بررسی فاصله ژنتیکی لاین‌های والدینی برنج هیبرید بر اساس تجزیه خوشه‌ای صفات مورفولوژیک

امیربخش بلوچ‌زهی، غفار کیانی* و نادعلی باقری[۱]

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۰/۱۰/۳ ؛ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۱/۳/۱۶)

چکیده

ارقام برنج هیبرید به مقدار ۳۰-۲۰ درصد بیشتر از ارقام معمولی تولید دارند. بنابراین این ارقام می‌توانند گزینه مناسبی برای افزایش عملکرد و گامی مؤثر در جهت امنیت غذایی باشند. انتخاب لاین‌های والدینی در ایجاد ترکیب‌های ایده‌ال نقش اساسی دارد. بنابراین مطالعه ارتباط و تنوع ژنتیکی بین لاین‌های والدینی برنج هیبرید ضروری است. در این بررسی، ۱۶ لاین والدینی برنج هیبرید شامل ۶ لاین برگرداننده باروری به نام‌های پویا، سپیدرود، پژوهش، R2، R9، IR50 و ۵ CMS لاین ندا، نعمت، دشت، چمپا و آمل ۳ به همراه ۵ لاین نگهدارنده مربوطه آنها در سال ۱۳۹۰ در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری مورد مطالعه قرار گرفتند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که بین ارقام از نظر کلیه صفات تحت بررسی اختلاف بسیار معنی‌داری وجود دارد که بیانگر تنوع زیاد بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی است. هم‌بستگی عملکرد با صفات تعداد پنجه بارور و نسبت طول به عرض دانه در جهت مثبت اما برای صفت عرض دانه در جهت منفی معنی‌دار بود. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی پس از دوران وریماکس نشان داد که سه مؤلفه در مجموع ۷۵/۶۴ درصد از تغییرات کل بین ژنوتیپ‌ها را توجیه می‌نمایند. تجزیه خوشه‌ای، لاین‌های مورد بررسی را در معیار فاصله ژنتیکی ۱۵ در ۴ خوشه کلی گروه‌بندی کرد. با توجه به اینکه برای بهره‌گیری از پدیده هتروزیس والدین تلاقی بایستی از یکدیگر دور باشند، نتایج این تحقیق نشان می‌دهد که تلاقی‌های ندا A، نعمت A و چمپا A با هریک از لاین‌های برگرداننده R9، R2، IR50 و پویا برای تولید آزمایشی بذر هیبرید مناسب می‌باشند.

واژه‌های کلیدی: فاصله ژنتیکی، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

۱. گروه بیوتکنولوژی و اصلاح نباتات، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

* : مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: ghkiani@gmail.com

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1392.3.7.7.6]

مقدمه

در برنامه‌های دورگ‌گیری گیاهان خودگشن برای بهره‌وری بهتر از تفکیک متجاوز بایستی والدین از نظر ژنتیکی از هم دور باشند تا برتری والدین نسبت به نتاج بیشتر اتفاق بیافتد. برنج از جمله گیاهان خودگشن است که در آن از هتروزیس به صورت گسترده بهره برداری شده است. انتخاب لاین‌های والدینی در ایجاد ترکیب‌های ایده‌آل نقش مهمی دارد. بنابراین مطالعه ارتباط و تنوع ژنتیکی بین لاین‌های والدینی برنج هیبرید ضروری است (۱۷). نتایج حاصل از بررسی تنوع ژنتیکی در انتخاب روش‌های مناسب تلاقی و پرهیز از تلاقی‌های بی‌ثمر به کار برده می‌شود. روش‌های آماری چند متغیره از جمله تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نقش مهمی در بررسی تنوع ژنتیکی و انتخاب والدین دارند. تاکنون مطالعات زیادی در ارتباط با هم‌بستگی، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تنوع ژنتیکی و تجزیه خوشه‌ای روی ژنوتیپ‌های برنج توسط محققین مختلف صورت گرفته است (۳، ۵، ۶، ۷، ۹، ۱۰، ۱۱، ۱۳ و ۱۵).

در اصلاح نباتات، هم‌بستگی بین صفات از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است زیرا میزان و نوع رابطه ژنتیکی یا غیر ژنتیکی بین دو یا چند صفت را اندازه‌گیری می‌کند (۹). بهپوری و همکاران (۷) با بررسی ضرایب هم‌بستگی صفات زراعی نشان دادند که بین عملکرد دانه با صفات تعداد دانه در خوشه، وزن هزار دانه و تعداد پنجه‌های بارور که هر سه از اجزای اصلی عملکرد هستند رابطه مثبت و معنی‌داری وجود دارد. نتایج بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف برنج توسط حسین زاده فشالمی و همکاران (۱۲) نشان داد که صفات کل تعداد پنجه، تعداد پنجه بارور، تعداد دانه پر در خوشه، وزن تک بوته و درصد آمیلوز هم‌بستگی مثبت و معنی‌دار و صفاتی از قبیل ارتفاع بوته، نسبت طول به عرض برگ پرچم، طول خروج خوشه از غلاف و طویل شدن دانه هم‌بستگی منفی و معنی‌داری با عملکرد دارد.

گونزالس (۱۱) با تجزیه به مؤلفه‌ها و گروه‌بندی ۱۹ رقم برنج گزارش کرد که ۸۳٪ از تغییرات کل توسط دو مؤلفه توجیه می‌گردد. اکتر و همکاران (۳)، ۴۴ لاین برگردانده باروری را با استفاده از آماره ماهالانوبیس و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در ۵ گروه قرار دادند. نتایج حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی توسط باقری و همکاران (۶) در بررسی تنوع ژنتیکی ذخایر توارثی برنج ایران بر اساس صفات مورفولوژیک حاکی از نقش ۶ مؤلفه در توجیه ۷۴/۶۶٪ از تنوع کل می‌باشد. تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها با روش واریانس حداقل وارد و معیار فاصله اقلیدسی، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را در چهار گروه طبقه‌بندی نمود.

نعمت زاده و همکاران (۱۰) با بررسی تنوع ژنتیکی و جغرافیایی ۴۱۹ رقم برنج با استفاده از صفات فیزیولوژیک و زراعی، آنها را در فاصله تشابه ژنتیکی ۳۵٪ در شش کلاستر قرار دادند. رحیم سروش و همکاران (۱۵) خصوصیات کمی و کیفی ۳۶ لاین و رقم برنج را به منظور بررسی تنوع ژنتیکی مورد مطالعه قرار دادند و با انجام تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها را در ۵ خوشه گروه‌بندی نمودند. ابوذری گزافرودی و همکاران (۱) در مطالعه خود روی ۴۹ رقم برنج ایرانی و خارجی، با انجام تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ-های مورد مطالعه را در چهار گروه قرار دادند. مأمون الرحمن و همکاران (۱۳)، ۲۱ رقم برنج را با هدف انتخاب والدین برای برنامه‌های اصلاحی مطالعه کردند و با انجام تجزیه خوشه‌ای ۴ ژنوتیپ را برای برنامه‌های اصلاحی در آینده پیشنهاد کردند. وانگ و همکاران (۱۸) تنوع ژنتیکی ۴۱ لاین والدینی برنج هیبرید را از طریق تجزیه خوشه‌ای صفات مورفولوژیک و نشانگر SSR بررسی کرده و بر اساس صفات مورفولوژیک از نظر رسیدگی در دو خوشه زودرس تا متوسط رس و متوسط رس تا دیررس طبقه بندی کردند. هدف از این مطالعه، بررسی تنوع ژنتیکی لاین‌های والدینی برنج هیبرید برای انتخاب والدین مناسب برای انجام تلاقی و پرهیز از تلاقی‌های بی‌ثمر می‌باشد.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1392.3.7.7.6]

مواد و روش‌ها

در این بررسی، ۱۶ لاین والدینی برنج هیبرید شامل ۶ لاین برگرداننده باروری به نام‌های پویا، سپیدرود، پژوهش، R2، R9 و IR50 و ۵ CMS لاین ندا، نعمت، دشت، چمپا و آمل ۳ به همراه ۵ لاین نگهدارنده مربوطه آنها مورد مطالعه قرار گرفتند (جدول ۱). عملیات بذرپاشی لاین‌های مورد نظر در اواخر فروردین ماه در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری صورت گرفت و نشاکاری در اواخر اردیبهشت ماه به صورت دستی و تک نشا انجام شد. لاین‌های مورد نظر در کرت‌هایی با ۵ ردیف با فاصله بوته ۲۰×۲۰ سانتی‌متر بین و روی ردیف‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کشت گردیدند. کلیه عملیات زراعی از قبیل کوددهی، آبیاری، مبارزه با علف‌های هرز و آفات طبق عرف منطقه و توصیه‌های کارشناسی انجام شد. در پایان فصل رشد، صفات کمی شامل ارتفاع، تعداد پنجه بارور، طول خوشه، تعداد کل دانه در خوشه، طول دانه، عرض دانه، نسبت طول به عرض دانه، وزن هزار دانه و عملکرد مورد ارزیابی قرار گرفتند. ارزیابی‌ها روی ۵ بوته تصادفی در هر کرت انجام شد. تجزیه واریانس و مقایسه میانگین داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار آماری SAS 9.1 انجام گردید. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی از طریق چرخش عامل‌ها به روش وریماکس صورت گرفت. از دو مؤلفه اصلی اول و دوم در ترسیم بای‌پلات برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها استفاده شد. تجزیه خوشه‌ای پس از استاندارد سازی داده‌ها به روش وارد و معیار فاصله اقلیدسی انجام شد. برای انجام تجزیه به مؤلفه‌ها، رسم نمودار بای‌پلات، تجزیه خوشه‌ای و محاسبه ضرایب هم‌بستگی از نرم‌افزار SPSS 16 استفاده شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس (جدول ۲) نشان داد که بین ارقام از نظر کلیه صفات تحت بررسی اختلاف بسیار معنی‌داری وجود دارد که بیانگر این نکته است که بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی تنوع زیادی وجود دارد. ضریب تغییرات برای صفات مختلف از ۱/۲۵ (صفت طول دانه) تا ۱۶/۵۹ (صفت تعداد پنجه بارور در بوته) متغیر بود (جدول ۲). مطالعات در زمینه تنوع ژنتیکی توسط محققین مختلفی گزارش شده است (۱، ۳، ۱۲ و ۱۵).

نتایج مقایسه میانگین‌های لاین‌های برنج مورد مطالعه با استفاده از آزمون چند دامنه‌ای دانکن در جدول ۳ آمده است. در تولید برنج هیبرید، ارتفاع لاین‌های برگرداننده و نرعقیم نقش مهمی دارد. لاین پویا پابلندتر از سایر لاین‌های برگرداننده باروری بود. در بین لاین‌های CMS به ترتیب ندا و نعمت پاکوتاه‌تر از سایر لاین‌ها بودند. تعداد پنجه‌های بارور در لاین‌های برگرداننده R2، R9، سپیدرود و پژوهش زیاد و فاقد اختلاف معنی‌دار با یکدیگر بود. ولی اختلاف آنها با لاین‌های پویا و IR50 زیاد بود. بین لاین‌های CMS و نگهدارنده از نظر تعداد پنجه‌های بارور اختلاف وجود داشت و کلیه لاین‌های CMS نسبت به لاین‌های نگهدارنده خود پنجه بارور بیشتری تولید کردند. طویل‌ترین خوشه در بین لاین‌های نگهدارنده در لاین پویا مشاهده گردید. لاین‌های نرعقیم ندا و نعمت به همراه لاین‌های نگهدارنده خود نسبت به سایر لاین‌های نرعقیم و لاین‌های نگهدارنده آنها خوشه طویل‌تری داشتند. لاین‌های نرعقیم آمل ۳ و ندا به همراه لاین‌های نگهدارنده مربوطه به ترتیب بیشترین و کمترین تعداد کل دانه در خوشه را به خود اختصاص دادند. طویل‌ترین دانه به ترتیب در لاین‌های سپیدرود، نعمت و ندا مشاهده گردید. بیشترین عرض دانه که یک صفت کیفی نامطلوب است مربوط به لاین چمپا می‌باشد. لاین‌های سپیدرود، ندا و نعمت از نظر نسبت طول به عرض دانه بهتر از سایر لاین‌ها بودند. وزن هزار دانه لاین‌های ندا و نعمت بیشتر از سایر لاین‌های مورد بررسی بود و کمترین وزن هزار دانه مربوط به لاین‌های R2 و R9 بود. مقایسه عملکرد نشان داد که R2 و R9 نسبت به سایر لاین‌های برگرداننده عملکرد بیشتری دارند. لاین‌های نرعقیم دشت، نعمت، ندا و آمل ۳ عملکرد خوبی تولید کردند، ولی لاین نرعقیم چمپا دارای عملکرد کمی بود.

با توجه به اینکه برنامه‌های اصلاحی برای گزینش

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1392.3.7.7.6]

جدول ۱. مشخصات لاین‌های والدینی برنج هیبرید مورد بررسی

شماره لاین	نام لاین	شماره لاین	نام لاین
۱	پویا	۹	دشت B
۲	R2	۱۰	چمپا B
۳	R9	۱۱	آمل ۳ B
۴	سپیدرود	۱۲	ندا A
۵	پژوهش	۱۳	نعمت A
۶	IR50	۱۴	دشت A
۷	ندا B	۱۵	چمپا A
۸	نعمت B	۱۶	آمل ۳ A

جدول ۲. تجزیه واریانس صفات مورد بررسی لاین‌های والدینی برنج هیبرید

منبع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات								
		ارتفاع (cm)	تعداد پنجه بارور در بوته	طول خوشه (cm)	تعداد کل دانه در خوشه	طول دانه (mm)	عرض دانه (mm)	عرض/طول دانه	وزن هزار دانه (g)	عملکرد (t/ha)
تکرار	۲	۱۴/۲۲	۸/۵۸	۰/۶۹	۵۲/۱۵	۰/۰۹	۰/۰۰۳	۱/۱۸	۰/۶۸	۰/۸۶
تیمار	۱۵	۴۲۱/۴۹**	۱۰۹/۷۷**	۱۱/۰۹**	۱۰۶۵۸/۰۸**	۱/۹۷**	۰/۲۷**	۱/۴۲**	۴۳/۷۸**	۱۰/۳۰**
اشتباه	۳۰	۹/۴۴	۹/۰۳	۲/۲۱	۳۷/۴۱	۰/۰۲	۰/۰۱	۰/۰۴	۱/۰۳	۰/۴۸
ضریب تغییرات		۲/۷۸	۱۶/۵۹	۵/۱۰	۲/۶۶	۱/۲۵	۳/۸۰	۴/۰۴	۳/۸۱	۹/۲۸

** و * به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ۱٪ و ۵٪

ژنوتیپ‌های برتر مستلزم توجه به هم‌بستگی صفات می‌باشد (۹)، از هم‌بستگی ساده برای به دست آوردن اطلاعات در مورد رابطه بین صفات و ارتباط آنها با عملکرد استفاده گردید. محاسبه ضرایب هم‌بستگی (جدول ۴) نشان داد که هم‌بستگی عملکرد با صفات تعداد پنجه بارور (۰/۳۰۵) و نسبت طول به عرض دانه (۰/۳۲۸) ضعیف و در جهت مثبت و برای صفت عرض دانه (۰/۴۸۹-) متوسط و در جهت منفی معنی‌دار می‌باشد. همچنین هم‌بستگی صفات ارتفاع با طول خوشه، طول خوشه با وزن هزار دانه و طول دانه با وزن هزار دانه به ترتیب متوسط، ضعیف و متوسط و در جهت مثبت و هم‌بستگی صفات ارتفاع با تعداد پنجه بارور، تعداد کل دانه در خوشه با وزن هزار دانه و عرض هزار دانه با نسبت طول به عرض دانه به ترتیب متوسط، ضعیف و قوی و در جهت منفی معنی‌دار بودند. نتایج بررسی درستی و همکاران (۸) نشان داد که طول خوشه و تعداد پنجه بیشترین تأثیر را بر عملکرد دارند. نتایج به دست آمده از این تحقیق تا حد زیادی با نتایج آقازاده و همکاران (۲) مطابقت دارد.

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی پس از دوران وریماکس نشان داد که سه مؤلفه اول در مجموع ۷۵/۶۴٪ از تغییرات کل بین ژنوتیپ‌ها را توجیه می‌نمایند. سهم این مؤلفه‌ها به ترتیب برابر

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1392.3.7.7.6]

جدول ۳. متوسط وضعیت لاین‌های والدینی برای صفات مورد مطالعه

ارقام	ارتفاع(cm)	تعداد پنجه بارور	طول خوشه(cm)	تعداد کل دانه در خوشه	طول دانه (mm)	عرض دانه (mm)	عرض/طول دانه	وزن هزار دانه (g)	عملکرد (t/ha)
پویا	۱۴۰/۱۷^{a}	۸/۳۳^{h}	۳۱/۳۳^{ab}	۲۳۱^{e}	۱۰/۲۰^{e}	۲/۰۷^{d}	۴/۹۵^{c}	۲۷/۴۷^{b}	۴/۷۲^{e}
R2	۹۹/۸۳^{g}	۲۲/۶۷^{ab}	۲۵/۵^{f}	۲۶۸/۳۳^{c}	۹/۰۳^{g}	۲/۱۰^{d}	۴/۳۱^{e}	۱۸/۹۶^{e}	۱۰/۵۲^{a}
R9	۱۱۴/۶۷^{cde}	۲۱^{ab}	۲۷/۵^{def}	۲۸۱/۳۳^{b}	۹/۱۳^{g}	۱/۷۳^{e}	۵/۲۹^{b}	۱۹/۱۳^{e}	۸/۹۷^{b}
سپیدرود	۱۱۳^{de}	۲۰/۶۷^{abc}	۲۹/۶۷^{bcd}	۱۴۳/۶۷^{g}	۱۱/۷۷^{a}	۲/۱۰^{d}	۵/۶۱^{ab}	۲۲/۸۷^{d}	۷/۰۶^{d}
پژوهش	۱۱۰/۶۷^{ef}	۲۶^{a}	۲۹/۱۷^{bcd}	۱۰۹^{h}	۱۰/۴۷^{d}	۲/۵۰^{b}	۴/۱۹^{e}	۲۸^{b}	۷/۶۷^{cd}
IR50	۱۰۰^{g}	۱۵/۳۳^{cdef}	۲۹^{bcde}	۲۳۰/۶۷^{e}	۱۰/۱۳^{e}	۲/۱۳^{cd}	۴/۷۵^{cd}	۲۳/۶۷^{cd}	۵/۳۷^{e}
ندا B	۱۰۱/۳۳^{g}	۱۵^{defg}	۲۹/۶۷^{def}	۱۶۴^{f}	۱۱/۱۰^{c}	۲/۰۷^{d}	۵/۳۸^{ab}	۳۰/۷۳^{a}	۷/۳۵^{cd}
نعمت B	۱۱۸/۳۳^{cd}	۱۴/۳۳^{efg}	۳۲/۶۷^{a}	۲۲۲/۳۳^{e}	۱۱/۵۰^{b}	۲/۰۳^{d}	۵/۶۶^{a}	۳۰/۸۰^{a}	۸/۴۷^{bc}
دشت B	۱۲۵/۶۷^{b}	۱۱^{fgh}	۳۱^{abc}	۲۶۴^{c}	۱۰/۱۰^{ef}	۲/۲۷^{c}	۴/۴۶^{ed}	۲۷/۷۳^{b}	۹/۵۴^{ab}
چمپا B	۱۰۱^{g}	۹/۶۷^{gh}	۲۸/۳۳^{cde}	۲۶۰/۶۷^{c}	۱۰/۰۳^{ef}	۲/۸۳^{a}	۳/۵۴^{f}	۲۸/۰۷^{b}	۴/۵۴^{e}
آمل ۳ B	۱۰۹/۶۷^{ef}	۱۱^{fgh}	۲۸^{def}	۲۴۷/۳۳^{d}	۹/۸۷^{f}	۲^{d}	۴/۹۳^{c}	۲۵/۳۳^{c}	۷/۶۳^{cd}
ندا A	۹۳^{h}	۲۴/۶۷^{ab}	۲۶/۳۳^{ef}	۱۶۴^{f}	۱۱/۱۰^{c}	۲/۰۷^{d}	۵/۳۸^{ab}	۳۰/۷۳^{a}	۷/۳۵^{cd}
نعمت A	۱۱۳^{de}	۲۶/۳۳^{a}	۳۱/۳۳^{ab}	۲۲۲/۳۳^{e}	۱۱/۵۰^{b}	۲/۰۳^{d}	۵/۶۶^{a}	۳۰/۸۰^{a}	۸/۴۷^{bc}
دشت A	۱۱۹/۶۷^{c}	۲۰^{bcd}	۳۰/۳۳^{abcd}	۲۶۴^{c}	۱۰/۱۰^{ef}	۲/۲۷^{c}	۴/۴۶^{ed}	۲۷/۷۳^{b}	۹/۵۴^{ab}
چمپا A	۱۰۱^{g}	۲۴^{ab}	۲۹/۶۷^{bcd}	۲۶۰/۶۷^{c}	۱۰/۰۳^{ef}	۲/۸۳^{a}	۳/۵۴^{f}	۲۸/۰۷^{b}	۴/۵۴^{e}
آمل ۳ A	۱۰۵/۳۳^{fg}	۱۹/۶۷^{bcde}	۲۹/۳۳^{bcd}	۳۴۷/۳۳^{a}	۹/۸۷^{f}	۲^{d}	۴/۹۳^{c}	۲۵/۳۳^{c}	۷/۶۳^{cd}

در هر ستون، میانگین‌هایی که حداقل دارای یک حرف مشترک هستند از نظر آماری در سطح احتمال ۵٪ با هم اختلاف معنی‌داری ندارند.

با ۲۷/۱۷، ۲۵/۴۵ و ۲۳/۰۸ درصد از تغییرات کل می‌باشد (جدول ۵). در این بررسی، صفات با ضرایب عاملی بیش از ۰/۵ به عنوان ضرایب معنی‌دار و مؤثر در نظر گرفته شده‌اند. در مؤلفه اول، صفات طول دانه و وزن هزار دانه در جهت مثبت و صفت تعداد کل دانه در جهت منفی تأثیرگذار بودند. بدین ترتیب، نتایج حاصل از ضرایب هم‌بستگی که در آنها هم‌بستگی وزن هزار دانه با طول دانه مثبت و با تعداد کل دانه در خوشه منفی به دست آمد تأیید شدند. در مؤلفه دوم، بزرگ‌ترین ضریب عاملی مثبت و معنی‌دار به ترتیب متعلق به نسبت طول به عرض دانه و عملکرد می‌باشد و عرض دانه در جهت منفی مؤثر بوده است. این مؤلفه نشان می‌دهد که عرض دانه روی نسبت طول به عرض دانه و عملکرد در جهت منفی تأثیرگذار بوده است. بنابراین، برای انتخاب ژنوتیپ‌های دارای عملکرد زیاد بایستی ژنوتیپ‌هایی انتخاب شود که عرض دانه کمتری دارند. در مؤلفه سوم، صفات طول خوشه و ارتفاع بیشترین نقش را در جهت مثبت داشتند و صفت تعداد پنجه بارور بیشترین نقش را در جهت منفی ایفا می‌کند. نتایج حاصل از تجزیه به عامل‌ها بر اساس روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی توسط رحیمی و همکاران (۱۶) به منظور شناسایی ارقام و دورگ‌های برتر برنج نشان داد که ۵ مؤلفه اصلی و مستقل یعنی خصوصیات مورفولوژیک، عملکرد دانه، ابعاد دانه، زمان رسیدگی و زاویه برگ توانستند ۸۲/۴۷٪ از کل تغییرات بین ژنوتیپ‌ها را توجیه نمایند. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی توسط باقری و همکاران (۶) روی ذخایر توارثی برنج ایران حاکی از

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1392.3.7.7.6]

جدول ۴. ضرایب هم‌بستگی بین صفات مختلف

	ارتفاع (cm)	تعداد پنجه بارور	طول خوشه (cm)	تعداد کل دانه در خوشه	طول دانه (mm)	عرض دانه (mm)	عرض/طول دانه	وزن هزار دانه (g)	عملکرد ($t\ ha^{-1}$)
ارتفاع	۱								
تعداد پنجه بارور	-۰/۳۷۳**	۱							
طول خوشه	۰/۶۲۲**	-۰/۱۹۸	۱						
تعداد دانه در خوشه	۰/۰۸۴	-۰/۲۳۲	۰/۰۵۷	۱					
طول دانه	۰/۰۴۴	۰/۱۲۴	۰/۳۹۵**	-۰/۶۳۶**	۱				
عرض دانه	-۰/۲۰۴	-۰/۰۱۸	۰/۰۹۲	-۰/۰۶۵	-۰/۰۴۷	۱			
عرض/طول دانه	۰/۱۷۱	۰/۰۸۷	۰/۱۱۹	-۰/۲۵۸	۰/۵۵۸**	-۰/۸۴۶**	۱		
وزن هزار دانه	۰/۰۵	-۰/۰۲۴	۰/۳۶۹**	-۰/۳۲۸*	۰/۶۳۹**	۰/۲۷۷	۰/۱۰۸	۱	
عملکرد	۰/۰۹	۰/۳۰۵*	-۰/۱۳۹	۰/۱	-۰/۰۹۷	-۰/۴۸۹**	۰/۳۲۸*	-۰/۱۷۹	۱

**و*: به‌ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ۱٪ و ۵٪

نقش ۶ مؤلفه در توجیه ۷۴/۶۶٪ از تنوع کل می‌باشد.

از دو مؤلفه اصلی اول و دوم در ترسیم بای‌پلات برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها استفاده شد (شکل ۱). با توجه به این که این دو مؤلفه ۵۲/۵۶٪ از تغییرات را توجیه کرده‌اند (که مقداری متوسط است)، لذا گروه‌بندی بر اساس تجزیه خوشه‌ای قابل توصیه است. تجزیه خوشه‌ای، لاین‌های مورد بررسی را در فاصله ژنتیکی ۱۵ در ۴ خوشه کلی گروه‌بندی کرد (شکل ۲). در خوشه اول ۶ لاین شامل۲ لاین برگرداننده باروری پویا و IR50 و ۲ CMS لاین دشت و آمل ۳ به همراه لاین‌های نگهدارنده مربوطه قرار گرفتند. دو لاین برگرداننده باروری R2 و R9 خوشه دوم را تشکیل دادند. لاین نرعقیم چمپا به همراه لاین نگهدارنده خود در خوشه سوم قرار گرفت. در خوشه چهارم، لاین‌های برگرداننده سپیدرود و پژوهش و لاین‌های نرعقیم ندا و نعمت به همراه لاین‌های نگهدارنده خود جای گرفتند. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای نشان می‌دهد که لاین‌های CMS با حداقل فاصله در کنار لاین‌های نگهدارنده‌شان قرار گرفته‌اند که این موضوع به یکسان بودن ژن‌های هسته‌ای این لاین‌ها مربوط می‌شود. مطالعات در خصوص فاصله ژنتیکی لاین‌های والدینی برنج هیبرید توسط نقیا و همکاران (۱۴)، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را در ۵ گروه قرار داد.

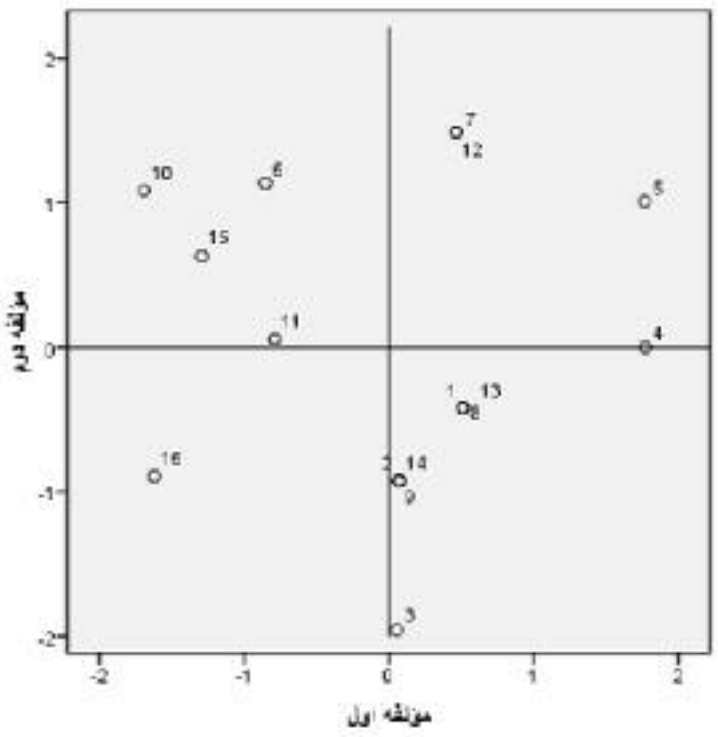
با توجه به اینکه برای بهره‌گیری از پدیده هتروزیس والدین تلاقی بایستی از یکدیگر دور باشند، می‌توان از لاین‌های برگرداننده باروری پویا، IR50، R2 و R9 در تلاقی با لاین‌های نرعقیم ندا و نعمت استفاده کرد و هتروزیس قابل ملاحظه‌ای را به دست آورد. ولی انتظار می‌رود این CMS لاین‌ها به دلیل

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1392.3.7.7.6]

جدول ۵. ماتریس مؤلفه پس از دوران وریماکس و واریانس نسبی و تجمعی صفات مورفولوژیک با سه مؤلفه اصلی اول در لاین‌های والدینی برنج هیبرید

صفات	مؤلفه		
	اول	دوم	سوم
ارتفاع (cm)	-۰/۰۱	۰/۲۳	۰/۸۵
تعداد پنجه بارور در بوته	۰/۲۱	۰/۱۹	-۰/۶۹
طول خوشه (cm)	۰/۴۰	-۰/۰۴	۰/۸۱
تعداد کل دانه در خوشه	-۰/۷۳	-۰/۰۲	۰/۳۳
طول دانه (mm)	۰/۹۵	۰/۱۴	۰/۰۹
عرض دانه (mm)	۰/۰۸	-۰/۹۵	-۰/۰۸
عرض/طول دانه	۰/۴۴	۰/۸۴	۰/۱۱
وزن هزار دانه (g)	۰/۷۵	-۰/۳۰	۰/۲۵
عملکرد ($t\ ha^{-1}$)	-۰/۲۰	۰/۷۰۳	-۰/۱۵
واریانس نسبی (٪)	۲۷/۱۷	۲۵/۴۵	۲۳/۰۸
واریانس تجمعی (٪)	۲۷/۱۷	۵۲/۵۶	۷۵/۶۴

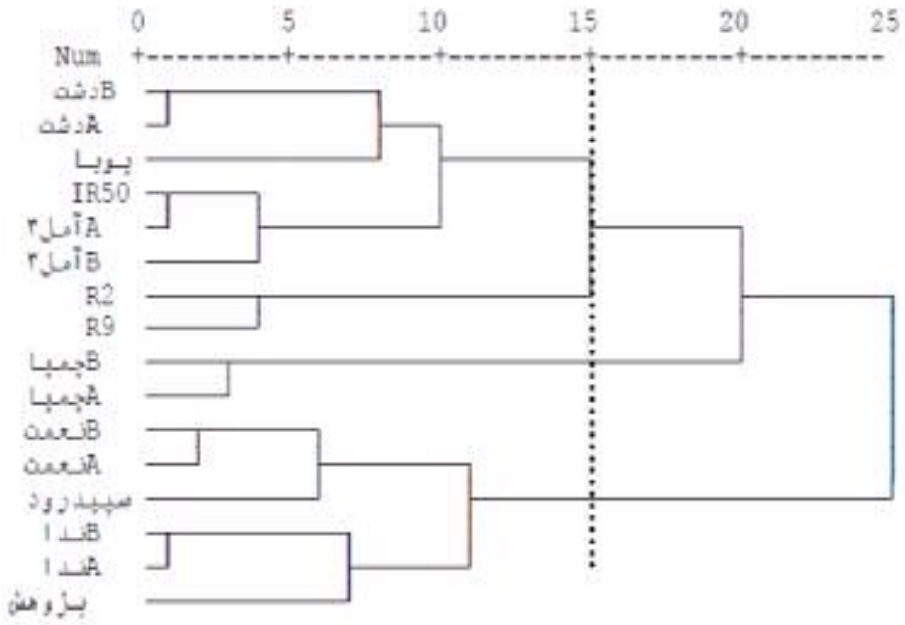


شکل ۱. بای‌پلات مؤلفه‌های اول و دوم ژنوتیپ‌ها بر اساس داده‌های صفات مورفولوژیک

(1=پویا، 2=R2، 3 =R9، 4=سپیدرود، 5=پژوهش، 6=IR50، 7 =ندا B، 8 =نعمت B، 9=دشت B، 10=چمپا B، 11=آمل ۳B، 12=ندا A، 13=نعمت A، 14=دشت A، 15=چمپا A، 16=آمل ۳A)

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1392.3.7.7.6]



شکل۲. دندروگرام مربوط به خوشه‌بندی لاین‌های والدینی برنج هیبرید به روش وارد و معیار فاصله اقلیدسی

جدول ۶. میانگین خوشه‌های حاصل از تجزیه خوشه در لاین‌های والدینی برنج هیبرید بر اساس صفات مورد مطالعه میانگین هر خوشه (عدد بالا) و انحراف از میانگین کل (عدد پایین)

خوشه	ارقام	ارتفاع(cm)	تعداد پنجه بارور	طول خوشه (cm)	تعداد کل دانه	طول دانه (mm)	عرض دانه (mm)	عرض/ طول دانه	وزن هزار دانه (g)	عملکرد (t/ha)
۱	پویا، IR50، دشتB، دشتA، آمل۳B و آمل۳A	۱۱۶/۷۵ (۶/۳۵)	۱۴/۲۲ (-۳/۸۸)	۲۹/۸۳ (۰/۶۵)	۲۶۴/۰۶ (۳۴/۰۲)	۱۰/۰۵ (-۰/۳۲)	۲/۱۲ (-۰/۰۷)	۴/۷۵ (-۰/۰۶)	۲۶/۲۱ (-۰/۳۸)	۷/۴۱ (-۰/۰۵)
۲	R2 و R9	۱۰۷/۲۵ (-۳/۱۵)	۲۱/۸۴ (۳/۷۴)	۲۶/۵ (-۲/۶۸)	۲۷۴/۸۳ (۴۴/۷۹)	۹/۰۸ (-۱/۲۹)	۱/۹۲ (-۰/۲۷)	۴/۸ (-۰/۰۱)	۱۹/۰۵ (-۷/۵۴)	۹/۷۵ (۲/۲۹)
۳	چمپاB و چمپاA	۱۰۱ (-۹/۴)	۱۶/۸۳ (-۱/۲۷)	۲۹ (-۰/۱۸)	۲۶۰/۶۷ (۳۰/۶۳)	۱۰/۰۳ (-۰/۳۴)	۲/۸۳ (۰/۶۴)	۳/۵۴ (-۱/۲۷)	۲۸/۰۷ (۱/۴۸)	۴/۵۴ (-۳/۰۲)
۴	سپیدرود، پژوهش، ندا B، ندا A، نعمت B و نعمت A	۱۰۸/۲۲ (-۲/۱۸)	۲۱/۱۷ (۳/۰۷)	۲۹/۸۱ (۰/۶۳)	۱۷۰/۸۹ (-۵۹/۱۵)	۱۱/۲۴ (۰/۱۷)	۲/۱۳ (-۰/۰۶)	۵/۳۱ (۰/۵)	۲۸/۹۹ (۲/۴)	۷/۷۳ (۰/۲۷)
	میانگین کل	۱۱۰/۴	۱۸/۱	۲۹/۱۸	۲۳۰/۰۴	۱۰/۳۷	۲/۱۹	۴/۸۱	۲۶/۵۹	۷/۴۶

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1392.3.7.7.6]

اینکه با لاین‌های برگرداننده باروری سپیدرود و پژوهش در یک خوشه قرار گرفته‌اند برای انجام تلاقی با آنها مناسب نباشند. آروناچالام (۴) با بررسی مروری نقش فاصله ژنتیکی در اصلاح نباتات گزارش کرد که هر چه فاصله والدین بیشتر باشد شانس به دست آوردن F1 های هتروتیک افزایش می‌یابد. علی‌رغم فاصله ژنتیکی زیاد لاین‌های برگرداننده سپیدرود و پژوهش با لاین‌های نرعقیم دشت و آمل ۳ با توجه به ارتفاع کم لاین‌های برگرداننده مذکور نسبت به CMS لاین‌های دشت و آمل ۳ تلاقی بین آنها چندان مطلوب به نظر نمی‌رسد (جدول ۶). لاین‌های نرعقیم و نربارور چمپا به طور جداگانه در خوشه ۳ قرار گرفته‌اند و به دلیل عرض دانه زیاد و ارتفاع، نسبت طول به عرض و عملکرد کم (جدول ۶) از سایر ارقام متمایز شده‌اند. تلاقی لاین نرعقیم چمپا با هر یک از ۶ لاین برگرداننده مورد مطالعه (پویا، IR50، R2 و R9، سپیدرود و پژوهش) جهت حصول هتروزیس زیاد توصیه می‌شود.

نتیجه‌گیری

به طور کلی، نتایج این تحقیق نشان می‌دهد که برای تولید آزمایشی بذر هیبرید برنج، می‌توان از تلاقی‌های ندا A، نعمت A و چمپا A با هر یک از لاین‌های برگرداننده R9، R2، IR50 و پویا استفاده کرد.

منابع مورد استفاده

1. Abouzari Gazafrodi, A., R. Honarnejad and M. H. Fotokian. 2008. The investigation of genetic diversity with morphological data in rice varieties (*Oryza sativa* L.). *Pajouhesh & Sazandegi* 78: 110-117. (In Farsi).
2. Aghazadeh, R., G. Nematzadeh and N. A. Babaeian Jelodar. 2008. Assessment of genetic diversity of rice varieties and lines (*Oryza sativa* L.) using quantitative characters. *Journal of New Agricultural Science* 4: 1-12.
3. Akter, A., M. J. Hassan, A. K. Paul, M. M. Motalib and M. K. Hossain. 2009. Selection of parent for improvement of restorer line in rice (*Oryza sativa* L.). *SAARC Journal of Agriculture* 7: 43-50.
4. Arunachalam, V. 1981. Genetic divergence in plant breeding. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding* 41: 226-236.
5. Babajanpour, A. A., G. A. Nematzadeh, E. Majidi, A. Ebrahimi, A. Hajipour, S. H. R. Hashemi and S. M. Alavi. 2009. Study of variation and genetic relationships among some rice varieties via agronomic traits and RAPD markers. *Journal of Crop Breeding* 1: 38-48. (In Farsi).
6. Bagheri, N., N. Babaeian Jelodar and E. Hasan Nataj. 2008. Genetic diversity of Iranian rice germplasm based on morphological traits. *Iranian Journal of Field Crops Research* 6: 235-243. (In Farsi).
7. Behpouri, A., M. Kheradnam and E. Bijanzadeh. 2006. Evaluation of genetic variation in rice (*Oryza sativa* L.) genotypes using some agronomic and morphological traits. *Journal of Agricultural Sciences* 12: 791-809. (In Farsi).
8. Dorosti H., Y. Sadeghian Motahar and M. R. Ghanadha. 2004. Determination of genetic diversity based on agronomic traits in advanced lines and cultivars of rice. *Seed and Plant Improvement Journal* 20: 137-147. (In Farsi).
9. Farshadfar, E. 2008. Application of Quantitative Genetics in Plant Breeding. Razavi University Press, Iran, 404 p.
10. Gh. A. Nematzadeh, R. Talebi, Z. Khodarahmpour and Gh. Kiani. 2003. Study of genetic and geographical variation in rice (*Oryza sativa* L.) using physiological and agronomical traits. *Iranian Journal of Crop Sciences* 5: 225-234. (In Farsi).
11. Gonzales, L. M. 1996. Principal component analysis and variety classification relation to rice seeding salinity tolerance. *International Rice Research Notes* 21: 55-56.
12. Hosseinzadeh Fashalami, N. S. K. Kazemitabar, N. A. Babaeian Jelodar, P. Zamani and M. Allahgholipour. 2009. A study of genetic diversity among different rice (*Oriza sativa* L.) genotypes using multivariate methods. *Iranian Journal of Field Crop Science* 40: 45-54. (In Farsi).
13. Mamunur Rahman, M., M. G. Rasul, M. K. Bashar, M. A. Syed and M. R. Islam. 2011. Parent selection for transplanted Aman rice breeding by morphological, physiological and molecular diversity analysis. *Libyan Agriculture Research Center Journal International* 2: 26-28.
14. Nghia, P. T., J. P. S. Malik, M. P. Pandey and N. K. Singh. 1999. Genetic distance analysis of hybrid parental lines based on morphological traits and RAPD markers. *Omonrice* 7: 57-69.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1392.3.7.7.6]

15. Rahim Soroush, H., M. Mesbah, A. Hosseinzadeh and R. Bozorgi Pour. 2004. Genetic and phenotypic variability and cluster analysis for quantitative and qualitative traits of rice. *Seed and Plant Improvement Journal* 20: 167-182. (In Farsi).
16. Rahimi, M., M. Ramezani and B. Rabiee. 2009. Identification of elite lines and hybrids of rice using factor analysis. *Pajouhesh & Sazandegi* 84: 80-87. (In Farsi).
17. Wang, S. and Z. Lu. 2006a. Genetic diversity among parental lines of Indica hybrid rice (*Oryza Sativa* L.) in China based on coefficient of parentage. *Plant Breeding* 125: 606-612.
18. Wang, S. and Z. Lu. 2006b. Genetic diversity among parents of hybrid rice based on cluster analysis of morphological traits and simple sequence repeat markers. *Rice Science* 13: 155-160.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1392.3.7.7.6]