

ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های جو بهاره از لحاظ برخی صفات فنولوژیکی و مورفولوژیکی

رامین مدرسی^۱، علیرضا پورمحمد^{۱*}، بهزاد صادق‌زاده^۲

۱- گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مراغه، مراغه، ایران

۲- موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، مراغه، ایران

* مسئول مکاتبه: Pourmohammad@ymail.com

DOI: 10.22034/CSRAR.2022.343913.1242

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۴/۲۹

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۳/۰۳

چکیده

به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های جو بهاره، آزمایشی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۲۷ ژنوتیپ در چهار تکرار، در ایستگاه تحقیقات کشاورزی دیم دیواندره انجام گرفت. اختلاف بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، در اکثر صفات غیر از تاریخ گل‌دهی معنی‌دار بود که نشان‌دهنده تنوع بالا بین ژنوتیپ‌ها بود. عملکرد کل دانه، تعداد ساقه بارور، طول سنبله اصلی، شاخص برداشت و طول برگ پرچم از وراثت‌پذیری بالاتری نسبت به سایر صفات برخوردار بودند. با توجه به وراثت‌پذیری بالای آن‌ها می‌توان از این صفات در نسل‌های در حال تفکیک به منظور گزینش غیرمستقیم برای عملکرد دانه بهره برد. تجزیه علیت نشان داد که تعداد دانه در بوته و وزن هزار دانه روی عملکرد دانه کل اثر مستقیم مثبت و بالایی داشتند ولی اثر مستقیم وزن ریشک روی عملکرد دانه کمتر از این دو صفت بود. بنابراین، تعداد دانه و وزن هزار دانه از مهم‌ترین اجزای عملکرد دانه جو محسوب شدند. در تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ شماره یک در خوشه اول جای گرفت، خوشه دوم شامل ژنوتیپ‌های ۲۶، ۲۵، ۲۷، ۲۲، ۱۴، ۱۳ بود و بقیه ژنوتیپ‌ها در خوشه سوم قرار گرفتند. با توجه به میانگین‌ها، ژنوتیپ‌های کلاستر سوم می‌تواند در برنامه‌های به‌نژادی برای عملکرد دانه به کار رود. در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، سه مؤلفه اصلی اول، ۵۲/۸۸ درصد از تنوع کل را توجیه کردند. این مقادیر برای مؤلفه‌های دوم و سوم به ترتیب ۱۷/۲۳ و ۹/۱۵ درصد بود. مؤلفه اول را می‌توان مؤلفه عملکرد دانه و بیوماس کل نام‌گذاری کرد. از این مؤلفه می‌توان در امر گزینش برای ژنوتیپ‌های جو بهاره استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، عملکرد دانه

مقدمه

افزایش تولید این محصول اساسی از دغدغه‌های اصلی کشور ما می‌باشد (Daghaghelhi et al., 2018).

مطالعه تنوع ژنتیکی فرایندی است که تفاوت‌ها و شباهت گونه‌ها، جمعیت‌ها و یا افراد را با استفاده از روش‌ها و مدل‌های آماری خاص برای صفات مورفولوژیک، اطلاعات شجره‌ای یا خصوصیات مولکولی افراد بیان می‌کند (Mohammadi and Prasanna, 2003). برآورد تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی، نقش بسیار مهمی در پیشبرد برنامه‌های اصلاحی و حفاظت از منابع ژنتیکی دارد که از طریق مطالعه صفات مورفولوژیک و بیولوژیکی، بررسی شجره‌ها و نشانگرهای مولکولی میسر می‌گردد. یکی از عوامل موفقیت در هر برنامه اصلاحی و حصول پیشرفت ژنتیکی، تأثیرپذیری پایین صفت مورد گزینش از تغییرات محیطی است؛ بنابراین در برنامه‌های به‌نژادی با توجه به هدف اصلاحی مورد نظر می‌توان با استفاده از تنوع بین گروه‌ها و ژنوتیپ‌های موجود و با

جو (*Hordeum vulgare*) چهارمین محصول زراعی مهم دنیا پس از برنج، گندم و ذرت است که معمولاً به‌عنوان غذای انسان، مالت و خوراک دام استفاده می‌شود (Gozukirmizi and Karlik, 2017). جنس هوردئوم، نزدیک به ۲۵ گونه زراعی و وحشی دیپلوئید، تتراپلوئید و هگزاپلوئید دارد. امروزه جو به دلیل موارد استفاده زیاد آن در تغذیه انسان و دام، تولید مالت و استفاده صنایع تبدیلی یکی از مهم‌ترین گیاهان خانواده غلات است (Ferreira et al., 2016). با توجه به اهمیت جو و نقش آن به‌عنوان منبع غذایی اصلی بسیاری از جوامع و در اکثر موارد تأمین خوراک دام، تولید و خودکفایی این محصول از سیاست‌های مهم کشاورزی هر کشوری می‌باشد. هم‌چنین، با عنایت به وضعیت خشک‌سالی کشور در سال‌های اخیر و نیز کمبود علوفه در سطح مراتع و در راستای کاهش وابستگی به واردات جو از خارج، توجه بیشتر به

و توجیه وجود همبستگی بین متغیرها و توصیف جمعیت از لحاظ صفات بود، ۵ عامل مستقل حدود ۹۱/۷ درصد از تغییرات را توجیه نمودند. عامل اول که متشکل از طول سنبله، تعداد گره و ارتفاع بوته بود، طول بوته نام‌گذاری شد. عامل دوم که عملکرد نام گرفت، شامل عملکرد و تعداد ردیف بود؛ بنابراین دو گروه از صفات که شامل عملکرد و اجزای عملکرد و دیگری طول بوته، صفات مهمی تلقی می‌شوند که گروه اول سبب افزایش عملکرد شده و گروه دوم همبستگی منفی با عملکرد دارند. از این رو باید اصلاح این دو گروه از صفات را در راستای افزایش عملکرد در گیاه جو و سایر غلات مورد بهره‌برداری قرار گیرد (Baraty et al., 2014). در بررسی ارقام جو از نظر صفات ارتفاع بوته، وزن هزار دانه، تعداد دانه در سنبله، طول دوره رویشی و عملکرد دانه تنوع زیادی بین ارقام مشاهده شد. عملکرد به طور معنی‌داری با صفات دوره رویشی و تعداد دانه در سنبله همبستگی داشت. افزون بر این، بین تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه همبستگی منفی مشاهده شد (Žáková and Benkova, 2004). در مطالعه شش رقم جو زراعی بومی اتیوپی و تلاقی بین آن‌ها میزان توارث‌پذیری بالایی برای صفات طول سنبله، وزن هزار دانه، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه گزارش شده است (Jalata et al., 2010). در بررسی تنوع موجود در بین ۲۶ جو زمستانه تونسی، از ۱۲ صفت زراعی اندازه‌گیری شده استفاده شد و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای بر روی صفات و نمونه‌ها انجام گردید (Hamza et al., 2004). بر اساس مطالعه‌ای دیگر، سطوح بالایی از تنوع ژنتیکی برای ۱۲ صفت مورفولوژیک در ۱۳۳ نمونه جو مورد بررسی مشاهده شد. این صفات برای ایجاد ارقام گیاهی جدید بر اساس مناطق جغرافیایی مختلف می‌توانست کارایی بالایی داشته باشند و ژنوتیپ‌ها بر اساس توزیع جغرافیایی و واریانس صفات در هفت کلاستر طبقه‌بندی شدند (Zaheer et al., 2008).

با توجه به نقش تنوع ژنتیکی در پیشبرد برنامه‌های به‌نژادی، بدون شک بررسی لاین‌های جدید جو با خصوصیات مورفولوژیک مطلوب، از جمله روش‌های مناسب در جهت بهبود عملکرد و اصلاح و معرفی ارقام تجاری است که در نهایت، منجر به افزایش عملکرد و تولید جو خواهد گردید. اهداف این مطالعه شامل شناسایی ژنوتیپ‌های برتر جو از لحاظ صفات فنولوژیک و مورفولوژیک، گروه‌بندی آن‌ها با استفاده از تجزیه خوشه‌ای و

انجام تلاقی بین آن‌ها امکان دستیابی به ژنوتیپ‌های مطلوب‌تر از نظر عملکرد دانه و اجزای عملکرد را فراهم آورد (Hailu et al., 2006). به‌طور کلی اهداف کوتاه‌مدت به‌نژادگران در اصلاح جو، تولید ژنوتیپ جدید با عملکرد بالا و معرفی آن به‌عنوان یک محصول زراعی می‌باشد. در حالی که اهداف میان‌مدت و درازمدت آن، حفظ ژرم‌پلاسما جهت استفاده در برنامه‌های آینده است (Rezaei et al., 2012). عملکرد دانه در جو، تحت اثر مستقیم و غیرمستقیم صفات بسیار زیادی است که شناسایی شناسایی ارتباط آن‌ها با عملکرد دانه به‌عنوان معیار گزینش در شناسایی گزینش ژنوتیپ‌های برتر ضروری است (Daghaghelh et al., 2018). بررسی روابط بین صفات در ارقام مختلف، جزء مهمی از برنامه‌های اصلاحی است زیرا اطلاعاتی در مورد تنوع ژنتیکی محصولات زراعی به‌منظور ایجاد جمعیت‌های اصلاحی مناسب، در دسترس قرار می‌دهد (Assefa et al., 2015). برآورد تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی، نقش بسیار مهمی در پیشبرد برنامه‌های اصلاحی و حفاظت از منابع ژنتیکی دارد که از طریق صفات مورفولوژیک، میسر می‌شود. افزایش تولید و بهبود کیفیت محصولات زراعی و استفاده بهینه از ذخایر ژنی مستلزم جمع‌آوری، نگهداری، توصیف و ارزیابی مواد ژنتیکی است. ایجاد تنوع ژنتیکی و ژرم‌پلاسما جدید در اصلاح جو و بهبود برخی از خصوصیات و ایجاد ژنوتیپ‌های ایده‌آل در این گیاه نیز بسیار مهم می‌باشد (Pearce et al., 2000).

در مطالعه‌ای توسط محققین، ژنوتیپ‌های جو مورد استفاده بسیار متنوع بود و زمینه خوبی را برای شناسایی پایه ژنتیکی صفات زراعی نشان داد. هم‌چنین اطلاعات در مورد صفات کمی جو افزایش داد و اصلاح ژنومی را برای به‌نژادی جو تسهیل کرد (Li et al., 2020). گزارش شده است که تنوع معنی‌داری در داخل و بین جمعیت‌های جو اتیوپیایی وجود داشت که بیشترین تنوع در درون جمعیت‌ها رخ داد. نتایج هم‌چنین به طراحی راهبردهای حفاظتی مانند حفاظت ژنتیکی می‌تواند کمک کند (Dido et al., 2000). در مطالعه‌ای دیگر، تنوع ژنتیکی زیادی از طریق تجزیه خوشه‌ای در بین توده‌های جو مشاهده شد و تنوع ژنتیکی را در صفات مختلف مورد استفاده، تأیید کرد (Memon et al., 2021). در پژوهشی روی تنوع ژنتیکی و روابط بین صفات زراعی با عملکرد در لاین‌های نوترکیب جو، اکثر صفات معنی‌دار بودند. در تجزیه عاملی که با هدف کاهش حجم داده‌ها

خاک‌ورزی اعمال شد. خاک محل آزمایش به صورت لومی شنی بود. در این بررسی، ۲۸ ژنوتیپ جو با عادت رشدی بهاره مورد استفاده قرار گرفت که از موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور تهیه گردید (جدول ۱). برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها از طرح بلوک کامل تصادفی با چهار تکرار استفاده گردید. هر واحد آزمایشی متشکل از سه ردیف به طول یک متر و به فاصله ۲۰ سانتی‌متری بود. فاصله بذرها روی ردیف‌ها، چهار سانتی‌متر و عمق کاشت بذور، دو سانتی‌متر اعمال گردید.

کاهش صفات اندازه‌گیری شده با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بود.

مواد و روش‌ها

این مطالعه در شهرستان دیواندره کردستان با ۱۸۵۰ متر ارتفاع از سطح دریا، طول ۴۷ درجه و یک دقیقه شرقی و عرض ۳۵ درجه و ۵۴ دقیقه با تغییرات درجه حرارت سالانه دما از ۲۰- تا ۳۲+ اجرا شد. در فروردین‌ماه ۱۳۹۶ بعد از مناسب شدن شرایط آب و هوایی منطقه، نقشه کاشت اجرا و عملیات

جدول ۱- ژنوتیپ‌های مختلف جو بهاره مورد مطالعه در آزمایش

Table 1- Different genotypes of spring barley studied in the experiment

شماره Number	ژنوتیپ Genotype
1	Sahand
2	Abider
3	Ansar
4	Sararood-1
5	Nader
6	71482
7	71530
8	71530
9	71538
10	71557
11	71704
12	71938
13	72295
14	72406
15	72498
16	72546
17	72566
18	72566
19	72680
20	Tokak/Demir-2
21	AZE-Lerik-ICB-123363/GaraArpa ICB04-1512-0AP
22	CWB117-5-9-5//CWB117-77-9-7/ICB-104073/3/K-334 ICB01-1791-OAP-OMh-5Mh-OMh
23	Ste/Antares//YEA762-2/YEA605-5/3/Slr//Alpha/Durra ICB01-1402-OAP-OMh-1Mh-OMh
24	Alpha/Gumhuriyet//Sonja
25	Dayton / Ranney
26	Yea/168
27	Denmark

عملکرد دانه تک بوته (توزین دانه‌های هر بوته)، بیوماس تک بوته (وزن کل بخش هوایی تک بوته‌های برداشت‌شده)، بیوماس کل (وزن کل بخش هوایی هر واحد آزمایشی پس از حذف حاشیه‌ها)، وزن هزار دانه (به‌طور تصادفی شمارش و توزین)، شاخص برداشت، تعداد ساقه بارور (شمارش تعداد ساقه بارور در ۱۰ بوته و میانگین‌گیری برای تک بوته)، تعداد گلچه در سنبله (شمارش تعداد گلچه‌ها در هر سنبله)، تعداد دانه در سنبله (شمارش تعداد دانه کامل تشکیل‌شده در سنبله اصلی هر بوته)، تعداد برگ در زمان ظهور سنبله (شمارش تعداد برگ در هر بوته)، تاریخ جوانه‌زنی، تاریخ رسیدگی، تعداد دانه در بوته (شمارش تعداد دانه

در این بررسی صفات ارتفاع بوته (از سطح خاک تا نوک خوشه)، تاریخ پنجه‌دهی، تاریخ ساقه‌دهی، عرض برگ پرچم (اندازه عریض‌ترین بخش برگ پرچم)، طول برگ پرچم (بعد از اتمام گرده‌افشانی، اندازه‌گیری طول برگ پرچم ساقه اصلی از محور گوشوارک‌ها تا انتها)، طول ریشک (در هر بوته یک ریشک به‌طور تصادفی انتخاب و با استفاده از خط‌کش اندازه‌گیری شد)، طول سنبله (از یقه سنبله تا نوک آن بدون در نظر گرفتن ریشک‌ها)، طول میانگره، قطر در محل گره، قطر در محل میانگره، تاریخ گل‌دهی، تاریخ مرحله خمیری، تاریخ مرحله شیری، وزن ریشک (با استفاده از ترازوی حساس برحسب گرم)،

صفات غیر از تاریخ گل‌دهی معنی‌دار بود که نشان‌دهنده تنوع بالا بین ژنوتیپ‌های جو بهاره بود. اختلاف معنی‌دار آمار صفت طول سنبله بین ژنوتیپ‌های مختلف با نتایج مطالعات دیگر مطابقت دارد که گزارش شده است ژنوتیپ‌های دارای طول سنبله و طول ریشک بلندتر، سهم بیشتری در عملکرد دانه دارند (Ebadi *et al.*, 2017). در واقع ریشک‌ها دارای فتوسنتز بوده در نتیجه می‌توانند سهم بسزایی در پر شدن دانه داشته باشند. به‌طور کلی داشتن سطح برگ بیشتر چه از نظر تعداد برگ، عرض و طول برگ و چه از نظر سطح تک‌برگ، یکی از صفات مورد توجه در برنامه‌های اصلاحی است. در واقع چون گیاه تا قبل از رسیدن به دوره رشدی آخر فصل، سطح برگ خود را تکمیل می‌کند، در نتیجه میزان بالای این شاخص نشان‌دهنده توانایی ژنوتیپ در نگهداری برگ می‌باشد که این امر فتوسنتز جاری گیاه را افزایش داده و به‌نوبه‌ی خود تأثیر مثبت و بسزایی بر عملکرد دارد (Heidari Sharifabad, 2000).

جدول ۳ مقایسه میانگین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه جو بهاره را برای صفات مورد ارزیابی با استفاده از روش LSD نشان می‌دهد. در این جدول، ژنوتیپ‌های با حداقل و حداکثر مقدار، مشخص شده است.

کامل تشکیل شده در هر بوته)، تاریخ ظهور خوشه و عملکرد کل دانه (میزان عملکرد کل دانه از طریق اندازه‌گیری وزن کل دانه ردیف‌های برداشت‌شده) مورد ارزیابی قرار گرفتند. نرمال بودن داده‌ها با استفاده از آزمون کولموگراف-اسمیرنوف مورد آزمون قرار گرفت. تجزیه واریانس داده‌ها انجام و میانگین‌ها با روش حداقل اختلافات معنی‌دار (LSD) مقایسه شد. سپس اجزای واریانس فنوتیپی و وراثت‌پذیری در واحد میانگین ژنوتیپ برآورد شد. ارتباط بین صفات مورد مطالعه با استفاده از ضریب همبستگی پیرسون مشخص گردید و تجزیه علیت (با انجام رگرسیون گام به گام برای حذف صفات غیرمؤثر بر عملکرد کل دانه) انجام گردید. از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به‌منظور کاهش داده‌ها استفاده شد. با استفاده از تجزیه خوشه‌ای، گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد بررسی انجام شد. برای انجام تجزیه و تحلیل داده‌ها از نرم‌افزارهای MSTATC و SPSS نسخه ۲۳ استفاده شد.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس و مقایسه میانگین صفات مورد مطالعه

در تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های جو بهاره (جدول ۲) اختلاف بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، در اکثر

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات اندازه‌گیری شده برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه جو

Table 2- Analysis of variance of measured traits for studied spring barley genotypes

منبع تغییر Source of Variation	درجه آزادی df	میانگین مربعات MS								
		قطر در محل گره Diameter at the node location	طول میانگره Internode length	طول سنبله Spike length	طول ریشک Awn length	طول برگ پرچم Flag leaf length	عرض برگ پرچم Flag leaf width	تاریخ دهی ساقه Shooting date	تاریخ دهی پنجه Tillering date	ارتفاع بوته Plant height
تکرار Replication	3	0.095 ^{ns}	0.47 ^{ns}	1.44 ^{ns}	4.52 ^{ns}	5.71 ^{ns}	4.009 ^{ns}	28.18 ^{ns}	0.46 ^{ns}	15.35 ^{ns}
ژنوتیپ Genotype	27	0.193 ^{**}	3.11 ^{**}	3.07 ^{**}	6.19 ^{**}	15.61 ^{**}	5.199 ^{**}	14.88 ^{**}	6.97 ^{**}	57.63 ^{**}
خطا Error	78	0.087	1.52	0.98	2.93	5.83	2.407	9.304	2.72	23.415
ضریب تغییرات CV (%)	-	15.23	15.94	14.82	13.53	10.29	10.89	7.94	5.83	12.80

** و * به ترتیب معنی‌دار در سطح یک و پنج درصد، ^{ns} غیر معنی‌دار.

*, **: Probability level of significantly in 0.05 and 0.01 respectively; ^{ns} non-significant

ادامه جدول ۲

Table 2 (continued)

منبع تغییر Source of Variation	درجه آزادی df	میانگین مربعات MS									
		شاخص برداشت Harvest index	وزن هزار دانه 1000 grains weight	بیوماس کل Total biomass	بیوماس تک بوته Biomass per plant	عملکرد دانه تک بوته Grain yield per plant	وزن ریشک Awn weight	مرحله شیری Milk stage	مرحله خمیری Dough stage	تاریخ گلدهی Flowering date	قطر در محل میانگره Diameter at the internode location
تکرار Replication	3	0.066 ^{ns}	32.95 ^{ns}	91217 ^{ns}	5.53 ^{ns}	0.070 ^{ns}	0.005 ^{**}	8.84 ^{ns}	1.29 ^{ns}	15.31 ^{ns}	0.132 ^{ns}
ژنوتیپ Genotype	27	0.041 ^{**}	88.33 ^{**}	221250 [*]	14.39 ^{**}	0.316 ^{**}	0.005 ^{**}	20.7 ^{**}	4.46 [*]	8.69 ^{ns}	0.151 ^{**}
خطا Error	78	0.015	41.35	91417.9	5.97	0.188	0.0022	11.22	2.62	5.47	0.071
ضریب تغییرات CV (%)	-	40.19	16.94	33.22	33.35	22.03	33.12	4.57	2.07		12.63

** و * به ترتیب معنی‌دار در سطح یک و پنج درصد، ^{ns} غیر معنی‌دار.*, **: Probability level of significantly in 0.05 and 0.01 respectively; ^{ns} non-significant

ادامه جدول ۲

Table 2 (continued)

منبع تغییر Source of Variation	درجه آزادی df	میانگین مربعات MS								
		عملکرد کل دانه Total grain yield	تاریخ ظهور خوشه Earing date	تعداد دانه در بوته Number of grains per plant	تاریخ رسیدگی Maturity date	تاریخ جوانه‌زنی Germination date	تعداد برگ در زمان ظهور سنبله Leaf number in spike emergence	تعداد دانه در سنبله Number of grain per spike	تعداد گلچه در سنبله Floret number in spike	تعداد ساقه بارور Fertile shoot number
تکرار Replication	3	1830.9 ^{ns}	2.81 ^{ns}	127.63 ^{ns}	3.21 ^{ns}	0.453 ^{ns}	64.07 ^{ns}	2.37 ^{ns}	1.37 ^{ns}	0.601 ^{ns}
ژنوتیپ Genotype	27	156881.6 [*]	5.60 ^{**}	279.32 ^{**}	22.48 ^{**}	1.65 [*]	45.60 [*]	7.75 ^{**}	9.12 [*]	5.506 ^{**}
خطا Error	78	3538.2	2.87	133.06	11.57	2.53	26.49	4.00	5.27	1.101
ضریب تغییرات CV (%)	-	25.29	2.67	22.54	3.50	11.22	28.41	12.26	12.41	23.18

** و * به ترتیب معنی‌دار در سطح یک و پنج درصد، ^{ns} غیر معنی‌دار.*, **: Probability level of significantly in 0.05 and 0.01 respectively; ^{ns} non-significant

جدول ۳ - میانگین صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های جو

Table 3- Mean of studied traits in barley genotypes

ژنوتیپ Genotype	وزن کل Total plant weight (g)	بیوماس کل Total biomass		بیوماس تک بوته Biomass per plant (g)		عملکرد		وزن ریشک Awn weight (g)	مرحله شیری Milk stage	مرحله خمیری Dough stage	قطر در محل گره Diameter at the node location (cm)		طول میانگره Internode length (cm)	طول سنبله Spike length (cm)	ریشک Awn length (cm)	طول برگ پرچم Flag leaf length (cm)	عرض برگ Flag leaf width	تاریخ ساقه دهی Shooting date	تاریخ بنجه دهی Tillering date	ارتفاع بوته Plant height (cm)
		بیوماس کل Total biomass	بیوماس تک بوته Biomass per plant (g)	دانه تک Grain yield per plant (g)	ریشک Awn weight (g)	مرحله شیری Milk stage	مرحله خمیری Dough stage				قطر در محل گره Diameter at the node location (cm)	طول میانگره Internode length (cm)								
1	8.51	938.8	8.77	1.40	0.1722	77.00	80.00	2.12	7.50	5.00	14.00	20.00	16.00	37.00	27.50	39.00				
2	8.15	990.3	7.92	1.97	0.092	75.00	78.25	2.00	6.37	5.75	11.12	25.00	14.50	38.00	29.75	32.25				
3	8.39	1661.3	13.29	2.42	0.127	73.00	77.00	1.12	6.00	7.50	12.62	23.75	13.50	36.00	27.25	34.25				
4	8.05	736.3	5.89	2.45	0.155	74.00	78.00	2.25	7.37	6.00	13.00	22.50	12.00	37.00	29.00	38.75				
5	9.648	638.8	5.11	1.92	0.095	76.00	80.00	1.50	7.62	6.50	11.00	22.25	13.50	42.00	31.00	41.25				
6	8.36	984.4	7.87	1.53	0.192	74.75	79.00	1.75	8.87	7.12	13.37	23.00	13.50	39.50	29.25	43.00				
7	10.05	1226.3	9.81	1.77	0.137	74.25	78.00	2.37	8.50	7.50	10.75	25.00	12.25	36.50	27.75	43.75				
8	10.01	1222.2	8.77	2.39	0.150	72.25	76.50	2.12	8.00	7.25	12.62	25.50	13.75	36.75	28.75	30.5				
9	8.56	916.3	7.32	2.06	0.170	73.50	77.50	2.00	8.75	7.25	14.75	24.50	13.00	37.00	27.25	42.25				
10	8.20	995.6	7.96	1.77	0.160	74.25	78.25	2.12	9.50	7.12	14.00	23.75	12.00	36.50	28.50	42.00				
11	10.26	1095.3	8.76	1.82	0.117	66.00	78.25	2.12	8.87	6.25	12.50	25.75	12.25	37.00	29.00	43.50				
12	7.17	867.2	7.93	2.14	0.170	74.00	78.50	2.00	9.50	6.62	13.50	25.25	9.75	37.75	28.50	36.00				
13	6.43	759.1	6.07	1.35	0.155	73.50	78.00	2.00	6.00	7.25	11.87	24.50	13.75	37.00	27.50	36.75				
14	11.31	730.0	5.59	1.56	0.137	71.00	77.25	1.87	7.50	6.62	13.00	23.75	12.50	40.25	27.25	38.00				
15	7.26	879.4	7.03	2.06	0.165	74.75	79.00	2.00	8.50	6.75	12.75	22.75	12.75	38.75	30.25	39.50				
16	7.41	897.8	7.18	1.66	0.175	70.00	79.00	2.12	7.25	6.50	13.37	22.75	12.50	36.50	27.00	37.00				
17	7.06	853.1	6.82	1.89	0.135	73.00	76.25	1.87	7.12	6.50	12.00	23.00	13.25	40.50	27.25	36.00				
18	7.42	896.9	7.17	2.01	0.162	73.75	78.00	2.00	7.75	6.75	14.50	27.50	13.25	37.25	29.00	37.00				
19	8.62	1047.2	8.37	2.02	0.165	74.75	78.50	2.00	7.87	7.12	13.12	30.00	13.25	37.50	28.75	35.00				
20	9.08	1104.7	8.83	2.03	0.107	73.75	79.25	2.12	7.75	7.00	12.50	25.75	13.75	40.25	28.25	37.00				
21	7.46	902.5	7.22	1.98	0.245	72.00	77.00	2.00	7.75	6.50	13.12	21.75	13.25	36.75	26.75	41.00				
22	5.59	669.1	5.35	2.11	0.135	72.75	77.00	1.75	7.00	6.75	11.87	22.25, 24	13.50	35.00	27.00	35.75				
23	7.33	885.1	7.08	2.05	0.150	73.25	78.25	2.00	7.25	6.00	14.12	24.00	13.25	37.50	29.00	35.75				
24	7.05	945.6	7.56	2.17	0.122	72.75	77.00	2.00	8.50	9.50	13.00	23.00	13.50	38.00	27.00	30.25				
25	5.25	629.1	5.03	2.03	0.125	73.75	77.25	2.00	7.50	6.62	12.25	22.50	13.00	36.25	28.00	37.00				
26	4.67	555.0	4.44	1.52	0.082	68.75	75.75	1.87	7.25	6.12	9.50	24.00	13.25	36.50	27.25	32.25				
27	4.58	542.8	4.59	2.02	0.080	76.00	78.00	2.00	6.62	5.12	10.25	22.50	15.00	41.50	32.00	41.00				
LSD	3.58	428.6	3.44	0.61	0.067	4.71	2.28	0.42	1.74	1.39	2.41	3.40	2.01	4.23	2.32	6.81				

ادامه جدول ۳
Table 3 (continued)

ژنوتیپ Genotype	تاریخ گلدهی Flowering date	عملکرد کل Total plant yield	تاریخ ظهور Earing date	تعداد دانه در		تاریخ رسیدگی Maturity date	تاریخ جوانه‌زنی Germination date	تعداد برگ در		تعداد دانه در سنبله Number of grains per spike	تعداد گلچه در سنبله Floret number in spike	تعداد ساقه		شاخص برداشت Harvest index (%)	وزن هزار دانه 1000 grains weight (g)
				بوته Number of grains per plant	بوته Number of grains per spike			زمان ظهور سنبله Leaf number in spike emergence	بارور Fertile shoot number						
1	17.75	181.25	65.00	27.00	15.50	96.00	13.50	18.00	15.50	15.00	5.00	5.00	0.2537	41.12	
2	19.25	246.88	66.75	29.25	17.00	96.00	15.50	18.25	17.00	19.25	3.00	3.00	0.3008	36.33	
3	17.75	302.50	64.00	27.00	15.50	97.25	14.00	18.25	15.50	17.50	4.75	4.75	0.1818	39.58	
4	18.75	306.25	63.00	29.00	14.25	97.00	14.50	19.25	14.25	17.75	4.00	4.00	0.4159	33.80	
5	20.12	240.00	64.00	31.00	14.25	102.00	15.50	20.25	14.25	17.25	5.00	5.00	0.3757	32.67	
6	20.00	191.88	64.24	29.25	14.25	99.50	15.25	22.25	14.25	17.50	4.25	4.25	0.1955	30.42	
7	19.00	221.88	63.25	27.75	14.50	96.75	14.50	25.00	14.50	19.50	4.50	4.50	0.2011	41.49	
8	18.00	299.88	61.50	28.75	17.75	98.25	14.25	22.75	17.75	20.00	4.50	4.50	0.2453	42.64	
9	17.75	257.50	63.75	27.25	18.25	92.75	14.00	20.25	18.25	18.25	4.25	4.25	0.2826	35.68	
10	17.50	221.25	63.50	28.50	16.00	95.00	13.50	23.50	16.00	18.50	4.76	4.76	0.2305	47.85	
11	19.00	228.13	64.75	29.00	18.75	96.75	13.50	23.25	18.75	18.25	6.75	6.75	0.2434	42.08	
12	16.50	267.19	64.75	28.50	16.25	98.75	14.50	17.50	16.25	18.75	4.00	4.00	0.3447	40.87	
13	17.25	169.00	63.75	27.50	19.25	95.75	13.50	17.25	19.25	17.75	3.50	3.50	0.2226	44.50	
14	17.75	145.31	64.00	27.25	16.25	95.75	13.25	13.00	16.25	19.25	3.25	3.25	0.3153	40.82	
15	20.50	257.81	65.00	30.25	17.00	100.25	16.00	15.75	17.00	23.50	3.50	3.50	0.3970	3.28	
16	17.00	208.13	62.25	27.00	16.00	97.25	12.00	13.25	16.00	16.00	3.75	3.75	0.3012	42.51	
17	17.50	205.00	62.25	27.25	16.50	92.50	14.00	14.50	16.50	19.25	3.75	3.75	0.2920	32.26	
18	18.25	251.25	65.00	29.00	17.25	95.25	14.00	16.50	17.25	20.25	4.25	4.25	0.3012	38.99	
19	21.25	223.75	63.50	28.75	17.50	95.50	14.50	14.50	17.50	19.00	8.50	8.50	0.2113	31.21	
20	20.75	254.06	64.50	28.25	17.25	98.00	14.75	17.50	17.25	20.75	5.50	5.50	0.2575	40.09	
21	17.75	247.50	63.50	26.75	15.25	98.75	14.25	18.25	15.25	17.75	4.75	4.75	0.2798	36.10	
22	17.25	232.81	61.75	27.00	15.50	95.50	12.50	18.00	15.50	17.75	3.50	3.50	0.3651	44.65	
23	18.00	241.00	65.75	29.00	16.25	100.00	13.75	13.00	16.25	19.25	4.25	4.25	0.2983	33.07	
24	22.00	234.38	64.50	27.00	15.00	96.50	14.75	18.25	15.00	17.25	5.25	5.25	0.2474	36.02	
25	19.50	254.06	64.00	28.00	16.25	95.50	15.50	21.00	16.25	17.75	3.75	3.75	0.4281	35.32	
26	17.75	190.63	61.75	27.25	15.50	92.00	12.75	14.25	15.50	16.75	3.75	3.75	0.3826	32.18	
27	19.00	253.69	64.00	32.00	17.75	101.00	14.75	13.75	17.75	18.00	4.75	4.75	0.6812	38.96	
LSD	5.25	83.73	2.38	16.23	2.81	4.78	2.24	7.24	2.81	3.23	1.477	1.477	0.173	9.05	

وراثت‌پذیری عمومی صفات

(۰/۹۵) و تعداد سنبلچه در سنبله اصلی (۰/۹۵) بدست آمد (Valizadeh Kamran, 2003). در پایین بودن وراثت‌پذیری عملکرد، گزینش غیرمستقیم آن با بکارگیری برخی صفات مربوط به عملکرد می‌تواند مؤثر باشد. عملکرد دانه شدیداً تحت تأثیر محیط قرار دارد و انتخاب مستقیم برای عملکرد دانه در نسل‌های در حال تفکیک، غیرقابل اعتماد خواهد بود؛ بنابراین برای به‌نژادگران، بسیار حائز اهمیت است که صفاتی را انتخاب و معرفی کنند که همبستگی بالایی با عملکرد داشته و از وراثت‌پذیری بالایی برخوردار باشند. هم‌چنین اندازه‌گیری آن‌ها راحت و با هزینه کمتری صورت گیرد (Silva et al., 2016).

انتخاب روش اصلاحی مناسب به میزان وراثت‌پذیری صفات بستگی دارد (Larsson et al., 2021). عملکرد کل دانه (۰/۹۷)، تعداد ساقه بارور (۰/۸۰) طول سنبله اصلی (۰/۶۸)، شاخص برداشت (۰/۶۳) و طول برگ پرچم (۰/۶۲) از وراثت‌پذیری بالاتری نسبت به سایر صفات برخوردار بودند (جدول ۴). با توجه به وراثت‌پذیری بالا برای دو صفت اول و نسبتاً بالا برای سه صفت بعدی می‌توان در نسل‌های در حال تفکیک از این صفات به منظور گزینش غیرمستقیم برای عملکرد دانه بهره برد. در مطالعه‌ای روی تنوع ژنتیکی لاین‌های جو لخت، وراثت‌پذیری بالایی برای طول سنبله اصلی (۰/۸۸)، تعداد دانه در سنبله اصلی

جدول ۴- برآورد واریانس‌های مختلف و وراثت‌پذیری صفات مورد بررسی در ژنوتیپ‌های جو بهاره مورد بررسی

Table 4- Estimation of different variances and heritability of studied traits in spring barley genotypes

	عرض برگ پرچم Flag leaf width	طول برگ پرچم Flag leaf length	طول ریشک Awn length	طول سنبله Spike length	طول میانگره Internode length	قطر در محل گره Diameter at the node location	تاریخ ساقه‌دهی Shooting date	تاریخ پنجه‌دهی Tillering date	ارتفاع بوته Plant height
واریانس ژنتیکی Genetic variance	0.70	2.45	0.82	0.52	0.40	0.03	1.39	1.06	8.55
واریانس محیطی Environmental variance	2.41	5.83	2.93	0.98	1.52	0.09	9.30	2.72	23.42
وراثت‌پذیری Heritability	0.53	0.62	0.52	0.68	0.51	0.54	0.37	0.60	0.59

ادامه جدول ۴

Table 4 (Continued)

	عملکرد دانه تکی بوته Grain yield per plant	وزن ریشک Awn weight	مرحله شیری Milk stage	مرحله خمیری Dough stage	تاریخ گلدهی Flowering date	قطر در محل میانگره Diameter at the internode location
واریانس ژنتیکی Genetic variance	0.03	0.00	2.37	0.46	0.81	0.02
واریانس محیطی Environmental variance	0.19	0.00	11.22	2.62	5.47	0.07
وراثت‌پذیری Heritability	0.40	0.56	0.45	0.41	0.37	0.52

ادامه جدول ۴
Table 4 (Continued)

عملکرد کل دانه Total grain yield	تاریخ ظهور خوشه Earing date	تعداد دانه در بوته Number of grains per plant	تاریخ جوانه‌زنی Germination date	تعداد برگ در زمان ظهور سنبله Leaf number in spike emergence	تعداد دانه در سنبله Number of grains per spike	تعداد گلچه در سنبله Floret number in spike	تعداد ساقه بارور Fertile shoot number	
واریانس ژنتیکی Genetic variance	38335.85	0.68	36.57	-0.22	4.78	0.94	0.96	1.10
واریانس محیطی Environmental variance	3538.20	2.87	133.06	2.53	26.49	4.00	5.27	1.10
وراثت‌پذیری Heritability	0.97	0.48	0.52	0	0.41	0.48	0.42	0.80

تجزیه همبستگی صفات مورد مطالعه

(Budakli and Celik, 2012). در مطالعه‌ای دیگر روی ارقام گندم، ارتباط مثبتی بین صفات تعداد سنبلچه در متر مربع، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و تعداد سنبلچه در سنبله با عملکرد دانه وجود داشت (Babaei Zarch *et al.*, 2014). همچنین در گزارشی دیگر، بین عملکرد دانه گندم و صفات وزن هزار دانه، تعداد دانه در سنبله و تعداد روز تا رسیدگی، همبستگی مثبت و معنی‌داری مشاهده شده است (Sadeqh Qol *et al.*, 2011).

تجزیه علیت عملکرد دانه با صفات موثر بر آن

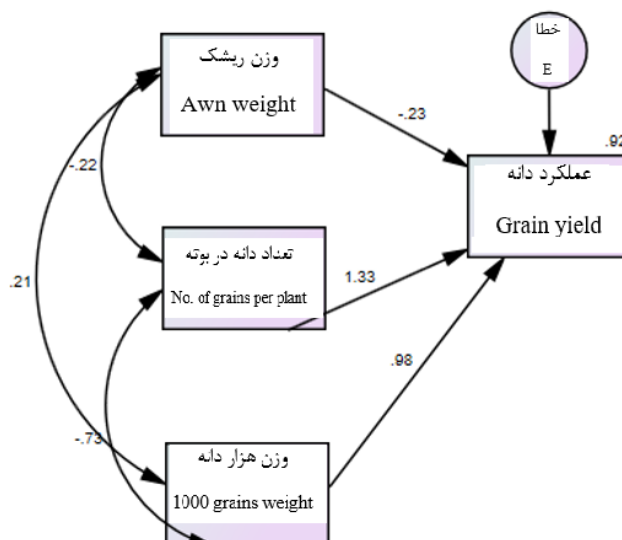
رگرسیون گام به گام برای حذف صفات غیر موثر بر عملکرد دانه کل انجام شد که صفات تعداد دانه در بوته، وزن هزار دانه و وزن ریشک در مدل وارد شدند. برای صفات فوق تجزیه علیت انجام شد که نتایج در شکل ۱ دیده می‌شود. صفات تعداد دانه در بوته و وزن هزار دانه اثرات مستقیم مثبت و صفت وزن ریشک اثر مستقیم منفی روی عملکرد دانه کل داشتند. بالا بودن اثر مستقیم تعداد دانه در بوته در بررسی‌های پیشین گزارش شده است (Garcia Del Moral *et al.*, 1985; 1991) که بالاتر از همبستگی آن با عملکرد بود. پس با ثابت بودن سایر صفات، افزایش تعداد دانه در بوته روی عملکرد دانه مؤثر است. اثر غیر مستقیم این صفت از طریق صفات دیگر روی عملکرد تک بوته ناچیز بود. اثر مستقیم وزن هزار دانه روی عملکرد دانه کل نیز در مرتبه دوم بعد از تعداد دانه در بوته قرار داشت. در عین حال در برخی از بررسی‌های انجام یافته، اثر مستقیم وزن هزار دانه مثبت

همبستگی بین صفات در برنامه‌های اصلاحی از اهمیت زیادی برخوردار است. به دلیل این‌که به‌نژادگران را برای انتخاب غیرمستقیم برای صفات مهم زراعی از طریق صفات دیگر با اندازه‌گیری آسان، یاری خواهد کرد. آگاهی نداشتن از ارتباط و همبستگی صفات و انتخاب یکطرفه برای صفات زراعی ممکن است در برنامه‌های اصلاحی منجر به نتیجه کمتر از انتظار شود (Silva *et al.*, 2016). همبستگی مثبتی بین ساقه‌دهی با صفات تاریخ آبلستن و ظهور خوشه با صفات گل‌دهی، مرحله شیری، مرحله خمیری، رسیدگی، تعداد گلچه در سنبله، تعداد دانه و تعداد دانه در بوته وجود داشت. هم‌چنین گل‌دهی با مرحله خمیری همبستگی مثبت معنی‌داری داشت. تعداد ساقه بارور با صفت تعداد دانه و وزن کل بوته همبستگی مثبت و با صفت وزن هزار دانه همبستگی منفی وجود داشت. تعداد گلچه در سنبله با تعداد دانه در سنبله، تعداد دانه در بوته و وزن کل بوته همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت. عملکرد دانه در تک‌بوته با صفات بیوماس تک‌بوته و بیوماس کل کرت همبستگی مثبت و هم‌چنین همبستگی منفی و معنی‌داری بین عملکرد دانه در تک‌بوته با شاخص برداشت وجود داشت. عملکرد کل بوته با صفت بیوماس تک‌بوته همبستگی مثبت و معنی‌دار و با صفت شاخص برداشت همبستگی منفی وجود داشت (جدول درج نشده است).

در همین رابطه، همبستگی مثبت و معنی‌داری بین عملکرد ارقام جو با ارتفاع بوته، طول پدانکل، تعداد دانه در بوته، وزن هزار دانه، عملکرد کاه و شاخص برداشت گزارش شده است

دانه کل اثر مستقیم مثبت و بالایی داشتند ولی اثر مستقیم وزن ریشک روی عملکرد دانه کمتر از این دو صفت بود؛ بنابراین، تعداد دانه و وزن هزار دانه از مهم‌ترین اجزای عملکرد دانه در جو بهاره محسوب شدند که می‌توان از این صفات در امر گزینش در نسل‌های در حال تفرق استفاده به عمل آورد.

و زیاد عنوان شده است (Tewari, 1981; Puri *et al.*, 1982). تفاوت در نتایج آزمایش‌ها را می‌توان به نوع ژنوتیپ‌های مورد استفاده و تفاوت شرایط محیطی نسبت داد. در نهایت وزن ریشک اثر مستقیم منفی ولی ناچیز روی عملکرد دانه داشت. در تجزیه علیت عملکرد دانه با صفات مؤثر بر آن می‌توان اظهار داشت که تعداد دانه در بوته و وزن هزار دانه روی عملکرد



شکل ۱- دیاگرام علیت صفات مؤثر بر عملکرد دانه کل در ژنوتیپ‌های جو بهاره مورد بررسی

Figure 1- Path diagram of traits affecting total grain yield in spring barley genotypes

۵). سه مؤلفه اصلی اول ۵۲/۸۸ درصد از تنوع را توجیه کردند. مؤلفه اول ۲۶/۴۹ درصد از تنوع کل را توجیه کرد. این مقادیر برای مؤلفه‌های دوم و سوم به ترتیب ۱۷/۲۳ و ۹/۱۵۲ درصد بود. در مؤلفه اول، صفات تاریخ آبستنی (۰/۸۸۴)، تعداد دانه در سنبله (۰/۸۵۵)، تاریخ گل‌دهی (۰/۷۷۶)، عرض برگ پرچم (۰/۸۸۳) دارای ضرایب مثبت و ارزش بالا بودند. با توجه به صفات ذکر شده به‌طور کلی می‌توان مؤلفه اول را به‌عنوان مؤلفه عملکرد دانه نام‌گذاری کرد. در مؤلفه دوم، صفات ارتفاع بوته (۰/۸۸۵)، ساقه‌دهی (۰/۸۸۰)، طول برگ پرچم (۰/۸۷۳) دارای ضریب مثبت بزرگ و صفات وزن هزار دانه (۰/۳۸۷-) و وزن کل بوته (۰/۳۷۷-) دارای ضرایب منفی بالا بودند. مؤلفه دوم را می‌توان تعداد برگ (مؤلفه رشد) نام‌گذاری کرد. در مؤلفه سوم، صفات ظهور خوشه (۰/۵۸۶)، مرحله شیری (۰/۷۳۹) و تعداد دانه در بوته (۰/۵۷۰) دارای ضرایب و ارزش بالا بودند. مؤلفه سوم را می‌توان صفات مربوط به رسیدگی نام‌گذاری کرد. از این مؤلفه‌ها می‌توان برای انتخاب ژنوتیپ‌های مناسب جو استفاده کرد.

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس صفات اندازه‌گیری شده

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به‌منظور تفسیر روابط موجود میان صفات و گروه‌بندی آن‌ها بر مبنای این روابط استفاده می‌شود تا از این راه مهم‌ترین صفات مؤثر بر عملکرد و نیز عوامل پنهانی که موجب پدید آمدن ساختار خاص ماتریس کواریانس (همبستگی) میان صفات شده‌اند، شناسایی شوند و گروه‌هایی از متغیرها که بیشترین همبستگی درون‌گروهی را دارند و با دیگر گروه‌ها کمترین همبستگی را نشان می‌دهند مشخص شوند (Tadesse and Bekele, 2001). مطالعات زیادی در ارتباط با ارزیابی صفات و تعیین ماهیت، اهمیت و ارتباط آن‌ها با عملکرد دانه جو با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و سایر روش‌های چندمتغیره انجام شده است. در بیشتر این تحقیقات، بحث در مورد ارتباط بین صفات با عملکرد دانه و نهایتاً گروه‌بندی آن‌ها شده است (Drikvand *et al.*, 2011; Zeng, 2015). تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس میانگین صفات در ۲۸ ژنوتیپ جو انجام شد (جدول

جدول ۵- نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای ۲۷ ژنوتیپ جو

Table 5- Results of principal components analysis for 27 barley genotypes

صفت Trait	مؤلفه اصلی Principal Component						
	1	2	3	4	5	6	7
تاریخ جوانه‌زنی Germination date	0.595	0.234	-0.193	0.134	-0.351	-0.163	0.367
رشد گیاهچه Seedling growth	0.392	0.460	0.324	-0.612	-0.036	<u>-0.070</u>	-0.102
تاریخ پنجه‌دهی Tillering date	0.309	0.516	0.294	-0.635	-0.100	-0.080	<u>0.014</u>
تاریخ ساقه‌دهی Shooting date	0.021	0.880	-0.223	0.095	0.099	0.128	-0.265
تاریخ آبستنی Booting date	<u>0.884</u>	0.133	-0.065	0.164	-0.233	0.105	-0.102
تاریخ ظهور خوشه Earing date	0.133	-0.255	0.586	<u>0.322</u>	0.229	0.066	<u>0.481</u>
تاریخ گلدهی Flowering date	0.776	-0.172	-0.081	-0.088	0.350	-0.150	0.112
مرحله شیری Milk stage	-0.143	<u>-0.065</u>	<u>0.739</u>	<u>0.004</u>	-0.268	0.161	0.256
مرحله خمیری Dough stage	<u>-0.096</u>	-0.138	0.346	0.377	-0.168	<u>0.543</u>	-0.320
تاریخ رسیدگی Maturity date	0.659	0.070	-0.134	0.320	-0.201	-0.311	0.221
تعداد ساقه بارور Fertile shoot number	0.575	0.022	<u>0.030</u>	-0.335	0.098	0.330	0.041
تعداد گلچه در سنبله Floret number in spike	0.596	-0.283	-0.089	-0.236	<u>0.389</u>	0.352	-0.045
تعداد دانه در سنبله Number of grains per spike	0.588	0.032	-0.012	0.046	0.504	-0.318	0.025
تعداد دانه در بوته No. of grains per plant	0.855	0.025	0.570	0.087	-0.117	-0.402	-0.400
وزن کل بوته Plant total weight	0.271	-0.377	0.317	0.309	0.295	-0.276	-0.444
وزن هزار دانه 1000 grains weight	0.557	-0.387	0.002	-0.029	0.225	0.333	0.084
ارتفاع بوته Plant height	0.069	<u>0.885</u>	0.156	0.301	0.216	0.132	0.058
طول برگ پرچم Flag leaf length	0.034	0.873	0.148	0.313	0.183	0.115	0.073
عرض برگ پرچم Flag leaf width	0.883	0.144	-0.063	0.160	-0.236	0.110	-0.101
تعداد برگ در زمان ظهور سنبله Leaf number in spike emergence	0.477	0.141	-0.323	0.227	<u>0.018</u>	0.119	-0.092
طول ریشک Awn length	0.736	0.458	0.127	0.023	0.350	-0.064	0.162

Annicchiarico, 1988). در بررسی دیگری روی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم دوروم، دو مؤلفه اول بیشترین میزان تغییرات را توجیه نمود. صفات روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی، روز تا ۵۰ درصد گرده‌افشانی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته و طول سنبله در جهت مثبت و وزن هزار دانه در جهت منفی بیشترین سهم را در توجیه تنوع داشتند. در مؤلفه دوم بالاترین سهم در توجیه تنوع متعلق به صفات عملکرد دانه، شاخص برداشت، وزن

در مطالعه‌ای روی تنوع موجود در بین ۲۶ رقم جو زمستانه تونس از ۱۲ صفت زراعی استفاده گردید و با انجام تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، ۴ مؤلفه اصلی شناسایی شد که ۸۷ درصد از تنوع کل را توجیه کرد (Hamza et al., 2004). در پژوهشی دیگر با ارزیابی ۷ صفت زراعی و فیزیولوژیک در ۴ گروه از گندم‌های دوروم، دو مؤلفه اصلی شناسایی شد که در مجموع ۶۴ درصد از تغییرات را توجیه کرد (Pecetti and

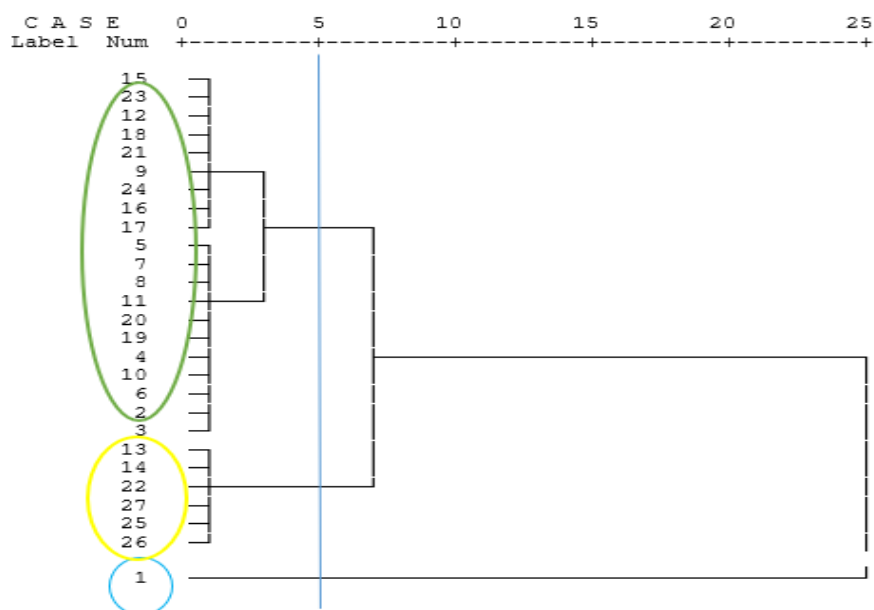
سنبله بود. عامل سوم با توجه ۱۸ درصد از تغییرات کل عامل وزنی نام گذاری شد. در عامل چهارم که ۱۲ درصد تنوع موجود را توجیه نمود، صفات ارتفاع، تعداد گره در ساقه و متوسط طول میان گره دارای بار عاملی مثبت و بالایی بودند. بالاخره در عامل پنجم طول و عرض برگ پرچم و طول غلاف برگ پرچم قرار داشتند (Saeidi, 2003).

تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌های جو بهاره

تجزیه کلاستر با فرمول $\sqrt{n}/2$ (تعداد ژنوتیپ‌ها، n) ژنوتیپ‌های مورد مطالعه جو بهاره را به سه گروه تقسیم‌بندی کرد (شکل ۲). ژنوتیپ ۱ در کلاستر اول، ژنوتیپ‌های ۲۶، ۲۵، ۲۷، ۲۲، ۱۴، ۱۳ در کلاستر دوم و بقیه ژنوتیپ‌ها در کلاستر سوم قرار گرفتند.

دانه در خوشه و تعداد دانه بود. در مؤلفه سوم صفات تعداد دانه در واحد سطح و عملکرد بیولوژیک، بیشتر از سایر صفات در تبیین تغییرات سهمیم بودند (Farahani and Arzani, 2008). در تحقیقی (Hadado *et al.*, 2009)، صفات مورفولوژیکی سنبله در جمعیت‌های محلی جو اندازه‌گیری شد و مشخص شد که تنوع در جو یک رابطه پیچیده با گستردگی در محیط اکوسیستم زراعی دارد. در این تحقیق جوهای با تعداد ردیف نامنظم و شش ردیف بیشترین فراوانی و دو ردیفه کمترین فراوانی را داشتند.

در تجزیه به عامل‌ها، حدود ۹۲ درصد واریانس توسط ۵ عامل توجیه شد. عامل اول که ۲۹ درصد واریانس داده‌ها را توجیه کرد، مربوط به ظرفیت پنجه‌دهی گیاهی بود. عامل دوم با توجه ۲۳ درصد واریانس مربوط به صفات مرتبط با ساختمان



شکل ۲- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های جو بر اساس میانگین صفات مورد ارزیابی با استفاده از روش وارد و معیار فاصله اقلیدسی

Figure 2- Dendrogram of cluster analysis of barley genotypes based on the mean of the evaluated traits using Ward's algorithm and Euclidean distance measure

میانگین‌ها، ژنوتیپ‌های کلاستر سوم می‌تواند در برنامه‌های بهنژادی برای عملکرد دانه به کار رود. هم‌چنین با توجه به تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، سه مؤلفه اصلی اول مجموعاً ۵۲/۸۸ درصد از تنوع صفات را توجیه کردند که مؤلفه اول، مؤلفه عملکرد دانه و مؤلفه دوم تعداد برگ (مؤلفه رشد) نام‌گذاری شد. از این مؤلفه‌ها می‌توان در امر گزینش برای ژنوتیپ‌های جو بهاره استفاده کرد.

نتیجه‌گیری کلی

اختلاف بین ژنوتیپ‌های جو بهاره مورد بررسی، از لحاظ تمام صفات غیر از تاریخ گل‌دهی معنی‌دار بود. تجزیه کلاستر، ژنوتیپ‌های جو بهاره را در سه گروه جای داد. ژنوتیپ ۱ در کلاستر اول، ژنوتیپ‌های ۲۶، ۲۵، ۲۷، ۲۲، ۱۴، ۱۳ در کلاستر دوم و بقیه ژنوتیپ‌ها در کلاستر سوم قرار گرفتند. با توجه به

References

- Assefa, K., Cannarozzi, G., Girma, D., Kamies, R., Chanyalew, S., Plaza-Wüthrich, S. and Tadele, Z. 2015. Genetic diversity in tef [*Eragrostis tef* (Zucc.) Trotter]. *Frontiers in Plant Science*, 6: 177.
- Babaei Zarch, M.J., Fotokian, M.H. and Mahmoodi, S. 2014. Evaluation of genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes for morphological traits using multivariate analysis methods. *Journal of Crop Breeding*, 6(14): 1-14. (In Persian).
- Baraty, M., Amiri, R., Ebrahimi, M., Naghavi, M.R. and Nikkhah, H.M. 2014. Study of genetic diversity in some agronomic traits of barley using recombinant inbred lines. *Applied Field Crop Research*, 102: 61-70. (In Persian).
- Budakli, E. and Celik, N. 2012. Correlation and path coefficient analyses of grain yield and yield components in two-rowed of barley (*Hordeum vulgare*) varieties. *Notulae Scientia Biologicae*, 4(2): 128-131.
- Daghaghel, R., Sabouri, H., Hosseini Moghaddm, H., Jorjani, E. and Fallahi, H.A. 2018. Mapping genes controlling morphological traits in F3 families caused by becher×kavir cross in barley. *Modares Journal of Biotechnology*, 9(3): 473-482. (In Persian).
- Dido, A.A., Krishna, M.S.R., Assefa, E., Degefu, D.T., Singh, B.J.K. and Tesfaye, K. 2022. Genetic diversity, population structure and relationship of Ethiopian barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces as revealed by SSR markers. *Journal of Genetics*, 101: 1-20.
- Drikvand, R., Samiei, K. and Hossinpoor, T. 2011. Path coefficient analysis in hull-less barley under rainfed condition. *Australian Journal of Basic and Applied Sciences*, 5: 277-279.
- Ebadi, A., Sahed, K. and Sanjari A.H. 2017. The effect of irrigation cut on dry matter remobilization and some of agronomy traits on spring barley. *Electronic Journal of Crop Production*, 4(4): 19-37. (In Persian).
- Farahani, Y. and Arzani A. 2008. Investigation of genetic diversity of durum wheat genotypes using multivariate analysis. *Electronic Journal of Crop Production*, 1: 51-64. (In Persian).
- Ferreira, J.R., Pereira, J.F., Turchetto, C., Minella, E., Consoli, L. and Delatorre, C.A. 2016. Assessment of genetic diversity in Brazilian barley using SSR markers. *Genetics and Molecular Biology*, 39(1): 86-96.
- Garcia Del Moral, L.F., Ramos, J.M., Garcia Del Moral, M.B. and Jimenez-Tajeda, M.P. 1991. Ontogenetic approach to grain production analysis. *Crop Science*, 31: 1179-1185.
- Garcia Del Moral, L.F., Ramos, J.M. and Recalde, L. 1985. Relationships between vegetative growth, grain yield and grain protein content in six barley cultivars. *Canadian Journal of Plant Science*, 65: 523-532.
- Gozukirmizi, N. and Karlik, E. 2017. Barley (*Hordeum vulgare* L.) improvement past, present and future. in: Kanauchi, M. (ed.), *Brewing Technology*, IntechOpen.
- Hadado, T., Rau, D., Bitocchi, E. and Papa, R. 2009. Genetic diversity of barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces from the central highlands of Ethiopia: comparison between the Belg and Meher growing seasons using morphological traits. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 56: 1131-1148.
- Hailu, F., Merker, A., Belay, G. and Johansson, E. 2006. Multivariate analysis of diversity of tetraploid wheat germplasm from Ethiopia. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53(6): 1089-1098.
- Hamza, S., Hamida, W.B., Rebai, A. and Harrabi, M. 2004. SSR-based genetic diversity assessment among Tunisian winter barley and relationship with morphological traits. *Euphytica*, 135: 107-118.
- Heidari Sharifabad, H. 2000. Plant and Drought. Publications of the Research Institute of Forest and Rangelands. (In Persian).
- Jalata, Z., Ayana, A. and Zeleke, H. 2010. Variability, heritability, and genetic advance for some yield and yield related traits in Ethiopian barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces and crosses. *International Journal of Plant Breeding and Genetics*, 5: 44-52.
- Larsson, M.N.A., Leino, M.W. and Hagenblad, J. 2021. Genetic diversity in 19th century barley (*Hordeum vulgare*) reflects differing agricultural practices and seed trade in Jämtland, Sweden. *Diversity*, 13: 315.

- Li, Z., Lhundrup, N., Guo, G., Dol, K., Chen, P., Gao, L., Chemi, W., Zhang, J., Wang, J., Nyema, T., Dawa, D. and Li, H. 2020. Characterization of genetic diversity and genome-wide association mapping of three agronomic traits in qingke barley (*Hordeum vulgare* L.) in the Qinghai-Tibet plateau. *Frontiers in Genetics*, 11: 1-15.
- Memon, S., Yang, S., Liu, X., He, X., Memon, S., Khaskheli, M.I. and Feng, Z. 2021. Assessment of genetic diversity in chinese hullless barley accessions for qualitative traits. *Bioscience Journal*, 37: 37-46.
- Mohammadi, S.A. and Prasanna, B.M. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, 43(4): 1235-1248.
- Pearce, S.R., Knox, M., Ellis, T.H.N., Flavell, A.J. and Kumar, A. 2000. Pea Ty1-copia group retrotransposons: transpositional activity and use as markers to study genetic diversity in Pisum. *Molecular and General Genetics*, 263(6): 898-907.
- Pecetti, L. and Annicchiarico, P. 1988. Agronomic value and plant type of Italian durum wheat cultivars from different eras of breeding. *Euphytica*, 99: 9-15.
- Puri, Y.P., Qualset, C.D. and Williams, A.W. 1982. Evaluation of yield components as selection criteria in barley breeding. *Crop Science*, 22: 427-431.
- Rezaei, S., Khodarahmi, M. and Mostafavi, Kh. 2012. Study of traits in different barley types using factor analysis under terminal drought stress and without stress conditions. *Journal of Agronomy and Plant Breeding*, 8(3): 149-160. (In Persian).
- Sadegh Qol Moghadam, R., Khoda Rahmi, M. and Ahmadi, G. 2011. Investigation of genetic diversity and factor analysis for grain yield and other morphological traits of bread wheat under drought stress. *Journal of Agronomy and Plant Breeding*, 7(1): 133-147. (In Persian).
- Saeidi, M. 2003. Multivariate statistical analysis of yield and yield component in barley. M.Sc. Thesis, Agriculture College, University of Zabol. (In Persian).
- Silva, T.N., Moro, G.V., Moro, F.V., Santos, D.M.M.D. and Buzinaro, R. 2016. Correlation and path analysis of agronomic and morphological traits in maize. *Journal of Revista Ciência Agrônômica*, 47: 351-357.
- Tadesse, W. and Bekele, E. 2001. Factor analysis of components of yield in grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *Lathyrus Lathyrism Newsletter*, 2: 91-93.
- Tewari, S.N. 1981. Path-coefficient analysis for grain yield and its components in a collection of barley germplasm. Proceeding of the Third International Barley Genetic Symposium. July 22-29, Edinburgh, Scotland, pp. 689-701.
- Valizadeh Kamran, R. 2003. Investigation of genetic diversity in 49 different lines of naked barley. Master Thesis in Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Tabriz. (In Persian).
- Zaheer, A., Ajmal, S.U., Munir, M., Zubair, M. and Masood, M.S. 2008. Genetic diversity for morphogenetic traits in barley germplasm. *Pakistan Journal of Botany*, 40: 1217-1224.
- Žáková, M. and Benkova, M. 2004. Genetic diversity of genetic resources of winter barley maintained in the genebank in Slovakia. *Journal of Genetic and plant Breeding*, 40: 118-126.
- Zeng, X.Q. 2015. Genetic variability in agronomic traits of a germplasm collection of hullless barley. *Genetic Molecular Research*, 14: 18356-18369.

Evaluation of genetic diversity of spring barley genotypes with respect to some phenological and morphological traits

Ramin Modarresi¹, Alireza Pourmohammad^{1*}, Behzad Sadegzadeh²

¹ Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, University of Maragheh, Maragheh, Iran

² Dryland Agricultural Research Institute, Maragheh, Iran

*Corresponding Author: Pourmohammad@ymail.com

Received: 24 May 2022

Accepted: 20 July 2022

DOI: 10.22034/CSRAR.2022.343913.1242

Abstract

Introduction: Barley (*Hordeum vulgare*) is the fourth most important crop in the world. It is commonly used for human food, malt, and animal feed. Through the study of pedigrees, morphological and biological traits, and molecular markers, it is possible to estimate the genetic diversity of crops, which plays an essential role in promoting breeding programs and preserving genetic resources. This study aims to identify superior barley genotypes in terms of phenological and morphological traits, group them using cluster analysis, and reduce the measured traits using principal component analysis.

Materials and Methods: To evaluate the genetic diversity of spring barley genotypes based on phenological and morphological traits, an experiment was conducted at Divandareh Dryland Agricultural Research Station using a randomized complete block design with 27 genotypes in four replications. In this investigation, plant height, tillering date, shooting date, flag leaf width, flag leaf length, awn length, spike length, internode length, diameter at node location, internode diameter, flowering date, dough stage, milk stage, rootlet weight, grain yield per plant, biomass per plant, total biomass, 1000 grains weight, harvest index, number of fertile stems, number of florets per spike, number of grains per spike, number of leaves at spike emergence, germination date, maturity date, number of grains per plant, spike emergence date and total grain yield were evaluated. Analysis of variance was performed, and the method of least significant differences was used to compare the means (LSD). Using Pearson's correlation coefficient, the relationship between the studied traits was determined. Principal component analysis was utilized for data reduction. Using cluster analysis, the studied genotypes were grouped. MSTATC and SPSS softwares were utilized for data analysis.

Results and Discussion: Except for flowering date, differences between genotypes were significant for the majority of traits, indicating a high level of diversity among spring barley genotypes. Greater heritability was observed for total grain yield, number of fertile shoots, main spike length, harvest index, and flag leaf length than for other traits. These traits can be used to segregate generations for indirect grain yield selection due to their high heritability. Path analysis (by stepwise regression) revealed that number of grains per plant and 1000-grain weight had a direct and significant effect on total grain yield, whereas the direct effect of awn weight on grain yield was less than that of number of grains per plant and 1000-grain weight. Therefore, grain number per plant and 1000-grain weight were the most influential factors in spring barley grain yield. Based on the evaluated traits, the cluster analysis divided the studied genotypes into three groups. The genotype 1 was found in the first cluster, the genotypes 26, 25, 27, 22, 14, 13, and the remaining genotypes were found in the third cluster. The first three principal components in principal component analysis explained 52.88 % of the total variance. The respective values for the second and third components were 17.23% and 9.15%. The traits of booting date (0.884), number of grains per spike (0.855), flowering date (0.776), and flag leaf width (0.883) had positive coefficients and high values in the first component. In the second component, plant height (0.885), shooting date (0.880), and flag leaf length (0.873) all had large positive coefficients, whereas 1000 -grain weight (-0.387) and plant weight (-0.377) had large

negative coefficients. The number of leaves can be proposed as the third component. Cluster emergence date (0.586), milk stage (0.739), and number of grains per plant (0.570) had high coefficients in the third component. The third component is maturity-related characteristics.

Conclusion: According to the means, the third cluster of genotypes can be utilized in grain yield breeding programs. Based on the results, the first component shall be designated as the grain yield and total biomass component. This component can be used for spring barley genotype selection.

Keywords: Cluster analysis, Grain yield, Principal components analysis