

ارزیابی تنوع و کاربرد صفات زراعی، مورفولوژیک و فیزیولوژیک جهت بهبود عملکرد دانه کینوا

سید سعید موسوی^{۱*}، رضا مرادی ریزوندی^۲، محمدرضا عبداللهی^۳ و محمود باقری^۴

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۲/۴؛ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۵/۱۶)

چکیده

هدف این پژوهش ارزیابی میزان تنوع و پیش‌بینی پاسخ به انتخاب در ژنوتیپ‌های کینوا برای ۱۵ صفت مختلف بود که در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در کرج و کرمانشاه انجام شد. ژنوتیپ‌ها برای بیش‌تر صفات دارای تفاوت معنی‌دار آماری ($p < 0.01$) بودند و در هر چهار ناحیه بای پلات پراکنده شدند. ژنوتیپ‌های شماره ۱۴، ۱۵ و ۱۶ دارای بیش‌ترین و ژنوتیپ‌های ۵، ۶، ۱۱ و ۴ دارای کمترین عملکرد دانه و شاخص برداشت دانه بودند. در حالی که صفات قطر پانیکول اصلی، شاخص برداشت دانه، روز تا تغییر رنگ پانیکول اصلی، وزن هزار دانه و روز تا گلدهی، بیش‌ترین هم‌راستایی مثبت را با عامل عملکرد داشتند، صفت روز تا ده برگی دارای ارتباطی قوی ولی منفی با عملکرد دانه بود. بیش‌ترین فاصله ژنتیکی بین خوشه اول و سوم مشاهده شد که می‌توان با تلاقی ژنوتیپ‌های انتخابی از این دو خوشه، بیش‌ترین تنوع ژنتیکی را در نسل‌های در حال تفرق ایجاد کرد. دو صفت شاخص برداشت دانه و قطر پانیکول اصلی با داشتن بیش‌ترین ضریب تنوع ژنتیکی، وراثت پذیری بالا و بیش‌ترین پیشرفت ژنتیکی، به‌عنوان دو صفت مطلوب با پاسخ به گزینش بالا، شناسایی شدند. انتخاب مثبت برای این دو صفت و انتخاب منفی برای صفت روز تا ده برگی جهت بهبود عملکرد دانه پیشنهاد می‌شود. با توجه به محدودیت انتخاب مستقیم برای بهبود عملکرد دانه، همچنین طبق همبستگی معنی‌دار ($r = 0.994^{***}$) بین پارامتر "درصد تفاضل بین ضریب تغییرات فنوتیپی و ضریب تغییرات ژنوتیپی" با وراثت پذیری عمومی، استفاده از این پارامتر ژنتیکی جهت انتخاب صفات آگرومورفولوژیک مطلوب قابل توصیه است.

واژه‌های کلیدی: صفات کیفی، صفات مورفولوژیک، پاسخ به انتخاب، تجزیه به عامل‌ها، تجزیه خوشه‌ای

۱، ۲ و ۳. به‌ترتیب دانشیار، دانشجوی کارشناسی ارشد و دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات (مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی)، دانشکده کشاورزی،

دانشگاه بوعلی سینا، همدان، ایران

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

*: مسئول مکاتبات: پست الکترونیکی: s.moosavi@basu.ac.ir

مقدمه

در سال‌های اخیر، تلاش‌های زیادی جهت معرفی خواص و توسعه کشت و کار تعدادی از گیاهان نوظهور، که در تأمین نیازهای تغذیه‌ای انسان نقش مهمی دارند، انجام شده است (۱۷). در این راستا، توسعه کشت و کار گیاهان شبه غلات، به‌ویژه گیاه نوظهور کینوا (*Chenopodium quinoa Willd.*)، به‌طور خاصی مورد توجه قرار گرفته است (۲۱). این گیاه آلوتراپلوئید جنوبی است که متعلق به خانواده آمارانتاسه (*Amaranthaceae*)، زیر خانواده کنوپودیاسه (*Chenopodiaceae*) و جنس کنوپودیوم (*Chenopodium*) است (۲۲). کینوا، به‌عنوان خاویار گیاهی، دارای ارزش غذایی قابل توجهی بوده، غنی از پروتئین‌ها و ویتامین‌های مختلف است، به‌طوری که دانه‌های آن حاوی تمامی بیست نوع اسید آمینه ضروری هستند (۸، ۱۱ و ۲۰). این گیاه دارای تعادلی استثنایی بین میزان چربی (۷ درصد)، پروتئین (۱۶ درصد) و کربوهیدرات‌ها (۶۴ درصد) است و منبعی غنی از ویتامین‌ها، چربی‌های با محتوای زیاد لینولئات و لینولات (۶۶-۵۵ درصد از بخش چربی)، آنتی‌اکسیدان‌های طبیعی (از جمله a و c-توکوفرول) و طیف وسیعی از مواد معدنی است (۳۰). دانه‌های کینوا حاوی مقادیر بالاتری از اسید آمینه‌های لیزین، متیونین و سیستئین در مقایسه با غلات و حبوبات می‌باشند که بر این اساس این دانه‌ها به‌عنوان یک ترکیب غذایی کامل محسوب می‌شوند (۵ و ۱۹). این گیاه از نظر کمیت و کیفیت پروتئین‌ها شناخته شده و غنی از روی، منیزیم، آهن و کلسیم است (۱۸ و ۲۱).

با توجه به کاهش تنوع زیستی محصولات زراعی، خطر کمبود مواد مغذی و مشکل امنیت غذایی روز به روز آشکارتر می‌شود که این مسأله جستجوی منابع جایگزین گیاهی با قابلیت سازگاری بالا به شرایط نامطلوب محیطی را می‌طلبد (۴). با توجه به رشد بی‌رویه جمعیت در جهان و به‌دلیل خواص تغذیه‌ای بی‌شمار کینوا، این گیاه در آینده‌ای نزدیک نقشی اساسی در تغذیه انسان خواهد داشت، که این امر گسترش کشت و کار این گیاه

مطلوب نوظهور را می‌طلبد (۲۲). در این باره، ارزش غذایی بسیار بالای دانه‌ها و بخش‌های رویشی این گیاه موجب شده است که سازمان خواروبار جهانی ارزش غذایی آن را با شیر خشک مقایسه کرده و سال ۲۰۱۳ را سال جهانی کینوا نام‌گذاری کند (۱). خوشبختانه در طی چند سال اخیر در زمینه سازگاری و شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب این گیاه، به‌عنوان گیاهی نوظهور در ایران، فعالیت‌های محدودی انجام شده است که با توجه به اهمیت تغذیه‌ای و سازگاری بالای آن به شرایط نامطلوب محیطی، از جمله امکان کاشت آن در خاک‌های زراعی شور و فقیر، انجام برنامه‌های به‌نژادی و در ادامه به‌زراعی برای معرفی ارقام سازگار با شرایط آب و هوایی ایران را می‌طلبد (۱۵). در این راستا، برای شروع هر برنامه به‌نژادی و به‌زراعی، علاوه بر سازگاری بالای این گیاه، وجود سه عامل تنوع فنوتیپی بالا، وراثت پذیری بالا و شدت گزینش مطلوب، لازمه پاسخ به گزینش مناسب جهت بهبود صفات مختلف، به‌ویژه عملکرد دانه، است (۱۲ و ۱۹). در واقع برای موفقیت در هر برنامه به‌نژادی، علاوه بر وجود تنوع گسترده در ژرم پلاسما، مطالعه و به‌دست آوردن اطلاعات ژنتیکی صفات مؤثر بر عملکرد دانه، جهت بهبود غیرمستقیم عملکرد لازم و ضروری است. در پژوهشی بر روی ژنوتیپ‌های کینوا، شناسایی صفات دارای وراثت پذیری بالا با همبستگی قوی با عملکرد دانه، به‌عنوان یک شاخص گزینش برای انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب با عملکرد بالا پیشنهاد شد (۳). به‌طور کلی، پژوهش‌های انجام شده روی کینوا، تنوع ژنتیکی بالایی را از نظر صفاتی چون رنگ گیاه، محتوای پروتئین گل‌ها و دانه‌ها، محتوای ساپونین و محتوای اگزالات کلسیم برگ‌ها را نشان دادند که وجود این تنوع، امکان دستیابی به طیف گسترده‌ای از سازگاری با شرایط مختلف محیطی را فراهم می‌کند (۲۵). ظرفیت سازگاری کینوا بسیار بالا بوده، قابلیت رشد در انواع مختلفی از شرایط آب و هوایی از سطح دریا تا ۴۰۰۰ متر بالاتر از سطح دریا را دارد (۲۰). علی‌رغم اینکه به‌طور معمول بین منشاء پیدایش یک گیاه و مراکز تنوع آن در بیشتر موارد یک رابطه مستقیم وجود دارد ولی در پژوهشی روی کینوا، بارگاو و

همکاران (۶) اظهار داشتند که رابطه‌ای مستقیم بین تنوع در ژرم پلاسما کینوهای کاشته شده در هند با منشأ جغرافیایی آنها، یعنی کشور بولیوی، وجود ندارد. در پژوهشی روی ژنوتیپ‌های کینوا (۳)، برای سه صفت طول ریشه، راندمان مصرف آب و عملکرد دانه وراثت پذیری عمومی بالای ۹۰ درصد و برای صفت تعداد پانیکول (گل آذین) در بوته، وراثت پذیری پایینی را گزارش کردند. آنها بیشترین و کمترین پیشرفت ژنتیکی را به ترتیب به صفت تعداد شاخه در بوته و روز تا رسیدگی نسبت دادند. در پژوهشی دیگر (۲۴) همبستگی قوی بین ارتفاع بوته، قطر ساقه اصلی، طول گل آذین و قطر گل آذین با یکدیگر گزارش شد. در پژوهشی روی کینوا (۶) دو صفت قطر ساقه و وزن خشک، به عنوان دو صفت خیلی مؤثر بر افزایش عملکرد دانه گزارش شد و انتخاب گیاهان با ساقه‌های ضخیم، تعداد گل آذین بیشتر و وزن خشک زیادت در افزایش عملکرد دانه کینوا پیشنهاد شد. اسپهار و ساتنوز (۲۸) گزارش دادند که انتخاب ژنوتیپ‌های کینوا بر اساس طول پانیکول و قطر پانیکول اصلی ممکن است منجر به تولید ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا شود. دی‌سانتیس و همکاران (۹) نشان دادند که کلیه صفات فنولوژیکی، به جز روز تا گلدهی و روز تا رسیدگی، ارتباط مثبت و معنی‌داری با عملکرد دانه نشان دادند، در حالی که صفات کیفی با عملکرد دانه ارتباط منفی داشتند.

خواهند شد (۷). دی‌سانتیس و همکاران (۱۰) اظهار داشتند که تخمین وراثت پذیری در بیشتر صفات اگرومورفولوژیکی در کینوا زیاد بود. در پژوهشی دیگر روی ارزیابی وراثت پذیری، تنوع ژنتیکی و پیشرفت ژنتیکی بر صفات مختلف اگرومورفولوژیکی کینوا، وراثت پذیری بیشتر صفات بالا گزارش شد. به طوری که بیشترین میزان وراثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی برای صفات طول ریشه، قطر پانیکول اصلی، طول پانیکول، روز تا رسیدگی و کمترین وراثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی نیز برای صفات تعداد گل آذین در بوته و وزن هزار دانه برآورد شد (۳).

با توجه به اینکه لازمه پاسخ به گزینش مطلوب وجود تنوع ژنتیکی بالا، وراثت پذیری بالا و شدت گزینش مطلوب است (۱۲)، بنابراین شناسایی صفات مؤثر بر عملکرد دانه با تنوع پذیری بالا و توارث پذیری ساده‌تر، یک هدف اساسی در برنامه‌های به‌نژادی برای بهبود عملکرد دانه در این گیاه نوظهور است. بر این اساس، مهم‌ترین اهداف این پژوهش عبارت از: ۱- ارزیابی سازگاری و بررسی امکان کشت اولیه ژنوتیپ‌ها، ۲- مطالعه تنوع ژنتیکی، میزان وراثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی ۱۵ صفت اگرومورفولوژیکی، جهت شناسایی مهم‌ترین صفات مؤثر بر عملکرد ۱۶ ژنوتیپ مختلف کینوا بود که در دو منطقه کرج و کرمانشاه انجام شد.

مواد و روش‌ها

به‌طور کلی تخمین پارامترهای ژنتیکی، به‌ویژه برآورد میزان وراثت پذیری، روشی بسیار مفید برای به‌نژادی صفات توسط به‌نژادگران است، چراکه به فرد اجازه می‌دهد تا احتمال موفقیت در اثر گزینش را پیش‌بینی کند (۲۹). وجود تنوع ژنتیکی در بین یک ژرم پلاسما، منعکس‌کننده ناهمگنی ژنتیکی مواد گیاهی است که این ناهمگنی، برخلاف تغییرات آب و هوایی اخیر که تهدیدی برای امنیت غذایی است، باعث بهبود امنیت غذایی می‌شود و امکان شناسایی مواد گیاهی مورد نیاز را برای استفاده در یک برنامه به‌نژادی گیاه فراهم می‌کند (۲۶). برآورد ضرایب تغییرات ژنتیکی بالا، پیشرفت ژنتیکی بالا و وراثت پذیری بیشتر، موجب افزایش احتمال موفقیت در انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالاتر

جدول ۱. اطلاعات ۱۶ ژنوتیپ کینوای مطالعه شده در این پژوهش

شماره و نام ژنوتیپ	محل تهیه	شماره و نام ژنوتیپ	محل تهیه
1: EQ1	کانادا	9: EQ21	فائو
2: EQ2	کانادا	10: EQ22	فائو
3: EQ3	کانادا	11: EQ26	فائو
4: EQ4	کانادا	12: EQ29	فائو
5: EQ5	کانادا	13: EQ31	فائو
6: EQ6	کانادا	14: Titicaca	دانمارک
7: EQ12	فائو	15: Giza1	مصر
8: EQ18	فائو	16: Red carina	هلند

جدول ۲. اطلاعات ۱۵ صفت مختلف آگرومورفوفیزیولوژیکی و کیفی مطالعه شده در این پژوهش

نام صفت	اختصار	نام صفت	اختصار
روز تا ده برگی	DTL	عملکرد دانه در واحد سطح	GYUA
روز تا گلدهی	DF	عملکرد بیولوژیکی در واحد سطح	BYUA
روز تا تغییر رنگ پانیکول	DPCC	شاخص برداشت دانه	GHI
روز تا شیری شدن دانه	DMG	محتوای آب برگ	LWC
روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی	DPM	وزن هزار دانه	TGW
قطر ساقه اصلی	MSD	درصد پروتئین دانه	GPP
قطر پانیکول اصلی	MPD	درصد ساپونین دانه	GSP
طول دوره پر شدن دانه	GFP	-----	-----

برگی از هر تکرار هر ژنوتیپ به طور تصادفی انتخاب شدند. برگ‌های جدا شده در داخل کیسه پلاستیکی گذاشته شدند و بلافاصله جهت اندازه‌گیری وزن تر برگ‌ها به آزمایشگاه منتقل شدند. برای محاسبه وزن خشک برگ، نمونه‌ها به مدت ۲۴ ساعت در آون با دمای ۵۰ درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. همچنین جهت اندازه‌گیری درصد پروتئین دانه از روش کج‌لدال و برای اندازه‌گیری درصد ساپونین دانه از روش کوزیول (۱۶) استفاده شد. برای ارزیابی تنوع و کاربرد صفات مختلف در بهبود عملکرد دانه از روش‌های آماری مختلف شامل تجزیه واریانس، مقایسه میانگین‌ها، تجزیه به عامل‌ها، تجزیه خوشه‌ای و تجزیه تابع تشخیص با استفاده از نرم‌افزار SAS Ver 9.4

ردیف‌ها ۱۰ سانتی‌متر لحاظ شد. با توجه به سطح زیر کشت، جهت تغذیه بوته‌ها از کودهای شیمیایی پتاس (۳ کیلوگرم)، فسفر (۳ کیلوگرم) و ازت (۱/۵ کیلوگرم) استفاده شد. مبارزه با علف‌های هرز به صورت دستی انجام شد. همچنین برای مبارزه با آفات از سم کنفیدر استفاده شد. دور آبیاری هر ۵ (در مراحل اول رشد) تا ۷ روز یک بار انجام شد. در این پژوهش تعداد ۱۵ صفت مختلف (جدول ۲) ارزیابی شدند. صفت محتوای آب برگ (LWC) از رابطه ۱ و به شرح ذیل محاسبه شدند:

$$LWC = \left[\frac{FW - DW}{DW} \right] \times 100 \quad (1)$$

در روابط بالا FW و DW به ترتیب بیانگر وزن تر برگ و وزن خشک برگ بودند. برای اندازه‌گیری صفات فوق، تعداد ۱۵ نمونه

ضریب تغییرات فنوتیپی و ضریب تغییرات ژنوتیپی، ضریب تغییرات فنوتیپی و ضریب تغییرات ژنوتیپی برای صفت مورد نظر است.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس و مقایسه میانگین‌ها

طبق نتایج تجزیه واریانس (جدول ۳)، اثر ژنوتیپ برای کلیه صفات، به جز صفت درصد پروتئین دانه، دارای اختلاف معنی‌دار آماری ($p < 0.01$) بود که نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی بالا در ژرم پلاسما مورد نظر برای صفات مطالعه شده است، به طوری که وجود این تنوع لازمه هر برنامه به‌نژادی برای بهبود این گیاه با ارزش است که این امر نوید بخش پاسخ به گزینش مطلوب برای صفات مذکور پس از انجام گزینش در این ژنوتیپ‌ها است.

اثر مکان نیز برای کلیه صفات به جز سه صفت قطر ساقه اصلی، طول دوره پر شدن و درصد پروتئین دانه معنی‌دار شد که این بیانگر نقش قابل توجه محیط، علاوه بر سهم ژنوتیپ، در کنترل این صفات است.

اثر متقابل ژنوتیپ در مکان نیز برای بیشتر صفات، به جز روز تا ده برگی، روز تا گلدهی، روز تا تغییر رنگ پانیکول، قطر پانیکول اصلی، عملکرد بیولوژیکی در واحد سطح، محتوای آب برگ و توانایی حفظ آب در برگ قطع شده معنی‌دار شد که این بیانگر پاسخ متفاوت ژنوتیپ‌ها به تغییر مکان کشت و تغییر شرایط آب و هوایی منطقه است. به عبارتی نتیجه به‌دست آمده نشان‌دهنده واکنش متفاوت و درجه سازگاری متغیر ژنوتیپ‌ها به تغییر شرایط آب و هوایی در هر منطقه است. در پژوهشی روی ژنوتیپ‌های مختلف کینوا، گزارش شد که ژنوتیپ‌های مورد نظر برای بیشتر صفات دارای تفاوت معنی‌دار آماری بودند (۱۴). در پژوهش‌های قبلی، اثر ژنوتیپ و ژنوتیپ در مکان برای بیشتر صفات آگرومورفولوژیکی کینوا معنی‌دار شد (۳ و ۱۸). در پژوهشی دیگر روی ۱۰ ژنوتیپ کینوا، برای بیشتر صفات کمی و کیفی تنوع ژنتیکی بالایی در بین ژنوتیپ‌های مختلف گزارش شد (۱۳).

Minitab Ver. 16 استفاده شد. تجزیه به عامل‌ها، تجزیه خوشه‌ای و تجزیه تابع تشخیص با استفاده از میانگین داده‌های دو مکان پس از تست یکنواختی واریانس مکان‌ها انجام شد. قبل از انجام تجزیه واریانس مرکب، به‌منظور ارزیابی یکنواختی و همگن بودن واریانس اشتباه آزمایش‌های مکان‌های مختلف از آزمون بارتلت استفاده شد. همچنین قبل از عمل تجزیه واریانس، صادق بودن فرضیات قبل از عمل تجزیه واریانس، از جمله فرض نرمال بودن توزیع باقیمانده داده‌ها (Data residual) و آزمون یکنواختی واریانس درون تیماری ارزیابی شد. در ادامه، پارامترهای ژنتیکی مانند وراثت‌پذیری عمومی و پیشرفت ژنتیکی صفات مختلف به‌طور تقریب برآورد شدند. جهت انجام تجزیه خوشه‌ای نیز از روش وارد (Ward) و از معیار فاصله‌ای مربع پیرسون، به‌عنوان ماتریس فاصله، استفاده شد.

پارامترهای ژنتیکی مختلف از جمله ضریب تغییرات فنوتیپی (PCV)، ضریب تغییرات ژنوتیپی (GCV)، درصد تفاضل بین ضریب تغییرات فنوتیپی و ضریب تغییرات ژنوتیپی، وراثت‌پذیری عمومی، پیشرفت ژنتیکی نسبت به میانگین محاسبه شدند. مقدار پیشرفت ژنتیکی نسبت به میانگین بشرح ذیل محاسبه شد:

$$GA = k \times \sqrt{\sigma_{ph}^2} \times h^2 \quad (2)$$

$$\text{پیشرفت ژنتیکی نسبت به میانگین} = \frac{GA}{\bar{X}} \quad (3)$$

در رابطه بالا k همان دیفرانسیل گزینش استاندارد شده است که مقدار آن برای شدت گزینش ۱۰ درصد و ۵ درصد به‌ترتیب ۱/۷۶ و ۲/۰۶۳ است. σ_{ph}^2 ، h^2 و \bar{X} به‌ترتیب برابر است با واریانس فنوتیپی، وراثت‌پذیری و میانگین صفت مورد نظر است. در این مقاله برای اولین بار از معیار "درصد تفاضل بین ضریب تغییرات فنوتیپی و ضریب تغییرات ژنوتیپی" بشرح ذیل استفاده شد و این معیار معرفی شد:

Percentage of difference between phenotypic coefficient of variance and genotypic coefficient of variance (%) =

$$PDPG (\%) = \left[\frac{PCV - GCV}{PCV} \right] \times 100 \quad (4)$$

که در آن PCV، PDPG و GCV به‌ترتیب درصد تفاضل بین

جدول ۳. نتایج تجزیه واریانس مرکب برای صفات مختلف در ژنوتیپ‌های مختلف کینوا

منبع تغییر	درجه آزادی	روز تا ده برگی	روز تا گلدهی	روز تا تغییر رنگ پانیکول	روز تا شیری شدن دانه	روز تا رسیدگی فیزیولوژیک	قطر ساقه اصلی	قطر پانیکول اصلی
مکان	۱	۴/۰۱*	۴/۱۷*	۵۴/۰۰**	۱/۵۰**	۳۷۶/۰۴**	۰/۰۵	۳۴/۵۶**
اشتباه اول	۴	۱/۴۳	۱/۸۹	۰/۲۷	۰/۰۸	۰/۰۵	۴/۲۷	۶/۱۲
ژنوتیپ	۱۵	۱۹/۶۳**	۳۰/۶۱**	۱۷۹/۸۰**	۲۶/۹۸**	۲۱۴/۱۴**	۱۲/۸۹**	۳۹/۴۱**
ژنوتیپ × مکان	۱۵	۰/۴۳	۰/۳۰	۰/۰۰۱	۲/۹۴**	۲۳۸/۸۶**	۷/۲۳**	۰/۰۰۱
اشتباه دوم	۶۰	۰/۴۷	۰/۷۷	۰/۳۸	۰/۰۴	۲/۹۲	۱/۷۶	۳/۰۷
ضریب تغییرات	-	۱/۹۱	۱/۸۱	۰/۶۷	۰/۲۶	۱/۴۱	۱۰/۱۵	۱۴/۵۴

ادامه جدول ۳.

منبع تغییر	درجه آزادی	طول دوره پر شدن دانه	عملکرد دانه در واحد سطح	بیولوژیک در واحد سطح	شاخص برداشت دانه	محتوای آب برگ	وزن هزار دانه	درصد پروتئین دانه	درصد ساپونین دانه
مکان	۱	۰/۷۶	۵۶۷۱۱/۳۴***	۲۰۵۱۲۸۵**	۸۱۱۸۰**	۳/۴۷**	۳۶/۵۷**	۱۵/۶۵	۵۷/۶۹**
اشتباه اول	۴	۰/۹۵	۲۴/۱۳	۵۴۸۸۰۱	۳۲۸۰	۰/۰۱	۰/۰۱	۲۳/۴۳	۰/۰۹
ژنوتیپ	۱۵	۷۹/۵۳**	۱۶۵۵/۲۹**	۱۴۶۱۳۵**	۶۶۱۷**	۰/۵۶**	۰/۹۷**	۶/۰۸	۲/۳۴**
ژنوتیپ × مکان	۱۵	۸۹/۴۹**	۹۱۵/۶۱**	۲۴۸۲	۲۷۸۰**	۰/۰۰۰۱	۰/۵۶**	۲/۷۳*	۱/۳۳**
اشتباه دوم	۶۰	۳/۸۱	۶۱/۹۰	۲۹۴۸۲	۱۸۸	۰/۲۱	۰/۰۲	۵/۲۰	۰/۰۸
ضریب تغییرات	-	۳/۲۵	۱۳/۶۱	۱۵/۲۹	۱۴/۳۲	۱۱/۳۹	۱۰/۱۴	۱۵/۹۷	۶/۹۶

* و ** به ترتیب نشانگر معنی دار بودن در سطح آماری پنج درصد و یک درصد است.

نتایج مقایسه میانگین اثر متقابل بین ژنوتیپ در مکان (جدول ۴) نشان داد درحالی که ژنوتیپ‌های ۱۴ و ۱۵ در مکان اول (کرج) و ژنوتیپ شماره ۱۶ در مکان دوم (کرمانشاه) دارای بیشترین عملکرد دانه در واحد سطح بودند، ژنوتیپ‌های ۱۱، ۵، ۶ و ۴ در مکان دوم (کرمانشاه) کمترین عملکرد را داشتند. در واقع طبق نتایج (جدول ۴ و ۵)، ژنوتیپ‌های گروه اول، یعنی ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا، دارای مقادیر بالایی از صفات شاخص برداشت، قطر پانیکول اصلی، وزن هزار دانه، روز تا تغییر رنگ پانیکول و روز تا گلدهی بودند، به طوری که یکی از دلایل افزایش عملکرد در این ژنوتیپ‌ها، بالا بودن مقدار این صفات در آنها است. این درحالی است که ژنوتیپ‌های گروه دوم، یعنی ژنوتیپ‌های نامطلوب، دارای مقادیر بالایی از صفت روز تا ده برگی بوده و با تاخیر بیشتری استقرار اولیه داشتند و

لذا از پتانسیل فصل رشد، استفاده کمتری داشتند. در حقیقت افزایش طول دوره روز تا ده برگی، منجر به استقرار دیرتر گیاهچه‌ها و در نتیجه به طور غیرمستقیم باعث کاهش عملکرد دانه (جدول ۴ و ۵) خواهد شد. در پژوهشی نتایج مقایسه میانگین صفات روی پنج ژنوتیپ کینوا (۱۸) نشان داد که بیشترین عملکرد دانه مربوط به ژنوتیپ‌هایی بود که دارای بیشترین وزن هزار دانه بودند. کریمی (۱۴) گزارش کرد که ژنوتیپ‌های مطلوب کینوا با عملکرد بالا، دارای بیشترین مقادیر از صفات روز تا ۵۰ درصد گلدهی، روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، قطر ساقه اصلی، تعداد شاخه اصلی، طول پانیکول، تعداد پانیکول، قطر پانیکول و شاخص برداشت بودند. نتایج حاصله از پژوهش فوق (۱۴) تایید کننده نتایج این پژوهش بوده و هر دو پژوهش نشان‌دهنده نقش مهم و اساسی

جدول ۴. نتایج مقایسه میانگین اثرات متقابل بین ۱۶ ژنوتیپ کینوا در دو مکان برای صفاتی که اثر متقابل بین ژنوتیپ در مکان آنها معنی دار شده است

مکان	ژنوتیپ	روز تا شیبوری شلشن دانه		روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی		طول دوره در شلشن دانه		عملکرد دانه در واحد سطح		شاخص برداشت دانه		درصد پروتئین دانه		درصد سلولزی دانه	
		(روز)	(روز)	(روز)	(روز)	(روز)	(روز)	(گرم)	(گرم)	(درصد)	(گرم)	(گرم)	(درصد)	(درصد)	(درصد)
۱	۱	۷۸/۵d	۱۳۲/۵b	۷۲/۵ab	۱۰۴/۷abc	۱/۷۱g	۳۰/۸۸c	۱/۷۱g	۱۵/۷۸a	۴/۸۳a	۱/۷۱g	۱۵/۷۸a	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۱	۲	۷۷/۵f	۱۳۰/۵b	۶۹/۵b	۸۱/۴ef	۱/۷۸g	۳۴/۰۷c	۱/۷۸g	۱۷/۸۱g	۱/۷۸g	۱۷/۸۱g	۱۴/۵۳d	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۱	۳	۷۷/۵f	۱۳۰/۵b	۷۱/۵b	۷۲/۴de	۱/۷۹g	۲۷/۸۵de	۱/۷۹g	۱۷/۹۱g	۱/۷۹g	۱۷/۹۱g	۱۳/۳۳d	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۱	۴	۷۷/۵f	۱۳۵/۵a	۷۵/۵a	۷۸/۰۵g	۱/۴۳h	۳۱/۱۷c	۱/۴۳h	۱۳/۳۳d	۱/۴۳h	۱۳/۳۳d	۱۳/۳۳d	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۱	۵	۷۶/۳i	۱۳۲/۵b	۷۱/۵b	۷۱/۳c	۱/۳۳h	۲۳/۶۲f	۱/۳۳h	۱۳/۳۳d	۱/۳۳h	۱۳/۳۳d	۱۳/۳۳d	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۱	۶	۷۶/۵h	۱۳۰/۵b	۷۲/۵ab	۷۹/۸c	۱/۴۰h	۲۹/۰۷c	۱/۴۰h	۱۴/۳۴d	۱/۴۰h	۱۴/۳۴d	۱۴/۳۴d	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۱	۷	۷۳/۷h	۹۸/۳d	۵۰/۸d	۱۰۶/۱bc	۱/۳۲h	۳۰/۸۵c	۱/۳۲h	۱۴/۱b	۱/۳۲h	۱۴/۱b	۱۴/۱b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۱	۸	۷۷/۷ef	۱۲۲/۳c	۶۳/۳c	۹۵/۰cd	۱/۲۵c	۳۰/۳۷c	۱/۲۵c	۱۳/۹b	۱/۲۵c	۱۳/۹b	۱۳/۹b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۱	۹	۷۵/۷k	۱۰۹/۷i	۶۲/۳c	۸۲/۵de	۲/۲۰de	۳۱/۶۵c	۲/۲۰de	۱۴/۲b	۲/۲۰de	۱۴/۲b	۱۴/۲b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۱	۱۰	۸۱/۷b	۱۱۹/۳ef	۶۰/۳c	۷۹/۲ef	۲/۰۲ef	۲۶/۹۴e	۲/۰۲ef	۱۳/۲b	۲/۰۲ef	۱۳/۲b	۱۳/۲b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۱	۱۱	۷۳/۷h	۱۱۰/۸k	۵۹/۰f	۶۷/۵g	۲/۹۱b	۳۱/۹۷c	۲/۹۱b	۱۳/۲b	۲/۹۱b	۱۳/۲b	۱۳/۲b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۱	۱۲	۷۵/۷k	۱۰۳/۰k	۶۱/۰d	۶۷/۵g	۲/۹۱b	۳۱/۹۷c	۲/۹۱b	۱۳/۲b	۲/۹۱b	۱۳/۲b	۱۳/۲b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۱	۱۳	۷۲/۷o	۱۲۱/۳cd	۶۴/۳c	۳۷/۸k	۲/۹۵b	۱۶/۰k	۲/۹۵b	۱۳/۲b	۲/۹۵b	۱۳/۲b	۱۳/۲b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۱	۱۴	۷۳/۷h	۱۱۴/۰h	۶۰/۳c	۱۳۳/۰a	۲/۸۸b	۶/۲۴a	۲/۸۸b	۱۴/۰b	۲/۸۸b	۱۴/۰b	۱۴/۰b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۱	۱۵	۷۴/۳m	۱۰۶/۱e	۵۱/۰lm	۱۱۳/۸b	۲/۴۷c	۵۳/۱۵b	۲/۴۷c	۱۳/۲b	۲/۴۷c	۱۳/۲b	۱۳/۲b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۱	۱۶	۷۶/۸gh	۱۱۷/۸g	۶۲/۰c	۶۸/۷ef	۲/۶۵a	۲۳/۳c	۲/۶۵a	۱۳/۹b	۲/۶۵a	۱۳/۹b	۱۳/۹b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۲	۱	۷۷/۰g	۱۲۴/۰cd	۶۰/۳c	۴۰/۲hi	۰/۸۸m	۱۸/۷۸k	۰/۸۸m	۱۵/۴d	۰/۸۸m	۱۵/۴d	۱۵/۴d	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۲	۲	۷۶/۰z	۱۲۱/۰ef	۵۴/۰kl	۲۱/۳p	۰/۸۷m	۱۲/۰mp	۰/۸۷m	۱۸/۱a	۰/۸۷m	۱۸/۱a	۱۸/۱a	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۲	۳	۷۶/۰z	۱۲۲/۰df	۵۲/۰kl	۲۸/۹hi	۰/۹۱k	۲۴/۳c	۰/۹۱k	۱۲/۶cd	۰/۹۱k	۱۲/۶cd	۱۲/۶cd	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۲	۴	۷۶/۰z	۱۲۱/۰ef	۵۵/۰kl	۲۰/۶p	۰/۶۹m	۱۰/۶p	۰/۶۹m	۱۶/۶cd	۰/۶۹m	۱۶/۶cd	۱۶/۶cd	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۲	۵	۷۶/۷m	۱۲۲/۰c	۵۶/۰k	۱۶/۰op	۰/۸۸m	۱۶/۰op	۰/۸۸m	۱۶/۰b	۰/۸۸m	۱۶/۰b	۱۶/۰b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۲	۶	۷۵/۰i	۱۲۱/۰ef	۵۶/۰k	۱۷/۸p	۰/۹۶l	۸/۸۲op	۰/۹۶l	۱۵/۳cd	۰/۹۶l	۱۵/۳cd	۱۵/۳cd	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۲	۷	۷۵/۰i	۱۲۲/۰c	۵۷/۰k	۳۰/۵m	۰/۶۹m	۱۱/۱b	۰/۶۹m	۱۶/۶cd	۰/۶۹m	۱۶/۶cd	۱۶/۶cd	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۲	۸	۷۹/۰t	۱۲۲/۰c	۵۸/۰ef	۳۲/۸hi	۰/۹۲m	۱۸/۵۲k	۰/۹۲m	۱۵/۴d	۰/۹۲m	۱۵/۴d	۱۵/۴d	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۲	۹	۷۷/۰g	۱۲۲/۳c	۵۸/۰ef	۳۳/۹m	۰/۹۳m	۱۷/۸۷k	۰/۹۳m	۱۴/۸b	۰/۹۳m	۱۴/۸b	۱۴/۸b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۲	۱۰	۸۳/۰a	۱۲۵/۰c	۵۵/۰k	۳۵/۱i	۱/۱۶k	۱۸/۵۵k	۱/۱۶k	۱۲/۶cd	۱/۱۶k	۱۲/۶cd	۱۲/۶cd	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۲	۱۱	۷۵/۰i	۱۲۲/۳c	۵۷/۰k	۲۵/۱i	۰/۸۱m	۱۱/۴p	۰/۸۱m	۱۴/۱b	۰/۸۱m	۱۴/۱b	۱۴/۱b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۲	۱۲	۷۷/۰g	۱۲۱/۳cd	۵۵/۰k	۲۶/۸k	۰/۹۲m	۱۳/۶k	۰/۹۲m	۱۴/۱b	۰/۹۲m	۱۴/۱b	۱۴/۱b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۲	۱۳	۷۶/۰h	۱۲۲/۰c	۵۴/۰kl	۲۲/۷p	۰/۸۸m	۱۲/۲k	۰/۸۸m	۱۶/۶cd	۰/۸۸m	۱۶/۶cd	۱۶/۶cd	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۲	۱۴	۷۵/۰i	۱۲۲/۷e	۵۶/۰k	۲۵/۳hi	۱/۱۸f	۲۸/۶cd	۱/۱۸f	۱۲/۸b	۱/۱۸f	۱۲/۸b	۱۲/۸b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۲	۱۵	۷۵/۷k	۱۲۲/۰c	۵۸/۰ef	۲۶/۵hi	۰/۸۸m	۲۵/۸ef	۰/۸۸m	۱۴/۲b	۰/۸۸m	۱۴/۲b	۱۴/۲b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	
۲	۱۶	۷۸/۰e	۱۲۵/۰e	۵۹/۰fi	۲۵/۵g	۱/۳۳hi	۳۱/۸c	۱/۳۳hi	۱۴/۲b	۱/۳۳hi	۱۴/۲b	۱۴/۲b	۲/۹۵ab	۲/۹۵ab	

در هر ستون میانگین‌هایی که دارای حداقل یک حرف مشترک هستند بر مبنای آزمون دانکن در سطح احتمال پنج درصد تفاوت معنی دار ندارند.

جدول ۵. نتایج مقایسه میانگین ۱۶ ژنوتیپ کینوا در مجموع دو مکان برای صفاتی که اثر متقابل بین ژنوتیپ در مکان آنها معنی دار نشده است ولی اثر ژنوتیپ معنی دار است

ژنوتیپ	محتوای آب برگ		عملکرد بیولوژیک در واحد سطح	تعداد شاخه اصلی در بوته	قطر پانیکول اصلی (میلی متر)	روز تا تغییر رنگ پانیکول	روز تا گلدهی	روز تا ده برگی	ژنوتیپ
	(درصد)	(گرم)							
۱	۳/۵d	۱۲۲۱/۸ ^{abd}	۲۲/۸ ^{bc}	۱۳۷/۵ ^d	۹۲/۲ ^c	۴۷/۲ ^{ef}	۳۶/۸ ^{ab}	۳۶/۸ ^{ab}	۱
۲	۳/۶d	۱۰۰۲/۸ ^{de}	۲۱/۳ ^{de}	۹/۴ ^g	۸۸/۹ ^{ef}	۴۷/۳ ^{ef}	۳۶/۸ ^{ab}	۳۶/۸ ^{ab}	۲
۳	۳/۷ ^{cd}	۱۰۹۹/۹ ^{ce}	۲۰/۸ ^{d-f}	۹/۳ ^g	۹۰/۶ ^d	۴۷/۵ ^{d-f}	۳۲/۰ ^{۷f}	۳۲/۰ ^{۷f}	۳
۴	۳/۹ ^{b-d}	۱۱۱۲/۳ ^{b-c}	۲۳/۴ ^{ab}	۸/۶ ^g	۹۰/۲ ^d	۴۷/۳ ^{ef}	۳۷/۳ ^{۷a}	۳۷/۳ ^{۷a}	۴
۵	۳/۸ ^{b-d}	۱۲۸۴/۴ ^{ac}	۲۳/۰ ^{bc}	۸/۶ ^g	۸۹/۲ ^e	۴۸/۰ ^{de}	۳۷/۲ ^{ab}	۳۷/۲ ^{ab}	۵
۶	۳/۸ ^{b-d}	۱۱۶۵/۳ ^{b-d}	۲۱/۰ ^{d-f}	۹/۷ ^g	۸۸/۹ ^{ef}	۴۷/۳ ^{ef}	۳۷/۳ ^{۷a}	۳۷/۳ ^{۷a}	۶
۷	۴/۶ ^{ab}	۱۴۳۷/۳ ^a	۲۰/۰ ^{e-h}	۱۲/۲ ^{de}	۸۸/۲ ^f	۲۸/۵ ^d	۳۷/۰ ^{ab}	۳۷/۰ ^{ab}	۷
۸	۳/۹ ^{b-d}	۱۳۳۵/۰ ^{ab}	۱۸/۸ ^b	۱۴/۸ ^{bc}	۹۳/۹ ^b	۴۶/۸ ^{ef}	۳۱/۷ ^f	۳۱/۷ ^f	۸
۹	۴/۱ ^{a-d}	۱۱۰۹/۷ ^{b-c}	۲۰/۵ ^{d-g}	۱۲/۵ ^{de}	۹۴/۲ ^b	۴۷/۰ ^{ef}	۳۶/۳ ^{b-d}	۳۶/۳ ^{b-d}	۹
۱۰	۴/۰ ^{b-d}	۹۹۲/۶ ^{de}	۲۴/۶ ^a	۱۴/۹ ^b	۹۹/۲ ^a	۵۴/۰ ^a	۲۵/۵ ^d	۲۵/۵ ^d	۱۰
۱۱	۴/۰ ^{b-d}	۸۹۲/۹ ^e	۱۹/۵ ^{d-h}	۱۱/۶ ^{d-f}	۷۹/۶ ^h	۴۶/۷ ^f	۳۷/۳ ^{۷a}	۳۷/۳ ^{۷a}	۱۱
۱۲	۳/۸ ^{cd}	۱۱۰۳/۰ ^{c-c}	۲۱/۲ ^{de}	۱۰/۵ ^{e-g}	۸۶/۹ ^g	۴۷/۲ ^{ef}	۳۷/۳ ^{۷a}	۳۷/۳ ^{۷a}	۱۲
۱۳	۴/۰ ^{b-d}	۱۰۳۴/۴ ^{de}	۱۹/۰ ^{g-h}	۱۲/۸ ^{b-c}	۹۴/۲ ^b	۵۰/۷ ^e	۳۶/۵ ^{f-c}	۳۶/۵ ^{f-c}	۱۳
۱۴	۴/۴ ^{a-c}	۸۸۹/۱ ^e	۲۱/۸ ^{cd}	۱۳/۹ ^{b-d}	۹۹/۲ ^a	۵۱/۸ ^b	۳۶/۷ ^{ab}	۳۶/۷ ^{ab}	۱۴
۱۵	۴/۳ ^{a-c}	۱۰۱۰/۶ ^{de}	۲۱/۱ ^{d-f}	۱۲/۵ ^{e-e}	۹۹/۲ ^a	۵۰/۳ ^c	۳۴/۳ ^e	۳۴/۳ ^e	۱۵
۱۶	۴/۶ ^a	۱۲۷۵/۸ ^{b-c}	۱۹/۴ ^{gh}	۱۷/۵ ^a	۹۹/۲ ^a	۵۱/۸ ^b	۳۵/۷ ^{cd}	۳۵/۷ ^{cd}	۱۶

در هر ستون میانگین‌هایی که دارای حداقل یک حرف مشترک هستند بر مبنای آزمون دانکن در سطح احتمال ۵ درصد تفاوت معنی دار ندارند.

جدول ۶. ضرایب عاملی صفات مختلف و واریانس‌های نسبی و تجمعی عامل‌ها برای ۱۶ ژنوتیپ کینوا و ۱۵ صفت مختلف پس از انجام

دوران وریمکس

صفت	ضریب عامل اول	ضریب عامل دوم	صفت	ضریب عامل اول	ضریب عامل دوم
روز تا ده برگی	۰/۵۴	-۰/۲۲	عملکرد دانه در واحد سطح	۰/۷۵	-۰/۱۳
روز تا گلدهی	۰/۶۷	-۰/۳۶	عملکرد بیولوژیک در واحد سطح	-۰/۰۶	۰/۱۲
روز تا تغییر رنگ پانیکول	۰/۸۸	-۰/۰۷	شاخص برداشت دانه	۰/۶۹	-۰/۲۳
روز تا شیری شدن دانه	۰/۴۹	۰/۴۹	محتوای آب برگ	۰/۳۹	-۰/۷۶
روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی	۰/۱۴	۰/۸۷	وزن هزار دانه	۰/۵۴	-۰/۴۷
قطر ساقه اصلی	۰/۲۶	-۰/۷۴	درصد پروتئین دانه	-۰/۲۸	۰/۲۱
قطر پانیکول اصلی	۰/۷۶	-۰/۳۸	درصد ساپونین دانه	۰/۵۳	-۰/۵۴
طول دوره پر شدن دانه	۰/۰۹	۰/۸۷	درصد واریانس تجمعی عامل‌ها	۴۸	۷۶

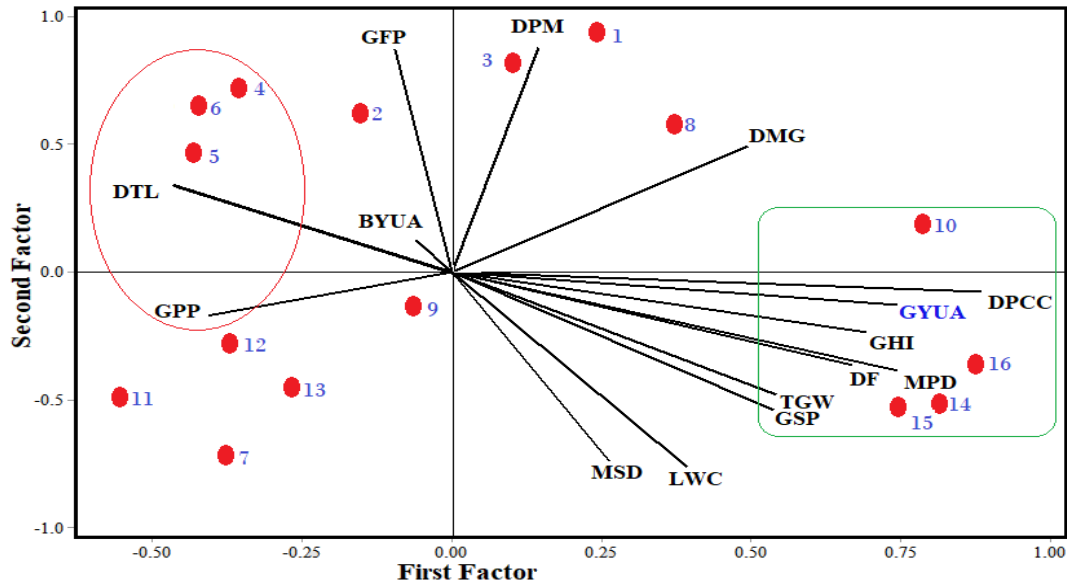
صفت پانیکول و اجزای پانیکول از جمله طول پانیکول، قطر پانیکول و تعداد پانیکول، در افزایش عملکرد دانه در کینوا بودند.

تجزیه به عامل‌ها

نتایج تجزیه به عامل‌ها پس از انجام دوران وریمکس (جدول ۶) نشان داد که ۷۶ درصد از واریانس کل داده‌ها توسط دو عامل اول و دوم توجیه می‌شود. به طوری که سهم عامل اول و دوم به ترتیب ۴۸ و ۲۸ درصد از واریانس کل داده‌ها بود. در پژوهشی روی ۹ صفت مختلف در ۱۱ ژنوتیپ کینوا، سهم عامل اول، یعنی سهم عامل عملکرد، ۵۰ درصد از واریانس کل گزارش شد (۲۶). نتایج نشان داد که عامل اول با صفات روز تا تغییر رنگ پانیکول اصلی، قطر پانیکول اصلی، عملکرد دانه در واحد سطح، شاخص برداشت دانه، وزن هزار دانه و درصد ساپونین دانه رابطه‌ای مثبت و قوی داشت لذا عامل اول "عامل رشد زایشی یا عامل عملکرد دانه" نام‌گذاری شد (جدول ۶).

از طرفی دیگر، با توجه به رابطه مثبت و معنی‌دار صفات روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، طول دوره پر شدن دانه و روز تا شیری شدن دانه با عامل دوم، این عامل "عامل طول دوره فنولوژیکی گیاه" نام‌گذاری شد. افزایش طول دوره فنولوژیکی منجر به افزایش رشد رویشی می‌شود که این افزایش منجر به بهبود رشد زایشی و در نهایت بهبود عملکرد دانه خواهد شد.

البته این بهبود عملکرد دانه منوط به این است که در اختصاص مواد فتوسنتزی تولیدی به بخش‌های مختلف گیاه، تقسیم بندی مناسب صورت گرفته و سرعت اختصاص مواد ذخیره‌ای از منبع به مخزن زیاد باشد. بنابراین به‌طور کلی مقادیر زیاد اختصاص مواد پروده به بخش‌های زایشی و مقدار بینابین اختصاص مواد پروده به بخش‌های رویشی مورد توجه بوده است بر همین اساس در این پژوهش، مقدار زیاد عامل اول (با توجه به رابطه مثبت و قوی عامل اول با عملکرد دانه) و مقدار کم و بینابین عامل دوم (با توجه به رابطه منفی و ضعیف عامل دوم با عملکرد دانه) مورد نظر است. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده از نمودار بای پلات تجزیه عاملی (شکل ۱)، بخش واقع در ناحیه چهارم نمودار بای پلات، ناحیه مطلوب بای پلات محسوب می‌شود که به تبع آن ژنوتیپ‌ها و صفاتی که در این ناحیه قرار می‌گیرند به‌عنوان مطلوب‌ترین ژنوتیپ‌ها و صفات شناخته می‌شوند. طبق نتایج (شکل ۱)، ژنوتیپ‌های ناحیه چهارم بای پلات، یعنی ژنوتیپ‌های ۱۴، ۱۵ و ۱۶ به‌عنوان مطلوب‌ترین (البته ژنوتیپ ۱۰ هم ژنوتیپی به نسبت مطلوب است) و ژنوتیپ‌های واقع در ناحیه دوم بای پلات، یعنی ژنوتیپ‌های ۴، ۵ و ۶ به‌عنوان نامطلوب‌ترین ژنوتیپ‌ها معرفی شدند. همچنین صفات قطر پانیکول اصلی، روز تا تغییر رنگ پانیکول، شاخص برداشت دانه و وزن هزار دانه، به‌عنوان مطلوب‌ترین صفات هم-راستای با افزایش



شکل ۱. نمودار بای پلات تجزیه عاملی ۱۵ صفت مختلف برای ۱۶ ژنوتیپ کینوا پس از انجام دوران وریمکس

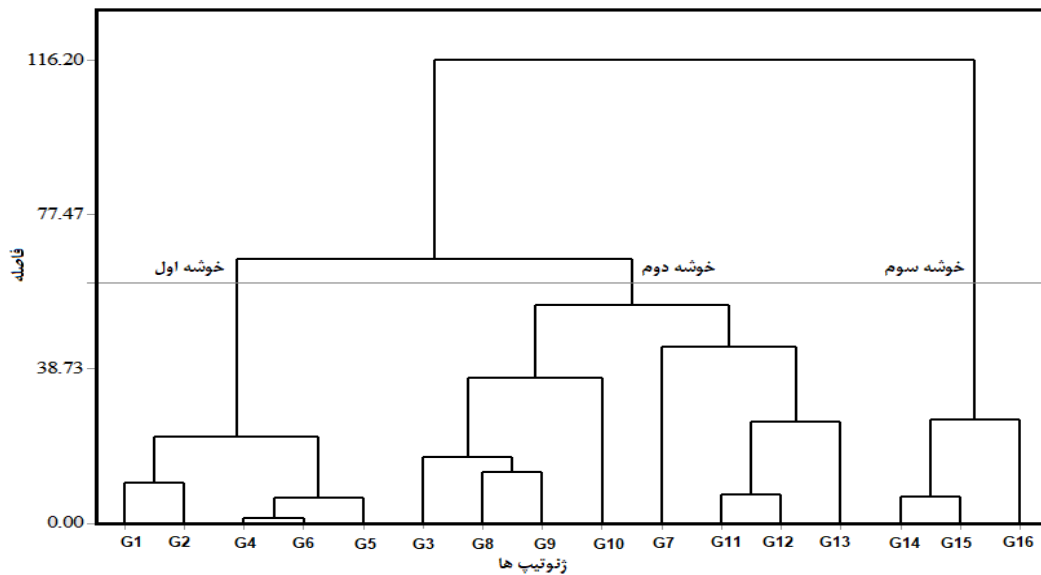
روز تا ده برگی (DTL)، روز تا گلدهی (DF)، روز تا تغییر رنگ پانیکول (DPCC)، روز تا شیری شدن دانه (DMG)، روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی (DPM)، قطر ساقه اصلی (MSD)، قطر پانیکول اصلی (MPD)، طول دوره پر شدن دانه (GFP)، عملکرد دانه در واحد سطح (GYUA)، عملکرد بیولوژیکی در واحد سطح (BYUA)، شاخص برداشت دانه (GHI)، محتوای آب برگ (LWC)، وزن هزار دانه (TGW)، درصد پروتئین دانه (GPP) و درصد ساپونین دانه (GSP).

همدیگر بودند. لذا در برنامه‌های دو رگ گیری می‌توان از افراد خوشه ۱ و ۳ به‌عنوان والدین جهت ایجاد بیشترین تنوع ژنتیکی در نسل‌های تفرق استفاده کرد. در پژوهشی در کینوا از تجزیه خوشه‌ای جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها استفاده شد، به‌طوری که ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در سه خوشه طبقه‌بندی شدند (۱۸). در پژوهشی دیگر، آمیزش بین اعضاء خوشه‌هایی که دارای بیشترین فاصله ژنتیکی بودند جهت ایجاد بیشترین تنوع مصنوعی پیشنهاد شد (۸). نتایج نشان داد که تفاوت بین خوشه‌ها برای بیشتر صفات معنی‌دار بود که این بیانگر تفاوت واقعی بین ژنوتیپ‌ها و وجود فاصله ژنتیکی قابل توجه در بین خوشه‌ها است (جدول ۷). در ضمن معنی‌دار بودن این تفاوت‌ها نشان‌دهنده انجام خوشه‌بندی صحیح ژنوتیپ‌ها و مجزاسازی مطلوب آنها است. در ادامه تجزیه خوشه‌ای، جهت تایید صحت خوشه‌بندی‌های انجام شده، تجزیه تابع تشخیص انجام شد. نتایج تجزیه تابع تشخیص (جدول ۹)، نتایج تجزیه

عملکرد با تأثیر مثبت بر بهبود آن، شناسایی شدند. مقدار زیاد این صفات مطلوب بوده، گزینش در جهت بهبود آنها منجر به افزایش عملکرد دانه خواهد شد. نتایج پژوهش‌های قبلی نیز بیانگر ارتباط قوی و مثبت صفات وزن هزار دانه، قطر پانیکول اصلی و شاخص برداشت با عملکرد دانه بودند (۲ و ۱۴).

تجزیه خوشه

طبق نتایج به‌دست آمده (شکل ۲)، ژنوتیپ‌ها به سه گروه تقسیم‌بندی شدند. ژنوتیپ‌های خوشه سوم دارای مقادیر بالایی از صفات مهم روز تا گلدهی، روز تا تغییر رنگ پانیکول، قطر ساقه اصلی، قطر پانیکول اصلی، عملکرد دانه در واحد سطح، شاخص برداشت دانه، محتوای آب برگ، وزن هزار دانه و درصد ساپونین دانه بودند و به‌عنوان "خوشه عملکرد" نامیده شد (جدول ۷). نتایج (جدول ۸) نشان داد که خوشه ۱ و ۳ دارای بیشترین فاصله ژنتیکی (۱۰۵/۰۲) با



شکل ۲. دندروگرام ۱۶ ژنوتیپ کینوا (G1 تا G16) بر اساس ۱۵ صفت به روش وارد و ماتریس فاصله مربع پیرسون

جدول ۷. نتایج مقایسه میانگین بین سه خوشه برای صفات مطالعه شده

خوشه	روز تا ده برگی	روز تا گلدهی	روز تا تغییر رنگ پانیکول	روز تا شیری شدن دانه	روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی	قطر ساقه اصلی (میلی متر)	قطر پانیکول اصلی
۱	۳۷/۳ ^a	۴۷/۴۳ ^b	۸۹/۹۲ ^b	۷۶/۴۸ ^a	۱۲۶/۹ ^a	۱۱/۸۷ ^b	۱۰/۰۳ ^b
۲	۳۵/۴۶ ^b	۴۸/۵۴ ^b	۹۰/۸۸ ^b	۷۶/۵۳ ^a	۱۱۸/۱۰ ^b	۱۳/۴۳ ^a	۱۲/۳۲ ^{ab}
۳	۳۵/۵۶ ^b	۵۱/۲۸ ^a	۹۹/۲۵ ^a	۷۵/۵۷ ^a	۱۱۸/۲۲ ^b	۱۴/۰۶ ^a	۱۴/۶۵ ^a

ادامه جدول ۷.

خوشه	طول دوره پر شدن دانه (روز)	عملکرد دانه در واحد سطح (گرم)	عملکرد بیولوژیک در واحد سطح (گرم)	شاخص برداشت دانه (درصد)	محتوای آب برگ (درصد)	وزن هزار دانه (گرم)	پروتئین دانه (درصد)	سایونین دانه (درصد)
۱	۶۴/۰ ^a	۵۲/۹۷ ^b	۱۱۵۷/۱۷ ^a	۲۰/۶۲ ^b	۳/۷۲ ^b	۱/۱۹ ^b	۱۵/۰۳ ^a	۳/۶۷ ^b
۲	۵۵/۶ ^a	۵۲/۳۱ ^b	۱۱۲۵/۶ ^a	۲۰/۹۹ ^b	۳/۹۹ ^b	۱/۵۶ ^b	۱۳/۹۹ ^{ab}	۴/۱۹ ^{ab}
۳	۵۷/۰ ^a	۸۰/۴۷ ^a	۱۰۵۸/۵ ^b	۳۷/۵۳ ^a	۴/۴۱ ^a	۲/۰۷ ^a	۱۳/۷۶ ^b	۵/۰۳ ^a

مقایسه میانگین خوشه‌ها به روش آزمون چند دامنه‌ای دانکن با $\alpha = 0.05$ انجام شده است. در هر ستون میانگین‌هایی که دارای حداقل یک حرف مشترک هستند بر مبنای آزمون دانکن در سطح احتمال پنج درصد تفاوت معنی دار ندارند.

جدول ۸. ماتریس فاصله بین مرکز خوشه‌ها

خوشه	خوشه دوم	خوشه سوم
خوشه اول	۳۳/۴۳	۱۰۵/۰۲
خوشه دوم	۰/۰	۷۵/۱۹

جدول ۹. نتایج تجزیه تابع تشخیص برای گروه‌بندی بر اساس صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های کینوا

گروه‌بندی پیش‌بینی شده بر اساس تابع تشخیص							
کل		۳		۲		۱	
تعداد	درصد	تعداد	درصد	تعداد	درصد	تعداد	درصد
۵	۱۰۰	۰	۰	۰	۱۰۰	۵	۱
۸	۱۰۰	۰	۰	۱۰۰	۸	۰	۲
۳	۱۰۰	۱۰۰	۳	۰	۰	۰	۳

پانیکول اصلی ممکن است، منجر به تولید ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا شود.

وجود تنوع ژنتیکی در بین یک ژرم پلاسما، بیانگر ناهمگنی ژنتیکی مواد گیاهی مورد نظر است که این ناهمگنی امکان شناسایی مواد گیاهی مورد نیاز برای استفاده در یک برنامه به‌نژادی گیاهی را فراهم می‌کند (۲۶). برآورد ضرایب تغییرات ژنتیکی بالا، پیشرفت ژنتیکی بالا و وراثت پذیری بیشتر، موجب افزایش احتمال موفقیت در انتخاب ژنوتیپ‌ها با عملکرد بالاتر خواهد شد (۷). دی‌سانتیس و همکاران (۱۰) بیان داشتند که تخمین وراثت پذیری در بیشتر صفات مطالعه شده در کینوا زیاد بود. در پژوهشی دیگر بر روی ارزیابی وراثت پذیری، تنوع ژنتیکی و پیشرفت ژنتیکی بر صفات مختلف آگرومورفولوژیکی کینوا، وراثت پذیری بیشتر صفات بالا گزارش شد. به‌طوری که بیشترین میزان وراثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی برای صفات طول ریشه، قطر پانیکول اصلی، طول پانیکول، روز تا رسیدگی گزارش شد. همچنین کمترین وراثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی برای صفات تعداد گل آذین در بوته و وزن هزار دانه مشاهده شد (۳). نتایج نشان داد که هر چقدر تفاضل بین ضرایب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی کمتر باشد، نقش عامل محیطی در کنترل ژنتیکی آن صفت کمتر و در نتیجه وراثت‌پذیری آن صفت بالاتر و بیشتر است (جدول ۱۰). این معیار برای اولین بار در این مقاله

خوشه‌ای، یعنی گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها به سه خوشه، را تایید کرد. به‌طوری که صحت گروه‌بندی‌ها به‌طور صد در صد تایید شد.

برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات مختلف

طبق نتایج به‌دست آمده (جدول ۱۰)، ژرم پلاسما مورد نظر دارای تنوع ژنتیکی بالایی برای بیشتر صفات بود. دو صفت شاخص برداشت دانه و قطر پانیکول اصلی با داشتن بیشترین ضریب تنوع ژنتیکی، وراثت‌پذیری بالا و بیشترین پیشرفت ژنتیکی، به‌عنوان دو صفت مطلوب با پاسخ به‌گزینه بالا، شناسایی شدند که‌گزینه مثبت برای این دو صفت و گزینه منفی (گزینه علی‌ه آن) برای صفت روز تا ده‌برگی در برنامه‌های آتی به‌نژادی این گیاه، پیشنهاد می‌شود. در پژوهشی روی ژنوتیپ‌های کینوا، درحالی که برای صفت عملکرد دانه وراثت‌پذیری عمومی بالای ۹۰ درصد گزارش شد، برای صفت تعداد پانیکول (گل آذین) در بوته، وراثت‌پذیری پایینی مشاهده شد. آنها بیشترین و کمترین پیشرفت ژنتیکی را به‌ترتیب برای صفت تعداد شاخه در بوته و روز تا رسیدگی برآورد کردند (۳). در پژوهشی دیگر روی کینوا، دو صفت قطر ساقه و وزن خشک بوته، به‌عنوان صفات مطلوب با توارث‌پذیری بالا و تنوع ژنتیکی مطلوب جهت افزایش عملکرد دانه، پیشنهاد شدند (۶). اسپهار و سانتوز (۲۸) گزارش دادند که انتخاب ژنوتیپ‌های کینوا بر اساس طول پانیکول و قطر

جدول ۱۰. پارامترهای ژنتیکی صفات مختلف

صفات	ضریب تغییرات فنوتیپی (PCV/%)	ضریب تغییرات ژنوتیپی (GCV/%)	درصد تفاضل بین ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی (درصد) (PDPG/%)	وراثت پذیری عمومی (H ² /%)	پیشرفت ژنتیکی نسبت به میانگین (درصد) (GAM/%)
روز تا ده برگی	۴/۴۷	۴/۴۰	۱/۵۶	۹۶/۹۰	۷/۶۲
روز تا گلدهی	۴/۲۱	۴/۱۳	۱/۸۶	۹۶/۳۱	۷/۱۴
روز تا تغییر رنگ پانیکول	۴/۵۴	۴/۴۷	۱/۴۴	۹۷/۱۴	۷/۷۶
روز تا شیری شدن دانه	۲/۶۸	۲/۶۲	۲/۰۳	۹۵/۹۸	۴/۵۲
روز تا رسیدگی فیزیولوژیک	۳/۴۸	۱/۶۸	۵۱/۷۷	۲۳/۲۶	۱/۴۳
قطر ساقه اصلی	۹/۵۰	۷/۴۴	۲۱/۷۵	۶۱/۲۳	۱۰/۲۴
قطر پانیکول اصلی	۲۱/۸۴	۲۱/۲۹	۲/۵۳	۹۵/۰۱	۳۶/۵۲
طول دوره پر شدن دانه	۴/۴۲	۲/۱۴	۵۱/۴۹	۲۳/۵۳	۱/۸۳
عملکرد دانه در واحد سطح	۲۳/۲۸	۱۹/۲۱	۱۷/۴۸	۶۸/۱۰	۲۷/۹۱
عملکرد بیولوژیکی در واحد سطح	۱۸/۶۵	۱۳/۷۸	۲۶/۱۱	۵۴/۵۹	۱۷/۹۲
شاخص برداشت دانه	۲۹/۷۷	۲۶/۳۷	۱۱/۴۱	۷۸/۴۸	۴۱/۱۱
محتوای آب برگ	۹/۴۰	۷/۶۷	۱۸/۳۷	۶۶/۶۳	۱۱/۰۲
وزن هزار دانه	۲۰/۷۰	۱۶/۹۷	۱۸/۰۲	۶۷/۲۱	۲۴/۴۹
درصد پروتئین دانه	۸/۷۶	۵/۲۴	۴۰/۲۱	۳۵/۷۵	۵/۵۱
درصد ساپونین دانه	۱۲/۰۱	۹/۸۶	۱۷/۹۰	۶۷/۴۰	۱۴/۲۵

جدول ۱۱. همبستگی ساده بین سه پارامتر ژنتیکی درصد تفاضل بین ضریب تغییرات فنوتیپی و ضریب تغییرات ژنوتیپی، وراثت پذیری عمومی

و پیشرفت ژنتیکی نسبت به میانگین در پانزده صفت مختلف مربوط به ۱۶ ژنوتیپ کینوا

پارامتر	وراثت پذیری عمومی	پیشرفت ژنتیکی نسبت به میانگین
درصد تفاضل بین ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی	-۰/۹۹۴***	-۰/۳۶
وراثت پذیری عمومی	۱	۰/۳۲

*** نشانگر معنی دار بودن در سطح آماری ۰/۱ درصد است.

است. نتایج همبستگی ساده (جدول ۱۱) نیز بیانگر رابطه همبستگی منفی و بسیار معنی دار ($P \leq 0.01$) بین شاخص "درصد تفاضل بین ضریب تغییرات فنوتیپی و ضریب تغییرات ژنوتیپی"

معرفی می شود و به عنوان معیاری برای میزان وراثت پذیری یک صفت محسوب می شود و مقادیر ۵ درصد و کمتر از ۵ درصد آن بیانگر وراثت پذیری بالا و قابل توجه برای صفت مورد نظر

پانیکول اصلی و شاخص برداشت دانه) پیشنهاد می‌شود. علاوه بر این، انجام همزمان گزینش منفی برای صفت روز تا ده برگی که منجر به استقرار سریع‌تر گیاهچه‌ها در مراحل اولیه رشد، استفاده بیشتر از پتانسیل فصل رشد و در نهایت بهبود غیرمستقیم عملکرد دانه خواهد شد، تحت شرایط این آزمایش قابل توصیه است، هر چند که تکرار آزمایش در سال‌ها و مکان‌های بیشتر باعث اطمینان بیشتر در قضاوت ما خواهد شد. در پایان استفاده از پارامتر جدید "درصد تفاضل بین ضریب تغییرات فنوتیپی و ضریب تغییرات ژنوتیپی" بر اساس رابطه بسیار معنی‌دار آن با وراثت‌پذیری عمومی صفات مورد مطالعه ($r = 0.994^{***}$)، مطلوب بوده، توصیه می‌شود.

سیاسگزاری

نگارندگان مقاله به خاطر همکاری‌ها و کمک‌های ارزنده ریاست محترم و دیگر همکاران گرامی یاری دهنده ما در مرکز تحقیقات، ترویج و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان کرمانشاه و موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج، کمال تشکر و قدردانی را دارند.

و "مقدار وراثت‌پذیری عمومی" صفات مورد مطالعه بود. در واقع با کاهش مقدار این شاخص، سهم انحراف محیطی از واریانس کل کاسته می‌شود و سهم واریانس ژنتیکی در کنترل صفت افزایش خواهد یافت. علی‌رغم وجود رابطه منفی بین این شاخص با پارامتر پیشرفت ژنتیکی نسبت به میانگین، اما طبق داده‌های حاصل از این پژوهش، این رابطه منفی از نظر آماری معنی‌دار نبود (جدول ۱۱).

نتیجه‌گیری

طبق نتایج این پژوهش، تنوع ژنتیکی و پیشرفت ژنتیکی مطلوبی در بین ژنوتیپ‌های مطالعه شده در این گیاه نوظهور در ایران، برای بیشتر صفات مشاهده شد که نشان‌دهنده مفید بودن انجام گزینش اولیه در ژرم پلاسما حاضر است. ژنوتیپ‌های شماره ۱۴، ۱۵ و ۱۶ در مجموع دو مکان ارزیابی شده، دارای صفات مطلوب و عملکرد بالایی بودند که می‌توان از پتانسیل ژنتیکی آنها در برنامه‌های به‌نژادی آتی استفاده کرد. طبق نتایج این پژوهش انجام گزینش مثبت برای صفات قطر پانیکول اصلی، شاخص برداشت دانه، روز تا گلدهی، روز تا تغییر رنگ پانیکول و وزن هزار دانه (به‌ویژه دو صفت بسیار مهم قطر

منابع مورد استفاده

1. Abugoch, L., E. Castro, C. Tapia, M. C. Anon, P. Gajardo and A. Villarroel. 2009. Stability of quinoa flour proteins (*Chenopodium Quinoa* Willd.) during storage. *International Journal of Food Science and Technology* 44(10): 2013-2020.
2. Afiah, S. A., W. A. Hassan and A. Al Kady. 2018. Assessment of six quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) genotypes for seed yield and its attributes under Toshka conditions. *Zagazig Journal of Agricultural Research* 45(6): 2281-2294.
3. Al-Naggar, A., R. Abd El-Salam, A. Badran and M. M. El-Moghazi. 2017. Genotype and drought effects on morphological, physiological and yield traits of quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.). *Asian Journal of Advances in Agricultural Research* 3(1): 1-15.
4. Al-Tabbal, J. A. and A. H. Al-Fraihat. 2012. Genetic variation, heritability, phenotypic and genotypic correlation studies for yield and yield components in promising barley genotypes. *Journal of Agricultural Science* 4(3): 193-210.
5. Bazile, D., C. Pulvento, A. Verniau, M. S. Al-Nusairi, D. Ba, J. Breidyand and M. Otambekova. 2016. Worldwide evaluations of quinoa: preliminary results from post international year of quinoa FAO projects in nine countries. *Frontiers in Plant Science* 7: 1-18.
6. Bhargava, A., S. Shukla, R. S. Katiyar and D. Ohri. 2003. Selection parameters for genetic improvement in *Chenopodium* grain on sodic soil. *Journal of Applied Horticulture* 5: 45-48.
7. Cargnelutti, F. A., L. Storck and N. D. Ribeiro. 2009. Medidas da precisão experimental em ensaios com genótipos

- de feijão e de soja. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 44(10): 1225-1231.
8. Chauhan, G. S., N. Eskin and R. Tkachuk. 1999. Effect of saponin extraction on the nutritional quality of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Journal of Food Science and Technology* 36: 123-126.
 9. De Santis, G., T. D'ambrosio, M. Rinaldi and A. Rascio. 2016. Heritabilities of morphological and quality traits and interrelationships with yield in quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) genotypes in the Mediterranean environment. *Journal of Cereal Science* 70: 177-185.
 10. De Santis, G., P. De Vita, E. Carlino, S. Colecchi and L. D'Angelo. 2009. Valutazione di caratteri morfologici in genotipi di quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) in ambiente Mediterraneo. In: Proc. 4th Meeting Piante Mediterranee, Oct. 2009, Nova Siri Marina (MT) Italia. 270-275.
 11. Elsohaimy, S., T. Refaay and M. Zaytoun. 2015. Physicochemical and functional properties of quinoa protein isolate. *Annals of Agricultural Sciences* 60(2): 297-305.
 12. Falconer, D. S. 1989. Introduction to Quantitative Genetics. Longman. New York.
 13. Jacobsen, S. E. 2003. The worldwide potential for quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Food Reviews International* 19(2): 167-177.
 14. Karimi, S. H. 2018. Assessing adaptation and diversity of quinoa ecotypes by morphological and SSR markers in different moisture conditions. MSc Thesis. Bu-Ali Sina University. Hamadan, Iran.
 15. Kaul, H. P., M. Kruse and W. Aufhammer. 2005. Yield and nitrogen utilization efficiency of the pseudocereals amaranth, quinoa, and buckwheat under differing nitrogen fertilization. *European Journal of Agronomy* 22(1): 95-100.
 16. Koziol, M. J. 1991. Afrosimetric estimation of threshold saponin concentration for bitterness in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Journal of the Science of Food and Agriculture* 54(2): 211-219.
 17. Kuster, I. and N. Vila. 2017. Health/nutrition food claims and low-fat food purchase: projected personality influence in young consumers. *Journal of Functional Foods* 38: 66-76.
 18. Mohyuddin, S., A. Riaz, A. Qamar, S. Ali, C. Hu, L. Wu and X. Ju. 2019. Quinoa is beneficial to the comprehensive nutritional value of potential health. *Pakistan Journal of Science* 70(2): 69-74.
 19. Montano Reyes, E. A., D. P. Avila Torres and J. O. Guevara Pulido. 2006. Componente nutricional de diferentes variedades de quinua de la región andina. *Avances Investigacion en Ingenieria* 5: 86-97.
 20. Movlaei, A. and M. Bagheri. 2020. Yield comparison of quinoa genotype in shahre-kord. In: Proceeding of 16th National Congress of Agricultural Sciences and Plant Breeding of Iran. Shahre-Kord, Iran. 25-27 January 2020. pp. 4. (In Farsi).
 21. Navruz-Varli, S. and N. Sanlier. 2016. Nutritional and health benefits of quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.). *Journal of Cereal Science* 69: 371-376.
 22. Pycia, K., K. Gesinski, G. Jaworska and B. Barczak. 2019. Comparative analysis of selected physicochemical properties of quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.), maize, wheat and potato starch. *Journal of Central European Agriculture* 20(2): 626-635.
 23. Rahimi, E. and M. Bagheri. 2020. Chemical, antioxidant, total phenolic and flavonoid components and antimicrobial effects of different species of quinoa seeds. *Egyptian Journal of Veterinary Sciences* 51(1): 43-54.
 24. Risi, J. C. and N. W. Galwey. 1989. The pattern of genetic diversity in the Andean grain crop quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). I. Associations between characteristics. *Euphytica* 41: 147-162.
 25. Rodríguez, L. A. and M. T. Isla. 2013. Comparative analysis of genetic and morphologic diversity among quinoa accessions (*Chenopodium quinoa* Willd.) of the south of Chile and highland accessions. *African Journal of Plant Breeding* 1(7): 130-135.
 26. Ruiz, K., S. Biondi, R. Oses, I. Acuña, F. Antognoni, E. Martínez, A. Coulibaly, A. Canahua, M. Pinto, A. Zurita, D. Bazile, S. Jacobsen and M. Molina. 2014. Quinoa biodiversity and sustainability for food security under climate change. A review. *Agronomy for Sustainable Development* 34(2): 349-359.
 27. Sifati, S. A., S. S. Ramazanpoor, H. Soltanlu, M. Salehi and N. Sepahvand. 2015. Study on some morphological traits related to yield and early maturity in quinoa cultivars (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Journal of Crop Production* 8(2): 153-169. (In Farsi).
 28. Spehar, C. R. and R. L. D. Santos. 2005. Agronomic performance of quinoa selected in the Brazilian Savannah. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 40(6): 609-612.
 29. Vasconcelos, F. S., E. S. Vasconcelo, M. G. Balan and L. Silvério. 2012. Development and productivity of quinoa sown on different dates during the off-season. *Ciência Agrônoma* 43(3): 510-515.
 30. Vega-Galvez, A., M. Miranda, J. Vergara, E. Uribe, L. Puente and E. A. Martínez. 2010. Nutrition facts and functional potential of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.), an ancient Andean grain: A review. *Journal of Science Food and Agriculture* 90: 2541-2547.

Evaluation of Diversity and Application of Agronomic, Morphological, and Physiological Traits to Improve Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) Grain Yield

S. S. Moosavi^{1*}, R. Moradi Rizvandi², M. R. Abdollahi³ and M. Bagheri⁴

(Received: April 24-2021; Accepted: August 07-2021)

Abstract

The purpose of this study was to evaluate the diversity and predict the response to selection in different traits of 16 quinoa genotypes, which was done in a randomized complete block design in Karaj and Kermanshah. The genotypes had a statistically significant difference ($p \leq 0.01$) for the majority of the traits, and they were distributed in four biplot regions. Genotypes 14, 15, and 16 had the highest, and genotypes 5 and 6 had the lowest grain yield and grain harvest index. While the main panicle diameter, grain harvest index, day to physiological maturity, day to main panicle color change, 1000-grain weight, and day to flowering had the highest positive alignment with yield component, day to ten leaf trait had a strong but negative connection with it. The highest genetic distance was observed between the first and third clusters, which can be achieved by crossing the selected genotypes of these two clusters, to create the greatest genetic diversity in the dividing generations. Grain harvest index and diameter of the main panicle with the highest coefficient of genetic diversity, high heritability, and the highest genetic progression were identified as two desirable traits with a high selection response. Positive selection for these two traits and negative selection for day to ten leaf traits are suggested in future breeding programs of this plant. In general, due to the limitation of direct selection to improve grain yield, also according to the significant correlation ($r = 0.994^{***}$) between the new parameter of "percentage difference between phenotypic variation coefficient and genotypic variation coefficient" with broad-sense heritability, the use of this new genetic parameter to select desirable agro morphophysiological traits is recommended.

Keywords: Qualitative traits, Morphophysiological traits, Response to selection, Factor analysis, Cluster analysis

1, 2 and 3. Associate Professor M.Sc. Student and Associate Professor, Respectively, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan, Iran

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

*: Corresponding Author, Email: s.moosavi@basu.ac.ir