸ ارزش هر یک از گروه‌ها را از نقطه نظر میانگین و انحراف از میانگین کل در شاخص‌های مورد ارزیابی نشان داد. با توجه به میانگین شاخص‌ها مشخص شد که ژنوتیپ‌های گروه دوم از میانگین بالاتری در شاخص‌های تحمل به تنش خشکی نسبت به میانگین کل برخوردار بوده و تنها در شاخص‌های RDI و SNPI از میانگین پایین‌تری نسبت به میانگین کل برخوردار بودند و بهترین گروه در آنالیز خوشه‌ای می‌باشند.

همچنین ژنوتیپ‌های گروه اول بجز در شاخص RDI در سایر شاخص‌های تحمل به تنش از میانگین بسیار پایین‌تری نسبت به میانگین کل برخوردار بوده و لذا ژنوتیپ‌های این گروه حساس به تنش خشکی در این تحقیق معرفی می‌گردند. کامرانی و همکاران (۱۵) با گروه‌بندی ۲۴ ژنوتیپ گندم نان بر اساس شاخص‌های تحمل به تنش خشکی، آنها را در ۴ گروه طبقه‌بندی نمودند و گروه اول را که در اکثر شاخص‌ها میانگین بالاتری از میانگین کل داشتند و فقط از نظر شاخص‌های SSI و TOL میانگین پایین‌تری نسبت به میانگین کل برخوردار بود بعنوان ژنوتیپ‌های متحمل به تنش کم آبی معرفی نمودند. محمدنیا و همکاران (۲۳) نیز بر همین اساس ۲۰ ژنوتیپ گندم دوروم را به سه دسته تقسیم بندی کردند و ژنوتیپ‌های گروه دوم متحمل به تنش معرفی شدند که عملکرد و میانگین این گروه در اکثر شاخص‌ها بیشتر از

میانگین کل بود و شاخص‌های SSI، SSPI، ATI و TOL پایین‌تر از میانگین کل بود.



شکل ۷- نمودار بای پلات ۱۴ ژنوتیپ گندم نان با ۹ شاخص تحمل به تنش خشکی
Figure7. Biplot diagram of 14 bread wheat genotypes with 9 drought tolerance indices

جدول ۶- مقادیر عددی شاخص‌ها و رتبه‌بندی آنها به تفکیک ژنوتیپ‌های مورد مطالعه

Table 6. Numerical values of indices and their ranking by studied genotypes

genotype	شماره	Yp	Ys	SSI	رتبه	STI	رتبه	TOL	رتبه	MP	رتبه	HM	رتبه	GMP	رتبه	SSPI	رتبه	RDI	رتبه	SNPI	رتبه
Oroum	۱	۴۷۷۶	۳۲۷۸	۱/۰۵	۸	-/۴۹	۱۴	۱۴۹۸	۶	۴۰۲۷	۱۴	۳۸۸۸	۱۴	۳۹۵۷	۱۴	۱۳/۲۱	۶	-/۹۸	۸	۶۵۱۰/۲۰	۱۴
Zareh	۲	۶۱۲۸	۴۰۹۰	۱/۱۱	۱۰	-/۷۸	۵	۲۰۳۸	۱۱	۵۱۰۹	۵	۴۹۰۶	۶	۵۰۰۶	۵	۱۷/۹۸	۱۱	-/۹۵	۱۰	۸۰۱۰/۱۸	۱۰
Mihan	۳	۵۱۲۳	۴۷۴۲	-/۲۵	۱	-/۷۶	۶	۳۸۱	۱	۴۹۳۳	۷	۴۹۲۵	۵	۴۹۲۹	۶	۳/۳۶	۱	۱/۳۲	۱	۱۴۴۴۷/۷۴	۲
Haydari	۴	۷۴۸۹	۴۵۶۳	۱/۳۰	۱۳	۱/۰۶	۱	۲۹۲۶	۱۴	۶۰۲۶	۱	۵۶۷۱	۱	۵۸۴۶	۱	۲۵/۸۱	۱۴	-/۸۷	۱۳/۵	۸۶۲۷/۸۶	۵
Alvd	۵	۵۶۹۲	۴۰۳۹	-/۹۷	۷	-/۷۲	۸	۱۶۵۳	۸	۴۸۶۶	۸	۴۷۲۵	۸	۴۷۹۵	۸	۱۴/۵۸	۸	۱/۰۱	۷	۸۱۷۶/۴۷	۸
CMH	۶	۴۹۶۷	۳۵۴۱	-/۹۶	۶	-/۵۵	۱۱	۱۴۲۶	۵	۴۲۵۴	۱۰	۴۱۳۴	۱۲	۴۱۹۴	۱۱	۱۲/۵۸	۵	۱/۰۲	۶	۷۱۸۹/۲۷	۱۳
Pish	۷	۵۵۲۷	۳۶۱۳	۱/۱۶	۱۱	-/۶۲	۹	۱۹۱۴	۹	۴۵۷۰	۹	۴۳۷۰	۹	۴۴۶۹	۹	۱۶/۸۸	۹	-/۹۳	۱۱	۱۴۹۰۲/۴۹	۱
Rsk	۸	۴۸۲۲	۳۴۸۸	-/۹۲	۵	-/۵۲	۱۳	۱۳۳۴	۳	۴۱۵۵	۱۳	۴۰۴۸	۱۳	۴۱۰۱	۱۳	۱۱/۷۷	۳	۱/۰۳	۵	۸۰۴۲/۵۴	۹
Nota	۹	۴۵۵۴	۳۹۱۱	-/۴۷	۲	-/۵۵	۱۱	۶۴۳	۲	۴۲۳۳	۱۲	۴۲۰۸	۱۰	۴۲۲۰	۱۰	۵/۶۷	۲	۱/۲۳	۲	۹۷۱۵/۴۲	۴
JI	۱۰	۶۰۸۶	۳۸۸۰	۱/۲۱	۱۲	-/۷۴	۷	۲۲۰۶	۱۲	۴۹۸۳	۶	۴۷۳۹	۷	۴۸۵۹	۷	۱۹/۴۶	۱۲	-/۹۱	۱۲	۷۴۵۲/۵۳	۱۱
charger	۱۱	۵۹۸۰	۴۳۷۰	-/۹۰	۳	-/۸۱	۳	۱۶۱۰	۷	۵۱۷۵	۳	۵۰۵۰	۳	۵۱۱۲	۳	۱۴/۲۰	۷	۱/۰۴	۳/۵	۱۱۲۹۰/۹۵	۳
Shark	۱۲	۷۱۳۰	۴۳۳۱	۱/۳۱	۱۴	-/۹۶	۲	۲۷۹۹	۱۳	۵۷۳۱	۲	۵۲۸۹	۲	۵۵۵۷	۲	۲۴/۶۹	۱۳	-/۸۷	۱۳/۵	۸۱۸۱/۴۲	۷
Blue	۱۳	۶۱۶۶	۴۱۵۹	۱/۰۹	۹	-/۸۰	۴	۲۰۰۷	۱۰	۵۱۶۳	۴	۴۹۶۷	۴	۵۰۶۴	۴	۱۷/۷۰	۱۰	-/۹۶	۹	۸۱۸۶/۶۸	۶
Or	۱۴	۴۹۱۰	۳۵۷۳	-/۹۱	۴	-/۵۵	۱۱	۱۳۳۷	۴	۴۲۴۲	۱۱	۴۱۳۶	۱۱	۴۱۸۸	۱۲	۱۱/۷۹	۴	۱/۰۴	۳/۵	۷۳۵۳/۹۷	۱۲

جدول ۷- مقادیر دو مولفه اول برای شاخص‌های تحمل به خشکی و عملکرد دانه در شرایط عدم تنش و تنش

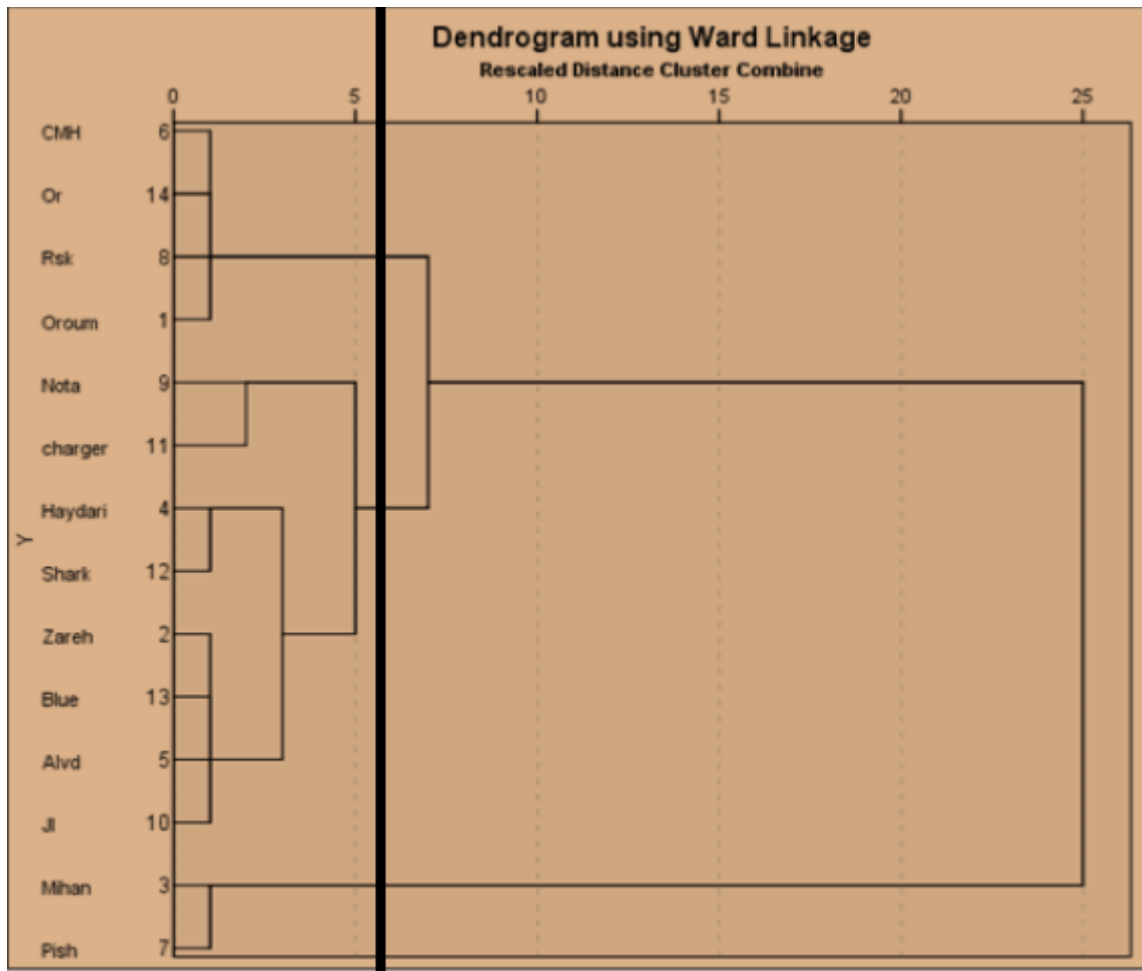
Table 7. Values of the first two components for drought tolerance and grain yield indices under non-stress and stress conditions

مولفه‌ها	درصد از واریانس کل	Yp	Ys	SSI	STI	TOL	MP	HARM	GMP	SSPI	RDI	NPI
۱	۶۶/۷	-/۳۶۹	-/۲۲۳	-/۲۵۱	-/۳۴۶	-/۳۲۸	-/۲۵۱	-/۳۳۴	-/۳۴۴	-/۳۲۸	-/۲۵۱	-/۰۳۰
۲	۲۷/۵	-/۰۱۷	-/۴۵۱	-/۴۱۱	-/۱۹۴	-/۲۵۸	-/۱۷۵	-/۲۴۰	-/۲۰۶	-/۲۵۸	-/۴۱۱	-/۳۹۷

جدول ۸- میانگین گروه ها، انحراف میانگین هر گروه از میانگین کل و انحراف استاندارد میانگین برای شاخص های مورد آزمایش در ژنوتیپ های گندم نان

Table 8. Mean groups, mean deviation of each group from the total average and standard deviation of the mean for the tested indices in bread wheat genotypes

SNPI	RDI	SSPI	GMP	HARM	MP	TOL	STI	SSI	ژنوتیپ	خوشه
۷۲۷۴/۳۴	۱/۰۲	۱۲/۳۴	۴۱۱۰	۴۰۵۱	۴۱۶۹	۱۳۹۸/۷۵	۰/۵۳	۰/۹۶	میانگین	
-۱۸۷۴/۹۵	-۰/۰۱	-۲/۶۶	-۶۲۶	-۶۰۳	-۶۵۰/۰۷	-۲۹۹/۲۵	-۰/۱۸	-۰/۰۱	انحراف از میانگین کل	۱، ۸، ۶، ۱۴
-۲۰/۴۹	-۰/۹۹	-۱۷/۷۳	-۱۳/۲۲	-۱۲/۹۶	-۱۳/۴۹	-۱۷/۶۲	-۲۵/۳۵	-۱/۰۳	درصد انحراف از میانگین کل	
۸۷۰۵/۱۹	-۰/۹۸	۱۷/۵۱	۵۰۵۷	۴۹۵۷	۵۱۶۱	۱۹۸۵/۲۵	-۰/۸۰	۱/۰۵	میانگین	
-۴۴۴	-۰/۰۳	۲/۵۱	۳۲۱	۳۰۳	۳۴۱/۹۳	۲۸۷/۲۵	-۰/۰۹	۰/۰۸	انحراف از میانگین کل	۲، ۴، ۵، ۷، ۹، ۱۰، ۱۱، ۱۲، ۱۳
-۴/۸۵	-۲/۹۷	۱۶/۷۳	۶/۷۸	۶/۵۱	۷/۱۰	۱۶/۹۲	۱۲/۶۸	۸/۲۵	درصد انحراف از میانگین کل	
۱۴۶۷۵/۱۲	۱/۱۳	۱۰/۱۲	۴۶۹۹	۴۶۴۸	۴۷۵۲	۱۱۴۷/۵	-۰/۶۹	۰/۷۰	میانگین	
۵۵۲۵/۹۳	-۰/۱۲	-۴/۸۸	-۳۷	-۶	-۶۷/۰۷	-۵۵۰/۵	-۰/۰۲	-۰/۲۷	انحراف از میانگین کل	۳، ۷
۶۰/۴۰	۱۱/۸۸	-۳۲/۵۲	-۰/۷۸	-۰/۱۳	-۱/۳۹	-۳۲/۴۲	-۲/۸۲	-۲۷/۸۴	درصد انحراف از میانگین کل	
۹۱۴۹/۱۹	۱/۰۱	۱۵	۴۷۳۶	۴۶۵۴	۴۸۱۹/۰۷	۱۶۹۸	-۰/۷۱	۰/۹۷	میانگین کل شاخص	



شکل ۸- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای به روش وارد در ژنوتیپ‌های گندم نان بر اساس شاخص‌های تحمل به تنش خشکی
 Figure 8. Dendrogram obtained from cluster analysis by Ward method in bread wheat genotypes based on drought tolerance indices

منابع

1. Ali, M.B. and N.S. Ashraf. 2016. Evaluation of drought tolerance indices for wheat (*Triticum aestivum* L.) under irrigated and rainfed conditions. *Communications in Biometry and Crop Science*, 11(1) 77-89.
2. Ahmadizadeh, M., M. Valizadeh, H. Shahbazi and A. Nouri. 2012. Behavior of durum wheat genotypes under normal irrigation and drought stress conditions in the greenhouse. *African Journal of Biotechnology*, 11(8): 1912-1923.
3. Asghari, A., S. Tadili, R. Karimizadeh, O. Sofalio and H. Mohammaddoust Chamanabad. 2020. Evaluation of stress tolerance in durum wheat lines based on stress tolerance indices. *Journal of Crop Breeding*, 12(34): 185-198 (In Persian).
4. Askari, H., S.K. Kazemitabar, H. Najafi Zarrini and M.H. Saberi. 2020. Multivariate Assessment of Salt Tolerance (NaCl) in Barley (*Hordeum Volgare* L.) Genotypes *Journal of Crop Breeding*, 12(36): 1-8 (In Persian).
5. Bihanta, M.R., M. Shirkavand, J. Hasanpour and A. Afzalifar. 2018. Evaluation of durum wheat genotypes under normal irrigation and drought stress condition. *Journal of Crop Breeding*, 9(24): 119-136 (In Persian).
6. Briggles, L.W. and B.C. Curtis. 1987. Wheat and wheat Improvement. *Agronomy Journal*, 13, 4-13.
7. Choghan, R., Taherkhani, T., Gannadha, M.R. Khodarahmi, M. 2006. Evaluation of drought tolerance in maize corn lines using drought tolerance indices. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 8 (1): 79-89.
8. Clarke, J.M., R.M. DePauw and T.F. Townley Smith. 1992. Evaluation of methods for quantification of drought tolerance in wheat. *Crop Science*, 32: 723-728.
9. Dixit, P., T. Eria, A.N. Al Khatib and S.F. Allouzi. 2018. Decadal analysis of impact of future climate on wheat production in dry Mediterranean environment. *A case of Journal Science of the Total Environment*, 610: 219-233.
10. Fernandez, G.C.J. 1992. Effective selection criteria for assessing plant stress tolerance. In Kuo CG, (Ed), *Proceeding of an International Symposium on Adaptation of Food Crops to Temperature and Water Stress*. Asian Vegetable Research and Development Center, Shanhua Taiwan, Publ. No 93-410, 257-270.
11. Fischer, R.A. and R. Maurer. 1978. Drought resistance in spring wheat .I: grain yield responses. *Australian Journal of Agriculture Research*, 29: 897-912.
12. Gautam, A., S.V. Sai Prasad, A. Jajoo and D. Ambati. 2015. Canopy temperature as a selection parameter for grain yield and its components in durum wheat under terminal heat stress in late sown conditions. *Agricultural Research*, 4: 238-244.
13. Grando, S. and S. Ceccarelli. 1995. Seminal root morphology and 15oleoptiles length in wild (*Hordeum vulgare* ssp). (Spontaneum) and cultivated (*Hordeum vulgare* ssp. Vulgare) barley. *Euphytica*, 73-85.
14. Ilker, E., O. Tatar, F. Aykut Tonk and M. Tosun. 2011. Determination of tolerance level of some wheat genotypes to post-anthesis drought. *Turkish Journal of Field Crops*, 16(1): 59-63.
15. Kamrani, M., A. Mehraban and M. Shiri. 2019. Identification of drought tolerant genotypes in dryland wheat using drought tolerance indices. *Journal of Crop Breeding*, 10(28): 13-26 (In Persian).
16. Karami, A., M.R. Gannadha, M.R. Naqvi and M. Mardi. 2006. Identification of drought tolerant cultivars in barley. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, 37(2): 371-379.
17. Khaksar, N., E. Farshadfar and R. Mohammadi. 2013. Evaluation of durum wheat advanced genotypes based on drought tolerance indices. *Cereal Research*, 3(4): 267-279.
18. Kordavani, P. 2012. *Arid regions: Climatic characteristics, causes of drought, water issues, etc.* University of Tehran Press, 350 pp.
19. Majidi, M., V. Tavakoli, A. Mirlohi and M.R. Sabzalian. 2011. *Aust Journal of Crop Sciences*, 5: 1055-1063.
20. Maqsood, M., M.A. Shehzad, S. Ahmad and S. Mushtaq. 2012. Performance of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes associated with agronomical traits under water stress conditions. *Asian Journal of Pharmaceutical and Biological Research*, 2: 45-50.
21. Mohammadi, A., M.R. Bi Hemta, M. Seluki and H.R. Dorri. 2008. Quantitative and qualitative traits of white bean genotypes and their relationship with yield under optimal and limited irrigation conditions. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 10(3): 231-243.
22. Mohammadi, M., R. Karimizadeh and M. Abdipour. 2011. Evaluation of drought tolerance in bread wheat genotypes under dryland and supplemental irrigation conditions. *Australian Journal of Crop Science*, 5: 487-493.
23. Mohammadnia, S., A. Asghari, O. Sofalian, H.R. Mohammaddoust ChamanAbad, R. Karimzadeh and A.A. Shokouhian. 2016. Evaluation of durum wheat lines using drought stress indices. *Journal of Crop Breeding*, 8(20): 11-23 (In Persian).
24. Moosavi, S.S., B. Yazdi Samadi, M.R. Naghavi, A.A. Zali, H. Dashti and A. ourshahbazi. 2008. Introduction of new indices to identify relative drought tolerance and resistance in wheat genotypes. *Desert*, 12: 165-178.

25. Motamedi, M. and P. Safari. 2019. Evaluation of water Deficient Stress Tolerance in some Wheat Cultivars and Their Hybrids using Canonical Discriminant Analysis and Genotype by Trait Biplot Journal of Crop Breeding. 11(29): 104-116 (In Persian).
26. Naghavi, M.R., M. Moghaddam, M. Toorechi and M.R. Sakiba. 2016. Evaluation of spring wheat Cultivars for Physiological, Morphological and Agronomic Traits under Drought Stress. Journal of Crop Breeding, 8: 64-77 (In Persian).
27. Normand Moayed, F. 1997. Investigation of quantitative traits and their relationships with bread wheat yield in rainfed and irrigated conditions and determining the best drought resistance index. Master Thesis, Faculty of Agriculture, University of Tehran.
28. Rajaram, S., R.L. Villareal and A. Mujeeb-Kazi. 1990. The global impact of 1B/1R spring wheat. In: Agronomy abstracts. ASA, Madison, WI, 105 pp.
29. Rathjen A.J. 1994. The biological basis of genotype – environment interaction: its definition and management. Proceedings of the Seventh Assembly of the Wheat Breeding Society of Australia, Adelaide, Australia.
30. Rosielle, A.A. and J. Hamblin. 1981. Theoretical aspects of selection for yield in stress and non-stress environments. Crop Sciences, 21: 943-946.
31. Sadeghzadeh Ahri, D. 2006. Evaluation of Drought Stress Tolerance in Promising Durum and Dryland Wheat Genotypes. Iranian Journal of Crop Sciences, 8(1): 30-45.
32. Shiri, M., M. Valizadeh, E. Magjidi, A. Sanjari and A. Gharib-Eshghi. 2010. Evaluation of wheat tolerance indices to moisture stress condition. Electronic Journal of Crop Production, 3: 153-171 (In Persian).
33. Zebarjadi, A.R., S. Tavakoli Shadpey, A.R. Etminan and R. Mohammadi. 2013. Evaluation of Drought Stress Tolerance in Durum Wheat Genotypes Using Drought Tolerance Indices. Seed and Plant Improvement Journal, 29(1): 1-12.

Evaluation of Drought Tolerance in Advance Lines and Cultivars of Winter Wheat

Alireza Khanizadeh¹, Varahram Rashidi², Ali Reza Eivazi³, Ebrahim Khalilvand Behroziar⁴ and Mehrdad Yarnia⁵

1- PhD Student in Plant Breeding, Department of Agriculture and Plant Breeding, Tabriz Branch, Islamic Azad University, Tabriz, Iran

2- Associate Professor, Department of Agriculture and Plant Breeding, Tabriz Branch, Islamic Azad University, Tabriz, Iran (Corresponding author: rashidi.varahram@gmail.com)

3- Assistant Professor of Agricultural and Natural Resources Research Center of West Azerbaijan Province

4- Assistant Professor, Department of Agriculture and Plant Breeding, Tabriz Branch, Islamic Azad University, Tabriz, Iran

5- Professor, Department of Agriculture and Plant Breeding, Tabriz Branch, Islamic Azad University, Tabriz, Iran

Received: February 21, 2021

Accepted: June 17, 2021

Abstract

In order to evaluate the effect of drought stress on cultivars and advanced lines of autumn wheat that were in the final stages of release as bread wheat varieties in the Research Center of West Azerbaijan Province and to determine their relative tolerance using the selection efficiency of drought resistance indices (SSI, STI, TOI, MP, GMP, HARM,). Two separate experiments in a randomized complete block design with three replications under two conditions of stress and no drought stress in the research farm of Islamic Azad University, Tabriz Branch during the 2016-2017. The results of combined analysis of variance showed that drought stress significantly reduces grain yield. In the absence of drought stress, genotypes 4, 12 and 13 had the highest grain yield, but in drought stress conditions, no significant difference was observed between the studied genotypes in terms of grain yield. The results of correlation analysis between stress tolerance indices and grain yield showed that grain yield under stress (Y_s) with STI, HARM and GMP indices have a positive and very significant correlation and these indices can be a good criterion for the drought tolerant lines. Also, the results of principal component analysis showed that these four indicators were the best indicators for identifying stress tolerant cultivars. In fact, these indices distinguished Fernandez Group A genotypes better than other indices. In cluster analysis, the studied genotypes were divided into 3 groups based on all indices of drought tolerance in both non-stress and stress conditions. Genotypes 4, 11 and 12, which were introduced as the most tolerant genotypes in this experiment, along with several other genotypes, were in the second group, and this group had a higher average than the total average in terms of most drought tolerance indices. The percentage of deviation was lower than the average of this group compared to the other two groups and confirmed the results of other methods used in this study. Considering the results of the numerical value of the indices and also their correlation with grain yield in the absence of stress and drought stress, STI, MP, GMP and HARM indices are the best stress tolerance indices and genotypes No. 4, 11 and 12 were identified as the most tolerant genotypes under study.

Keywords: Bread wheat, Cluster analysis, Drought stress, Stress resistance indices



"مقاله پژوهشی"

بررسی تأثیر صفات فنولوژیکی و ریخت‌شناسی بر عملکرد دانه اکوتیپ‌های گاودانه با استفاده از تجزیه مسیر و بای پلات

محمد رضا دهقانی^۱، سیدرسول صحافی^۲ و فائزه حسن پور^۳

۱ و ۳- استادیار و دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، دانشگاه ولی عصر (عج) رفسنجان
۲- استادیار، دانشگاه ولی عصر (عج) رفسنجان، (نویسنده مسوول: s.r.sahafi@vru.ac.ir)
تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۱/۲۹ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۳/۲۷
صفحه: ۲۱۰ تا ۲۲۱

چکیده

تجزیه مسیر و تجزیه بای پلات به ترتیب مبتنی بر مدل‌های جمع‌پذیر و ضرب‌پذیر، از روش‌های آماری مؤثر برای بیان روابط بین صفات در گیاهان هستند. برای مطالعه‌ی صفات مؤثر بر عملکرد دانه‌ی اکوتیپ‌های گاودانه، ۲۰ اکوتیپ در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار در مزرعه پژوهشی دانشگاه ولی عصر (عج) رفسنجان در سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶ مورد بررسی قرار گرفتند. نتایج تجزیه واریانس از تفاوت معنی‌دار بین کلیه اکوتیپ‌ها از نظر ۱۶ صفت مورد بررسی به جز صفات ارتفاع ساقه در پایان رسیدگی، طول ریشه در پایان رسیدگی و طول نیام تک بذری حکایت داشت که بیان‌گر تنوع بین اکوتیپ‌ها از لحاظ اکثر صفات مورد بررسی بود. بررسی ضرایب همبستگی نشان داد که بین عملکرد دانه و همه‌ی صفات مورد بررسی به جز صفات فنولوژیکی شامل تعداد روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی، تعداد روز تا شروع رسیدگی و تعداد روز تا ۵۰ درصد رسیدگی و هم‌چنین دو صفت مورفولوژیکی طول ریشه در پایان رسیدگی و طول نیام دو بذری همبستگی معنی‌داری وجود دارد. نتایج رگرسیون چند متغیره به روش گام به گام نشان داد که از بین صفات مورد مطالعه، به ترتیب سه صفت وزن هزار دانه، تعداد دانه در بوته و تعداد شاخه‌های جانبی به مدل وارد شدند، که در مجموع ۶۵/۷ درصد تغییرات عملکرد دانه‌ی اکوتیپ‌های گاودانه را توجیه نمودند. نتایج تجزیه مسیر بر مبنای دو مدل جمع‌پذیر به‌طور کامل مشخص و فرامشخص نشان داد که بیش‌ترین تأثیر مستقیم روی عملکرد دانه مربوط به صفت وزن هزار دانه بود، به‌طوری‌که یک واحد تغییر در این صفت موجب ۰/۵۶۸ واحد گرم افزایش در صفت عملکرد دانه شد. تجزیه بای پلات دو مؤلفه‌ی اول تغییرات عملکرد و سایر صفات مورد مطالعه مبتنی بر یک مدل ضرب‌پذیر، اکوتیپ‌های موفق از نظر عملکرد را به دو گروه تقسیم و برای هر گروه صفاتی که بیش‌ترین تأثیر در این موفقیت را داشتند، شناسایی کرد.

واژه‌های کلیدی: رگرسیون گام به گام، روش‌های آماری چند متغیره، گاودانه، همبستگی

مقدمه

سبز دارند، تأثیر مستقیمی بر افزایش تولیدات دامی خواهد داشت.

عملکرد، یک صفت کمی است که به‌وسیله‌ی تعداد زیادی ژن کنترل می‌گردد. این صفت به میزان زیادی تحت تأثیر محیط قرار می‌گیرد. صفت عملکرد حاصل ویژگی‌های بسیاری است که به تنهایی یا با هم بر آن اثر می‌گذارند. انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب بر اساس عملکرد سودمند نیست و چنان‌چه بر مبنای صفاتی باشد که به‌طور مستقیم یا غیرمستقیم بر عملکرد تأثیر دارند، بسیار مفیدتر می‌باشد (۳). از معیار ضریب همبستگی برای تعیین میزان ارتباط متقابل بین تغییرات خطی دو صفت استفاده می‌شود. این ضریب در واقع میزان رابطه خطی و جهت تغییرات دو صفت را بیان می‌کند (۴). استفاده از این کمیت در به‌نژادی از اهمیت زیادی برخوردار است. زیرا در مواقعی که صفتی در یک گیاه وراثت‌پذیری پایینی دارد، می‌توان از صفاتی که دارای همبستگی معنی‌دار با آن بوده و هم‌چنین وراثت‌پذیری بالا دارند در فرایند گزینش بهره برد. در تحقیقی بر روی توده‌های بومی گاودانه، ضمن مشاهده تنوع زیاد بین توده‌های مورد بررسی، همبستگی مثبت و معنی‌داری بین صفت عملکرد دانه و صفات تعداد روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی، تعداد روز تا ۵۰

گاودانه (*Vicia ervilia* L.) گیاهی یکساله و دیپلوئید با فرمول ژنومی $2n=2x=14$ است (۱۲)، که به خانواده بقولات (Leguminosae)، زیر تیره پروانه‌آسایان (Papilioacaceae) و جنس ماشک‌ها تعلق دارد. گاودانه یکی از گیاهانی است که در پیشینه کشاورزی مناطق مختلف ایران به‌ویژه غرب و شمال غرب، سابقه‌ای طولانی دارد (۱۰ و ۱۵) و از دیرباز به عنوان غذا برای انسان و علوفه برای دام‌ها بصورت دیم کشت می‌شده است. این گیاه سازگاری خوبی با خشکسالی و پراکنش نامطلوب باران دارد و در تناوب با گندم توصیه می‌شود (۱). گاودانه یکی از گیاهانی است که دانه آن دارای پتانسیل بالقوه‌ای جهت جایگزینی دانه سویا در تغذیه دام و طیور است (۲) و می‌تواند منجر به کاهش واردات سویا و موجب صرفه‌جویی در پشتوانه‌ی ارزی کشور شود (۱۷). یکی از دلایل آن، این است که دانه گاودانه ماده خوراکی غنی از انرژی، پروتئین و منبع مناسبی از مواد معدنی و اسید آمینه‌های ضروری است و حاوی ۲۶/۶۵٪ پروتئین و ۱۸/۱۰ مگاژول بر کیلوگرم انرژی خام می‌باشد (۱۶). هر گونه تلاش در جهت افزایش عملکرد گونه‌های بومی کشورمان مانند گاودانه که توانایی بالایی را در تأمین پروتئین، علوفه و کود

گرفتن حاشیه جهت کرت‌ها، در ۲۵ اسفندماه کشت گردید. بین بلوک‌ها یک متر فاصله در نظر گرفته شد. عملیات تهیه زمین شامل شخم، دیسک، تسطیح و ایجاد جوی و پشته، در زمستان سال ۱۳۹۶ انجام گرفت و کاشت بذور به صورت دستی انجام شد. آبیاری بر اساس ۶۰ میلی‌متر تبخیر از تشتک تبخیر از زمان کاشت تا پایان دوره رشد گیاه انجام شد. عملیات سله‌شکنی و وجین به شکل دستی و به طور یکنواخت صورت گرفت. عملیات برداشت در اواخر خرداد تا اوایل تیرماه ۱۳۹۷ بر اساس زمان رسیدگی هر اکوتیپ انجام گرفت. در مراحل مختلف رشد تا رسیدگی کامل ۱۶ صفت فنولوژیکی و مورفولوژیکی شامل تعداد روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی، تعداد روز تا شروع رسیدگی، تعداد روز تا ۵۰ درصد رسیدگی، ارتفاع ساقه در پایان گل‌دهی (سانتی‌متر)، ارتفاع ساقه در پایان رسیدگی (سانتی‌متر)، طول ریشه در پایان رسیدگی (سانتی‌متر)، ارتفاع ساقه تا اولین گره بارور (سانتی‌متر)، تعداد شاخه‌های جانبی، طول نیام تک، دو و سه بذری (سانتی‌متر)، تعداد نیام در بوته، تعداد دانه در بوته، تعداد دانه در نیام، وزن هزار دانه (گرم) و عملکرد دانه (گرم) اندازه‌گیری شد. به منظور تعیین عملکرد دانه و وزن هزار دانه از کلیه بوته‌های خطوط میانی هر واحد آزمایشی با حذف اثر حاشیه واحدهای آزمایشی استفاده گردید و جهت محاسبه سایر صفات یاد شده پنج بوته به‌طور تصادفی از هر کرت انتخاب شد.

در این مطالعه برای انجام تحلیل‌های آماری از برنامه‌های SPSS 17، Lisrel 8.5 و زبان برنامه‌نویسی MATLAB استفاده شد. مبنای تخمین پارامترها در نرم‌افزار SPSS 17 روش حداقل مربعات و در نرم‌افزار Lisrel روش حداکثر درست‌نمایی است. این مسئله موجب تفاوت‌های اندک در مقدار پارامترهای برآورد شده توسط دو نرم‌افزار می‌شود که قابل چشم‌پوشی است. ضرایب برآورد شده توسط نرم‌افزار Lisrel در ستون‌هایی شامل سه عدد ارائه می‌شود. در هر ستون، عدد اول مقدار برآورد شده پارامتر، عدد داخل پرانتز، خطای استاندارد برآورد و عدد سوم نسبت این دو عدد یا همان آماره‌ی t است. بدیهی است با توجه به مقدار درجه آزادی، مقادیر بزرگ این آماره بر معنی‌دار بودن برآورد پارامتر دلالت می‌کند.

درصد رسیدگی، ارتفاع بوته، تعداد شاخه‌های جانبی، تعداد نیام در بوته، وزن هزار دانه و زیست توده مشاهده شد ولی همبستگی معنی‌داری بین صفت عملکرد دانه و صفات تعداد دانه در نیام و شاخص برداشت مشاهده نشد (۹). با این حال، به رغم وجود همبستگی بین صفات مختلف، تفسیر شفاف آن‌ها و به‌کارگیری نتایج به دست آمده در برنامه‌های انتخاب و به‌نژادی به صورت روشن امکان‌پذیر نیست (۵). روش تجزیه مسیر می‌تواند برای بررسی اثرهای مستقیم و غیرمستقیم صفاتی که با یکدیگر همبستگی معنی‌دار دارند، مؤثر باشد (۱۹). به‌منظور تعیین نقش اجزای عملکرد در بالا بردن عملکرد و افزایش کارایی انتخاب از طریق تعداد کم‌تری از صفات، که شاخص‌های مؤثر در دستیابی به اهداف به‌نژادی محسوب می‌شوند، می‌توان از روش گام به گام در انتخاب متغیرهای مدل رگرسیون چند متغیره خطی استفاده کرد (۴). متأسفانه منبع چاپ شده‌ای در رابطه با بررسی صفات مؤثر بر عملکرد دانه گاو‌دانه با استفاده از تجزیه رگرسیون گام به گام مشاهده نشده است.

لذا مطالعه حاضر برای تعیین مؤثرترین صفات فنولوژیکی و مورفولوژیکی روی عملکرد دانه تعدادی از اکوتیپ‌های گاو‌دانه و همچنین تعیین اثرهای مستقیم و غیرمستقیم آن‌ها از طریق سایر صفات روی عملکرد دانه با استفاده از روش جمع‌پذیر تجزیه مسیر و روش ضرب‌پذیر تجزیه بای‌پلات انجام شد، تا بتوان از نتایج دو روش یاد شده و مقایسه‌ی آن‌ها یافته‌های معتبر و مفیدی را برای گزینش در برنامه‌های به‌نژادی آتی به‌منظور بهبود عملکرد دانه گاو‌دانه به‌دست آورد.

مواد و روش‌ها

بیست اکوتیپ گاو‌دانه با مشخصات داده شده در جدول ۱ از نظر عملکرد دانه و سایر صفات فنولوژیکی و مورفولوژیکی مورد ارزیابی قرار گرفتند. پژوهش حاضر در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار در سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶ در مزرعه‌ی پژوهشی دانشکده‌ی کشاورزی دانشگاه ولی‌عصر (عج) رفسنجان اجرا شد. هر اکوتیپ به صورت پنج خط کاشت دو متری در هر کرت با فاصله خطوط ۲۵ سانتی‌متری و فاصله بین بوته‌ها در روی ردیف ۲۵ سانتی‌متر و با در نظر

جدول ۱- اکوتیپ‌های مورد مطالعه و منشأ آن‌ها

Table 1. Studied bitter vetch ecotypes and their origins											
شماره	کد	نام اکوتیپ	استان	شهر	منطقه	شماره	کد	نام اکوتیپ	استان	شهر	منطقه
۱	E1	شربیان	آذربایجان شرقی	سراب	شربیان	۱۱	E11	ارالو	اردبیل	اردبیل	ارالو
۲	E2	حاجی‌کرد	آذربایجان شرقی	مراغه	حاجی‌کرد	۱۲	E12	خیارک	اردبیل	اردبیل	خیارک
۳	E3	شوردرق	آذربایجان شرقی	مرند	شوردرق	۱۳	E13	آل‌هاشم	اردبیل	خلخال	آل‌هاشم
۴	E4	قربان‌کندی	آذربایجان شرقی	ملکان	قربان‌کندی	۱۴	E14	آل‌وارس	اردبیل	سرعین	آل‌وارس
۵	E5	کنگاور	آذربایجان شرقی	میانه	کنگاور	۱۵	E15	قره‌آغاچ	اردبیل	گرمی	قره‌آغاچ
۶	E6	کاغذکنان	آذربایجان شرقی	میانه	کاغذکنان	۱۶	E16	آغ‌بلاغ	اردبیل	مشکین‌شهر	آغ‌بلاغ
۷	E7	ورزقان	آذربایجان شرقی	ورزقان	ورزقان	۱۷	E17	دانش‌بلاغ	زنجان	ابه‌ر	دانش‌بلاغ
۸	E8	قورول	آذربایجان غربی	چالدران	قورول	۱۸	E18	قلعه	زنجان	ابه‌ر	قلعه
۹	E9	الند	آذربایجان غربی	خوی	الند	۱۹	E19	ارمغان‌خانه	زنجان	زنجان	ارمغان‌خانه
۱۰	E10	شیوان‌کندی	آذربایجان غربی	خوی	شیوان‌کندی	۲۰	E20	گلوجه	زنجان	زنجان	گلوجه

نتایج و بحث تجزیه واریانس

نتایج تجزیه واریانس صفات نشان داد که بین اکوتیپ‌ها، تفاوت معنی‌داری از نظر تمام صفات مورد ارزیابی به جز ارتفاع ساقه در پایان رسیدگی، طول ریشه در پایان رسیدگی و طول نیام تک بذری وجود دارد (جدول ۲)، که نشان‌گر وجود تنوع ژنتیکی برای این صفات بین اکوتیپ‌های مورد بررسی می‌باشد. ال‌فتحی و همکاران (۷) گزارش کردند که بین ۱۹ جمعیت گاو‌دانه متعلق به کشور مراکش از لحاظ صفات فنولوژیکی، مورفولوژیکی و عملکرد تنوع زیادی وجود دارد. فتوت و همکاران (۹)، تعداد ۹۹ توده بومی گاو‌دانه شمال غرب کشور، بانک ژن گیاهی ملی ایران و ICARDA را بر اساس صفات مورفولوژیکی و زراعی مورد مطالعه قرار دادند و اختلافات معنی‌داری بین توده‌های مورد بررسی مشاهده شد. عباسی و همکاران (۱) در مطالعه ۱۲۶ توده کلکسیون گاو‌دانه بانک ژن گیاهی ملی ایران از نظر صفات مورفولوژیکی و زراعی گزارش نمودند که بین آن‌ها تنوع قابل ملاحظه‌ای وجود دارد. با توجه به این که ایران یکی از خواستگاه‌های اولیه گاو‌دانه است (۸)، لذا می‌توان انتظار داشت که ژنوتیپ‌های موجود در ایران دارای تنوع بسیار بالایی باشند. با توجه به اهمیت تنوع ژنتیکی به عنوان یک نیاز مهم به‌نژادی، ابتدا بررسی تنوع ژنتیکی، به کمک آماره‌های توصیفی برای هر صفت انجام شد (جدول ۳). نتایج آمار توصیفی نشان داد

که دامنه تغییرات از ۰/۲ در صفت طول نیام دو بذری تا ۵۶/۲۷ در صفت عملکرد دانه متغیر بود. بعد از صفت عملکرد دانه صفات تعداد دانه در بوته، وزن هزار دانه و تعداد نیام در بوته بیشترین میزان دامنه تغییرات را نشان دادند. بالا بودن دامنه تغییرات نیز نشان‌گر تنوع بسیار زیاد از لحاظ صفات مورد بررسی در بین ژرم‌پلاسسم مورد مطالعه بود. به طور کلی در بین صفات، تعداد نیام در بوته از ۰/۸۳ تا ۴۰/۸۹، تعداد دانه در بوته از ۱/۳۳ تا ۴۷/۸۹، وزن هزار دانه از ۱۲/۱۱ تا ۵۷/۳۷ گرم و عملکرد دانه از ۵/۸۹ تا ۶۲/۱۶ گرم در اکوتیپ‌های مورد مطالعه متغیر بود. در مطالعه عباسی و همکاران (۱)، صفات تعداد روز تا گل‌دهی از ۵۵ تا ۸۸ روز، تعداد روز تا رسیدگی از ۹۳ تا ۱۱۵ روز، ارتفاع ساقه تا اولین گره بارور از ۱ تا ۳ سانتی‌متر، تعداد شاخه‌های جانبی از ۱ تا ۹، تعداد نیام در بوته از ۱ تا ۹ مشاهده شد که تفاوت در این نتایج با نتایج مطالعه حاضر را می‌توان به تفاوت شرایط محیطی و اکوتیپ‌های مورد بررسی نسبت داد. تنوع و انتخاب دو رکن اصلی در برنامه‌های به‌نژادی گیاهان محسوب می‌شوند و انتخاب بهینه منوط به تنوع ژنتیکی و فنوتیپی مناسب بین ژرم‌پلاسسم می‌باشد. تنوع ژنتیکی بالایی که در این ژرم‌پلاسسم از نظر صفات مورفولوژیکی وجود داشت موجب شد، امکان بررسی روابط بین این صفات برای شناسایی صفات مؤثر بر تغییرات میزان عملکرد دانه گاو‌دانه فراهم گردد.

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه در اکوتیپ‌های گاودانه

Table 2. Analysis of variance of the studied traits in bitter vetch ecotypes

میانگین مربعات					
منابع تغییرات	درجه آزادی	روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی	روز تا شروع رسیدگی	روز تا ۵۰ درصد رسیدگی	ارتفاع ساقه در پایان گل‌دهی
اکوتیپ	۱۹	۱۴/۳۱۲*	۱۴/۰۷۰**	۲۱/۸۰۳**	۱۲/۹۷۹*
بلوک	۲	۸۴/۱۲	۲۱/۲۵۰	۶۵/۴۰۰	۰/۷۷۴
خطای آزمایشی	۳۸	۷/۲۱۸	۶/۰۹۳	۷/۷۴۱	۶/۴۸۳
ضریب تغییرات (%)		۳/۵۳	۲/۶۷	۲/۷۳	۹/۹۲
منابع تغییرات	درجه آزادی	ارتفاع ساقه در پایان رسیدگی	طول ریشه در پایان رسیدگی	ارتفاع ساقه تا اولین گره بارور	تعداد شاخه‌های جانبی
اکوتیپ	۱۹	۸/۹۷۶	۳/۸۱۴	۵/۹۴۹**	۱/۸۱۷
بلوک	۲	۲۰/۹۳۹	۲/۶۰۲	۰/۹۰۵	۰/۷۱۷
خطای آزمایشی	۳۸	۷/۷۸۳	۲/۶۴۰	۱/۵۸۹	۰/۴۲۵
ضریب تغییرات (%)		۱۲/۱۷	۱۹/۶۹	۱۱/۵۰	۲۰/۴۲
منابع تغییرات	درجه آزادی	طول نیام تک بذری	طول نیام دو بذری	طول نیام سه بذری	تعداد نیام در بوته
اکوتیپ	۱۹	۰/۰۹۰	۰/۰۱۱**	۰/۳۸۷**	۳۹۲/۴۴۹**
بلوک	۲	۰/۰۸۹	۰/۰۲۱	۰/۰۵۴	۱۱/۰۵۴
خطای آزمایشی	۳۸	۰/۰۷۸	۰/۰۰۵	۰/۱۱۵	۲۶/۴۲۶
ضریب تغییرات (%)		۲۹/۱۴	۵/۲۱	۲۱/۱۷	۲۶/۶۹
منابع تغییرات	درجه آزادی	تعداد دانه در بوته	تعداد دانه در نیام	وزن هزار دانه	عملکرد دانه
اکوتیپ	۱۹	۵۹۴/۴۳۱**	۰/۰۹۳**	۴۱۶/۵۱۷*	۶۴۸/۷۲۴**
بلوک	۲	۴/۶۳۲	۰/۰۴۰	۵۰۸/۴۹۸	۴۳۲/۰۵۵
خطای آزمایشی	۳۸	۵۷/۴۵۸	۰/۰۲۶	۲۲۳/۱۷۸	۲۹۴/۴۹۴
ضریب تغییرات (%)		۳۰/۷۷	۱۲/۶۹	۸/۰۱	۲۲/۹۴

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد

جدول ۳- آماره‌های صفات مورد مطالعه در اکوتیپ‌های گاودانه

Table 3. Descriptive statistics of studied traits in bitter vetch ecotypes

صفات	حداقل	حداکثر	میانگین	دامنه تغییرات	واریانس فنوتیپی	صفات	حداقل	حداکثر	میانگین	دامنه تغییرات	واریانس فنوتیپی
روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی	۷۲	۸۰	۷۶/۰۳	۱۲	۴/۷۷	طول نیام تک بذری (cm)	۰/۵۴	۱/۱۷	۰/۹۶	۰/۶۳	۰/۰۳
روز تا شروع رسیدگی	۹۰	۹۶/۶۷	۹۲/۴۴	۶/۶۷	۴/۶۹	طول نیام دو بذری (cm)	۱/۲۸	۱/۴۸	۱/۴۰	۰/۲۰	۰/۰۰۴
روز تا ۵۰ درصد رسیدگی	۹۷/۳۳	۱۰۶/۳۳	۱۰۱/۷۶	۹	۷/۲۷	طول نیام سه بذری (cm)	۰/۵۰	۱/۸۷	۱/۶۰	۱/۳۷	۰/۱۳
ارتفاع ساقه در پایان گل‌دهی (cm)	۲۱/۵۶	۲۸/۸۳	۲۵/۶۷	۷/۲۷	۴/۳۳	تعداد نیام در بوته	۰/۸۳	۴۰/۸۹	۱۹/۲۶	۴۰/۰۶	۱۳۰/۸۲
ارتفاع ساقه در پایان رسیدگی (cm)	۱۹/۱۷	۲۶/۲۸	۲۲/۹۲	۷/۱۱	۲/۹۹	تعداد دانه در بوته	۱/۳۳	۴۷/۸۹	۲۳/۸۸	۴۶/۵۶	۱۹۸/۱۴
طول ریشه در پایان رسیدگی (cm)	۵/۵۰	۹/۸۹	۸/۲۵	۴/۳۹	۱/۲۷	تعداد دانه در نیام	۰/۷۹	۱/۶۷	۱/۲۷	۰/۸۸	۰/۰۳
ارتفاع ساقه تا اولین گره بارور (cm)	۸/۸۳	۱۳/۲۵	۱۰/۹۶	۴/۴۲	۱/۹۸	وزن هزار دانه (g)	۱۲/۱۱	۵۷/۳۷	۳۱/۱۹	۴۵/۲۶	۱۳۸/۸۶
تعداد شاخه‌های جانبی	۲/۲۲	۴/۲۲	۳/۱۹	۲	۰/۲۴	عملکرد دانه (g)	۵/۸۹	۶۲/۱۶	۲۷/۵۶	۵۶/۲۷	۲۱۶/۲۴

ضرایب همبستگی

نتایج بررسی همبستگی‌های ساده نشان داد بین صفت عملکرد دانه اکوتیپ‌های گاودانه و همه‌ی صفات مورد ارزیابی به جز تعداد روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی، تعداد روز تا شروع رسیدگی، تعداد روز تا ۵۰ درصد رسیدگی، طول ریشه در پایان رسیدگی، طول نیام دو بذری و تعداد دانه در نیام همبستگی زیاد و معنی‌داری وجود دارد (جدول ۴). در مطالعه‌ی حاضر همبستگی مثبت و معنی‌دار بین صفت عملکرد دانه با ۸ صفت دیگر شامل ارتفاع ساقه در پایان گل‌دهی ($r=0/640^{**}$)، ارتفاع ساقه در پایان رسیدگی ($r=0/523^{**}$)، ارتفاع ساقه تا اولین گره بارور ($r=0/550^{**}$)، طول نیام تک بذری ($r=0/413^{**}$)، طول نیام سه بذری ($r=0/368^{**}$)، تعداد نیام در بوته ($r=0/508^{**}$)، تعداد دانه در بوته ($r=0/593^{**}$) و وزن هزار دانه ($r=0/757^{**}$) بیان‌گر این مطلب است که بهبود هر کدام از این صفات می‌تواند در افزایش صفت عملکرد دانه

نقش مثبت و مفیدی داشته باشد. واعظی و همکاران (۱۸) در پژوهشی با بررسی ۵۲ نمونه لوبیا موجود در بانک ژن گیاهی ملی ایران، همبستگی مثبت و معنی‌داری بین عملکرد بذر تک بوته با طول غلاف، تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در بوته و وزن هزار دانه را مشاهده کردند. کاکایی و همکاران (۱۳) در مطالعه‌ی بررسی ژنوتیپ‌های نخود بین صفت عملکرد دانه و صفات تعداد نیام در بوته، ارتفاع بوته، زیست توده و شاخص برداشت همبستگی مثبت و معنی‌داری را گزارش نمودند. مجنون حسینی و نقوی (۱۴) در بررسی ۷۶۰ توده عدس بیان کردند که صفت عملکرد دانه با صفات تعداد روز تا گل‌دهی، ارتفاع بوته، زیست توده و شاخص برداشت همبستگی مثبت و معنی‌دار و با وزن هزار دانه همبستگی منفی و معنی‌دار نشان داد. فتوت و همکاران (۹) در مطالعه توده‌های بومی گاودانه بیان کردند که همبستگی مثبت و معنی‌داری بین صفت عملکرد دانه با صفات تعداد روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی، تعداد

صفات مؤثر بر تغییرات عملکرد دانه در گیاه لوبیا نشان دادند که در تجزیه رگرسیون گام به گام صفات تعداد غلاف در بوته، وزن هزار دانه و تعداد بذر در بوته با مقدار واریانس تبیین شده ۷۵/۴ درصد، وارد مدل شدند. کاکایی و همکاران (۱۳) اظهار داشتند که در تجزیه رگرسیون گام به گام صفات تعداد نیام در بوته، شاخص برداشت، زیست توده، تعداد شاخه‌های فرعی در بوته و ارتفاع بوته به ترتیب وارد مدل رگرسیونی گردیدند و در مجموع ۸۴/۶۸ درصد از تغییرات صفت عملکرد دانه را در گیاه نخود توجیه نمودند. مجنون حسینی و نقوی (۱۴) در بررسی صفات تأثیرگذار در عملکرد دانه گیاه عدس با استفاده از رگرسیون گام به گام بیان کردند که صفات زیست توده، شاخص برداشت و وزن هزار دانه وارد مدل شدند. تجزیه مسیر برای چهار صفت تعیین شده ابتدا بر مبنای مدل جمع‌پذیر به‌طور کامل مشخص انجام شد (جدول ۶ و شکل ۱-۱). همان‌طور که ملاحظه می‌شود تنها صفت بیرونی مدل، تعداد شاخه‌های جانبی است که کل واریانس آن توسط صفات خارج از مدل بیان می‌شود (۶ و ۱۱). در این مدل دو صفت تعداد دانه در بوته و وزن هزار دانه، صفات درونی واسطه و صفت عملکرد دانه صفت درونی نهایی بودند که به ترتیب ۸۷، ۴۱ و ۳۴ درصد واریانس آن‌ها توسط صفاتی که در مدل نیستند، بیان می‌شود.

روز تا ۵۰ درصد رسیدگی، ارتفاع بوته، تعداد شاخه‌های جانبی، تعداد نیام در بوته، وزن هزار دانه و زیست توده مشاهده شد ولی همبستگی معنی‌داری بین صفت عملکرد دانه و صفات تعداد دانه در نیام و شاخص برداشت مشاهده نشد. در پژوهش حاضر به دلیل تعدد صفاتی که با صفت عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی‌داری نشان دادند، لزوم بررسی بیشتر آن‌ها به کمک سایر روش‌های آماری، برای تعیین صفات مهم و مؤثر بر عملکرد قابل توجیه است به همین دلیل برای ارزیابی بیش‌تر از روش جمع‌پذیر تجزیه مسیر و روش ضرب‌پذیر تجزیه بای‌پلات استفاده شد، تا با مقایسه نتایج، دستیابی به یافته‌های معتبر و بیشتری درباره‌ی ارتباط صفات و تأثیر آن‌ها بر عملکرد دانه اکوتیپ‌های گاو‌دانه حاصل شود.

رگرسیون گام به گام

نتایج استفاده از رگرسیون به‌روش گام به گام برای انتخاب صفات مؤثر در توجیه تغییرات عملکرد دانه نشان داد که سه صفت وزن هزار دانه، تعداد دانه در بوته و تعداد شاخه‌های جانبی به ترتیب به مدل وارد شدند (جدول ۵). این سه صفت روی هم ۶۵/۷ درصد تغییرات عملکرد دانه اکوتیپ‌های گاو‌دانه مورد ارزیابی را بیان کردند. ۱۲ صفت دیگر به دلایل معنی‌دار نبودن ضریب رگرسیون جزء آن‌ها با عملکرد دانه و یا وجود هم‌خطی‌های چندگانه‌ی بالا بین آن‌ها حذف شدند. واعظی و همکاران (۱۸) به‌منظور تعیین

جدول ۴- ضرایب همبستگی صفات مورد مطالعه در اکوتیپ‌های گاودانه

Table 4. Correlation coefficient of studied traits in bitter vetch ecotypes

کد	صفات	T1	T2	T3	T4	T5	T6	T7	T8	T9	T10	T11	T12	T13	T14	T15	T16
T1	روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی																
T2	روز تا شروع رسیدگی	۰/۱۱۴															
T3	روز تا ۵۰ درصد رسیدگی	۰/۲۸۸*	۰/۵۵۰**														
T4	ارتفاع ساقه در پایان گل‌دهی	۰/۴۴۰**	۰/۱۰۶	۰/۳۲													
T5	ارتفاع ساقه در پایان رسیدگی	۰/۲۸۱*	۰/۰۸۷	۰/۱۱۷	۰/۳۵۵**												
T6	طول ریشه در پایان رسیدگی	۰/۰۴۵	۰/۰۷۸	۰/۱۷۴	۰/۱۰۱	۰/۱۳۶											
T7	ارتفاع ساقه تا اولین گره بارور	۰/۰۷۳	۰/۱۹۵	۰/۰۱۹	۰/۳۵۲**	۰/۱۹۰	۰/۰۳۸										
T8	تعداد شاخه‌های جانبی	۰/۲۸۹*	۰/۰۷۷	۰/۳۷۹**	۰/۱۱۹	۰/۳۱۷*	۰/۱۵۶	۰/۰۶۵									
T9	طول نیام تک بذری	۰/۰۹۱	۰/۱۹۱	۰/۱۱۴	۰/۱۳۲	۰/۴۳۴**	۰/۱۶۷	۰/۱۴۴	۰/۲۲۹								
T10	طول نیام دو بذری	۰/۱۴۶	۰/۳۳۳*	۰/۰۸۷	۰/۲۸۳*	۰/۳۹۱**	۰/۱۲۴	۰/۰۷۶	۰/۱۲۰	۰/۲۲۷							
T11	طول نیام سه بذری	۰/۱۳۴	۰/۰۳۳	۰/۱۲۴	۰/۲۲۳	۰/۴۹۲**	۰/۰۴۲	۰/۰۵۳	۰/۱۶۸	۰/۱۷۹	۰/۳۵۷**						
T12	تعداد نیام در بوته	۰/۱۷۸	۰/۱۸۳	۰/۱۷۷	۰/۰۹۰	۰/۲۳۷	۰/۳۱۰**	۰/۰۱۰	۰/۱۱۹	۰/۲۶۲*	۰/۳۵۲**	۰/۰۴۶					
T13	تعداد دانه در بوته	۰/۱۷۶	۰/۱۲۷	۰/۱۹۶	۰/۴۹۰**	۰/۳۳۳*	۰/۱۲	۰/۱۰۹	۰/۰۱۳	۰/۴۱۱**	۰/۱۲۵	۰/۳۵۱**	۰/۸۹۱**				
T14	تعداد دانه در نیام	۰/۰۶۹	۰/۰۷۵	۰/۱۰۰	۰/۶۲۰**	۰/۰۸۰	۰/۵۵۰**	۰/۰۶۶	۰/۰۰۰	۰/۱۳۴	۰/۰۹۵	۰/۱۶۴	۰/۴۰۲**	۰/۰۷۷			
T15	وزن هزار دانه	۰/۲۱۷	۰/۰۲۹	۰/۱۰۸	۰/۱۶۰	۰/۶۷۸**	۰/۱۹۰**	۰/۰۳۰	۰/۱۶۲	۰/۴۶۲**	۰/۳۷۶**	۰/۴۱۷**	۰/۵۳۳**	۰/۵۴۸**	۰/۱۷۱		
T16	عملکرد دانه	۰/۲۰۲	۰/۰۳۹	۰/۰۶۲	۰/۶۴۰**	۰/۵۲۳**	۰/۰۷۵	۰/۵۵۰**	۰/۲۷۸*	۰/۴۱۳**	۰/۱۹۰	۰/۳۶۸**	۰/۵۰۸**	۰/۵۹۳**	۰/۰۲۳	۰/۷۵۷**	

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد

آزمون شایستگی برازش مدل استفاده شده برای حصول اطمینان از شایستگی آن، به علت صفر بودن درجه آزادی مدل به‌طور کامل مشخص امکان‌پذیر نیست (شکل ۱- I). در مدل‌های ساختاری (structural model)، معنی‌دار بودن به مفهوم حقیقی بودن در مقابل تصادفی بودن نیست، بلکه به مفهوم قوی‌تر بودن یک برآورد نسبت به سایر برآوردها است (۱۱). به همین دلیل برای تبدیل مدل مورد بحث به یک مدل آزمون‌پذیر (مدل فرامشخص)، مسیرهای مربوط به تأثیر صفت تعداد شاخه‌های جانبی روی صفت تعداد دانه در بوته و وزن هزار دانه حذف شدند.

مقادیر مربوط به اثرهای مستقیم، غیرمستقیم و کلی مربوط به هر صفت روی عملکرد دانه نشان داد که بیش‌ترین اثر مستقیم روی عملکرد مربوط به صفت وزن هزار دانه است (جدول ۷)، به‌طوری‌که یک واحد افزایش در این ویژگی، موجب افزایش ۰/۵۶۸ واحد در عملکرد دانه اکوتیپ‌های گاودانه می‌شود. بعد از این صفت، بیش‌ترین اثر مستقیم روی عملکرد دانه مربوط به صفت تعداد دانه در بوته بود. یک واحد افزایش در این صفت موجب افزایش ۰/۲۸۲ واحد در صفت عملکرد دانه می‌شود. تمام ضرایب مسیر که به روش حداکثر درست‌نمایی برآورد شده‌اند به لحاظ آماری معنی‌دار بودند (جدول ۶).

جدول ۵- نتایج رگرسیون گام به گام برای عملکرد دانه به عنوان متغیر وابسته و صفات دیگر به عنوان متغیر مستقل
Table 5. Results of stepwise regression analysis for seed yield as a dependent variable and other traits as independent variables

متغیر	ضریب رگرسیون استاندارد نشده	خطای استاندارد	ضریب رگرسیون استاندارد شده	R ²	R ² تصحیح شده
عرض از مبدأ	۱۳/۱۰۴	۷/۸۵۷			
وزن هزار دانه	۰/۶۷۷	۰/۱۱۴	۰/۵۷۲**		
تعداد دانه در بوته	۰/۳۸۰	۰/۱۲۷	۰/۲۶۲**		
تعداد شاخه‌های جانبی	-۴/۹۲۱	۲/۰۹۶	-۰/۱۸۶*	۰/۷۶۵	۰/۶۳۵

مبنای تخمین: روش حداقل مربعات در نرم‌افزار SPSS

جدول ۶- برآورد ضرایب به روش حداکثر درست‌نمایی

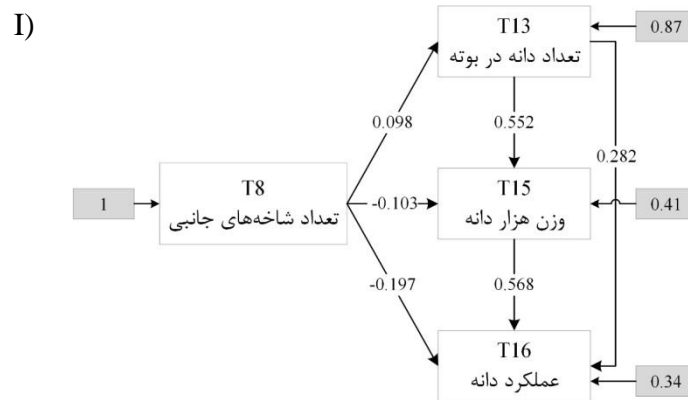
Table 6. Estimation of coefficient using Maximum Likelihood method

تعداد شاخه‌های جانبی	تعداد دانه در بوته	وزن هزار دانه
تعداد دانه در بوته	-	-
وزن هزار دانه	-	-
عملکرد دانه	-	-
	۰/۵۵۲	۰/۵۶۸
	۰/۱۱۸	۰/۱۱۲
	۴/۶۷	۴/۹۷
	۰/۲۸۲	
	۰/۱۲۳	
	۲/۳۹	

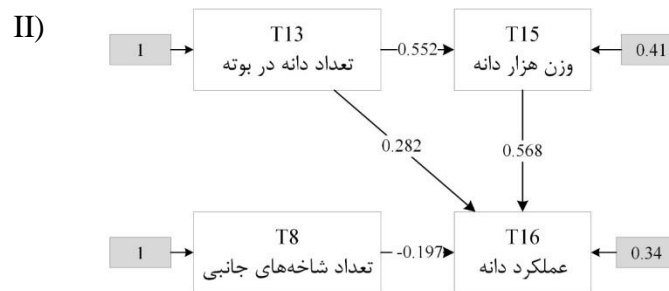
†: مقدار ضریب مسیر؛ ††: خطای استاندارد؛ †††: مقدار آماره t

وزن هزار دانه، بیش‌ترین تأثیر مستقیم مربوط به صفت تعداد دانه در بوته بود. در این صورت اگر همبستگی معنی‌دار بین عملکرد دانه و دو صفت وزن هزار دانه و تعداد دانه در بوته به علت اثر مستقیم آن‌ها روی عملکرد باشد، با اطمینان می‌توان از این دو صفت برای برنامه‌های به‌نژادی گاودانه مبتنی بر انتخاب سود برد (۲۰).

نتایج تجزیه مدل فرامشخص (p-value=۰/۱۲) و مقدار ۹۱ درصد برای شاخص نیکویی برازش (GFI=۰/۹۱) از برازش کامل مدل حکایت داشت (شکل ۱- II). به این ترتیب نتایج به‌دست آمده از هر دو مدل (به‌طور کامل مشخص و فرامشخص) نشان می‌دهد صفت وزن هزار دانه بیش‌ترین تأثیر مستقیم را روی صفت عملکرد دانه دارد. بعد از صفت



Chi-Square = 0.012, df = 0, P-Value = 1.000



Chi-Square = 4.312, df = 2, P-Value = 0.12, GFI = 0.91

شکل ۱- دیاگرام آنالیز مسیر برای ۴ صفت وارد شده به مدل بر مبنای I) مدل به طور کامل مشخص و II) مدل به طور فرا مشخص

Figure 1. The diagram of path analysis of four traits entered in model based on I) the just identified model and II) the over-identified model

جدول ۷- اثرات مستقیم و غیرمستقیم صفات وارد شده به مدل روی عملکرد دانه در اکوتیپ‌های گاودانه

Table 7. Direct and indirect effects of traits entered in model on seed yield in bitter vetch ecotypes

وزن هزار دانه	تعداد دانه در بوته	تعداد شاخه‌های جانبی	
-/۵۷	۰/۲۸	-۰/۱۹۷	اثر مستقیم
-	۰/۳۱	۰/۰۰۱۶	اثر غیرمستقیم
۰/۵۷	۰/۵۹	-۰/۱۹۵	اثر کلی

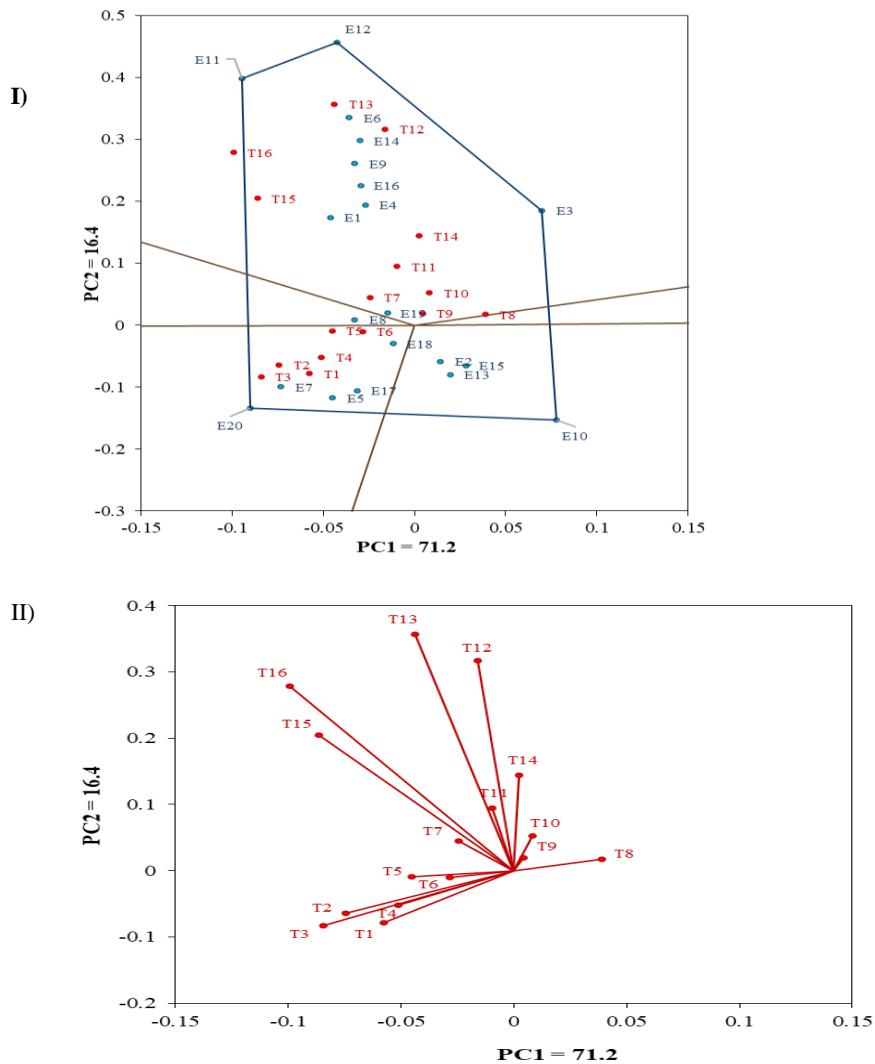
بای پلات تشکیل شد. سپس از مبدأ مختصات به هر ضلع این پنج ضلعی عمودی وارد و تا انتهای صفحه‌ی بای پلات ادامه یافت به طوری که صفحه‌ی بای پلات به ۵ قطاع مجزا تقسیم شد (شکل ۲- I). همان طور که ملاحظه می‌شود ۱۶ صفت مورد بررسی به علت قرار گرفتن در دو قطاع از پنج قطاع بای پلات، به دو گروه تقسیم شدند. اکوتیپ‌های واقع شده در هر یک از این دو گروه، برای صفات قرار گرفته در آن گروه، بهترین اکوتیپ‌ها محسوب می‌شوند (۲۱). ۱۰ صفت شامل ارتفاع ساقه تا اولین گره بارور (T7)، تعداد شاخه‌های جانبی (T8)، طول نیام تک بذری (T9)، طول نیام دو بذری (T10)، طول نیام سه بذری (T11)، تعداد نیام در بوته (T12)، تعداد دانه در بوته (T13)، تعداد دانه در نیام (T14)، وزن هزار دانه (T15) و عملکرد دانه (T16) در یک گروه قرار گرفتند. این

تجزیه بای پلات

بررسی بای پلات مبتنی بر یک مدل ضرب پذیر نشان داد که دو مؤلفه‌ی اصلی اول و دوم به ترتیب ۷۱/۲ و ۱۶/۴ درصد تغییرات مربوط به صفات مورد مطالعه از جمله عملکرد دانه‌ی ۲۰ اکوتیپ آزمایش را بیان کردند. به وسیله‌ی ترسیم بای پلات چند ضلعی مبتنی بر این دو مؤلفه، ضمن تعیین اکوتیپ‌های موفق از نظر صفات مورد ارزیابی، تأثیر صفات در این موفقیت مورد مطالعه و ارزیابی قرار گرفت. برای رسم چند ضلعی، ابتدا روی صفحه‌ی بای پلات مکان دورترین اکوتیپ‌ها از مبدأ مختصات شامل E3، E10، E11، E12 و E20 مشخص شدند. این اکوتیپ‌ها از لحاظ ۱۶ صفت مورد ارزیابی بهترین یا بدترین اکوتیپ‌های آزمایش هستند. مکان این اکوتیپ‌ها با خط‌های راست به هم متصل شد و پنج ضلعی

واقع شده در قطاع مربوط به این اکوتیپ‌ها، شامل ارتفاع ساقه تا اولین گره بارور (T7)، تعداد شاخه‌های جانبی (T8)، طول نیام تک بذری (T9)، طول نیام دو بذری (T10)، طول نیام سه بذری (T11)، تعداد نیام در بوته (T12)، تعداد دانه در بوته (T13)، تعداد دانه در نیام (T14)، وزن هزار دانه (T15) و عملکرد دانه (T16) به عنوان صفات مهم و مؤثر بر عملکرد شناسایی شدند. در بای‌پلات شکل II-۲، هر صفت با یک بردار نمایش داده شده است. در این بای‌پلات طول هر بردار، واریانس و تنوع صفت مربوط را تقریب می‌کند. هم‌چنین زاویه بین هر دو بردار میزان همبستگی بین دو صفت متناظر را تقریب می‌کند، به طوری که هر چه این زاویه بسته‌تر باشد میزان همبستگی بیش‌تر است. برای رسم این بردارها از مبدأ مختصات به مکان قرار گرفتن هر صفت روی صفحه‌ی بای‌پلات یک خط مستقیم رسم می‌شود. برای جلوگیری از شلوغی بای‌پلات و بنا به نیاز برای بررسی طول هر بردار و زاویه بین آن با سایر بردارها، در این بررسی فقط بردارهای مربوط به صفات آن هم در یک شکل جداگانه ترسیم شد (شکل II-۲). همان‌طور که ملاحظه می‌شود کم بودن طول بردارهای مربوط به صفات به ترتیب طول نیام تک بذری (T9)، طول نیام دو بذری (T10)، طول ریشه در پایان رسیدگی (T6) و ارتفاع ساقه تا اولین گره بارور (T7) بر اهمیت کم‌تر این صفات نسبت به دیگر صفات در موفقیت عملکرد اکوتیپ‌های موفق گاودانه دلالت می‌کند. هم‌چنین از بین ۱۰ صفت واقع در گروه اول اکوتیپ‌های موفق، بردارهای مربوط به همه‌ی صفات به جز صفت تعداد شاخه‌های جانبی (T8) با صفت عملکرد زاویه بسته داشتند که از همبستگی بالا و مثبت این صفات با عملکرد دانه حکایت داشت (شکل II-۲).

صفات در عملکرد اکوتیپ‌های E1 (شربیان)، E3 (شوردرق)، E4 (قربان‌کندی)، E6 (کاغذکنان)، E9 (الند)، E11 (آرالو)، E12 (خیارک)، E14 (آلوارس)، E16 (آغ‌بلاغ) و E19 (ارمغان‌خانه) نقش مهم و تعیین‌کننده داشتند. صفات فنولوژیکی تعداد روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی (T1)، تعداد روز تا شروع رسیدگی (T2)، تعداد روز تا ۵۰ درصد رسیدگی (T3)، ارتفاع ساقه در پایان گل‌دهی (T4) و دو صفت مورفولوژیکی ارتفاع ساقه در پایان رسیدگی (T5) و طول ریشه در پایان رسیدگی (T6) در یک گروه واقع شدند. قرار گرفتن موقعیت مکانی اکوتیپ‌های E5 (کنگاور)، E7 (ورزقان)، E8 (قورول)، E17 (دش‌بلاغ)، E18 (قلعه) و E20 (گلوجه) در این گروه از نقش مهم این صفات در عملکرد این ۶ اکوتیپ حکایت داشت. اکوتیپ‌های E2 (حاجی‌کرد)، E10 (شیوان‌کندی)، E13 (آل‌هاشم) و E15 (قره‌آغاج) در گروهی که هیچ‌یک از صفات مورد ارزیابی در قطاع مربوط به آن‌ها قرار نداشت، واقع شدند. در نتیجه این اکوتیپ‌ها از نظر صفات مورد ارزیابی به‌ویژه صفت عملکرد ناموفق شناسایی شدند. این پنج اکوتیپ از عملکردی کم‌تر از میانگین برخوردار بودند. به این ترتیب بر اساس بای‌پلات شکل I-۲، ۲۰ اکوتیپ آزمایشی به دو گروه موفق و ناموفق از نظر عملکرد تقسیم شدند. در بین اکوتیپ‌های موفق گروه اکوتیپ‌های E1 (شربیان)، E3 (شوردرق)، E4 (قربان‌کندی)، E6 (کاغذکنان)، E9 (الند)، E11 (آرالو)، E12 (خیارک)، E14 (آلوارس)، E16 (آغ‌بلاغ) و E19 (ارمغان‌خانه) با عملکرد بالاتری نسبت به گروه اکوتیپ‌های E5 (کنگاور)، E7 (ورزقان)، E8 (قورول)، E17 (دش‌بلاغ)، E18 (قلعه) و E20 (گلوجه) در رتبه اول از نظر موفقیت در صفت عملکرد قرار گرفتند. به همین دلیل صفات



شکل ۲- I) نمودار بای پلات ۲۰ اکوتیپ گاو دانه و ۱۶ صفت مورفولوژیکی و فنولوژیکی و II) بای پلات ۱۶ صفت مورفولوژیکی و فنولوژیکی (۴ ارائه شده است) (کد و نام اکوتیپ‌های گاو دانه و صفات مورد مطالعه به ترتیب در جداول ۱ و ۴ ارائه شده است)

Figure 2. I) The biplot graph of 20 bitter vetch ecotypes and 16 the morphological and phenological traits and II) The biplot graph of 16 the morphological and phenological traits (The code and name of bitter vetch ecotypes and the studied traits are shown in Table 1 and 4, respectively)

بای پلات دو مؤلفه‌ی اصلی اول، ابتدا اکوتیپ‌های آزمایشی را از نظر موفق بودن در صفت مهم عملکرد دانه شناسایی کرد به طوری که اکوتیپ‌های E2 (حاجی کرد)، E10 (شیوان کندی)، E13 (آل هاشم) و E15 (قره‌آجاج) از نظر این روش نامطلوب تعیین شدند. سپس به تفکیک برای دو گروه اکوتیپ‌های مطلوب، صفات مؤثر در موفقیت آن‌ها از نظر عملکرد دانه را معرفی کرد. به این ترتیب بسته به اهداف برنامه‌های به‌نژادی آینده می‌توان از نتایج هر کدام از این روش‌ها بهره برد.

نتیجه‌گیری

در شرایط اجرای این آزمایش، روش خطی و جمع‌پذیر تجزیه مسیر مبتنی بر دو مدل کامل مشخص و فرامشخص برای ۲۰ اکوتیپ آزمایشی به ترتیب صفات وزن هزار دانه و تعداد دانه در بوته را به عنوان صفاتی که بیش‌ترین تأثیر را بر عملکرد دانه اکوتیپ‌های گاو دانه مورد بررسی دارا هستند، شناسایی کرد. از این نظر بر مبنای نتایج این آزمایش در برنامه‌های به‌نژادی آتی این گیاه مبتنی بر انتخاب، لازم است توجه ویژه‌ای به صفات وزن هزار دانه، تعداد دانه در بوته و تعداد شاخه‌های جانبی معطوف کرد. روش ضرب‌پذیر تحلیل

منابع

1. Abbasi, M.R., S. Vaezi and N. Baghaie. 2007. Genetic diversity of bitter vetch (*Vicia ervilia*) collection of the National Plant Gene Bank of Iran based on agro-morphological traits. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding Genetic Research, 15: 113-128 (In Persian).
2. Abdullah, A.Y., M.M. Muwalla, R.I. Qudsieh and H.H. Titi. 2010. Effect of bitter vetch (*Vicia ervilia*) seeds as a replacement protein source of soybean meal on performance and carcass characteristics of finishing Awassi lambs. Tropical Animal Health and Production, 42: 293-300.
3. Amini, A., M.R. Ghanadha and S. Abdmishani. 2002. Genetic variation and correlation between different traits in common bean. Journal of Agricultural Sciences, 33: 605-615 (In Persian).
4. Berry, W.D. and S. Feldman. 1985. Multiple regression in practice. Sage Publications, California, USA, 96 pp.
5. Cohen, J., P. Cohen, S.G. West and L.S. Aiken. 2003. Applied multiple regression/correlation analysis for the behavioral sciences. 3rd edn. Routledge Academic, UK, 736 pp.
6. Darlington, R.B. 1990. Regression and linear models. McGraw-Hill, New York, USA, 480 pp.
7. El Fatehi, S., G. Béna, A. Filali-Maltouf and M. Ater. 2014. Variation in yield component, phenology and morphological traits among Moroccan bitter vetch landraces *Vicia ervilia* (L.) Wild. African Journal of Agricultural Research, 9: 1801-1809.
8. Farran, M.T., P.B. Dakessian, A.H. Darwish, M.G. Uwayjan, H.K. Dbouk, F.T. Seliman and V.M. Ashkarian. 2001. Performance of broilers and production and egg quality parameters of laying hens fed 60% raw and treated common vetch (*Vicia ervilia*) seeds. Poultry Science, 80: 203-208.
9. Fotovat, R. 1996. Estimation of the mating system of bitter vetch using Isozyme CPT and study of genetic diversity. M.Sc. Thesis, Tabriz University, Tabriz, Iran, 99 pp (In Persian).
10. Haddad, S.G. 2006. Bitter vetch grains as a substitute for soybean meal for growing lambs-livestock. Science, 99: 221-225.
11. Heise, D.R. 1976. Causal analysis. Wiley, New York, USA.
12. Hernando, B.J.E. and J. Leon. 1994. Grain legumes for animal feed. Plant Production and Protection, 26: 273-288.
13. Kakaie, M., S.S. Moosavi, M.R. Abdollahi and E. Farshadfar. 2015. Grain yield, its components, genetic diversity and heritability in chickpea (*Cicer arietinum* L.). Journal of Crop Production and Processing, 5 (16): 271-281 (In Persian).
14. Majnoun Hosseini, N. and M.R. Naghavi. 2017. Genetic variation for seed yield and biomass in some lentil genotypes (*Lens culinaris*). Iranian Journal of Field Crop Science, 48(3): 665-671 (In Persian).
15. Rastegar, M.A. 2005. Forage crops production. Brahmmand Publisher, Tehran, Iran, 520 pp (In Persian).
16. Sadeghi, G.H., J. Pourreza, A. Samei and H. Rahmani. 2009. Chemical composition and some anti-nutrient content of raw and processed bitter vetch (*Vicia ervilia*) seed for use as feeding stuff in poultry diet. Tropical Animal Health and Production, 41: 85-93.
17. Sakhafi, S.R. and M. Ghanipour Govarki. 2020. Evaluation of drought tolerance indices and biplot method in bitter vetch ecotypes. Journal of Plant Ecophysiology, 12(43): 95-106 (In Persian).
18. Vaezi, S., R. Cheraghafrooz and A. Abbasimoghadam. 2013. Evaluation of genetic diversity and relationship among agronomic traits in selected accessions bean collection. Iranian Journal of Pulses Research, 4(1): 31-42 (In Persian).
19. Wright, S. 1934. The method of path coefficients. The Annals of Mathematical Statistics, 5: 161- 215.
20. Yadav, R.B., R.K. Dubey, M.K. Srivastava and K.K. Sharma. 1995. Path coefficient analysis under three densities in rice. Journal of Soils and Crops, 5(1): 43-45.
21. Yan, W. and N.A. Tinker. 2006. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. Canadian Journal of Plant Science, 86: 623-645.

Studying Effect of Phenological and Morphological Traits on Seed Yield of Bitter Vetch by Path and Biplot Analyses

Mohammad Reza Dehghani¹, Seyyed Rasoul Sahhafi² and Faezeh Hassanpour³

1 and 3- Assistant Professor and Graduated M.Sc. Student, Vali-e-Asr University of Rafsanjan
2- Assistant Professor, Vali-e-Asr University of Rafsanjan (Corresponding author: s.r.sahhafi@vru.ac.ir)
Received: April 18, 2021 Accepted: June 17, 2021

Abstract

Path and biplot analysis based on linear and bilinear models, respectively, are of the effective statistical methods for expressing relationships between traits in plant. In order to study of effective traits on seed yield of bitter vetch, 20 ecotypes were evaluated in a randomized block design with three replications during 2017-2018 growing season in the Research Field of Faculty of Agriculture at Vali-e-Asr University of Rafsanjan. The analysis of variance revealed significant differences among the ecotypes for 16 studied traits except plant and root height in maturity stage and one seed pod length suggesting high variation among the ecotypes for the majority of the studied traits. Correlation analysis showed that there were a positive and significant correlation between seed yield and the most of traits except phenological traits including days to 50% flowering and days to maturing start and days to 50% maturing and two morphological traits including root height in maturity stage and two seed pod length. Stepwise regression analysis indicated that thousand kernel weight, number of seed per plant and number of lateral branch entered into model and explained about 65.7 of the total variation. The results obtained from path analysis demonstrated that thousand kernel weight had the most direct effects on seed yield (an increase of 0.657 g in seed yield per 1 g increase in thousand kernel weight). Biplot of first two components divided the successful ecotypes into two groups and identified the most effective traits association with the success of each group.

Keywords: Bitter vetch, Correlation, Multivariate statistical methods, Stepwise regression analysis



"مقاله پژوهشی"

ارزیابی تنوع درون واریته‌ای و پیشرفت اصلاحی حاصل از سلکسیون پدیگری - ماسال در پنبه رقم لطیف (*Gossypium hirsutum* L.)

عمران عالیشاه

عضو هیات علمی (دانشیار) مؤسسه تحقیقات پنبه کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران، (نویسنده مسوول: Omran_alishah@yahoo.com)
تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۱۰/۲۵ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۳/۳۱ صفحه: ۲۲۲ تا ۲۳۳

چکیده

به منظور ارزیابی تنوع درون واریته‌ای و پیشرفت اصلاحی عملکرد، اجزای عملکرد و کیفیت الیاف در لاین‌های حاصل از سلکسیون پنبه رقم لطیف، آزمایشی به مدت سه سال (سال زراعی ۹۶-۱۳۹۴) در ایستگاه تحقیقات پنبه هاشم‌آباد گرگان انجام شد. سلکسیون به روش پدیگری - ماسال انجام و نمونه‌های انتخابی بصورت بوته به ردیف در سال‌های آزمایشی پیش برده شدند. نتایج آزمون آماری صفات در سالهای آزمایش معنی‌دار بود. بیشترین ضریب تغییرات به ترتیب مربوط به عملکرد لاین‌ها (۲۳/۸ درصد)، وزن دانه (۱۰/۷ درصد)، وزن غوزه، کیل الیاف و استحکام الیاف (۸ تا ۸/۶ درصد) بود که اشاره به میزان تنوع واریته‌ای صفات مذکور داشت. عملکرد وش، کیل الیاف، طول، یکنواختی، کشش و شاخص کیفیت الیاف از توارث‌پذیری پایین برخوردار بودند. وزن غوزه، وزن دانه، وزن الیاف بیشترین توارث‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی را داشتند. تعداد غوزه و تعداد دانه در غوزه به ترتیب بیشترین نقش را در تعیین عملکرد داشتند و بعنوان اجزای تعیین کننده و شاخص انتخاب به منظور بهبود عملکرد پنبه شناسایی شدند. همبستگی منفی و غیرمعنی‌دار عملکرد با درصد کیل و وزن غوزه نشان داد در صورت عدم اجرای سلکسیون سالانه، کاهش جزیی وزن غوزه و درصد کیل دور از انتظار نیست. میکرونری الیاف دارای همبستگی مثبت با درصد کیل ($r=0.40^{**}$) و همبستگی منفی با وزن دانه بود که این امر لزوم توجه همزمان به میکرونری، وزن دانه و کیل الیاف در سلکسیون رقم لطیف را نشان می‌دهد.

واژه‌های کلیدی: پدیگری، پنبه، پیشرفت ژنتیکی، توارث‌پذیری، همبستگی

مقدمه

پنبه بعنوان یک گیاه گرمسیری و نیمه گرمسیری تقریباً در پنج قاره جهان کشت می‌شود. بخش اعظم محصول پنبه در قاره آسیا تولید می‌شود، بطوریکه چهار کشور آسیایی مانند چین، هندوستان، پاکستان و ازبکستان حدود ۶۸ درصد پنبه جهان را تولید می‌کنند و کشور آمریکا نیز به تنهایی حدود ۱۲ درصد از پنبه جهان را تولید می‌کند. در سال ۲۰۱۸-۲۰۱۹ میانگین جهانی عملکرد حدود ۷۷۹ کیلوگرم و میانگین عملکرد پنبه در ایران ۷۱۰ کیلوگرم توسط کمیته مشورتی بین‌المللی پنبه (ICAC, 2019) گزارش شد. ایران با سطح کشت حدود ۱۰۰ هزار هکتار و تولید حدود ۶۵ تا ۷۰ هزار تن محلولج از لحاظ سطح کشت در رتبه ۳۳ و از لحاظ عملکرد در رتبه ۲۳ در بین حدود ۵۰ کشور جهان قرار دارد (۹).

بدلیل پیشرفت‌های تکنولوژیکی، تغییر سیستم‌های کاشت، تغییرات اقلیمی و نیازهای رو به افزایش کشاورزان، اصلاح و معرفی ارقام جدید بعنوان یک برنامه پویا مورد توجه قرار می‌گیرد (۵۱). در حال حاضر قریب به ۱۴ رقم تجاری پنبه در کشور مورد کشت قرار می‌گیرند که بیش از ۸۰ درصد آنها از سال ۱۳۸۶ تاکنون اصلاح و معرفی شدند که از اهم آنها می‌توان به ارقام گلستان، ارمغان، سپید، خرداد، کاشمر، خورشید، شایان، لطیف، ساجدی، حکمت، تابان و پرتو اشاره کرد. هسته اولیه بذر تمامی ارقام زراعی کشور هر ساله از طریق روش‌های سلکسیون تولید و عرضه می‌شوند.

سلکسیون در پنبه عمدتاً با دو هدف تثبیت ژنتیکی جمعیت‌های در حال تفرق یا حفظ خلوص ژنتیکی و یکنواختی ارقام تجاری استفاده می‌شود. برای انتخاب از داخل جمعیت‌های در حال تفرق روش‌های سلکسیون لاین خالص، پدیگری، پدیگری-بالک، خط نتاج، روش هارلند، بالک مشروط، تک بذر، روش لانکارت (تک غوزه) و لانه زنبوری و برای حفظ خصوصیات ارقام تجاری روش‌های توده‌ای، کلاسیک و پدیگری-ماسال از روش‌های مهم به شمار می‌روند (۷).

پنبه یک گیاه خودگشن محسوب می‌شود که درصد دگرگشتی آن برحسب گونه و منطقه رشد از ۲ تا ۵۰ درصد در کشورهای مختلف متغیر است. بر اساس نتایج پژوهش‌های انجام شده در ایران، میزان دگرگشتی پنبه در شرایط زراعی ایران کمتر از سه درصد برآورد و گزارش گردید (۶۰). مدت‌ها تصور می‌شد که ارقام زراعی خودگشن بدلیل تثبیت ژنتیکی معمولاً پایا و بدون (یا حداقل) تغییرات ژنتیکی هستند. مطالعات ژنتیکی و مولکولی انجام شده در محصولات مختلف، ضمن رد این نظریه، رخداد تغییرات ژنتیکی درون واریته‌ای ناشی از فرآیندهای نوترکیبی، کراسینگ‌اورهای نامتعادل، موتاسیون، متیلاسیون DNA، ورود و خروج ترانسپوزنها، مضاعف شدن ژن‌ها و بیماری‌های بذر زاد را در محصولات خودگشن نیز تایید نمود (۴۸، ۳۴، ۲۵). علاوه بر آن فشارهای ناشی از زوال تدریجی ژنتیکی، دگرگشتی،

اختر و همکاران (۱) در بررسی اثربخشی دو روش سلکسیون پدیدگری و لانه زنبوری در پیشرفت اصلاحی صفات عملکرد و کیفیت الیاف پنبه، اختلافی در بهبود صفات کیفی الیاف مشاهده نکردند، ولی اثربخشی روش لانه زنبوری در انتخاب لاین‌های پرمحصول را بهتر دانستند. مای و گرین (۳۸) با ارزیابی روشهای انتخاب برای بهبود کیفیت الیاف پنبه دریافتند که در جمعیت در حال تفرق F2، اجرای سلکسیون بالک نسبت به سلکسیون شجره‌ای مفیدتر است. اوکاز و همکاران (۴۴) در بررسی اثربخشی دو روش سلکسیونی در اصلاح ارقام مصری، کارایی روش پدیدگری را بهتر از روش بالک گزارش کردند. توکاتلیدیس و همکاران (۵۷) در ارزیابی نتایج پنج سال سلکسیون درون واریته‌ای سه رقم پنبه، ظهور هتروژنیته معنی‌دار درون واریته‌ای در چرخه‌های تکثیر را گزارش نمودند و با اجرای سلکسیون در بذر اصلاحگر (BS) ارقام زراعی پنبه، افزایش عملکرد ۵ تا ۱۲ درصد و پیشرفت‌های قابل ملاحظه در برخی صفات کیفی الیاف را گزارش کردند. ال‌دیفرای و امین (۲۱) نیز زودرسی دو جمعیت پنبه را طی دو مرحله سلکسیون به میزان ۹ و ۱۱ درصد بهبود بخشیدند. برای انتخاب ارقام مطلوب با ویژگی‌های خاص استفاده از یک صفت به تنهایی ممکن است منجر به نتایج مطلوبی نباشد، بر همین اساس استفاده از شاخص انتخاب مبتنی بر چند صفت برای ارزیابی بهتر ژنوتیپ‌ها و تنوع ژنتیکی آنها مورد توجه قرار می‌گیرد (۵۹). کارتیکیاردی و باربارا (۳۱) با طراحی ۶۳ شاخص مختلف از روی شش صفت گندم، بیشترین کارایی را برای شاخص مبتنی بر چهار صفت گزارش کردند. مانینگ (۳۶) با اجرای سلکسیون روی صفات عملکرد، تعداد غوزه، تعداد دانه در غوزه و درصد الیاف میزان پیشرفت ژنتیکی عملکرد پس از شش نسل سلکسیون را حدود ۳۵ درصد گزارش نمود. مهدی و همکاران (۳۷) از بین ۱۴ شاخص انتخاب، شاخص مبتنی بر صفات عملکرد الیاف، درصد الیاف، تعداد دانه در غوزه و استحکام الیاف را بعنوان مناسب‌ترین شاخص سلکسیون در پنبه معرفی کردند.

چرخه تکثیر بذر با هسته اولیه (نوکلئوس) آغاز و با بذر گواهی‌شده پایان می‌یابد و این چرخه معمولاً ۴-۵ سال به طول می‌انجامد. در سیستم استاندارد بین‌المللی نسل‌های مختلف بذر با اسامی نوکلئوس، بذر اصلاحگر، بذر پایه، بذر ثبت شده و بذر گواهی‌شده نام‌گذاری می‌شود. طبقه بذری ثبت شده معمولاً تولید نمی‌شود، بذر پایه نیز در قالب دو طبقه سوپرالیته و الیت تولید و تکثیر می‌شود. بنابراین در چرخه‌های تولید و تکثیر بذر، بذر اصلاحگر (BS) حداقل پس از سه مرحله تکثیر در اختیار بهره‌برداران قرار می‌گیرد از این رو در طی این فرایند، احتمال زوال واریته‌ای ناشی از عوامل تهدید کننده دور از ذهن نیست. بنابراین، حفظ خصوصیات واریته‌ای از اهمیت زیادی برخوردار است که این هدف مهم در طبقات نوکلئوس و بذر اصلاحگر پنبه از طریق سلکسیون پدیدگری - ماسال و در طبقات بعدی از طریق سلکسیون منفی و مخلوط‌کشی پیگیری می‌شود (۷، ۴۴). در این پژوهش، تاثیر سلکسیون پدیدگری - ماسال در پیشرفت ژنتیکی و بهبود

اختلاط، بیماری‌های بذر زاد و غیره نیز بعنوان عوامل تهدیدکننده اصالت و سلامت ارقام زراعی شناخته می‌شوند بطوری‌که با ایجاد تغییرات درون واریته‌ای، موجبات کاهش ارزش و حتی از دست رفتن صفات مطلوب در چرخه‌های تکثیر بذر را فراهم می‌سازند (۲۶، ۴۷). مقدار تنوع و تغییرات احتمالی درون واریته‌ای بر حسب ژنتیک و توارث‌پذیری صفت و محیط رشد متفاوت است (۵۷، ۲۵).

عملکرد و برخی خواص کیفی الیاف پنبه جزو صفات پلی‌ژنیک‌اند و تحت تاثیر محیط قرار می‌گیرند (۴۲)، از طرف دیگر بدلیل وجود دگرگشتی طبیعی (۱۴) و هتروژنی جزئی موجود در مولتی لاین‌های تشکیل‌دهنده رقم زراعی، لزوم سلکسیون مستمر و پیگیری فرآیند حفظ یا بهبود صفات اقتصادی امری رایج است که به‌نژادگران با خوش بینی آن را متناسب با تقاضای بازار دنبال می‌کنند (۴۸).

وقوع تغییرات ژنتیکی تدریجی در ارقام زراعی و لزوم حفظ خلوص و یکنواختی آنها از طریق سلکسیون در بسیاری از محصولات از جمله برنج (۴۷)، سویا (۲۵)، گندم (۴۸)، جو (۲۶)، کتان (۳۴)، باقلا و لوبیا (۴۵) و پنبه (۲، ۱، ۱۷) گزارش شده است. پنگ و همکاران (۴۷) در بررسی عملکرد برنج رقم IR8 در یک دوره سی ساله در فیلیپین به کاهش ۲۰ درصدی عملکرد بواسطه تاثیر عوامل ژنتیکی و محیطی پی برده و برای حفظ و یا بهبود شاخص‌های زراعی ارقام برنج، اجرای سلکسیون را ضروری دانستند.

در خصوص کاربرد سلکسیون در بهبود عملکرد، تمرکز آل‌های مثبت و کاهش تنوع درون واریته‌ای گیاهان زراعی (۲۴، ۲۷، ۳۴) و اثربخشی روش‌های سلکسیونی در برنامه‌های به‌نژادی پنبه پژوهش‌های متعددی صورت گرفته است (۳۲، ۴۴، ۳۳). تنوع درون واریته‌ای در پنبه برای صفاتی چون عملکرد، مقاومت به پژمردگی ورتیسیلیومی، صفات کیفی و تکنولوژیکی الیاف (طول، میکرونری و رسیدگی الیاف)، مقادیر خاکستر، پتاسیم و ایزوتوپ کربن برگ پنبه گزارش شده است (۶۱، ۵۷، ۲۵). توکاتلیدیس و همکاران (۵۷) ضمن اشاره به تنوع درون واریته‌ای و مولتی‌لاین بودن ارقام زراعی پنبه، ضرورت و اهمیت سلکسیون سالانه به منظور حفظ یکنواختی فنوتیپی و بهبود عملکرد و صفات کیفی ارقام پنبه یادآور شدند.

بیشتر برنامه‌های اصلاحی پنبه در کشورهای مختلف بر روش سلکسیون پدیدگری تغییر یافته استوار هستند (۱۳). در روش پدیدگری، خط نتاج (لاین) از یک تک بوته حاصل می‌شود که تامین‌کننده بذر مورد نیاز آزمایشات تکراردار بعدی خواهند بود (۱۵). لیو و همکاران (۳۳) در ارزیابی صفات مطلوب در خطوط نتاج و تک بوته‌های انتخابی پنبه، درصد کیل الیاف را بعنوان مهم‌ترین فاکتور تعیین‌کننده عملکرد الیاف برشمردند و از آن بعنوان شاخص انتخاب در نسل‌های اولیه معرفی کردند. همچنین اشاره داشتند که سلکسیون در نسل‌های اولیه امکان حذف صفات و لاین‌های نامطلوب را فراهم می‌سازد که این امر تمرکز به‌نژادگران روی لاین‌های اصلاحی مطلوب انتخابی و تدارک تلاقی‌های مناسب بعدی را بهبود می‌بخشد.

عملکرد و کیفیت الیاف پنبه رقم لطیف مورد ارزیابی قرار گرفته است.

مواد و روش‌ها

این پژوهش به مدت سه سال (سال زراعی ۹۶-۱۳۹۴) در ایستگاه تحقیقات پنبه هاشم‌آباد گرگان (طول ۵۴ درجه و ۱۶ دقیقه شرقی و عرض ۳۶ درجه و ۵۱ دقیقه شمالی، ارتفاع از سطح دریا ۱۴ متر) روی رقم جدید پنبه لطیف انجام شد. رقم لطیف حاصل تلاقی دو ژنوتیپ خارجی از گونه *G.hirsutum* است که در سال ۱۳۹۳ نامگذاری و معرفی گردید (۸). از ویژگی‌های این رقم می‌توان به پتانسیل عملکرد بالا (بیش از ۶ تن)، زودرسی (دوره رشد متوسط ۱۳۵ تا ۱۴۰ روز)، کیل و کیفیت الیاف مناسب، سازگاری عمومی و پایداری عملکرد نسبتاً خوب، تحمل نسبی به برخی آفات، بیماری پژمردگی ورتیسیلیومی و همچنین شوری خاک اشاره کرد.

به منظور تعیین اثربخشی سلکسیون پدیگری ماسال در حفظ یا بهبود صفات کمی و کیفی لاین‌های اصلاحی رقم لطیف، توده‌ای از هسته اولیه رقم مذکور در تاریخ ۱۹ اردیبهشت ماه سال ۱۳۹۴ بصورت لاین با فواصل ۸۰×۲۰ سانتی‌متر در دو قطعه به ابعاد ۶ × ۳۰ متر کشت گردید و در طول فصل رشد عملیات انتخاب بوته در سه مرحله (دو هفته قبل از شروع گلدهی، دو هفته بعد از شروع گلدهی، زمان رسیدگی محصول) انجام و در هر مرحله بوته‌های انتخابی اتیکت‌گذاری شدند. پس از باز شدن بیش از ۸۰٪ وش در هر بوته، اندازه گیری صفات (به شرح زیر) در بوته‌های اتیکت‌گذاری شده صورت پذیرفت و سپس محصول آنها بصورت مجزا برداشت و توزین گردید. الیاف هر تک بوته به همراه نمونه‌های بیست غوزه از هر لاین جهت اندازه‌گیری و سنجش کیفیت الیاف به آزمایشگاه ارسال و بر اساس نتایج، نمونه‌های برخوردار از کیفیت الیاف ضعیف‌تر حذف و مابقی برای ادامه آزمایش در سال دوم انتخاب و حفظ شدند. انتخاب بوته بر مبنای شاخص‌های سلکسیون مانینگ (۳۶) و با اولویت بر صفات عملکرد، درصد کیل، طول الیاف، میکرونری و استحکام الیاف انجام پذیرفت.

در سال دوم و سوم بذر تک بوته‌های انتخابی، بصورت لاین‌های ۸ متری در قطعات سلکسیونی کشت شدند و به ازای هر نه لاین حاصل از سلکسیون، یک خط از توده

اصلاحی اولیه بعنوان شاهد کشت گردید. تاریخ کاشت آزمایش ۲۲ اردیبهشت ماه و کلیه مراحل داشت از قبیل آبیاری، تنک، وجین و مبارزه با آفات مطابق دستورالعمل ایستگاه انجام و در پایان فصل، برداشت محصول لاین‌ها پس از حذف نیم متر حاشیه از دو طرف انجام شد. عملیات یادداشت‌برداری، اتیکت‌گذاری، جین‌زنی، برداشت محصول و انتخاب بوته در سالهای اول و دوم بصورت هماهنگ و در زمان مناسب انجام پذیرفت. در سال سوم لاین‌های برتر و مشابه از نظر فنوتیپی، بصورت توده (بالک) برداشت و ترکیب حاصل بعنوان هسته اولیه بذری رقم لطیف مورد استفاده قرار گرفت. تعداد تک بوته‌های انتخابی و تعداد لاین‌های تشکیل شده در هر سال آزمایشی در جدول ۱ نشان داده شد.

در این پژوهش صفات عملکرد، وزن ۲۰ غوزه، وزن الیاف ۲۰ غوزه، وزن دانه در ۲۰ غوزه، درصد کیل (نسبت وزن الیاف به وزن وش×۱۰۰)، طول الیاف (UHML)، استحکام، میکرونری (خشن بودن الیاف)، کشش، یکنواختی و شاخص کیفیت الیاف در سطح تک بوته و لاین‌ها اندازه‌گیری شدند. برای سنجش صفات کیفی الیاف، نمونه‌های الیاف از تک بوته‌ها و لاین‌ها بصورت مجزا تهیه و در شرایط کاملاً استاندارد آزمایشگاه تکنولوژی الیاف (دمای ۲۱ درجه سانتی‌گراد و رطوبت محیطی ۶۵ درصد) توسط دستگاه HVI مدل آرت اندازه‌گیری شدند (۴۱). شاخص کیفیت الیاف لاین‌ها و تک بوته‌های انتخابی از طریق فرمول مژوندار (۳۸) برآورد گردید.

آماره‌های میانگین، انحراف معیار، دامنه تغییرات، ضریب تغییرات صفات با استفاده از رویه Univariate، آزمون اختلاف بین لاین‌های انتخابی در سالهای آزمایشی با آزمون t و ضرایب همبستگی فنوتیپی صفات مطابق روش پیرسون برآورد شدند. توارث‌پذیری صفات مطابق روش پیشنهادی فالکنر (۳۳) و برآورد بازده ژنتیکی مطابق روش آلارد (۱۰) و از رابطه $GC=Kh^2\delta p$ انجام پذیرفت که در فرمول مذکور K دیفرانسیل گزینش استاندارد شده (۲/۰۶۵) برای شدت گزینش ۵ درصد و δp انحراف معیار فنوتیپی و h^2 وراثت‌پذیری خصوصی صفت است. پیشرفت ژنتیکی هر صفت از تقسیم بازده ژنتیکی به میانگین صفت برآورد گردید. برای تجزیه و تحلیل آماری از نرم‌افزار SAS و R (R, 2017, Version) و مقایسه نموداری نتایج از نرم‌افزار Excel و SPSS (3.4.1) استفاده شد.

جدول ۱- تعداد تک بوته و لاین‌های مورد ارزیابی در سال‌های آزمایش

Year سال			مشخصات جمعیت ژنتیکی
۱۳۹۶	۱۳۹۵	۱۳۹۴	
S2	S1	S0	مرحله سلکسیون
۱۰۵	۲۱۱	۴۹۶	تعداد لاین
۵۸	۱۰۵	۲۱۱	تعداد تک بوته انتخابی
۹۸	۱۳۲	۱۴۸	مقدار بذر هسته اولیه تولید شده (Kg)

نتایج و بحث

آماره‌های توصیفی صفات کمی و کیفی لاین‌های مورد بررسی در سال‌های آزمایشی در جدول ۲ و نتایج آزمون معنی‌داری صفات در سال‌های آزمایشی در شکل ۱ ارائه گردید. در بین جمعیت‌های اصلاحی تشکیل شده در سال‌های مختلف (S_0, S_1, S_2) اختلاف بسیار معنی‌دار ($p \leq 0.01$) برای صفات عملکرد، وزن غوزه، درصد کیل، طول، یکنواختی، میکرونری، استحکام و کشش الیاف وجود داشت (شکل ۱) که بیانگر تاثیر سلکسیون درون واریته‌ای در بهبود صفات مذکور بود. ردی و همکاران (۴۹) معنی‌دار شدن اختلاف صفات در لاین‌های اصلاحی حاصل از سلکسیون را دلالت بر پاسخ مناسب صفت به انتخاب و اثربخشی سلکسیون در ایجاد جمعیت‌های جدید اصلاح شده دانستند. اختر (۱) و اوکاز و همکاران (۴۴) نیز به اثربخشی برخی روش‌های سلکسیونی و پیشرفت‌های حاصل در اصلاح صفات کمی و کیفی پنبه اشاره داشتند. المز و همکاران (۲۲) و جانسون و همکاران (۳۰) با اشاره به تنوع درون واریته‌ای، نقش متقابل فرایندهای متابولیکی و مکانیسم‌های تنظیمی، رفتار رشدی گیاه و اثر متقابل ژنوتیپ با محیط (GE)، تاثیر pH، مواد آلی خاک و خسارت آفات از جمله حشره تریپس را عامل ظهور تنوع قابل ملاحظه خواص تکنولوژیکی الیاف در ژنوتیپ‌های مختلف و در سطح یک بوته و حتی در داخل یک غوزه معرفی کردند. بررسی‌های گذشته نشان می‌دهد که بیش از ۸۰ درصد تنوعات طول و استحکام الیاف ناشی از اثرات واریته‌ای و ۷۹ درصد از تغییرات رنگ و ۵۹ درصد از تغییرات میکرونری الیاف ناشی از اثرات محیطی است (۵۸). طول و استحکام الیاف به طور مثبت و معنی‌داری تحت تاثیر درجه حرارت محیط رشد قرار می‌گیرند. مرحله ابتدایی افزایش طول الیاف به میزان زیادی به درجه حرارت وابسته است. مرحله انتهایی افزایش طول الیاف از درجه حرارت مستقل و به آن وابسته نیست. طول الیاف (طول بالای متوسط نصف) به طور منفی با اختلاف بین حداکثر و حداقل درجه حرارت همبسته است (۲۲).

نتایج ارائه شده در جدول ۲ نشان می‌دهد سلکسیون درون واریته‌ای اثر مثبت در بهبود صفات عملکرد و کیفیت الیاف در لاین‌های تشکیل‌دهنده رقم لطیف داشت. به طوری که در سال نخست اجرای سلکسیون درون واریته‌ای (S_1) عملکرد جمعیت آزمایشی ۴۳۹ کیلوگرم (معادل ۹/۱ درصد) و در سال دوم (S_2) ۷۸۱ کیلوگرم (معادل ۱۴/۸ درصد) بهبود نشان داد. مهدی و همکاران (۳۷) با اجرای دو مرحله سلکسیون شجره‌ای به منظور حفظ و بازتولید رقم مصری گیزا ۹۰، موفق به افزایش عملکرد الیاف/ بوته پنبه به میزان ۶/۳ و ۸/۴ درصد شدند. اوکاز و همکاران (۴۴) صفات تعداد غوزه، وزن غوزه، تعداد دانه در قوزه، وزن دانه و درصد کیل الیاف را بعنوان اجزای اصلی تعیین کننده عملکرد برشمردند که بطور مستقیم در بهبود عملکرد وش مؤثرند. در برخی پژوهش‌ها به اثرات غیرمستقیم ارتفاع بوته و تعداد شاخه‌های رویا و زایا بر عملکرد محصول پنبه نیز اشاره شده است (۳۶، ۵۱).

وزن بیست غوزه در سلکسیون اول ۲/۲ گرم و در سلکسیون دوم ۱/۸ گرم (به ترتیب معادل ۲ و ۱/۶ درصد) افزایش نشان داد. بذر و الیاف اجزای مهم تشکیل‌دهنده وش پنبه هستند (۳) و مطابق گزارش مخدوم و همکاران (۳۹) علت تغییرات وزن غوزه را می‌توان در افزایش وزن دانه یا وزن الیاف درون هر غوزه جستجو کرد، با توجه به نتایج حاصل، میزان تغییرات افزایشی وزن دانه (۴/۸ درصد) نسبت به وزن الیاف (۲/۴ درصد) بیشتر بود، از این‌رو بنظر می‌رسد بهبود وزن دانه نقش مؤثرتری در بهبود وزن غوزه رقم لطیف داشته است (جدول ۲). طول الیاف در هر دو مرحله سلکسیون روند افزایشی داشت بطوری که در سلکسیون اول ۱/۷ میلی‌متر (معادل ۵/۹ درصد) و در سلکسیون دوم نیز ۰/۷ میلی‌متر (معادل ۲/۳ درصد) افزایش داشت. میزان تغییرات افزایشی وزن الیاف، کیل، میکرونری و شاخص کیفیت الیاف در سلکسیون اول (S_1) بیشتر از سلکسیون دوم (S_2) بود. صفت استحکام الیاف در مرحله S_1 روند افزایشی و در مرحله S_2 تغییر فاحشی نشان نداد. با توجه به نتایج حاصل، اجرای سلکسیون سالیانه به منظور انتخاب مناسب‌ترین ترکیب لاین‌های تشکیل‌دهنده رقم تجاری پنبه، ضمن حفظ خصوصیات واریته‌ای رقم لطیف، در بهبود و افزایش صفات عملکرد، وزن غوزه، وزن بذر، درصد کیل، طول الیاف، استحکام و ظرافت الیاف (شاخص میکرونری) نیز مؤثر بود. میزان افزایش وزن الیاف، یکنواختی و کشش الیاف مثبت، ولی کمتر از سایر صفات مورد ارزیابی بود. نتایج نشان داد که پاسخ صفات به سلکسیون‌های اولیه نسبت به سلکسیون‌های بعدی بیشتر است و با تداوم سلکسیون، رفته رفته مقادیر صفات به حالت ثبات می‌رسد که از این مرحله به بعد اجرای عملیات سلکسیون با حفظ صفات واریته‌ای در مراحل ازدیاد و تکثیر همراه است. لیو و همکاران (۳۴) و کاروالهو و همکاران (۱۷) نیز به اثربخشی انتخاب تک بوته در سال‌های اولیه بر بهبود ویژگی‌های کیفی الیاف بویژه طول، استحکام و ظرافت الیاف اشاره داشتند. کنتای و کنتاستال (۱۸) نیز ضمن اشاره به اهمیت اجرای سلکسیون سالیانه در برنامه‌های به‌نژادی پنبه، سلکسیون مستقیم عملکرد را بعنوان یک راهبرد کوتاه مدت و سلکسیون غیرمستقیم اجزای عملکرد را بعنوان راهبرد دراز مدت در حفظ و بهبود خصوصیات واریته‌ای ارقام زراعی پنبه برشمردند.

نتایج ارزیابی روند تغییرات برخی صفات کمی و کیفی مهم پنبه در شکل ۲ ارائه گردید. بر اساس نتایج، اجرای سلکسیون در بهبود صفات عملکرد وش، کیل الیاف، طول الیاف، استحکام الیاف و وزن غوزه تاثیر مثبت و افزایشی و روی صفت میکرونری تاثیر کاهشی داشته است. بیشترین شیب تغییرات مربوط به عملکرد و میکرونری الیاف بود که این امر دلالت بر اثربخشی سلکسیون پدیدگی - ماسال در بهبود صفات مذکور در ارقام اصلاح شده پنبه داشت. نتایج حاصل با گزارش ولز و مردیت (۵۸) مطابقت داشت. وجود همستگی مثبت بین برخی از صفات، توجیه‌کننده پاسخ مشابه آنها به سلکسیون و روند بهبود آنهاست. یکنواختی، استحکام و طول الیاف تا سال دوم انتخاب روند مثبت، ولی در سال سوم بطور

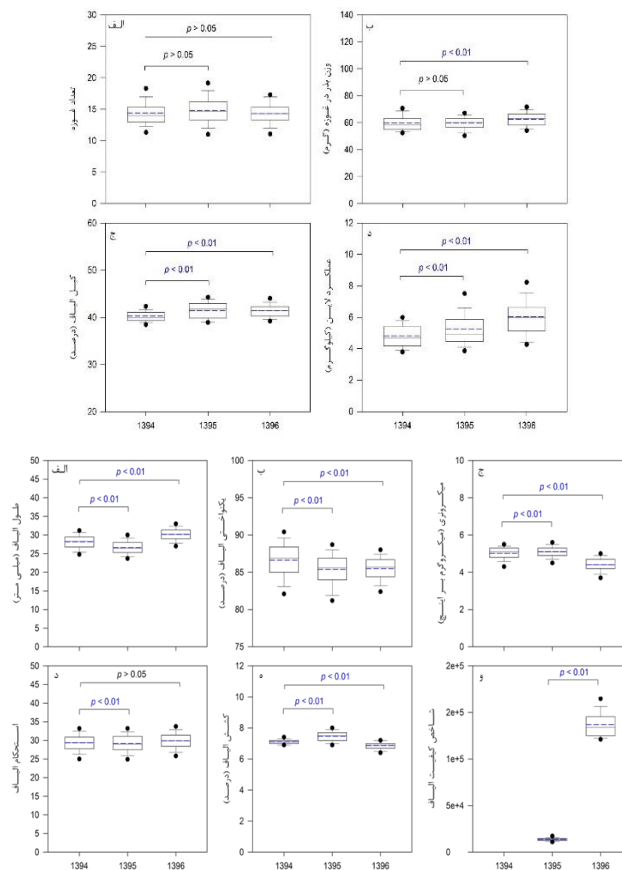
جمعیت را فراهم و علاوه بر آن دستیابی به شاخص‌های کیفی الیاف استاندارد از طریق خنثی کردن پیوستگی ژن‌های مثبت و منفی را تسهیل می‌سازد (۳۳). این بدان معنی است که احتمال تجمع صفات عملکرد و شاخص‌های کیفی الیاف در مولتی‌لاین‌های همگن، بیشتر از جمعیت حاصل از تکثیر یک لاین خالص است (۱۲). علیرغم اهمیت تنوع درون واریته‌ای، پژوهش‌های انجام شده در پنبه نسبتاً محدود و علت آن عمدتاً به تصویری که در خصوص همگن بودن ارقام الیت وجود دارد، مربوط می‌شود. تنوعات درون واریته‌ای در محصولاتی چون گندم، برنج، ذرت، سویا و کلزا نیز گزارش شده است (۲۸) و برخی از دانشمندان بر این عقیده‌اند که مکانیزم‌هایی که موجب تنوع *de novo* می‌شوند ممکن است در این امر دخیل باشند (۲۷، ۴۸).

جزیی روند کاهشی نشان دادند، همبستگی ضعیف و یا منفی این صفات با صفات کشش الیاف، شاخص کیفیت و میکرونری می‌تواند دلیل روند کاهشی آنها در برخی دوره‌های سلکسیون باشد. تحلیل روند تغییرات صفات در مراحل سلکسیون از نقطه نظر مطالعه رفتار ارقام معرفی شده در طول روند به‌نژادی حائز اهمیت است و ابزار مفیدی برای تعیین معیار انتخاب در برنامه‌های به‌نژادی آینده نیز به شمار می‌رود (۳۵). در مطالعات گذشته به پیشرفت‌های اندک در بهبود پارامترهای کیفی الیاف (بجز میکرونری) در طول برنامه‌های به‌نژادی پنبه اشاره شده است (۵۸). ارقام زراعی پنبه اگرچه همگن شناخته می‌شوند، ولی اغلب به‌نژادگران به وجود تنوع ژنتیکی پنهان در لاین‌های تشکیل دهنده ارقام پنبه و لزوم حفظ و بهره‌برداری مثبت از آنها تاکید دارند (۴۵، ۴۸). وجود چنین تنوعی، زمینه پایداری ژنتیکی

جدول ۲- آماره‌های توصیفی صفات مورد مطالعه در جمعیت‌های حاصل از سلکسیون پنبه رقم لطیف

Table 2. Descriptive statistics for studied traits in population derived from cotton (Vr. Latif) selection

تغییر حاصل از سلکسیون	دامنه Range	انحراف معیار Standard deviation	میانگین Mean	سال Year			صفت
				۹۶	۹۵	۹۴	
+ ۱۲۲۰	۲۹۹۴/۰	۹۵۰/۹۴	۵۳۶۲/۰	۶۰۲۹	۵۲۴۸	۴۸۰۹	عملکرد لاین (kg ^h ⁻¹)
+ ۲/۲	۲/۲۵	۰/۴۴	۱۰۲/۴	۱۰۴/۳	۱۰۲/۶	۱۰۰/۴	وزن بیست غوزه (g)
+ ۱/۰	۳۳/۸۰	۶/۶۱	۴۱/۷	۴۱/۶	۴۲/۹	۴۰/۶	وزن الیاف در بیست غوزه (g)
+ ۲/۹	۴۳/۹۰	۸/۲۹	۶۰/۷	۶۲/۷	۵۹/۷	۵۹/۸	وزن دانه در بیست غوزه (g)
+ ۰/۲	۶/۲	۱/۲۸	۱۴/۷	۱۴/۷	۱۴/۸	۱۴/۵	تعداد غوزه
+ ۲/۹	۱۵/۴۶	۲/۱۶	۴۲/۶	۴۳/۲	۴۴/۳	۴۰/۳	کیل الیاف (%)
+ ۲/۴	۸/۰۰	۱/۶۰	۳۰/۱	۳۱/۱	۳۰/۴	۲۸/۷	طول الیاف (mm)
+ ۰/۲	۱۰/۱۰	۱/۸۰	۸۵/۸	۸۵/۹	۸۵/۷	۸۵/۷	یکنواختی الیاف (%)
- ۰/۶	۱/۹۰	۰/۳۵	۴/۵	۴/۳	۴/۴	۴/۹	میکرونری (ug/inch)
+ ۱/۳	۱۲/۰۱	۲/۲۳	۳۱/۱	۳۱/۵	۳۱/۶	۳۰/۲	استحکام الیاف (g/tex)
+ ۰/۱	۱/۲۰	۰/۲۴	۶/۹	۷/۰	۶/۹	۶/۹	کشش الیاف (%)
+ ۳۲۰۰	۴۳۲۵/۲	۳۲۶۵/۸	۱۲۸۶۸/۶	۱۳۶۸۲	۱۴۴۴۲	۱۰۴۸۲	شاخص کیفیت الیاف



شکل ۱- نتایج آزمون معنی‌داری میانگین صفات کمی و کیفی لاین‌های آزمایشی در سال‌های مختلف

Figure 1. Signification test results for quantitative and qualitative traits of experimental lines in different years

اقبال و همکاران (۲۷) و کونتای و کونستابل (۱۸) مطابقت داشت. دویداس و همکاران (۲۰) بیشترین توارث‌پذیری را برای تعداد غوزه، درصد کیل و زودرسی پنبه، و مهدی و همکاران (۳۷) برای صفت میکرونری گزارش کردند. توارث‌پذیری بزرگ‌تر بیانگر نقش بیشتر اثر ژن در بیان صفت و کارایی انتخاب در بهبود صفت در سلکسیون‌های متوالی می‌باشد (۳۷).

برآورد بازده ژنتیکی همراه با وراثت‌پذیری، تصویر روشن‌تری از ژن‌های درگیر در بیان صفات و اثربخشی انتخاب در پیشبرد اهداف اصلاحی صفات ارائه می‌دهد. بر اساس نتایج این تحقیق، دامنه پیشرفت ژنتیکی صفات از ۱/۰۵ تا ۱۳/۶۳ درصد متغیر بود (جدول ۳). وزن دانه (۱۳/۶۳ درصد)، وزن الیاف (۱۱/۹۴ درصد) و وزن غوزه (۱۰/۶۸ درصد) پاسخ بهتری به سلکسیون درون واریته‌ای نشان دادند و پس از آن عملکرد وش با پیشرفت ژنتیکی ۸/۹ درصد در رتبه بعدی قرار داشت. سلیمان (۵۵) پیشرفت حاصل از سلکسیون مستقیم عملکرد را ۹/۰۸ درصد و بر اساس شاخص سلکسیونی (اجزای عملکرد) ۲۲/۷ درصد گزارش کرد. در بین ویژگی‌های کیفیت الیاف نیز صفات میکرونری و استحکام پاسخ بهتری نسبت به سلکسیون در مقایسه با صفات طول، یکنواختی و کشش الیاف داشتند. مانینگ (۳۶) ضمن اشاره به

برآورد پارامترهای ژنتیکی مربوط به صفات کمی و کیفی مورد مطالعه در جدول ۳ ارائه گردید. بر اساس نتایج حاصل، بیشترین ضریب تغییرات به ترتیب مربوط به عملکرد لاین‌ها (۲۳/۸ درصد)، وزن دانه (۱۰/۷ درصد)، وزن غوزه، کیل الیاف و استحکام الیاف (۸ تا ۸/۶ درصد) بود که که اشاره به میزان تنوع آنها در مقایسه با سایر صفات داشت. کمترین ضریب تغییرات نیز مربوط به میکرونری الیاف (۲/۱ درصد) و کشش الیاف (۳/۵ درصد) بود که نشان‌دهنده تنوع کمتر صفت و احتمالاً وجود آل‌های مثبت و منفی در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه خواهد بود که منجر به افزایش پایداری صفت تحت شرایط محیطی مختلف می‌شود (۲۰).

صفات مورد بررسی از نظر توارث‌پذیری در سه گروه توارث‌پذیری کم (کمتر از ۳۰ درصد)، متوسط (۳۰ تا ۶۰ درصد) و زیاد (بیشتر از ۶۰ درصد) دسته بندی شدند (جدول ۳). عملکرد وش، کیل الیاف، طول الیاف، یکنواختی، کشش و شاخص کیفیت الیاف از توارث‌پذیری پایین برخوردار بودند که دلالت بر اثربخشی پایین انتخاب برای صفات مذکور داشت. وزن الیاف (۵۴/۲ درصد)، میکرونری (۳۲/۷) و استحکام الیاف (۳۲/۴ درصد) دارای توارث‌پذیری متوسط و صفات وزن غوزه (۶۲/۵ درصد) و وزن دانه (۷۷/۲ درصد) دارای توارث‌پذیری زیاد بودند. نتایج حاصل با گزارش شائو و همکاران (۲۸، ۵۳)

وزن غوزه با طول الیاف، کیل الیاف با میکرونری، استحکام الیاف با طول و یکنواختی الیاف مشاهده شد. همبستگی مثبت بین صفات نشان می‌دهد که ژن‌های فعال در ژنوتیپ‌ها می‌توانند در بهبود صفات و خلق ارقام برتر مؤثر باشد (۵۳). همبستگی بین وزن دانه با کیل الیاف، استحکام با کشش الیاف و طول با کشش الیاف منفی و در سطح آماری معنی‌دار بود (شکل ۲). میکرونری شاخص سنجش ظرافت الیاف است. هر چه مقدار این شاخص کمتر باشد دلالت بر ظریف بودن الیاف دارد که این موضوع برای صنعت ریسندگی و نساجی از اهمیت بالایی برخوردار است. همبستگی منفی و غیرمعنی‌دار عملکرد با درصد کیل و وزن غوزه دلالت بر تمایل لاینهای پرمحصول این رقم به سمت کاهش جزیی وزن غوزه و درصد کیل داشت، ولی میزان کاهش در صفات مذکور احتمالاً چندان محسوس نخواهد بود. با توجه به ضرایب همبستگی معنی‌دار میکرونری الیاف با درصد کیل ($r=0.40^{**}$) و همبستگی منفی آن با وزن دانه بر ضرورت توجه همزمان به درشتی دانه و کیل الیاف در بهبود ظرافت الیاف لاینهای انتخابی اشاره دارد. در پژوهش‌های گذشته به تغییرات افزایشی میکرونری الیاف در ارقام پرمحصول و مدرن پنبه اشاره شده و بر اهمیت و ضرورت اجرای سلکسیون مستمر در حفظ یا کاهش این صفت تأکید شده است (۵۸).

اهمیت آگاهی از روابط فنوتیپی و ژنتیکی صفات در شناسایی شاخص‌های انتخاب به منظور گزینش غیرمستقیم عملکرد و کیفیت الیاف در لاین‌های اصلاحی بر کسی پوشیده نیست و صفاتی به‌عنوان شاخص انتخاب اهمیت خواهند داشت که علاوه بر داشتن همبستگی با عملکرد، دارای وراثت‌پذیری بالاتری نیز باشند (۵، ۵۳). روابط متقابل بین عملکرد و خواص کیفی الیاف نسبتاً پیچیده است. بطور کلی، همبستگی منفی بین دو صفت، اصلاح همزمان آنها را با مشکل مواجه می‌سازد. از طرف دیگر، همبستگی مثبت عملکرد مخلوج با درصد کیل، تعداد غوزه، میکرونری و کشش الیاف اصلاح و تمرکز این صفات در ارقام زراعی را تسهیل می‌نماید. اما همبستگی بین عملکرد مخلوج با وزن غوزه و شاخص بذر منفی گزارش شده است (۳۹، ۱۹).

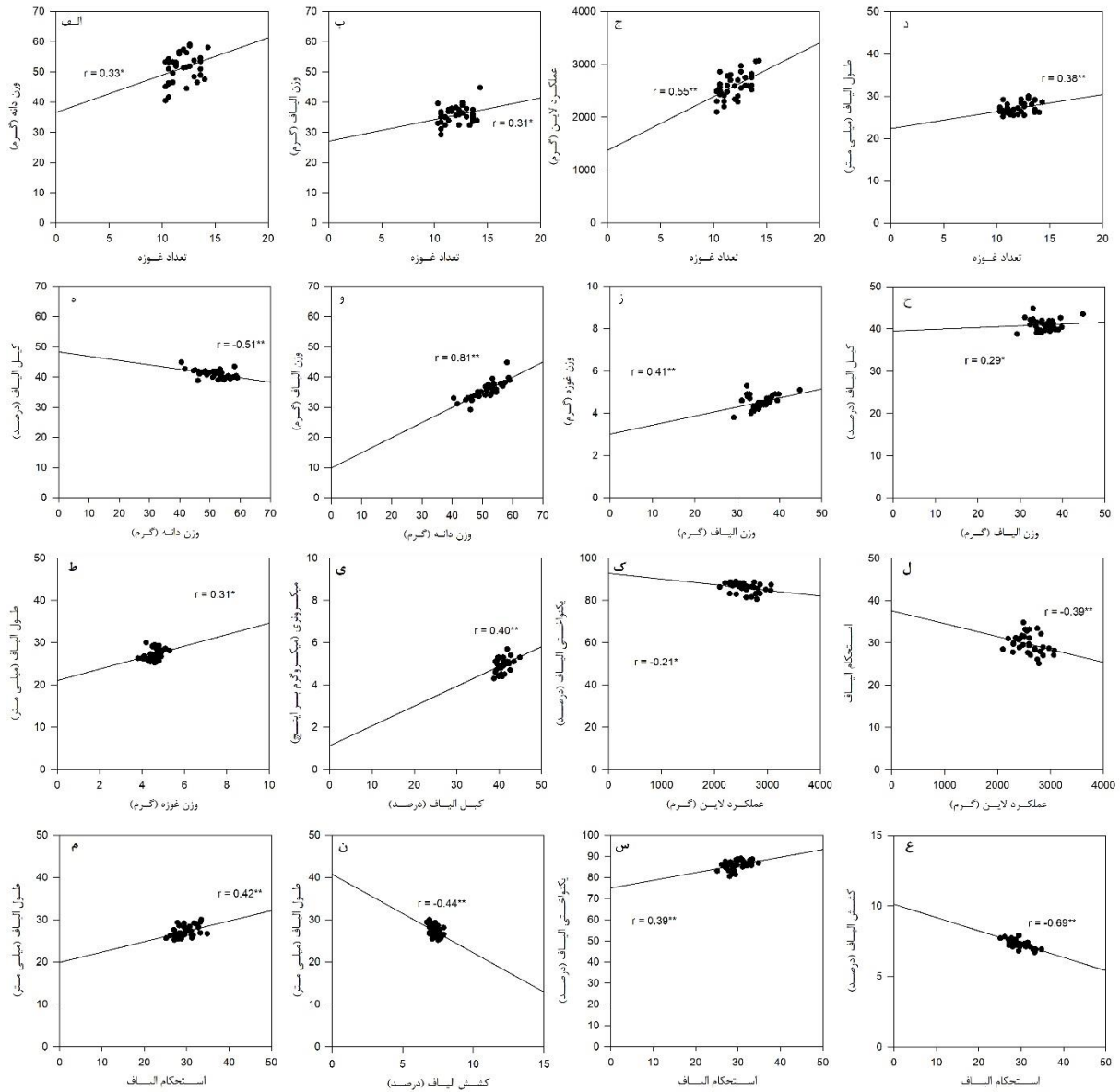
همبستگی منفی بین عملکرد و برخی صفات کیفی الیاف، به‌نژادی پنبه و تجمیع مجموعه‌ای از صفات اقتصادی که تامین‌کننده انتظارات بخش تولید و صنعت باشد را نسبتاً مشکل ارزیابی کردند و علیرغم زمان بر بودن فرآیند به‌نژادی، تداوم عملیات سلکسیون به منظور حفظ یا بهبود صفات در ارقام زراعی را ضروری و با اهمیت دانستند.

بر اساس نتایج، تعداد غوزه بیشترین ضریب همبستگی مثبت و معنی‌دار ($r=0.55^{**}$) با عملکرد داشت و به عنوان مهم‌ترین عامل تعیین‌کننده عملکرد شناسایی شد (شکل ۲). وزن دانه نیز همبستگی مثبت و معنی‌دار ($r=0.27^{**}$) با عملکرد داشت، همبستگی وزن الیاف با عملکرد اگرچه مثبت بود، ولی معنی‌دار نبود ($r=0.25$)، بنابراین سلکسیون برای صفات مذکور شانس بهبود یا افزایش عملکرد و شش در رقم پنبه را افزایش می‌دهد که چنین نتایجی توسط بلوچ و همکاران (۱۱) و سونایان و همکاران (۵۶) نیز اشاره شده بود. در گزارش‌های یاد شده، تعداد و وزن غوزه در تلاقی‌های درون‌گونه‌ای پنبه‌های تتراپلوئید، و تعداد غوزه در هیبریدهای بین‌گونه‌ای و پنبه‌های دیپلوئید از اجزای مهم عملکرد معرفی شدند. به عقیده آنها انتخاب برای این صفات، منجر به افزایش شانس بهبود عملکرد و شش در بوته خواهد شد.

صفات یکنواختی ($r=-0.29^{**}$) و استحکام الیاف ($r=-0.31^{**}$) همبستگی منفی با عملکرد داشتند که مطابق نظر نواز و همکاران (۴۳) این امر دلالت بر پیوستگی نزدیک ژنهای مثبت و منفی صفات مذکور دارد. همبستگی عملکرد و شش با وزن غوزه (-0.10) و کیل الیاف (-0.11) منفی ولی غیر معنی‌دار بود. این بدان معنی است که فشار سلکسیونی در جهت انتخاب لاین‌های پرمحصول، ممکن است با کاهش نامحسوس وزن غوزه و کیل الیاف همراه باشد. ولز و مردیت (۵۸) ضمن اشاره به تغییرات تدریجی برخی صفات در ارقام پنبه اشاره داشتند که ارقام پرمحصول جدید در مقایسه با ارقام قدیمی، از تعداد غوزه، وزن الیاف و زودرسی بیشتر و غوزه‌های نسبتاً کوچک‌تر برخوردارند. با توجه به نتایج حاصل، همبستگی تعداد غوزه با وزن دانه، وزن الیاف و طول الیاف مثبت و معنی‌دار بود. همچنین همبستگی مثبت و معنی‌دار بین وزن الیاف با صفات وزن دانه، وزن غوزه و کیل الیاف،

جدول ۳- پارامترهای ژنتیکی مربوط به صفات کمی و کیفی مورد مطالعه در لاین‌های سلکسیونی پنبه
Table 3. Genetic parameters for quantitative and qualitative traits of lines derived of selection

صفت	ضریب تغییرات (CV) Coefficient of Variation	توارث پذیری خصوصی h^2_{ns}	درصد پیشرفت ژنتیکی GA (%)
عملکرد لاین ($kg\ h^{-1}$)	۲۳/۸۸	۱۸/۱۰	۸/۹۰
وزن غوزه (g)	۸/۴۱	۶۲/۵۲	۱۰/۶۸
وزن الیاف در ۲۰ غوزه (g)	۱۰/۷۰	۵۴/۲۲	۱۱/۹۴
وزن دانه در ۲۰ غوزه (g)	۸/۵۸	۷۷/۱۵	۱۳/۶۳
تعداد غوزه	۸/۸۲	۱۹/۲	۳/۴۹
کیل الیاف (%)	۵/۵۶	۲۹/۶۳	۳/۳۷
طول الیاف (mm)	۵/۲۹	۱۱/۶۴	۱/۲۶
یکنواختی الیاف (%)	۲/۱۱	۲۴/۳۲	۱/۰۵
میکرونری (ug/inch)	۸/۰۴	۳۲/۷۰	۵/۳۵
استحکام الیاف (g/tex)	۷/۴۶	۳۲/۴۴	۴/۹۶
کشش الیاف (%)	۳/۴۹	۱۵/۹۲	۱/۱۵
شاخص کیفیت الیاف	۶/۳	۱۷/۰	۳/۵۱



شکل ۲- همبستگی صفات در لاین‌های حاصل از سلکسیون پنبه (رقم لطیف)
Figure 2. Correlation coefficient for quantitative and qualitative traits of cotton selected lines

نتیجه‌گیری

یکنواختی و کشش الیاف بسیار جزیی بود. بر اساس نتایج، روند بهبود عملکرد لاین‌های رقم پنبه لطیف در سال‌های اجرای سلکسیون معنی‌دار بود. با اجرای عملیات سلکسیون پدیگری - ماسال، میانگین عملکرد لاین‌ها از سال ۹۴ تا ۹۶ قریب به ۱۲۲۰ کیلوگرم در هکتار (معادل ۲۶ درصد) افزایش داشت و بیشترین تغییر مربوط به نخستین سال اجرای سلکسیون بود. درصد کیل که یکی از اجزای عملکرد مخلوج شناخته می‌شود (۱۱) نیز با شیب ملایم‌تر روند افزایشی داشت. تغییرات نامنظم یا کاهشی برخی صفات در سال‌های آزمایش، احتمالاً تحت تاثیر همبستگی منفی آنها با صفات منتخب بوده و یا ممکن است با تداوم سلکسیون در دوره‌های

حفظ اصالت ژنتیکی و یکنواختی (هموزنیتی) ارقام زراعی همراه با بهبود برخی صفات کیفی متناسب با تقاضای بخش صنعت یکی از اهداف و برنامه‌های مهم پس از اصلاح و معرفی ارقام زراعی پنبه به شمار می‌رود که از عمدتاً از طریق روشهای مناسب سلکسیونی پیگیری می‌گردد (۴۸). پژوهش حاضر نشان داد که مولتی‌لاین‌های تشکیل‌دهنده هسته اولیه رقم لطیف، از تنوع درون واریته‌ای برخوردارند که تحت تاثیر ژن‌ها قرار دارند. برای صفات عملکرد، وزن دانه، وزن غوزه، کیل و استحکام الیاف به‌ترتیب تنوع درون واریته‌ای مشاهده گردید. میزان تنوع برای صفات میکرونری،

بهبود عملکرد و درصد کیل در برنامه‌های سلکسیون رقم لطیف مورد پیشنهاد است. بهبود کیفیت الیاف در رقم مورد بررسی (لطیف) بیشتر تحت تاثیر شاخص‌های کشش الیاف، میکرونری و شاخص کیفیت بود. همبستگی ضعیف این شاخص‌ها با برخی پارامترهای کیفی ممکن است محدودیت‌هایی را در برنامه‌های سلکسیون ایجاد نماید. از اینرو، توجه به مجموعه شاخص‌های کیفی در کنار رویکردهای به‌زرایی و به‌نژادی مورد تاکید است. با توجه به نتایج این پژوهش، اگرچه سلکسیون درون واریته‌ای عمدتاً با هدف افزایش یکنواختی توده و حفظ اصالت ژنتیکی واریته زراعی انجام می‌شود، ولی در کنار آن بهبود و اصلاح برخی صفات از جمله وزن الیاف، وزن دانه، وزن غوزه، عملکرد و ش، میکرونری و استحکام امکان‌پذیر است.

بعدی، روند ثابت به خود بگیرند. بیشترین اثربخشی سلکسیون در بهبود صفات معمولاً در سال‌های اولیه مشاهده می‌شود و با ادامه سلکسیون، روند بهبود صفات کاهش و به سمت تثبیت پیش می‌رود. در به‌نژادی صفت پیچیده‌ای مانند عملکرد پنبه که تحت تاثیر روابط صفات و اثرات متقابل $G \times E$ قرار می‌گیرند، سلکسیون غیرمستقیم صفات همبسته که دارای توارث‌پذیری و بازده ژنتیکی مناسب هستند، اهمیت خواهند داشت. در بین صفات مورد مطالعه، تعداد غوزه و تعداد دانه در غوزه به ترتیب بیشترین نقش را در تعیین عملکرد داشتند و بعنوان شاخص انتخاب در بهبود عملکرد پنبه شناسایی شدند. بررسی حاضر نشان داد که با افزایش وزن دانه، میکرونری الیاف بصورت جزئی کاهش یافت. بنابراین با توجه به اهمیت صفت میکرونری در صنایع ریسندگی و نساجی، توجه به روابط دو صفت مذکور و تداوم سلکسیون با تاکید بر حفظ یا

منابع

1. Akhedar, A.A.A. 2011. Effectiveness of Honeycomb Pedegree Selection in Intraspecific Cotton Cross. Journal of Agricultural Chemistry and Biotechnology, 2(11): 251-59.
2. Abdurrahman, H.A. 2018. Morphological diversity of cotton germplasm in developing selection methods to breed superior cotton variety. RJOAS, 10(82): 272-280.
3. Ahmad, S., S. Fiaz, A. Riaz, I. Bashir and A. Zeb. 2016. Correlation analysis of morphological and fiber quality traits in upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). International Journal of Biosciences (IJB), 9(4): 200-208.
4. Ahmadi, J., B. Vaezi and H. Naraki. 2013. Rapeseed stability analysis and comparison of genotype selection methods by satability statistics at rainfed conditions. Crop Production, 36(2): 13-22.
5. Ahmed, H.M., M.M. Kandhro, S. Laghari and S. Abro. 2006. Heritability and Genetic Advance as Selection Indicators for Improvement in Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Biological Science, 6(1): 96-966.
6. Ahuja, S.L., L.S. Dhayal and R. Prakash. 2006. A correlation and path coefficient analysis of components in *G. hirsutum* L. hybrids by usual and fibre quality grouping. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 30(5): 317-24.
7. Alishah, O. 2013. Cotton Genetic and Breeding. First Edt. Academic Publication Center. P. 198.
8. Alishah, O. 2014. new cotton cultivar registration (NCC), Final Report of project , Cotton Research Institute of Iran, 87 pp.
9. Alishah, O. 2018. Two new cotton cultivar registration (LM1321 and LM1676). Final Report of project, Cotton Research Institute of Iran 97 pp.
10. Allard, R.W. 1960. Principle of Plant Breeding. John Wiley and Sons Inc., New York, USA.
11. Baloch, M., A.W. Baloch, U.A. Ansari, G.M. Baloch, S. Abro, N. Gandahi, G. Hussain, A.M. Baloch, M. Ali and I. Ahmed. 2016. Interrelationship analysis of yield and fiber traits in promising genotypes of upland cotton. Pure Applied Biology, 5(2): 263-69.
12. Becker, H.C. and J. Léon. 1988. Stability Analysis in Plant Breeding. Plant Breeding, 101 (1): 1-23.
13. Bowman, Daryl T. 2000. Attributes of public and private cotton breeding programs. Journal of Cotton Science, 4(2): 130-36.
14. Bozbek, Taner, Nedim Ozbek, Volkan Sezener, Oktay Erdogan, Ilkay Yavas and Aydin Unay. 2008. Natural crossing and isolation distance between cotton genotypes in Turkey. Scientia Agricola, 65(3): 314-317.
15. Calhoun, D.S. and D.T. Bowman. 1999. Techniques for development of new cultivars, In: Cotton, . Onder redaksie van W.C. and J.T. Cothren (Eds) Smith. New York: Jown Wiley and Sons Inc.
16. Campbell, B.T., D.B. Weaver, R. Sharpe, J. Wu and D.C. Jones. 2013. Breeding Potential of Elite Pee Dee Germplasm in Upland Cotton Breeding Programs. Crop science, 53(1): 894-905.
17. Carvalho, Luiz Paulo de, Francisco José Correia Farias, Camilo de Lellis Morello and Paulo Eduardo Teodoro. 2016. Selection of cotton genotypes for greater length of fibers. Crop Breeding and Applied Biotechnology, 16(4): 340-347.
18. Conaty, W.C. and G.A. Constable. 2020. Factors responsible for yield improvement in new *Gossypium hirsutum* L. cotton cultivars. Field Crops Research, 250(8): 1-13.
19. Constable, G.A., P.E. Reid and N. Thomson. 2001. Approaches utilized in breeding and development of cotton cultivars in Australia. In: Genetic Improvement of Cotton - Emerging Technologies, Jenkins and Saha (eds), Science Publishers Inc., USA, pp: 1-15.

20. Devidas, A.A., S.A. Narayan and P.N. Prakash. 2017. Study of genetic variability, heritability and genetic advance in some genotypes of Egyptian cotton (*Gossypium barbadense* L.). Journal of Global Science, 6(May): 4954-4957.
21. El-Defrawy, M.M. and T.M. El-Ameen. 2004. Selection for earliness in Egyptian cotton (*Gossypium barbadense* L.) Agricultural Science, 35(2): 95-108.
22. Elms, Michael K., Cary J. Green and Phillip N. Johnson. 2001. Variability of cotton yield and quality. Communications in Soil Science and Plant Analysis, 32(3-4): 351-368.
23. Falconer, D.S. and T.F.C. Mackay. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th edn. Benjamin Cummings, UK.
24. Faraji, F., M. Isfahani, M. Alizadeh and A. Alami. 2019. Evaluation of morphological characteristics related to lodging in selected native and improved rice genotypes. Journal of Crop Breeding, 3(3): 250-264 (In Persian).
25. Fasoula Vasilias, A. and H.R. Boerma. 2007. Intra-cultivar variation for seed weight and other agronomic traits within three elite soybean cultivars. Crop Science, 47(1): 367-73.
26. Ghanem, H.B., A. Najar, S. Udupa, S.G. Kumari, A. Amri, S. Rezgui, M. El Felah, and A. L. Tselvelikas. 2018. Exploiting intra-cultivar variation to select for Barley yellow dwarf virus-PAV (BYDV-PAV) resistance in barley. Canadian Journal of Plant Science, 98(4): 930-46.
27. Iqbal, A., I.H. Khalil, M.A. Shah and M. Sharif Kakar. 2017. Estimation of Heritability, Genetic Advance and Correlation for Morphological Traits in Spring Wheat. Sarhad Journal of Agriculture, 33 (4): 674-679.
28. Iqbal, T., I. Hussain, N. Ahmad, M. Nauman, M. Ali, S. Saeed, M. Zia and F. Ali. 2018. Genetic Variability, Correlation and Cluster Analysis in Elite Lines of Rice. Journal of Scientific Agriculture, 85(2): 900- 915.
29. Jamil, A. 2017. Genetic variability, broad sense heritability and genetic advance studies in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm. Pure and Applied Biology, 6(2): 538-543.
30. Johnson, R.M., R.G. Downer, J.M. Bradow, P.J. Bauer and E. John Sadler. 2002. Variability in cotton fiber yield, fiber quality and soil properties in a Southeastern Coastal Plain. Agronomy Journal, 94 (6): 1305-1316.
31. Karthikeya Reddy, S.G.P. and C.A. Babariya. 2020. Selection indices for yield improvement in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Electronic Journal of Plant Breeding, 11(1): 314-317.
32. Kulshrestha, V.P. 1989. A modified pedigree method of selection. Theoretical and Applied Genetics 78(2): 173-76.
33. Liu, S.M. and G.A. Constable. 2017. Effect of self-generation for initial selection on breeding better cotton. Euphytica, 213(12): 2052-2058.
34. Liu, S.M., G.A. Constable, P.E. Reid, W.N. Stiller and B.R. Cullis. 2013. The interaction between breeding and crop management in improved cotton yield. Field Crops Research, 148: 49-60.
35. Loison, R., A. Audebert, J.L.C.P. Debaeke, D. Dessauw, J. Paul Gourlot, E. Gozé, J. Jean and E. Gérardaux 2017. Sixty years of breeding in Cameroon improved fibre but not seed cotton yield. Experimental Agriculture, 53(2): 202-209.
36. Manning, H.L. 1956. Yield improvement from a selection index technique with cotton. Heredity, 10(3): 303-322.
37. Mahdy, E.E., Y.I.M. EL-Hebbeeney, A.H. Abdel-Azzem and Y.M.Y. EL-Kady. 2017. Efficiency of single trait selection for improving yield and earliness in varietal maintenance of Giza 90 Egyptian cotton. Assiut Journal of Agricultural Sciences, 48(1-1): 28-44.
38. Majumdar, A., P.K. Majumdar and B. Sarkar. 2005. Determination of the technological value of cotton fibre: A comparative study of the traditional and multiple-criteria decision-making approaches. Autex Research Journal, 5(2): 71-80.
39. Makhdoom, K., N. Ullah Khan, S. Batool, Z.B. Farhatullah, S. Khan and F. Mohammad. 2010. Genetic aptitude and correlation studies in *Gossypium hirsutum* L. Pakistan Journal of Botany, 42(3): 2011-2017.
40. May, O.L., C.C. Green, S.H. Roach and B.U. Kittrell. 1994. Registration of PD 93001, PD 93002, PD 93003, and PD 93004 germplasm lines of upland cotton with brown lint and high fiber quality. Crop Science, 34(542).
41. McKamey, J. and P.J. Cotty. 2013. Module storage time, leaf grade and seed moisture influence fiber quality and aflatoxin contamination of cotton in South Texas. Journal of Cotton Science, 17(1): 60-68.
42. Mostafa, A. and M. Soliman. 2015. Yield Performance of Some Egyptian Cotton Genotypes in Different Abstract : Introduction : Assiut Journal of Agricultural Sciences, 46(4): 25-37.
43. Nawaz, B., M. Naeem, T.A. Malik, G. Muhae-Ud-Din, Q. Ahmad and S. Sattar. 2019. Estimation of Gene Action, Heritability and Pattern of Association among Different Yield Related Traits in Upland Cotton. International Journal of Innovative Approaches in Agricultural Research, 3(1): 25-52.
44. Okaz, A.M.A., M.S.H. Ahmad and B.H. Ahmed. 2017. Response to Selection Using Two Selection Methods in Two Populations of Egyptian Cotton (*Gossypium barbadense* L.). Assiut Journal of Agricultural Sciences, 48(3): 1-21.

45. Parlevliet, J.E. 2007. How to maintain improved cultivars. *Euphytica*, 153(3): 353-362.
46. Pashpa R., D. Kavithamani, R. Dhivya and P. Amalabalu. 2014. Variability, heritability and genetic advance in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *African Journal of Plant Science*, 8(1): 1-5.
47. Peng, S., K.G. Cassman, S.S. Virmani, J. Sheehy and G.S. Khush. 1999. Yield potential trends of tropical rice since the release of IR8 and the challenge of increasing rice yield potential. *Crop Science*, 39(6): 1552-59.
48. Rasmusson, D.C. and R.L. Phillips. 1997. Plant breeding progress and genetic diversity from de novo variation and elevated epistasis. *Crop Science*, 37(2): 303-10.
49. Reddy, K.V.S., B. Balakrishna and V.C. Reddy. 2019. Genetic Variability Studies for Quantitative and Qualitative Traits in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *International Journal of Pure & Applied Bioscience*, 7(3): 350-353.
50. Sabouri, H., A. Biabani, M. Fazlalipour and A. Sabouri. 2010. Determination of best selection indices for facilitating selection in rice. *Journal of Plant Production*, 17(4): 1-20.
51. Salahuddin, S., S. Abro, M.M. Kandhro, L. Salahuddin and S. Laghar. 2010. Correlation and Path Coefficient Analysis of Yield Components of Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) Symposium. *World Applied Sciences Journal* 8 (Special Issue of Biotechnology & Genetic Engineering), 8: 71-75.
52. Schwartz, B.M. and C.W. Smith. 2008. Genetic gain in yield potential of upland cotton under varying plant densities. *Crop Science*, 48(2): 601-605.
53. Shao, D., T. Wang, H. Zhang, H. Zhu and F. Tang. 2016. Variation, heritability and association of yield, fiber and morphological traits in a near long staple upland cotton population. *Pakistan Journal of Botany*, 48(5): 1945-1949.
54. Shruti, H., C.H. Sowmya, J.M. Nidagundi, R. Lokesh, B. Arunkumar and M.S. Murthy. 2019. Genetic variability studies for yield, yield attributing and fibre quality traits in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 8(10): 2677-2687.
55. Soliman A. 2018. Efficiency of selection index in improvement yield and yield components in segregating population of Egyptian cotton. *Agriculture Sciences Journal*, 1(1): 129-141.
56. Sunayana, R., S. Sangwan and S. Nimbale. 2017. Studies on association, path analysis and genetic parameters for seed cotton yield and its contributing characters in desi cotton (*Gossypium arboreum* L.). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 6(11): 104-111.
57. Tokatlidis, I.S., C. Tsirikoni, A.S. Lithourgidis, J.T. Tsialtas and C. Tzantarmas. 2011. Intra-cultivar variation in cotton: Response to single-plant yield selection at low density. *Journal of Agricultural Science*, 149(2): 197-204.
58. Wells, R. and W.R. Meredith. 1984. Comparative growth of obsolete and modern cotton cultivars. III. Relationship of yield to observed growth characteristics 1. *Crop Science*, 24(5): 868-872.
59. Zali, H. and A. Barati. 2020. Evaluation of Selection Index of Ideal Genotype (SIIG) in other to Selection of Barley Promising Lines with High Yield and Desirable Agronomy Traits. *Journal of Crop Breeding*, 12(34): 93-104 (In Persian).
60. Zangi, M.R., M. Fathi, O. Alishah, M. Nemat, H. sarvi, M. Vafaiitabar, M. Jafaraghahi, M.H. Hekmat, M.R. Ramezanimoghadam and A.N. Arefi. 2016. Determination of isolation distance adequacy for standard cotton seed production. Final report of Project. Cotton Research Institute of Iran, 40 pp.
61. Zeng, L. and E. Bechere. 2017. Correlated selection responses of fiber properties measured by high volume instrument and advanced fiber information system in Upland cotton. *Euphytica*, 213(12): 1-10.

Study on Intra-Cultivar Variation and Genetic Advances of Pedigree-Mass Selection in Latif Cotton Cultivar (*Gossypium Hirsutum* L.)

Omran Alishah

Cotton Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran, (Corresponding author: Omran_alishah@yahoo.com)

Received: January 14, 2021

Accepted: June 21, 2021

Abstract

In order to study of intra-cultivar variation and genetic gain of yield, yield components and fiber quality traits of cotton (cv. Latif) an experiment was conducted for three years (2015-2017) at Hashemabad cotton research station in Gorgan, Iran. Selection was performed by Pedigree- mass method and selected individual plants were grown in single row plot during experimental years. Analysis of data revealed significant difference between the three populations derived from selection during experimental years by the years. The highest coefficient of variation (CV) estimated for yield (23.8), seed weight (10.7), boll weight, lint percentage and fiber strength (8-8.6), respectively, which confirmed intra-cultivar variation. Boll weight, grain weight and lint weight had the highest heritability and genetic advance. Boll number and seed weight have identified as the most effective components and selection index for yield improvement. Correlation values revealed that micronair index positively correlated with lint percentage ($r = 0.40^{**}$) and negatively correlated with seed weight, which indicates importance of them as selection criteria for latif cultivar improvement. We conclude the short term improvements may be achieved through indirect selection for yield and lint percentage. Future efforts should be placed in increasing earliness and fiber strength rates.

Keywords: Correlation, Cotton, Genetic advance, Heritability, Pedigree

Journal of Crop Breeding

Publisher: Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University

Managing Director: Ghorban Ali Nematzadeh

Chief Editor: Gholam Ali Ranjbar

Executive Manager of University Scientific Journals: Rahmat Abasi

Arzani, Ahmad	Professor, Isfahan University of Technology
Babaeian- Jelodar, Nadali	Professor, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University
Bagheri, Abdolreza	Professor, Ferdowsi University of Mashhad
Kazemitabar, Seyyed Kamal	Associate Professor, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University
Nematzadeh, Ghorban Ali	Professor, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University
Omidi, Mansoor	Professor, University of Tehran
Rabiei, Babak	Professor, University of Guilan
Ranjbar, Gholam Ali	Associate Professor, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University
Shahnejat-Bushehri, Ali Akbar	Professor, University of Tehran

Editor: Gholam Ali Ranjbar

English Language Editor: Mahdi Mardani

Typesetting and Layout: Office of Scientific Journal, Fatemeh Esmaili

Price: 100000 Rials

Address: Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University

P.O.Box: 578, Sari, IRAN

Fax: +981133687437 ***Tel:*** +981133687437

Email: journal@sanru.ac.ir

Web Address: <http://jcb.sanru.ac.ir>

Journal of Crop Breeding (Scientific)



Ministry of Sciences, Research and Technology
Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University

Vol. 13, No 38, Summer 2021

ISSN 2228-6128

Contents:

Evaluation of Salinity Tolerance Indices of Some Canola (<i>Brassica napus</i> L.) Genotypes Irandokht Mansoori, Hamid Najafe Zarrini, Nadali Babaean Jelodar and Ali Pakdin	9
Association Analysis of Agromorphological Traits in Maize Lines using Retrotransposon Based Markers IRAP and REMAP Sanaz Khalifani, Ali Ghaffari Azar, Reza Darvishzadeh, Danial Kahrizi and Hadi Alipour	24
Investigation of Relationship between Physiological and Yield Traits by Root and Sugar Yield in Sugar Beet Hybrids under Normal and Salinity Stress Conditions Abdolmajid Khorshid and Ali Akbar Asadi	34
Effect of Colchicine on Polyploidy Induction and Morphophysiological Characteristics of Ajowan (<i>Carum copticum</i> L.) Population of Sistan Geographical Area Rahelch Akbari, Leila Fahmideh and Bahman Fazeli Nasab	45
Investigation of Morphological and Phenological Diversity of some Imported Soybean (<i>Glycine max</i> L.) Cultivars using Principle Component Analysis Parastoo Majidi, Seyed Alireza Dalili, Bahram Masoudi and Hamid Sadeghi Garmaroodi	59
Analysis of Yield Stability of Chickpea (<i>Cicer arietinum</i> L.) Genotypes using AMMI Method Pezeishkpour, Payam, Rahmatollah Karimzadeh, Amir Mirzaei and Mohammad Barzali	70
Evaluation of Drought Stress Tolerance in Barley Lines Using Tolerance Indices Parvaneh Eslami, Iraj Bernousi, Saeed Aharizad and Jafar Jafarzadeh	83
The Role of the Fungal Endophyte <i>Penicillium chrysogenum</i> in Tomato Plant under Salinity Stress Sohela Agilaei Dargiri, Davood Samsampour, Majeed Askari Seyahooei and Abdoolnabi Bagheri	94
Assessment of Agro-Morphological Traits Diversity in Local Cowpea Accessions Masoumeh Pourresmaei, Ali Akbar Saneinejad, Ali Akbar Ghanbari and Reza Sekhavat	106
Response of Maize Hybrids Seedlings to Salinity Stress with Oxidative Defense System on Polyacrylamide Gel Azam Shakib Aylar, Sahim Farzaneh, Sajjad Moharramnejad, Raouf Seyed Sharifi and Mohammad Hasanzadeh	115
Use of Selection Index of Ideal Genotype (SIIG) in Order to Select New High Yielding Sunflower Hybrids with Desirable Agronomic Characteristics Amir Gholizadeh, Mehdi Ghaffari and Farnaz Shariati	123
Screening of Soybean Genotypes at Seedling Stage under Salinity Stress Bahram Masoudi	137
Effect of wheat Enrichment by Foliar Application of Zinc and Iron on Quantitative and Qualitative Traits at Different Phenological Stages Zahra Ebrahimi, Abbas Biabani, Rahmatollah Mohammadi, Hossein Sabouri and Ali Rahemi Karzki	148
Evaluation of Genetic Parameters, Relationships between Traits and Grouping of New Sugar Beet Hybrids in Terms of Quantitative and Qualitative Traits under Rhizomania Contamination Condition Mehdi Hosani, Hamza Hamza, Hamed Mansori, Dariush Fathollah Taleghani, Ali Jahilian, Jamsid Soltani Idiki, Mastaneh Sharifi and Mojdeh Kakkomnejad	159
Evaluation of Drought Tolerance Indices in Red Bean Lines Behroz Asadi and Seyed Mohsen Seyed	168
Gene Expression Analysis of some Resistance Genes in Ascochyta Blight Infected Chickpea (<i>Cicer arietinum</i>) Samira Hasani, Omid Solajian, Naser Zare, Alireza Tarinejad and Mahdi Davari	178
Path Analysis of Genotype × Environment Interaction and Evaluation of Grain Yield Stability of Barley Promising Lines in Warm Zones Ali Barati, Hassan Zali, Iraj Lakzadeh, Shirali Koohkan, Jabbar Jafarby, Mehdi Jabari, Arash Hosseinpour, Ahmad Gholipour, Omid Poodneh and Masoumeh Kheraji	192
Evaluation of Drought Tolerance in Advance Lines and Cultivars of Winter Wheat Alireza Khanzadeh, Varahram Kashidi, Ali Reza Eivazi, Ebrahim Khalilvand Behrozar and Mehرداد Yama	209
Studying Effect of Phenological and Morphological Traits on Seed Yield of Bitter Vetch by Path and Biplot Analyses Mohammad Reza Dehghani, Seyed Rasoul Sahhah and Faezeh Hassanpour	221
Study on Intra-Cultivar Variation and Genetic Advances of Pedigree-Mass Selection in Latif Cotton Cultivar (<i>Gossypium hirsutum</i> L.) Opran Alishah	233

Indexing:

