

مطالعه روابط بین عملکرد و اجزای عملکرد در ژنوتیپ‌های اسپرس با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره

حسین عباسی هولاسو^۱، عبدالله حسن‌زاده قورت تپه^{۲*} و زلیخا طالب‌زاده^۳

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۷/۱۷؛ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۵/۲۷)

چکیده

در این بررسی تعداد ۳۴ ژنوتیپ اسپرس در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار از نظر ۱۸ صفت زراعی، فنولوژیک و مورفولوژیک در مزرعه مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی آذربایجان غربی ارزیابی شدند. نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها از لحاظ کلیه صفات مورد بررسی اختلاف بسیار معنی‌داری وجود دارد که این امر حاکی از وجود تنوع ژنتیکی و گستره‌گزینشی بالا بین ژنوتیپ‌های بررسی شده است. نتایج همبستگی ساده بین صفات مورد بررسی نشان داد که عملکرد علوفه با صفات ارتفاع بوته، شاخص برداشت، وزن خشک ساقه و تعداد ساقه همبستگی مثبت و معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد دارد. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، برای کلیه صفات، پنج مؤلفه را مشخص کرد که بیش از ۷۳ درصد از تنوع موجود را توجیه کردند. به منظور گزینش صفات توجیه‌کننده عملکرد علوفه، تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام انجام شد و صفات تعداد ساقه، تعداد برگ و شاخص برداشت به‌عنوان مهم‌ترین صفات مؤثر بر عملکرد وارد مدل شدند. با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به روش وارد، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در سه گروه که به ترتیب شامل ۱۸، ۹ و ۷ ژنوتیپ بودند، طبقه‌بندی شد. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای را تأیید کرد.

واژه‌های کلیدی: اسپرس، تجزیه خوشه‌ای، تنوع ژنتیکی، همبستگی فنوتیپی

۱. دانشجوی دکتری ژنتیک بیومتری، گروه به‌نژادی و بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز

۲. استادیار، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان آذربایجان غربی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ارومیه، ایران

۳. دانش‌آموخته کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه

*: مسئول مکاتبات: پست الکترونیکی: A.G.Hassanzadeh@gmail.com

مقدمه

بسزایی برخوردار است (۱۳ و ۱۸).

روش‌های متعددی برای ارزیابی تنوع ژنتیکی وجود دارد که از جمله می‌توان به روش تک‌متغیره اشاره کرد. در این روش، هر صفت به‌طور جداگانه تجزیه می‌شود که همانند تجزیه واریانس، میزان تفاوت ارقام را در زمانی که صفات اندازه‌گیری شده با یکدیگر ارتباط دارند، توصیف نمی‌کنند (۲۸). در بین روش‌های چند متغیره، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مختصات اصلی مهم‌ترین روش‌های ارزیابی تنوع ژنتیکی هستند (۱۸). حسن‌زاده قورت تپه و همکاران (۷) با بررسی ۳۰ ژنوتیپ اسپرس گزارش کردند که تجزیه واریانس داده‌ها حاکی از اختلاف زیاد بین ژنوتیپ‌ها برای تمامی صفات به غیر از تعداد روز از کاشت تا سبز شدن بود. در تجزیه کلاستر به روش وارد، ۳۰ ژنوتیپ اسپرس در دو گروه متفاوت قرار گرفتند. به‌علاوه تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که بیش از ۷۶ درصد از تغییرات کل، توسط شش مؤلفه اصلی توجیه می‌شود. ضرابیان و همکاران (۳۰) در مطالعه روابط بین صفات ارقام ایرانی و خارجی اسپرس بیان کردند که ارتفاع بوته، تعداد ساقه، تعداد گره و قطر ساقه بیشترین توجیه در مدل رگرسیونی چند متغیره را برای عملکرد علوفه خشک داشتند. همچنین در بررسی این محققین نتایج حاصل از تجزیه مسیر نشان داد که تعداد ساقه در بوته دارای بیشترین اثر مستقیم بر عملکرد علوفه است، بنابراین وجود همبستگی مثبت بین تعداد ساقه در بوته و عملکرد خشک نیز بیشتر به دلیل اثر مستقیم این صفت است. ایرانی و همکاران (۹) با بررسی ۱۱ اکوتیپ اسپرس جمع‌آوری شده از نقاط مختلف ایران گزارش کردند که عملکرد علوفه خشک با ارتفاع بوته، تعداد ساقه در بوته، طول خوشه و امتیاز رشد در شرایط مزرعه‌ای همبستگی مثبت و معنی‌داری دارد.

با توجه به اینکه این گیاه دارای ویژگی‌های ارزشمندی است که می‌تواند در راستای احیای مراتع و تولید علوفه مورد نیاز دام مورد استفاده قرار گیرد و همچنین به‌منظور توسعه مطالعات اصلاحی این گیاه، جمع‌آوری و شناسایی ژنوتیپ‌های آن از نقاط مختلف کشور امری ضروری است. از این رو، تحقیق حاضر به

اسپرس با نام علمی *Onobrychis vicifolia Scop* متعلق به خانواده Fabaceae، از گیاهان علوفه‌ای و مرتعی سازگار به اقلیم‌های مختلف است که در ایران پراکنش خوبی دارد و مرکز تنوع آن شرق مدیترانه و غرب آسیاست (۱۴ و ۲۹). این گیاه بیشترین محصول خود را در بهار تولید می‌کند، بنابراین در مناطق خشک و مناطقی که دارای بارندگی و رطوبت کافی در زمستان و اوایل بهار هستند، گیاه مناسبی بوده و قادر است نقش مؤثرتری در تأمین علوفه دام نسبت به یونجه ایفا کند (۸). تحمل به سرما پس از استقرار کامل، مقاومت به سرخرطومی یونجه، عدم نفخ‌زایی در دام، امکان سیلو کردن و تحمل به شوری از ویژگی‌های مطلوب این گیاه به‌شمار می‌آید. تحمل به سرما در اسپرس منجر به شروع زودتر رشد بهاره و همچنین رشد پاییزه بیشتر آن در مقایسه با سایر بقولات علوفه‌ای از جمله یونجه شده و مقاومت به سرخرطومی نیز منجر به تولید علوفه مطلوبی در بهار می‌شود (۱). اصلاح ژنتیکی اسپرس به دلیل مسائلی نظیر پیچیدگی ژنتیکی، چند ساله بودن، دگرگشتی، وجود گل‌های کوچک و پلی‌پلوئیدی که خاص بیشتر گیاهان علوفه‌ای است (۲۵)، با محدودیت‌هایی روبه‌روست و لذا امکان تولید ارقام هیبرید در اسپرس وجود ندارد، اما شواهد در گیاهان مشابه نشان داده که تلاقی افراد یا جمعیت‌های دور و دارای تنوع ممکن است به ایجاد هتروزیس منجر شود (۳).

تنوع ژنتیکی اساس اصلاح نباتات است که از تکامل طبیعی ناشی شده و از اجزای مهم پایداری نظام‌های بیولوژیکی است. وجود تنوع ژنتیکی برای اصلاح‌گران نبات به‌منظور اصلاح و ایجاد ارقام با عملکرد بالا، کیفیت بهتر، تحمل بیشتر به تنش‌های زیستی و غیر زیستی ضروری است. ارزیابی تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی برای برنامه‌های اصلاح نباتات و حفاظت از ذخایر توارثی کاربرد حیاتی دارد. آگاهی از تنوع ژنتیکی در گونه‌های گیاهی برای انتخاب نژادهای والدینی به‌منظور ایجاد هیبریدهای مناسب و پیش‌بینی بنیه هیبرید به‌ویژه در محصولاتی که هیبرید آنها ارزش تجاری دارند، از اهمیت

خشک ساقه، وزن خشک برگ، تعداد گل آذین، طول گل آذین، تعداد ساقه، وزن خشک گل آذین، عملکرد علوفه خشک، شاخص برداشت، تعداد روز تا سبز شدن، تعداد روز تا گل‌دهی و تعداد روز تا رسیدگی اندازه‌گیری شدند (جدول ۲).

آزمون نرمال بودن توزیع اشتباه‌های آزمایشی بنابر روش شاپیرو-ویلک (Shapiro-Wilk) در نرم‌افزار SAS نسخه ۹٫۲ (PROC UNIVARIATE) انجام گرفت. پس از بررسی نرمال بودن داده‌ها، تجزیه واریانس برای صفات مختلف انجام گرفت.

برای بررسی وجود یا عدم وجود رابطه خطی بین متغیرهای مورد مطالعه، ضرایب همبستگی ساده پیرسون بین صفات محاسبه شد. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نیز بر اساس میانگین داده‌های اصلی کلیه صفات مورد بررسی صورت گرفت. از رگرسیون گام‌به‌گام به منظور تعیین صفاتی که بیشترین سهم را در توجیه تنوع عملکرد علوفه دارند، استفاده شد. برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از تجزیه خوشه‌ای به روش حداقل واریانس وارد (Ward) بر مبنای مربع فاصله اقلیدسی به عنوان معیار فاصله استفاده شد. برای تأیید گروه‌بندی انجام شده، تجزیه تابع تشخیص انجام شد. از نرم‌افزارهای SAS، SPSS و Minitab ۱۴ برای تجزیه و تحلیل آماری و از نرم‌افزار Excel برای داده‌پردازی استفاده شد.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس

نتایج تجزیه واریانس نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها از نظر کلیه صفات اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد وجود دارد (جدول ۳) که نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها از نظر کلیه صفات مورد بررسی است. از این تنوع می‌توان برای ایجاد ژنوتیپ‌های در حال تفکیک و ارقام جدید استفاده کرد. وجود تنوع بالا در بین ژنوتیپ‌ها و ارقام اسپرس توسط ربیعی و همکاران (۲۱)، ایرانی و همکاران (۹)، نخجوان و همکاران (۱۹) نیز گزارش شده است.

بررسی و تحلیل روابط صفات در ۳۴ ژنوتیپ بومی اسپرس با هدف بررسی روابط میان عملکرد و اجزای آن، شناسایی مهم‌ترین صفات مؤثر بر عملکرد و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و شناسایی ژنوتیپ‌هایی که فاصله ژنتیکی مناسبی برای تولید هیبرید دارند، انجام شد.

مواد و روش‌ها

به منظور بهره‌گیری از روش‌های تجزیه و تحلیل چندمتغیره در بررسی تنوع ژنتیکی، تشخیص روابط بین صفات (مورفولوژیک، زراعی و فنولوژیک) و تعیین صفات مؤثر در توجیه تنوع عملکرد ژنوتیپ‌های اسپرس بومی، آزمایشی با تعداد ۳۴ ژنوتیپ اسپرس در قالب طرح بلوک کاملاً تصادفی با سه تکرار در مزرعه مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی آذربایجان غربی در شهر یور ۹۱-۹۲، اجرا شد. ژنوتیپ‌ها در ایستگاه ساعت‌لوی همین مرکز با مختصات $45^{\circ}10'$ طول شرقی، $37^{\circ}44'$ عرض شمالی و با ارتفاع ۱۳۲۰ متر از سطح دریا کشت شدند (جدول ۱). به منظور آماده‌سازی زمین برای کشت پاییزه اسپرس، علاوه بر شخم پاییزه، عملیات تکمیلی شامل شخم نیمه‌عمیق، دیسک، تسطیح، ایجاد نهر و کرت‌بندی صورت پذیرفت. میزان کود مصرفی بر اساس ۱۵۰ کیلوگرم فسفات آمونیوم و ۱۰۰ کیلوگرم اوره در هکتار بود که تمامی کود فسفاته قبل از کاشت و کود اوره در دو نوبت پس از چین اول و دوم به زمین داده شد. کشت بذور در ۲۴ شهریور ۱۳۹۱ به صورت خشکه‌کاری انجام شد. هر کرت شامل شش ردیف پنج متری بود. فاصله بین ردیف‌ها ۴۰ سانتی‌متر و فاصله بین کرت‌ها ۸۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. میزان بذر مصرفی به نسبت ۸۰ کیلوگرم در هکتار و از نوع بذر با غلاف محاسبه شد. آبیاری هر هشت روز یک‌بار انجام شد. در هر کرت آزمایشی دو ردیف کناری و ۵۰ سانتی‌متر از طرفین خطوط کاشت به عنوان حاشیه در نظر گرفته شد. در طول دوره رشد عملیات داشت (شامل آکاری، آبیاری و وجین علف‌های هرز) انجام شد. صفات ارتفاع بوته، تعداد شاخه، تعداد برگ، تعداد برگچه، طول برگ، طول برگچه، عرض برگچه، وزن

جدول ۱. ژنوتیپ‌های اسپرس مورد استفاده در این مطالعه

کد ژنوتیپ	منشأ ژنوتیپ	شماره ژنوتیپ	کد ژنوتیپ	منشأ ژنوتیپ	شماره ژنوتیپ
Lore.Al	لرستان-الیگودرز	۱۸	Maz.N	مازندران-نور	۱
Azar.Aj	تبریز-عجب شیر	۱۹	Azar.Ka	تبریز-کلبر	۲
Ham.Kh	همدان-خامدان	۲۰	Mark.Mi	مرکزی-میلاجرد	۳
Azar.Sa	تبریز-سراب	۲۱	Mark.Ma	مرکزی-مامنیه	۴
Esf.Fe	اصفهان-فریدون شهر	۲۲	Maz.A.A	مازندران-عباس آباد	۵
Azar.Sar.M	تبریز-سراب-مهربان	۲۳	Kho.Bo	خراسان-بجنورد	۶
Azar.Ahar.G	تبریز-اهر-قوروداغ	۲۴	Ard.Pa	اردبیل-پارس آباد	۷
Azar.Kh.S	ارومیه-خوی-سوکمان آباد	۲۵	Mark.Ar	مرکزی-اراک	۸
Azar.Os	تبریز-اسکو	۲۶	Azar.Khoy	ارومیه-خوی	۹
Azar.Ahar	تبریز-اهر	۲۷	Ard.Kh	اردبیل-خلخال	۱۰
Ham.Si	همدان-سیمینه رود	۲۸	Azar.Kh.M	ارومیه-خوی-مقانبوق	۱۱
Mark.Ta	مرکزی-تفرش	۲۹	Mark.Sha	مرکزی-شازند	۱۲
Azar.Kh	تبریز-خودآفرین	۳۰	Teh. Ka	تهران-کرج	۱۳
Lore.Al.A	لرستان-الیگودرز-ازنا	۳۱	Azar.Bo	تبریز-بناب	۱۴
Azar.Ma	تبریز-مرند	۳۲	Azar.Si	ارومیه-سیلوانا	۱۵
Azar.Jo	تبریز-جلفا	۳۳	Azar.Mi	ارومیه-میاندوآب	۱۶
Azar.Va	تبریز-ورزقان	۳۴	Mark.Kh	مرکزی-خمین	۱۷

جدول ۲. صفات مورد بررسی و نحوه اندازه‌گیری آنها روی ۳۴ ژنوتیپ اسپرس مورد مطالعه

ردیف	صفت	نحوه اندازه‌گیری
۱	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	ارتفاع بوته از طوقه تا رأس ساقه‌ها در زمان ۵۰ درصد گل‌دهی
۲	تعداد شاخه	شمارش تعداد شاخه در ساقه اصلی
۳	تعداد برگ	شمارش تعداد برگ در ساقه
۴	تعداد برگچه	شمارش تعداد برگچه در ساقه اصلی
۵	طول برگ	اندازه‌گیری طول برگ نمونه‌ها بر حسب سانتی‌متر
۶	طول برگچه	اندازه‌گیری طول برگچه نمونه‌ها بر حسب سانتی‌متر
۷	عرض برگچه	اندازه‌گیری عرض برگچه نمونه‌ها بر حسب سانتی‌متر
۸	وزن خشک ساقه (گرم)	وزن خشک ساقه نمونه‌ها پس از ۴۸ ساعت در دمای ۸۰ درجه سانتی‌گراد در آون
۹	وزن خشک برگ (گرم)	وزن خشک برگ نمونه‌ها پس از ۴۸ ساعت در دمای ۸۰ درجه سانتی‌گراد در آون
۱۰	تعداد گل‌آذین	شمارش تعداد گل‌آذین نمونه‌ها
۱۱	طول گل‌آذین	اندازه‌گیری طول گل‌آذین نمونه‌ها بر حسب سانتی‌متر
۱۲	تعداد ساقه	متوسط تعداد ساقه در هر بوته در زمان ۵۰ درصد گل‌دهی
۱۳	وزن خشک گل‌آذین (گرم)	وزن خشک گل‌آذین نمونه‌ها پس از ۴۸ ساعت در دمای ۸۰ درجه سانتی‌گراد در آون
۱۴	عملکرد علوفه خشک (گرم)	برداشت ردیف‌های میانی و توزین آنها
۱۵	شاخص برداشت	نسبت عملکرد خشک به عملکرد بیولوژیک ضرب در ۱۰۰
۱۶	تعداد روز تا سبز شدن	تعداد روز از کاشت تا سبز شدن
۱۷	تعداد روز تا گل‌دهی	تعداد روز از کاشت تا گل‌دهی
۱۸	تعداد روز تا رسیدگی	تعداد روز از کاشت تا رسیدن کامل

جدول ۳. نتایج تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های مختلف اسپرس

میانگین مربعات صفات مورد مطالعه											
منابع تغییرات	درجه آزادی	ارتفاع بوته (سانتی متر)	تعداد شاخه	تعداد برگ	تعداد برگچه	طول برگ (سانتی متر)	طول برگچه (سانتی متر)	عرض برگچه (سانتی متر)	وزن خشک ساقه (گرم)	وزن خشک برگ (گرم)	منابع تغییرات
بلوک	۲	۶/۱۸	۱۷/۶۵**	۷۲/۸۵**	۰/۸۵	۱۶/۱۰*	۰/۴۷	۰/۰۲	۴/۲۲**	۰/۶۳**	بلوک
تیمار	۳۳	۹۳۵/۶۱**	۱۱/۷۴**	۵۰/۰۱**	۹/۰۳**	۱۱/۹۰**	۰/۴۶**	۰/۰۸**	۱/۲۳**	۰/۲۷**	تیمار
اشتباه آزمایشی	۶۶	۸۶	۱/۳۷	۵/۵۹	۲/۳۰	۴/۱۰	۰/۱۶	۰/۰۳	۰/۳۰	۰/۰۸	اشتباه آزمایشی
ضریب تغییرات (%)	۱۴/۰۴	۲۱/۷۸	۱۹/۰۶	۱۱/۱۰	۱۵/۹۷	۲۹/۸۲	۲۹/۶۰	۲۵/۶۹			ضریب تغییرات (%)

* و ** به ترتیب معنی دار در سطح احتمال پنج و یک درصد

ادامه جدول ۳.

میانگین مربعات صفات مورد مطالعه											
منابع تغییرات	درجه آزادی	تعداد گل آذین	طول گل آذین (سانتی متر)	تعداد ساقه	وزن خشک گل آذین (گرم)	عملکرد علوفه	شاخص برداشت	تعداد روز تا سبز شدن	تعداد روز تا گل دهی	تعداد روز رسیدن	منابع تغییرات
بلوک	۲	۳۱/۴۵*	۷۹/۲۰**	۳۳۰/۷۰**	۲/۸۴*	۱۹۹۳۷۵۴/۱۰*	۳/۵۳**	۲۲۷/۹	۱۴۸۹۴/۷**	۴۸۱/۶	بلوک
تیمار	۳۳	۲۶/۱۱**	۴۰/۱۰**	۷۵۴/۸۰**	۲/۰۷**	۱۴۰۳۸۴۰/۴۰**	۰/۶۹**	۴۲۳۵/۶**	۳۴۸۴/۷*	۳۳۰/۲/۱**	تیمار
اشتباه آزمایشی	۶۶	۷/۵۹	۱۱/۷۰	۱۹۱/۰۱	۰/۶۰	۶۱۸۷۲۴/۸۰	۰/۳۳	۱۲۶۹/۵	۱۹۸۶/۱	۱۰۷۱/۵	اشتباه آزمایشی
ضریب تغییرات (%)	۳۳/۷۶	۱۴/۰۸	۳۷/۴۱	۳۳/۴۶	۲۳/۱۰	۲۹/۲۰	۶/۴	۱۸/۵	۳/۱		ضریب تغییرات (%)

* و ** به ترتیب معنی دار در سطح احتمال پنج و یک درصد

همبستگی صفات

در برنامه‌های اصلاحی گزینش ژنوتیپ‌های برتر مستلزم توجه به همبستگی صفات است (۴). بنابراین، از همبستگی ساده برای دستیابی به اطلاعات در مورد روابط بین صفات و ارتباط آنها با عملکرد استفاده شد. بررسی همبستگی ساده صفات اندازه‌گیری شده نشان داد که عملکرد علوفه با صفات ارتفاع بوته، شاخص برداشت، وزن خشک ساقه و تعداد ساقه در سطح احتمال یک درصد همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت (جدول ۴). البته مقادیر عددی این همبستگی کم بود که ممکن است معرف عدم وجود همبستگی ژنتیکی بین صفات بوده و در نتیجه اهمیت بیولوژیکی آنها را کاهش می‌دهد. مطالعات انجام شده پیشین به منظور ارزیابی همبستگی بین صفات زراعی و فنولوژیک در اسپرس نیز به نتایج مشابهی با این مطالعه دست پیدا کرده‌اند. به‌طور مثال حسن‌زاده قورت تپه و همکاران (۷)، تورک و جلیک (۲۶)، ایرانی و همکاران (۹) و مهاجر و همکاران (۱۷) همبستگی معنی‌داری را بین عملکرد علوفه با تعداد ساقه در اسپرس گزارش کردند که با نتایج پژوهش حاضر مطابقت دارد. عملکرد علوفه با تعداد روز از کاشت تا گل‌دهی همبستگی منفی در سطح احتمال پنج درصد داشت. همبستگی منفی شدید و معنی‌دار بین تعداد روز از کاشت سبز شدن و طول برگچه ($-0/73^{***}$) حکایت از ارتباط معکوس این دو صفت دارد. یکی از دلایل همبستگی بین دو صفت قرار گرفتن ژن‌های کنترل‌کننده صفات روی یک کروموزوم (لینکاژ) است. از دلایل دیگر همبستگی بین صفات می‌توان به پلیوتروپی یا کنترل همزمان چند صفت توسط یک ژن اشاره کرد (۲۴).

از جمله صفات مؤثر بر عملکرد علوفه می‌توان به ارتفاع بوته، وزن خشک ساقه، تعداد ساقه و شاخص برداشت اشاره کرد. بین ارتفاع بوته با تعداد شاخه، تعداد برگ و تعداد برگچه همبستگی مثبت و معنی‌دار و با تعداد روز از کاشت تا گل‌دهی همبستگی منفی و معنی‌دار مشاهده شد. وزن خشک ساقه نیز با صفات وزن خشک برگ، تعداد گل‌آذین و وزن خشک گل‌آذین همبستگی مثبت و معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد داشت.

تعداد ساقه با تعداد شاخه در سطح احتمال یک درصد همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت. این نتایج نشان می‌دهد که افزایش توان پنجه‌زنی منجر به افزایش تعداد ساقه و تعداد گره در ساقه می‌شود. ساقه در اسپرس مستقیم و در گره‌های بالایی به چند گل‌آذین طویل که همان شاخه‌های فرعی محسوب می‌شوند، ختم می‌شود. از این‌رو، افزایش تعداد ساقه محدودیتی برای تعداد شاخه محسوب نمی‌شود، درحالی‌که با افزایش تعداد گره در ساقه بر تعداد شاخه افزوده می‌شود. بنابراین در برنامه‌های اصلاح اسپرس، برای بهبود عملکرد بوته‌هایی با توان پنجه‌زنی بالا و ساقه‌های مستقیم قابل توصیه است.

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی ترتیب مؤلفه‌ها به‌گونه‌ای است که اولین مؤلفه دارای بزرگ‌ترین واریانس بوده و بیشترین درصد تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کند (۱۰). در این پژوهش با توجه به اینکه ریشه مشخصه پنج مؤلفه اول بیشتر از یک شد، در نتیجه از پنج مؤلفه اول که حدود ۷۳/۴ درصد از تنوع را توجیه می‌کردند، برای بررسی استفاده شد (جدول ۵). دو مؤلفه اول به‌تنهایی ۴۵/۲۶ درصد از تغییرات را توجیه کردند. اندازه بزرگ دو مؤلفه اول به‌علت هم‌خطی بودن صفات مورد بررسی و وجود همبستگی شدید در میان آنان بود.

مقدار مطلق ضرایب هر کدام از صفات در معادله مؤلفه‌ها یا همان مقادیر بردارهای ویژه بیانگر تأثیر نسبی هر کدام از صفات در مؤلفه مورد نظر است. بررسی ضرایب مؤلفه‌های اصلی نشان می‌دهد در مؤلفه اول صفات تعداد ساقه، ارتفاع بوته، طول برگ، وزن خشک ساقه و وزن خشک برگ بیشترین تأثیر مثبت و تعداد روز تا گل‌دهی ($-0/37$) بیشترین تأثیر منفی را دارد. در مؤلفه دوم صفات تعداد روز از کاشت تا رسیدن و تعداد روز از کاشت تا گل‌دهی بیشترین تأثیرات مثبت و صفت تعداد روز تا سبز شدن ($-0/26$) بیشترین تأثیر منفی را داشتند. در مؤلفه سوم صفاتی مانند طول برگچه، تعداد شاخه و تعداد برگچه ظاهر شدند. در مؤلفه چهارم بزرگ‌ترین ضرایب عاملی مثبت به‌ترتیب

جدول ۴. ضرایب همبستگی فنوتیپی بین صفات مختلف در ژنوتیپ‌های اسپرس

صفت	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱	۱۲	۱۳	۱۴	۱۵	۱۶	۱۷	۱۸	
FY	۱																		
PH	۰/۵۳**	۱																	
NB	۰/۲۸	۰/۶۸**	۱																
NL	-۰/۲۲	۰/۲۹*	۰/۲۵	۱															
NP	۰/۱۵	۰/۳۸*	۰/۳۲	۰/۴۱*	۱														
LL	۰/۰۳	-۰/۰۵	-۰/۰۳	۰/۰۴	۰/۳۲	۱													
PL	-۰/۱۸	۰/۲۱	۰/۱۲	۰/۱۴	۰/۳۴*	۰/۵۳**	۱												
PW	۰/۲۱	-۰/۱۲	-۰/۰۱	-۰/۰۹	۰/۱۳	۰/۴۴**	۰/۰۶	۱											
SD	۰/۵۷**	۰/۱۷	۰/۱۶	۰/۶۹**	۰/۰۹	-۰/۲۲	-۰/۱۱	-۰/۲۰	۱										
LD	-۰/۲۳	۰/۲۵	۰/۲۳	۰/۴۴**	۰/۵۳**	۰/۱۷	۰/۲۰	۰/۱۷	۰/۵۶**	۱									
NI	-۰/۲۲	-۰/۰۶	۰/۱۵	۰/۶۷**	۰/۱۴	۰/۰۴	۰/۰۳	-۰/۲۶	۰/۶۸**	۰/۲۰	۱								
LI	۰/۱۷	۰/۳۳	۰/۰۸	۰/۲۱	۰/۶۹	۰/۱۷	۰/۱۸	۰/۰۸	۰/۱۱	۰/۲۰	-۰/۰۶	۱							
NS	۰/۴۴**	-۰/۰۱	۰/۵۶**	-۰/۲۴	۰/۰۷	۰/۲۲	۰/۰۴	۰/۲۱	-۰/۳۷	-۰/۳۱	-۰/۲۹	۰/۲۳	۱						
ID	-۰/۴۰	۰/۲۰	۰/۱۸	۰/۶۸**	۰/۲۴	-۰/۰۳	۰/۱۶	-۰/۲۳	۰/۷۶**	۰/۶۸**	۰/۶۸**	-۰/۰۳	-۰/۰۳	۱					
HI	۰/۶۶**	۰/۱۱	۰/۰۵	۰/۲۴	-۰/۱۶	-۰/۰۵	-۰/۱۷	۰/۰۱	۰/۳۱	۰/۰۲	۰/۱۱	۰/۱۱	۰/۱۵	۰/۳۰	۱				
GDDG	۰/۲۵	۰/۱۳	۰/۱۵	۰/۱۰	-۰/۲۲	-۰/۵۷**	-۰/۸۴**	-۰/۱۵	۰/۲۹	۰/۰۱	۰/۱۹	۰/۰۳	-۰/۱۹	۰/۱۲	۰/۱۵	۱			
GDDF	-۰/۳۵*	-۰/۴۳*	-۰/۳۰	-۰/۰۴	۰/۱۱	۰/۲۳	۰/۱۵	۰/۰۱	-۰/۱۹	۰/۰۱	۰/۱۳	-۰/۲۰	۰/۰۶	-۰/۰۸	-۰/۲۰	-۰/۳۳	۱		
GDDM	۰/۱۷	۰/۱۳	۰/۱۶	۰/۰۱	-۰/۰۵	-۰/۱۳	-۰/۰۳	-۰/۰۸	-۰/۰۳	۰/۰۷	۰/۰۵	-۰/۰۸	۰/۰۱	-۰/۰۱	۰/۰۸	-۰/۱۵	-۰/۱۵	۱	

* و ** به ترتیب معنی دار در سطح احتمال پنج و یک درصد

عملکرد علوفه (FY)، ارتفاع (PH)، تعداد شاخه (NB)، تعداد برگ (NL)، تعداد برگچه (NP)، طول برگ (LL)، طول برگچه (PL)، عرض برگچه (PW)، وزن خشک ساقه (SD)، وزن خشک برگ (LD)، تعداد گل آذین (NI)، طول گل آذین (LI)، تعداد ساقه (NS)، وزن خشک گل آذین (ID)، شاخص برداشت (HI)، تعداد روز تا سبز شدن (GDDG)، تعداد روز تا گل دهی (GDDF) و تعداد روز تا رسیدن (GDDM)

جدول ۵. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های اسپرس

بردارهای مشخصه مؤلفه‌های اصلی					صفات
مؤلفه پنجم	مؤلفه چهارم	مؤلفه سوم	مؤلفه دوم	مؤلفه اول	
-۰/۳۷	-۰/۱۵	-۰/۱۴	۰/۴۰	۰/۶۱	PH
۰/۱۴	۰/۰۹	۰/۶۹	۰/۰۴	۰/۳۹	NB
-۰/۱۸	-۰/۱۸	-۰/۰۸	۰/۲۹	۰/۳۶	NL
-۰/۱۷	-۰/۱۵	۰/۴۸	۰/۲۷	۰/۱۱	NP
۰/۲۱	-۰/۱۲	-۰/۴۴	-۰/۰۱	۰/۵۸	LL
-۰/۰۵	۰/۴۱	۰/۷۸	۰/۳۸	-۰/۰۲	PL
۰/۱۴	۰/۰۲	۰/۰۸	۰/۰۱	۰/۴۱	PW
-/۰۵	۰/۱۹	-۰/۱۰	۰/۴۱	۰/۵۹	SD
۰/۰۸	۰/۰۷	۰/۳۴	-۰/۰۹	۰/۴۴	LD
۰/۲۸	-۰/۱۶	-۰/۱۹	۰/۲۵	۰/۰۸	NI
۰/۱۹	-۰/۱۵	۰/۲۳	۰/۳۱	-۰/۲۵	LI
-۰/۰۰۷	-۰/۰۲	-۰/۰۴	-۰/۱۵	۰/۶۸	NS
۰/۶۶	۰/۲۴	۰/۱۶	۰/۱۰	-۰/۰۸	ID
-۰/۳۶	۰/۵۱	-۰/۰۶	-۰/۰۲	-۰/۱۹	HI
۰/۰۴	-۰/۲۷	۰/۳۳	-۰/۲۶	-۰/۰۴	GDDG
۰/۴۱	-۰/۱۷	-۰/۳۴	۰/۷۸	-۰/۳۷	GDDF
-۰/۰۸	-۰/۲۳	۰/۰۰۵	۰/۶۷	-۰/۲۱	GDDM
۰/۳۱	۰/۶۰	-۰/۱۶	۰/۲۷	۰/۰۲	FY
۱/۴۴	۱/۷۷	۱/۸۵	۲/۸۸	۵/۲۷	مقادیر ویژه
۸/۰۴	۹/۸۳	۱۰/۲۶	۱۶/۰۱	۲۹/۲۵	واریانس توجیه شده (%)
۷۳/۳۹	۶۵/۳۵	۵۵/۵۲	۴۵/۲۶	۲۹/۲۵	واریانس تجمعی (%)

ارتفاع (PH)، تعداد شاخه (NB)، تعداد برگ (NL)، تعداد برگچه (NP)، طول برگ (LL)، طول برگچه (PL)، عرض برگچه (PW)، وزن خشک ساقه (SD)، وزن خشک برگ (LD)، تعداد گل آذین (NI)، طول گل آذین (LI)، تعداد ساقه (NS)، وزن خشک گل آذین (ID)، شاخص برداشت (HI)، تعداد روز تا سبز شدن (GDDG)، تعداد روز تا گل دهی (GDDF)، تعداد روز تا رسیدن (GDDM) و عملکرد علوفه (FY)

عملکردی و مؤلفه وزن خشک گل آذین نامید. در نتیجه می‌توان گفت گزینش بر اساس مؤلفه اول منجر به گزینش ژنوتیپ‌هایی با اجزا عملکرد بالا و گزینش بر اساس مؤلفه چهارم منجر به گزینش ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا خواهد شد. در مطالعه قبلی در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی که روی ۳۰ ژنوتیپ از نواحی مختلف ایران صورت گرفت، شش مؤلفه

متعلق به صفات عملکرد علوفه و شاخص برداشت بود. توجه به این ضرایب نشان داد که افزایش در شاخص برداشت سبب افزایش عملکرد علوفه می‌شود. در نهایت در مؤلفه پنجم بیشترین ضریب عاملی مربوط به صفت وزن خشک گل آذین بود. با توجه به نتایج به دست آمده می‌توان مؤلفه اول تا پنجم را به ترتیب مؤلفه اجزا عملکرد، مؤلفه فنولوژیک، مؤلفه حجم بوته، مؤلفه

در مدل رگرسیونی باقی ماندند و رابطه ۱ به دست آمد که در آن X_1 تعداد ساقه، X_2 تعداد برگ و X_3 شاخص برداشت است.

$$Y = -632/46 + 24/57X_1 + 7/46X_2 - 528/127X_3 \quad (1)$$

ضریب تشخیص تجمعی مدل برازش یافته، معادل ۰/۴۳۶ بود که بیان می‌دارد این صفات در مجموع ۴۳/۶ درصد از تنوع موجود در عملکرد علوفه را توجیه می‌کنند. این صفات مهم‌ترین صفات مؤثر بر عملکرد علوفه (Y) در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه اسپرس هستند و احتمالاً گزینش به منظور افزایش عملکرد علوفه از طریق این صفات، اثربخش خواهد بود و با افزایش هر یک از اجزای عملکرد در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه می‌توان به افزایش عملکرد دست یافت. با توجه به ضرایب تشخیص مرحله‌ای هر عامل در مدل، مشاهده می‌شود که صفت تعداد ساقه بیش از ۱۹/۳ درصد از تنوع موجود در عملکرد علوفه را توجیه کرد و پس از آن تعداد برگ و شاخص برداشت در مدل رگرسیونی وارد شد، بنابراین می‌توان این صفات را بهترین صفات برای گزینش ژنوتیپ‌هایی با عملکرد علوفه بالا در ژنوتیپ‌های بومی اسپرس معرفی کرد. از متغیرهای مدل چنین برمی‌آید که انتخاب برای تعداد ساقه به افزایش عملکرد منجر می‌شود. همچنین ژنوتیپ‌هایی که تعداد برگ و شاخص برداشت بیشتری داشته باشند، از پتانسیل تولید عملکرد بالاتری برخوردار خواهند بود.

ارتفاع گیاه، ضخامت ساقه و تعداد ساقه در اسپرس به عنوان اجزای عملکرد گزارش شده‌اند (۱۵). همچنین، ژنوتیپ‌هایی از اسپرس که دارای ارتفاع کوتاه‌تر و ضخامت ساقه کمتر بودند، به دلیل داشتن تعداد ساقه بیشتر در بوته، عملکرد بالاتری را نشان دادند (۵). کیچوکوا (۱۲) نیز تعداد ساقه اصلی، ارتفاع و تعداد برگ را به عنوان اجزای عملکرد در اسپرس معرفی کرد. در مطالعه‌ای که روی یونجه انجام گرفت، میانگین تعداد ساقه در واحد سطح مؤثرترین صفت مرفولوژیک بر عملکرد یونجه بود، به طوری که این عامل به تنهایی ۶۳ درصد از تغییرات عملکرد را توجیه کرد (۶). در مطالعه دیگری عملکرد علوفه یونجه تابع تعداد ساقه در واحد سطح، تعداد برگ و شاخص برداشت

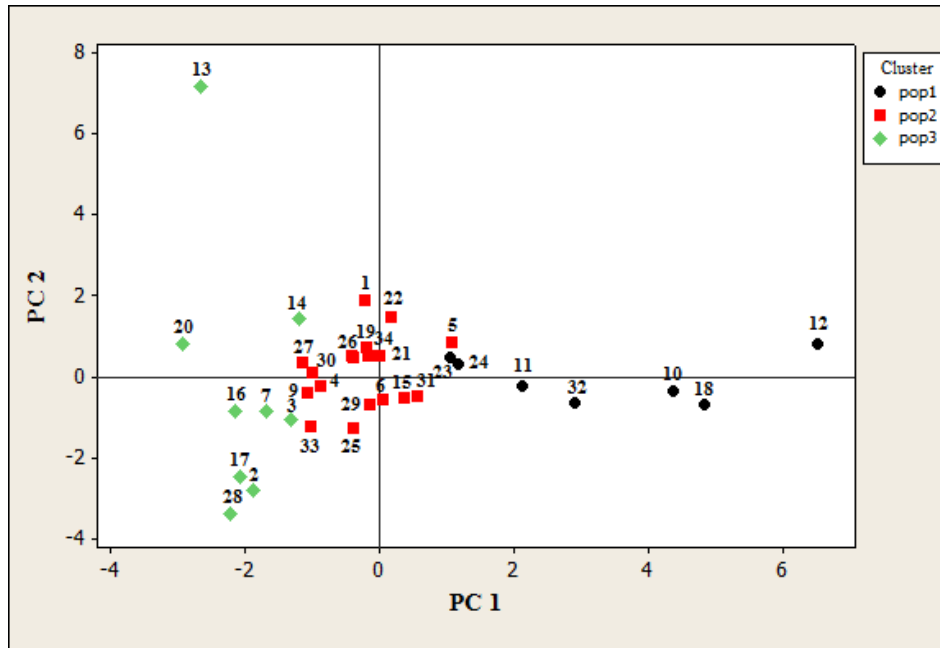
استخراج شد که این مؤلفه‌ها روی هم، ۷۶ درصد از واریانس موجود بین کل داده‌ها را توجیه کردند و به ترتیب به عنوان مؤلفه‌های عملکرد، وزن خشک گیاه، حجم بوته، شاخص برداشت برگ، صفات مورفولوژیکی فنولوژیکی و سرعت گل‌دهی شناخته شدند (۷).

برای نشان دادن قابلیت تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در متمایز کردن ژنوتیپ‌ها از یکدیگر، پلات دو بعدی بر اساس مؤلفه‌ها رسم شد (شکل ۱) که در آن سه گروه قابل تشخیص بودند. در تحلیل مؤلفه‌های اصلی روی ۱۱ اکوتیپ اسپرس جمع‌آوری شده از نقاط مختلف ایران توسط ایرانی و همکاران (۹) دو مؤلفه به دست آمد که روی هم ۷۶/۵ درصد از واریانس موجود را توجیه کردند. این پژوهشگران با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی اکوتیپ‌های بافت و فریدون‌شهر را به عنوان نامزدهای مناسب برای پیشبرد برنامه‌های اصلاحی معرفی کردند. در بررسی ضرایبان و همکاران (۳۰) روی ۵۶ رقم شامل ۴۶ رقم داخلی و ۱۰ رقم خارجی اسپرس زراعی، نشان دادند که تجزیه به مؤلفه‌های اصلی روشی مناسب برای طبقه‌بندی ارقام است. همچنین پروسپری و همکاران (۲۰) گزارش کردند که اولین مؤلفه بیشترین همبستگی را با اجزای عملکرد یونجه داشت.

رگرسیون گام به گام

تجزیه رگرسیون روابط میان متغیرها را به سادگی و با مفهوم بیان می‌کند و برای ارزیابی دقیق‌تر اثر صفات و تعیین صفات تأثیرگذار بر عملکرد مورد استفاده قرار می‌گیرد. در علم به‌نژادی گیاهی به منظور دستیابی به شاخص‌های مؤثر در گزینش، از روش‌هایی همچون رگرسیون گام به گام برای کاهش تعداد متغیرها و افزایش کارایی آنها به منظور گزینش استفاده می‌شود.

نتایج حاصل از رگرسیون مرحله‌ای به روش گام به گام برای عملکرد علوفه به عنوان متغیر تابع و سایر صفات اندازه‌گیری شده به عنوان متغیرهای مستقل در جدول ۶ نشان داده شده است که بر اساس آن صفات تعداد ساقه، تعداد برگ و شاخص برداشت



شکل ۱. دسته‌بندی ژنوتیپ‌های اسپرس بر اساس دو مؤلفه اول و دوم تجزیه به مؤلفه‌های اصلی روی صفات مورد مطالعه

جدول ۶. نتایج رگرسیون گام‌به‌گام عملکرد علوفه (به‌عنوان متغیر تابع) در برابر سایر صفات مورد بررسی (به‌عنوان متغیرهای مستقل)

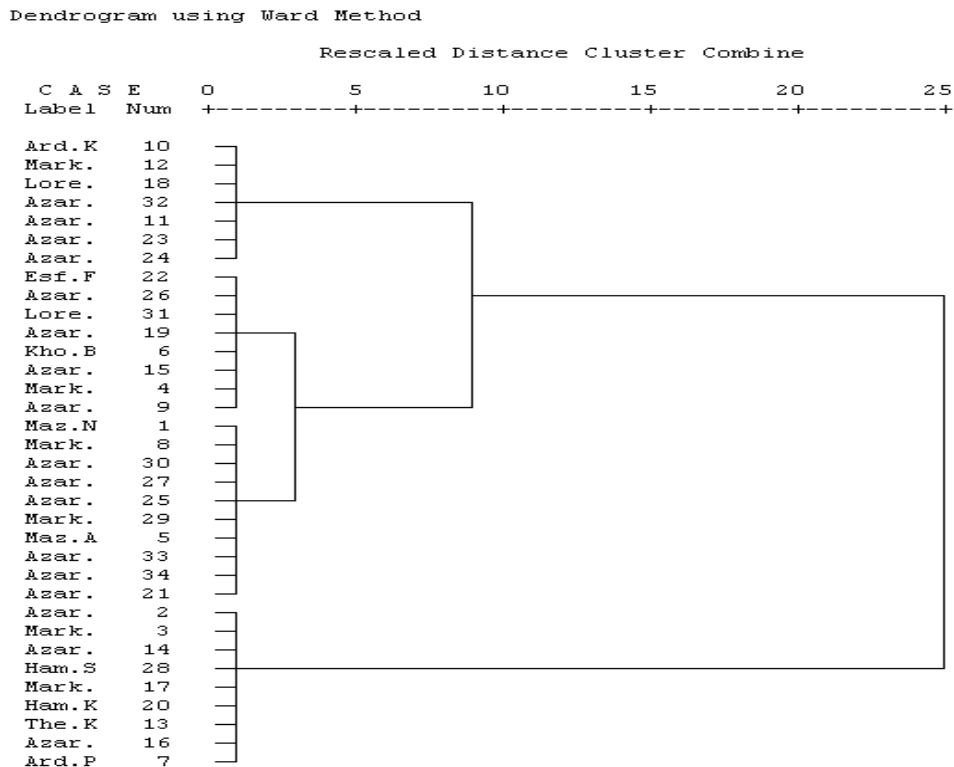
متغیر	ضریب رگرسیونی	اشتباه استاندارد	ضریب رگرسیونی جزئی استاندارد شده	آماره t	سطح معنی‌داری	ضریب تشخیص مرحله‌ای	ضریب تشخیص تجمعی
تعداد ساقه	۲۴/۵۷	۶/۰۹	۰/۵۷	۴/۰۴	۰/۰۰	۰/۱۹۳	۰/۱۹۳
تعداد برگ	۷/۴۶	۲/۵۷	۰/۴۱	۲/۹۰	۰/۰۰۷	۰/۱۱۳	۰/۳۰۶
شاخص برداشت	-۵۲۸/۸۳	۲۰۰/۵۸	-۰/۳۷	-۲/۶۴	۰/۰۱۳	۰/۱۳۰	۰/۴۳۶
عرض از مبدأ	-۶۳۲/۴۶	۱۴۷۴/۶۳		-۰/۴۳			

معرفی کردند. در همین رابطه مجیدی و ارزانی (۱۵) بر مبنای نتایج رگرسیون گام‌به‌گام دریافتند که صفات درصد ساقه در ماده خشک، ارتفاع بوته، روز تا سبز شدن و تعداد شاخه فرعی بیشترین تنوع عملکرد علوفه را توجیه کردند و می‌توانند به‌عنوان یک شاخص در گزینش قابل توصیه باشند.

تجزیه خوشه‌ای

به‌منظور تعیین قرابت ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی آنها بر مبنای صفات مورد بررسی، تجزیه خوشه‌ای به روش وارد و با استفاده از مربع فاصله اقلیدوسی انجام شد (شکل ۲). به‌منظور بررسی صحت

ساقه بود و عملکرد در ساقه مهم‌ترین جز عملکرد محسوب شد (۲۷). در مطالعه گیاه علوفه‌ای فسکیوی بلند، قطر یقه، توان استقرار، درصد ماده خشک، ارتفاع و تعداد ساقه بارور به ترتیب بیشترین سهم را در مدل رگرسیونی چندمتغیره داشتند (۱۶). در تحقیق حسن‌زاده قورت تپه و همکاران (۷) با انجام رگرسیون گام‌به‌گام، سه صفت تعداد ساقه، ارتفاع بوته و تعداد برگچه وارد مدل شده و در مجموع ۷۲/۶ درصد از تغییرات عملکرد را توجیه کردند. ضرایبان و همکاران (۳۰) بر اساس تجزیه رگرسیونی صفات ارتفاع بوته، تعداد ساقه، تعداد گره در ساقه و قطر طوقه را به‌عنوان صفات مهم با بیشترین تأثیر مثبت روی عملکرد



شکل ۲. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های اسپرس بر اساس صفات زراعی، مورفولوژیک و فنولوژیک مورد مطالعه

جدول ۷. نتایج تجزیه تابع تشخیص برای صحت گروه‌بندی ژنوتیپ‌های اسپرس

جمع کل	گروه‌های پیش‌بینی شده بر اساس تجزیه تابع تشخیص			کلاستر		اصلی
	۳	۲	۱			
۱۸	۰	۰	۱۸	۱	مجموع	
۹	۰	۹	۰	۲		
۷	۷	۰	۰	۳		
۱۰۰	۰	۰	۱۰۰	۱	درصد	
۱۰۰	۰	۱۰۰	۰	۲		
۱۰۰	۱۰۰	۰	۰	۳		

بر اساس نتایج این تجزیه بهترین محل برش دندروگرام در فاصله واحد پنج تعیین شد و با این برش سه گروه حاصل شد. خوشه اول ۱۸ ژنوتیپ، خوشه دوم ۹ ژنوتیپ و خوشه سوم ۷ ژنوتیپ را شامل شدند (جدول ۷). همان‌گونه که انتظار می‌رود، با توجه به اینکه هر یک از ژنوتیپ‌های مورد بررسی از یک ژنوتیپ محلی دگرگشن (جامعه متنوع) گزینش شده‌اند، تطابقی کلی بین

گروه‌بندی‌های به‌دست‌آمده از روش تجزیه خوشه‌ای، از تجزیه تابع تشخیص استفاده شد که نتایج آن در جدول ۷ آمده است. نتایج تجزیه تابع تشخیص نشان داد که تمامی ژنوتیپ‌ها به‌طور صحیح گروه‌بندی شده‌اند و میزان موفقیت کل تابع تشخیص، ۱۰۰ درصد بود. میزان موفقیت نشان می‌دهد که تابع تشخیص تا چه حد در گروه‌بندی یا تشخیص بین گروه‌ها موفق بوده است (۲۳).

تجزیه رگرسیون نشان داد که تعداد ساقه در بوته می‌تواند به‌عنوان مهم‌ترین اجزا عملکرد علوفه در اسپرس باشد. همچنین نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی حکایت از وجود تنوع و فاصله ژنتیکی بالا بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه داشت که امکان استفاده این ژنوتیپ‌ها را در برنامه‌های اصلاحی مبتنی بر گزینش، توسعه و تولید ارقام علوفه‌ای با عملکرد بالا و تشکیل جوامع نقشه‌یابی فراهم می‌سازد. مسلماً استفاده از نشانگرهای مولکولی مختلف همراه با نشانگرهای مورفولوژیک برای شناسایی چنین تنوعی در ژرم‌پلاسم اسپرس مطالعه شده به‌طور مؤثر و کاراتری می‌تواند در مدیریت مناسب برای اهداف اصلاحی مختلف در اسپرس مفید باشد. به‌علاوه نظر به اینکه ذخایر ژنتیکی بومی منابع خوبی برای تحمل به تنش‌های محیطی محسوب می‌شوند، پیشنهاد می‌شود تنوع ژنتیکی اسپرس خصوصاً از لحاظ صفات ارزشمند زراعی، در اینگونه شرایط نیز بررسی شود.

نحوه گروه‌بندی بر اساس فواصل ژنتیکی و منشأ جغرافیایی ژنوتیپ‌های اولیه وجود نداشت؛ با این حال به‌طور موردی برخی ژنوتیپ‌های دارای منشأ مشترک در زیر گروه‌های نزدیک قرار گرفتند. ضرابیان و همکاران (۳۰) نیز در تحقیق خود برای برخی از نمونه‌ها تطابقی بین منشأ جغرافیایی و طبقه‌بندی فنوتیپی مشاهده نکردند. رولدان-رویز و همکاران (۲۲) معتقدند در مواردی که نامتنجانسی و تنوع ژنتیکی بین نمونه‌های مورد بررسی زیاد باشد، احتمال عدم تطابق بین تنوع ژنتیکی و جغرافیایی بیشتر است. در پژوهشی مشابه حسن‌زاده قورت تپه و همکاران (۷)، ۳۰ ژنوتیپ اسپرس را با انجام تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش حداقل واریانس وارد، به دو گروه طبقه‌بندی کردند.

بر اساس نتایج حاصل از این پژوهش، تنوع ژنتیکی گسترده‌ای بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد بررسی وجود دارد که حاکی از ارزشمند بودن این ذخایر و لزوم توجه بیشتر در حفظ، نگهداری، ارزیابی و شناسایی آنهاست. نتایج همبستگی و

منابع مورد استفاده

- Argenti, S. and C. A. Gullo. 2002. Response of two Sainfoin varieties to different methods of utilization. *Grass Science* 20: 367-371.
- Behrouz, P., F. Noormand Moayed, S. A. Mohammadi, S. Aharizad and P. Hazeigh Jafari. 2009. Evaluation of seed yield and affective traits in sainfoin ecotypes. *Journal of Agricultural Sciences, Islamic Azad University of Tabriz* 9: 44-54 (In Farsi).
- Brummer, E. C. 1999. Capturing heterosis in forage crop cultivar development. *Crop Science* 39: 943-95.
- Farshadfar, E. 1998. Application of Quantitative Genetics in Plant Breeding. Razi University Press, Kermanshah, Iran. (In Farsi).
- Gerami, B. 1990. Sainfoin. Isfahan University of Technology Press, Isfahan. (In Farsi).
- Hart, R. H., R. B. Pearce, N. J. Chatterton, G. E. Carlson, D. K. Branes and C. H. Hanson. 1988. Alfalfa yield, specific leaf weight, CO₂ exchange rate, and morphology. *Crop Science* 18(4): 649-653.
- Hasanzadeh Gortapeh, A., H. Abbasi Holasou and M. R. Abbasi. 2015. Use multivariate analysis for the study of agronomic and morphological traits of Sainfoin (*Onobrychis viciifolia* Scop) populations. *Journal of Applied Crop Breeding* 2(2): 153-169. (In Farsi).
- Hume, L. J. and N. J. Withers. 1985. Nitrogen fixation in sainfoin (*Onobrychis viciifolia*) responses to changes in nitrogen nutrition. *New Zealand Journal of Agriculture Science* 28: 325-335.
- Irani, S., M. M. Majidi and A. Mirlohi. 2016. Genetic variation for clonal propagation and trait association with field performance in sainfoin. *Tropical Grasslands – Forrajes Tropicales* 4: 38-46.
- Jalili, A., V. Rabie, M. A. Aazami and D. Daghestani. 2011. Genotypic diversity of prume and plum using morphological characteristics in Maragheh region. *Seed and Plant Improvement Journal* 27(3): 357-374. (In Farsi).
- Johnson, H. W., H. F. Robinson and R. W. Comstock. 1955. Estimates of genetic and environment variability in Soybean. *Agronomy Journal* 47: 314-318.
- Kyuchukova, A. 1995. Study of the structure of elitsainfoin genotypes in respect of dry matter production. *Rastenievodni-Nauki* 32: 152-155.
- Laurentin, H. 2009. Data analysis for molecular characterization of plant genetic resources. *Genetic Resources Crop Evolution* 56: 277- 292.

14. Majidi, M. M. and A. Arzani. 2004. Study of induced mutation via Ethyl Methan Sulfonat (EMS) in Sainfoin (*Onobrychis viciifolia* Scop.). *Journal of Agricultural Sciences and Technology* 18(2): 167-180. (In Farsi).
15. Majidi, M. M. and A. Arzani. 2009. Study of relationship between morphological, agronomic and qualitative traits in sainfoin populations (*Onobrychis viciifolia* Scop). *Journal of Plant Production* 16: 159-172. (In Farsi).
16. Majidi, M. M. and A. F. Mirlohi. 2009. Multivariate statistical analysis in Iranian and foreign tall fescue germplasm. *Journal of Science and Technology of Agriculture and Natural Resources* 40: 89-98. (In Farsi).
17. Mohajer, S., A. A. Jafari, R. M. Taha, J. S. Yaacob and A. Saleh. 2013. Genetic diversity analysis of agro-morphological and quality traits in populations of sainfoin (*Onobrychis sativa*). *Australian Journal of Crop Science* 7: 1024-1031.
18. Mohammadi, S. A. and B. M. Prasanna. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants, salient statistical tools and considerations. *Crop Science* 43(4): 1235-1248.
19. Nakhjavan, S., M. Bajolvand, A. A. Jafari and K. Sepavand. 2011. Variation for yield and quality traits in populations of sainfoin (*Onobrychis sativa*). *American-Eurasian Journal of Agricultural and Environmental Science* 10: 380-386.
20. Prospero, J. M., E. Jenczewski, M. Angevain and J. Ronfort. 2006. Morphologic and agronomic diversity of wild genetic resources of *Medicago sativa* L. collected in Spain. *Genetic Resources and Crop Evolution* 53: 843-856.
21. Rabiee, R. and F. Ghanavati. 2013. Genetic diversity of *Onobrychis altissima* Grossh. Populations of the national plant gene bank of Iran based on agronomic and morphological traits. *Seed and Plant Improvement Journal* 29(3): 467-481. (In Farsi).
22. Roldan-Ruiz, I., J. Dendauw, E. Van Bockstaele, A. Depicker and M. De Loose. 2000. AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrasses (*Lolium* spp.). *Molecular Breeding* 6(2): 125-134.
23. Safari, P., S. F. Danyali, R. Honarnejad and M. Esfahani. 2013. Study of relationship between oil quality traits with agro-morphological traits in peanut genotypes by canonical correlation analysis. *International Journal of Biosciences* 3(8): 1-10.
24. Sarrafi, A. 1978. A yield component selection experiment involving American and Iranian cultivars of the common bean. *Crop Science* 18(1): 5-7.
25. Sleper, D. A. and J. M. Poehlman. 2006. *Breeding Field Crops*. 6th Edition. Van Nostrand Reinhold Company, New York.
26. Turk, M. and N. Celik. 2006. The effect of different row spaces and seeding rates on the hay and crude protein yields of sainfoin (*Onobrychis sativa* Lam). *Tarrim Bilimleri Dergisi* 12: 175-181.
27. Volence, J. J., J. H. Cherney and K. D. Johnson. 1987. Yield component, plant morphology and forage quality of alfalfa as influenced by plant population. *Crop Science* 27(2): 321-326.
28. Yeater, K. M., G. A. Bollero, D. G. Bullock, A. L. Rayburn and S. Rodriguez-Zas. 2004. Assessment of genetic variation in hairy vetch using canonical discriminant analysis. *Crop Science* 44: 185-189.
29. Yildiz, B., B. Ciplak and E. Aktoklu. 1999. Fruit morphology of sections of the genus *Onobrychis* Miller (*Fabaceae*) and its phylogenetic implications. *Israel Journal of Plant Sciences* 47: 269-282.
30. Zarabiyan, M., M. M. Majidi and F. Bahrami. 2014. Relationship of morphological and agronomic traits in Iranian and exotic Sainfoin populations using multivariate statistical analysis. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research* 22: 278-290. (In Farsi).

Evaluation of Relationships between Yield and Yield Components in Sainfoin (*Onobrychis Vicifolia Scop*) Genotypes Using Multivariate Methods

H. Abbasi Holasou¹, A. Hassanzadeh Ghorttapeh^{2*} and Z. Talebzadeh³

(Received: October 9-2017; Accepted: August 18-2018)

Abstract

In the present study 18 agronomic, phenological and morphological traits were evaluated in 34 genotypes of sainfoin based on a randomized complete block design with three replications in Agricultural and Natural Resources Research Center of West Azerbaijan, Iran. Analysis of variance showed that there were significant differences among the genotypes for all of the measured traits, suggesting that there is considerable genetic variation among genotypes and indicating high potential for improving these traits through targeted selection in breeding programs. Correlation analysis showed that forage yield had significantly positive correlations with plant height, harvest index, dry weight of stem, and number of stems. Principal component analysis revealed that five components justify more than 73 percent of the total variation. In order to select effective yield components, step-wise regression was undertaken and number of stems, number of leaves and harvest index were entered into the regression model. Cluster analysis using Ward algorithm classified 34 genotypes into three groups, including 18, 9 and 7 genotypes. Moreover, principle components analysis confirmed the result of cluster analysis.

Keywords: Cluster analysis, Genetic diversity, Phenotypic correlation, Sainfoin

1. PhD Student, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agricultural Sciences, Tabriz University, Tabriz, Iran.
2. Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Department, West Azerbaijan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Urmia, Iran.
3. Former MSc. Student, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran.

*: Corresponding Author, Email: A.G.Hassanzadeh@gmail.com