

Study of promising lines of grass pea (*Lathyrus sativus*) based on yield and agronomic traits in different environments using multivariate statistical methods

Alireza Pourmohammad ^a, Behrouz Vaezi ^b, Asgar Jozian ^c, Reza Pirooz ^d

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

^b Dryland Agricultural Research Institute, the Agricultural Education and Promotion Research Organization (AREEO), Gachsaran, Iran

^c Ilam Agriculture and Natural Resources Research and Education Center (AREEO), Ilam, Iran

^d Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension, Khorramabad, Iran

*Corresponding Author: pourmohammad@maragheh.ac.ir

Received: 30 September 2025 Accepted: 9 December 2025 DOI: 10.22034/CSRAR.2025.550094.1517

How to cite this article:

Pourmohammad, A., Vaezi, B., Jozian, A. and Pirooz, R., 2026. Study of promising lines of grass pea (*Lathyrus sativus*) based on yield and agronomic traits in different environments using multivariate statistical methods. *Crop Science Research in Arid Regions*, 8(1), 189-201. <https://doi.org/10.22034/csrar.2025.550094.1517>

Abstract

Introduction: Grass pea (*Lathyrus sativus*) is an annual legume valued for its high yield, protein-rich seeds, rapid spring growth, and low irrigation requirements. Its tolerance to drought, salinity, and flooding, along with its nitrogen fixation ability, makes it important in crop rotation, soil improvement, and reducing weeds and diseases. In breeding programs, yield is a complex trait with low heritability, making indirect selection through associated traits more effective. Because breeders often deal with many correlated traits, multivariate statistical methods are valuable for simplifying data and identifying useful variation. Principal component analysis, cluster analysis, and discriminant analysis enable simultaneous evaluation of genotypes based on morphological, biochemical, or molecular traits. Cluster analysis, in particular, helps group genotypes by genetic similarity and select representative parents, increasing the chance of heterosis and superior offspring. This study applied multivariate methods to evaluate and classify grass pea genotypes for breeding advancement.

In plant breeding programs, selection is based on a large number of agronomic traits with positive and negative correlations, so statistical analysis methods that reduce the number of traits affecting yield are valuable for plant breeders. Analysis of genetic diversity in germplasm, especially with increasing number of variables and sample size, requires the use of multivariate statistical methods. The use of such tools allows for accurate classification of the samples under evaluation and helps the plant breeder in identifying the genetic material needed for subsequent programs and advancing breeding goals more quickly. Multivariate statistical methods that simultaneously evaluate genotypes in terms of several traits are widely used in the evaluation of genetic diversity regardless of the type of data,



i.e. morphological, biochemical and molecular. Among the most important of these methods are principal component analysis, cluster analysis, and discriminant analysis.

Given that the foundation of plant breeding research is based on the evaluation, description, and introduction of suitable plant parents, this research was conducted with the aim of using multivariate analysis methods in grass pea genotypes.

Materials and Methods: To investigate sixteen promising lines of grass pea along with a control cultivar using multivariate statistical methods, a study was conducted at four research stations: Gachsaran, Kohdasht, Mehran, and Shirvan. The experiment was arranged in a randomized complete block design with three replications over three consecutive years (2017–2019). Nine traits were evaluated: 100-grain weight, grain yield, forage dry weight, forage fresh weight, grains per pod, pods per plant, plant height, days to seed maturity, and days to flowering.

Results: Cluster analysis using Ward's method and the Euclidean distance measure classified sixteen grass pea genotypes into three groups. The first cluster included eight genotypes (5, 6, 10, 11, 13, 14, 15, and 16). The second cluster consisted of genotypes 1, 2, 3, 4, 8, 9, and 12, while the third cluster contained a single genotype (7). In the principal component analysis, the first four components explained 77.54% of the total variation. The first component accounted for 23.18%, the second for 20.70%, the third for 17.46%, and the fourth for 16.19%. Days to flowering (0.893) had the highest positive loading in the first component; forage fresh yield (0.829) and 100-grain weight (0.733) in the second; days to grain maturity (0.642) in the third; and plant height (0.734) in the fourth. The second component, which can be regarded as the "forage yield component," may be used for selecting superior grass pea genotypes. Genotypes with the highest yield also had the highest factor scores in the principal component analysis, and these genotypes were grouped together in the cluster analysis.

Conclusion: The results of principal component and cluster analyses were generally consistent. These findings indicate significant variation among grass pea genotypes, which can be exploited in breeding programs to improve yield and other agronomic traits.

Keywords: Cluster analysis, Discriminant analysis, Grain and forage yield, Principal components analysis

بررسی لاین‌های امیدبخش خلر (*Lathyrus sativus*) براساس عملکرد و صفات زراعی در

محیط‌های مختلف با روش‌های آماری چندمتغیره

علیرضا پورمحمد^{۱*}، بهروز واعظی^۲، عسگر جوزیان^۳، رضا پیروز^۴

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

۲- موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گچساران، ایران

۳- مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی ایلام، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، ایلام، ایران

۴- مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم آباد، ایران

* مسئول مکاتبه: pourmohammad@maragheh.ac.ir

DOI: 10.22034/CSRAR.2025.550094.1517

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۷/۰۸ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۹/۱۸

چکیده

خلر (*Lathyrus sativus*) یک گیاه زراعی لگومینوز یک‌ساله است که با برخورداری از رشد سریع در بهار، در تامین بخشی از علوفه مورد نیاز کشور بدون نیاز به آبیاری فراوان، می‌تواند نقش مهمی را در مناطق خشک و نیمه‌خشک ایفاء کند. به‌منظور بررسی شانزده لاین امیدبخش خلر، پژوهشی در چهار ایستگاه تحقیقاتی در قالب طرح RCB با سه تکرار و در سه سال متوالی ۱۳۹۸-۱۳۹۶ انجام گردید و نه صفت زراعی، ارزیابی شدند. تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها را به سه گروه، خوشه‌بندی کرد. خوشه نخست از نظر همه صفات غیر از صفات تعداد غلاف در بوته و تعداد دانه در غلاف، ارزش بالاتر از میانگین کل داشت. بنابراین، ژنوتیپ‌های این گروه را می‌توان برای بهبود عملکرد دانه و علوفه مورد استفاده قرار داد. در مقابل خوشه دوم از نظر بیشتر صفات غیر از صفات تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف و عملکرد دانه، ارزش پایین‌تر از میانگین کل داشت. از این‌رو، ژنوتیپ‌های این گروه را می‌توان برای بهبود عملکرد دانه به کار برد. در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، مؤلفه دوم عملکرد علوفه نام‌گذاری گردید که از آن می‌توان در امر گزینش برای ژنوتیپ‌های برتر خلر استفاده کرد. ژنوتیپ‌های با بیشترین عملکرد، دارای بیشترین مقادیر مؤلفه در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بودند و همین ژنوتیپ‌ها در تجزیه خوشه‌ای در یک گروه قرار گرفتند. به‌طور کلی می‌توان نتیجه گرفت که بین ژنوتیپ‌های خلر، تنوع قابل توجهی وجود داشت که از آن می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی به‌منظور اصلاح عملکرد و سایر صفات از جمله تحمل به خشکی استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه تابع تشخیص، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، عملکرد دانه و علوفه

مقدمه

مهم‌ترین این روش‌ها می‌توان به تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه خوشه‌ای و تجزیه تابع تشخیص اشاره کرد (Mohammadi and Prasanna, 2003). هدف کلی از تجزیه چندمتغیره، در نظر گرفتن همزمان چندین متغیر است که با یکدیگر در ارتباط بوده و هر یک از آن‌ها در ابتدای تجزیه داده‌ها از نظر محقق دارای اهمیت یکسان می‌باشد (Johnson and Wichern, 2007).

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، روش آماری چندمتغیره قدرتمندی است که برای کاهش تعداد زیادی از صفات هم‌بسته به تعداد کمی از مؤلفه‌های اصلی و تشریح همبستگی بین متغیرها به کار برده شده است (Roshandel et al., 2016). تجزیه به مؤلفه‌های اصلی یک روش آماری برای کاهش ابعاد اطلاعات و داده‌ها است، به‌نحوی که اطلاعاتی که واریانس

خلر (*Lathyrus sativus*)، یک گیاه زراعی لگومینوز یک‌ساله است که برای مصرف حیوان یا انسان کشت می‌شود و در مناطق نیمه‌خشک و خشک رشد می‌کند. این جنس دارای ویژگی‌های زراعی سودمند متعددی مانند ظرفیت بالای تولید دانه و محتوای پروتئین بالای دانه‌های آن و تحمل به تنش خشکی می‌باشد. این محصول، غنی از مواد مغذی و مقاوم در برابر اقلیم است که در اکوسیستم‌های کشاورزی مختلفی رشد می‌کند (Tokarz et al., 2020).

روش‌های آماری چندمتغیره که به‌طور همزمان ژنوتیپ‌ها را از نظر چندین خصوصیت مورد ارزیابی قرار می‌دهند به‌طور گسترده در ارزیابی تنوع ژنتیکی صرف نظر از نوع داده‌ها یعنی مورفولوژیک، بیوشیمیایی و مولکولی استفاده می‌شوند. از جمله

برای پیشبرد برنامه‌های اصلاحی در جهت توسعه ارقام جدید مورد استفاده قرار گیرند (Majidi and Mirlohi, 2009). در تحلیل چندمتغیره، ارتباط خصوصیات مختلف در توده‌های اسپرس، تجزیه به عامل‌ها به روش مؤلفه‌های اصلی با چرخش وریماکس، پنج عامل اول در مجموع ۷۵ درصد از کل تنوع موجود بین صفات را توجیه نمودند (Dadkhah et al., 2011). در تجزیه به عامل‌های صفات مؤثر بر عملکرد ماش، چهار عامل بیشترین تغییرات موجود را توجیه کردند و عامل دوم که شامل صفات تعداد غلاف در بوته، شاخص برداشت و عملکرد اقتصادی بود، مهم‌تر از سایر عوامل تشخیص داده شد (Zabet and Hoseinzadeh, 2011).

تجزیه به عامل‌ها به روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در ژنوتیپ‌های لوبیا، صفات را به هفت عامل اصلی تقسیم کرد که بیش از ۷۶ درصد تغییرات کل داده‌ها را توجیه کردند (Ghanbari et al., 2017). در گلرنگ، تجزیه به عامل‌ها نشان داد که چهار عامل، حدود ۲۸ درصد تغییرات را توجیه نمودند که عامل‌ها به ترتیب عملکرد دانه، وزن و تعداد دانه، اندازه غوزه و آب برگ نام‌گذاری شدند (Aminian et al., 2019). در انتخاب گروهی لاین‌های اینبرد گندم، تجزیه خوشه‌ای به روش وارد، لاین‌ها را در سه خوشه گروه‌بندی کرد (Abedi and Saba, 2019).

براساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در صفات مؤثر بر عملکرد گندم، سه مؤلفه اول در مجموع ۷۲ درصد از تغییرات، داده‌ها را توجیه کردند که صفات شاخص برداشت سنبله و شاخص برداشت به‌عنوان معیارهایی مناسب در انتخاب لاین‌ها، تأثیر قابل‌توجهی در واریانس دو مؤلفه اول داشتند. همچنین تجزیه خوشه‌ای به روش وارد، لاین‌های مورد بررسی را در چهار گروه قرار داد که نتایج حاصله از تجزیه تابع تشخیص نیز این گروه‌بندی را تایید کرد (Moosavi et al., 2013).

در مطالعه‌ای دیگر، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در ارقام کلزای بهاره نشان داد که صفات تعداد دانه در غلاف، وزن هزاردانه، شاخص برداشت و عملکرد دانه بیشترین همبستگی را با مؤلفه اول و صفات تعداد روز تا رسیدگی، تعداد روز تا گلدهی و طول دوره گلدهی بیشترین همبستگی را با مؤلفه دوم داشتند. بنابراین امکان استفاده از این صفات در برنامه‌های اصلاحی برای بهبود عملکرد دانه ارقام بهاره کلزا به‌عنوان معیار انتخاب وجود

بیشتری توجیه می‌نمایند، در مؤلفه‌های اولیه قرار می‌گیرند. از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی جهت کاهش متغیرهای اولیه، توصیف و تشریح تنوع کل موجود در یک جامعه و تبیین سهم صفات در تنوع کل استفاده می‌شود. در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، هدف اساسی بیان وجود روابط کوواریانس میان بسیاری از متغیرها براساس چند کمیت تصادفی غیرقابل مشاهده است که مؤلفه‌ها نامیده می‌شوند (Guertin and Bailey, 1982).

در تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های گاوآینه، ژنوتیپ‌های مورد بررسی در سه گروه قرار گرفتند. همچنین تجزیه به عامل‌ها، منجر به شناسایی سه عامل شد که در مجموع ۷۶/۵۹ درصد از کل تغییرات داده‌ها را به‌خود اختصاص دادند. ویژگی‌های فنولوژیک، عملکرد و اجزای عملکرد از عوامل مهم و تعیین‌کننده کل تغییرات بودند (Mardani et al., 2024). در ارزیابی عملکرد و اجزای عملکرد دانه ژنوتیپ‌های باقلا، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، شش مؤلفه را معرفی کرد که حدود ۸۰ درصد از تغییرات را توجیه کرد (Astaraki et al., 2020). در ارزیابی تنوع ژنتیکی فسکیوی پابلند (*Festuca arundinacea* Schreb) تجزیه به مؤلفه‌های اصلی موجب معرفی سه مؤلفه شد که ۸۰ درصد از تغییرات را توجیه کردند. در تجزیه خوشه‌ای بیشترین تمایز بین گروه‌ها با سه خوشه حاصل شد و با برش دندروگرام، ژنوتیپ‌ها در سه گروه قرار گرفتند (Rahimi et al., 2020).

در گروه‌بندی برخی توده‌های بومی شنبلیله (*Trigonella foenum-graecum*) ایرانی با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره، تجزیه به عامل‌ها صفات مورد بررسی را در شش عامل اصلی و مستقل قرار داد که این عامل‌ها، مجموعاً ۸۰/۷۴ درصد واریانس کل را توجیه کردند. همچنین براساس تجزیه خوشه‌ای، توده‌ها در سه گروه قرار گرفتند و هر گروه به‌ترتیب سه، دو و هشت توده را شامل شدند (Hasani Jifroudi and Mohebodini, 2016).

با تجزیه به عامل‌ها در ژرم‌پلاسم فسکیوی بلند، چهار عامل اول در مجموع ۸۱ درصد از کل تنوع موجود بین صفات را توجیه نمودند. نتایج تجزیه خوشه‌ای برمبنای خصوصیات فنوتیپی، نمونه‌های مورد مطالعه را در پنج گروه مجزا تقسیم‌بندی کرد که نمونه‌های دارای فاصله ژنتیکی گسترده می‌توانند پس از مطالعات بیشتر به‌عنوان کاندیداهای مناسب

مواد و روش‌ها

در این آزمایش، شانزده لاین امیدبخش خلر به همراه رقم شاهد نقده (جدول ۱) که از مرکز بین‌المللی تحقیقات کشاورزی در نواحی خشک (ICARDA) تهیه شده بود در چهار ایستگاه تحقیقات کشاورزی دیم واقع در گچساران، کوه‌دشت، مهران و شیروان در سه سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶، ۹۸-۱۳۹۷ و ۹۹-۱۳۹۸ مورد مطالعه قرار گرفتند. پژوهش در هر محیط در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار انجام شد. هر کرت آزمایشی شامل چهار ردیف کاشت به طول ۴/۵ متر با فاصله ردیف ۲۵ سانتی‌متر بود. عملیات کاشت با استفاده از دستگاه بذرکار با تراکم ۱۵۰ بذر در مترمربع صورت گرفت. صفاتی که مورد ارزیابی قرار گرفتند عبارت بودند از تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی دانه، ارتفاع بوته، تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف، وزن تر علوفه، وزن خشک علوفه، عملکرد دانه و وزن صد دانه.

میانگین کل داده‌های به‌دست آمده برای هر ژنوتیپ در تمام محیط‌ها (سال‌ها و مکان‌ها) با روش‌های آماری چندمتغیره شامل تجزیه خوشه‌ای، تجزیه تابع تشخیص و تجزیه به مولفه‌های اصلی مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. برای تجزیه خوشه‌ای از معیار فاصله اقلیدسی و روش وارد استفاده شد. برای تعیین خصوصیات هر گروه حاصل از تجزیه خوشه‌ای از نظر صفات مورد مطالعه، میانگین هر خوشه برای هر صفت و درصد انحراف آن از میانگین کل محاسبه شد. تجزیه به مولفه‌های اصلی با استفاده از ماتریس همبستگی صورت گرفت. برای تجزیه و تحلیل داده‌ها از نرم‌افزارهای SPSS و NTSYS استفاده گردید.

نتایج و بحث

تجزیه و تحلیل داده‌ها به صورت تجزیه مرکب برای تمام مکان‌ها و سال‌ها (محیط‌ها) انجام شد که حاکی از معنی‌دار بودن اثر سال، اثر مکان و اثر متقابل سال × مکان برای تمام صفات اندازه‌گیری شده بود. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای اکثر صفات تفاوت معنی‌داری نشان دادند که نمایانگر اختلاف ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد می‌باشد. اثر متقابل سه جانبه سال × مکان × ژنوتیپ برای اکثر صفات، معنی‌دار بود (نتایج درج نشده‌اند). بنابراین با توجه به معنی‌دار بودن تفاوت

داشت (Moradi and Soltani Hoveize, 2016).

در مطالعه ژرم پلاسسم ۴۰۰ نمونه خلر از مناطق جغرافیایی مختلف با استفاده از تجزیه خوشه‌ای، نمونه‌ها به دو گروه اصلی و یک زیرگروه تقسیم شد که ژرم پلاسسم مورد آزمایش را از نظر ساختار، بسیار متنوع نشان داد (Rahman et al., 2022). در مطالعه‌های دیگر، تنوع ژنتیکی سه گونه لاتپروس با استفاده از صفات زراعی ارزیابی شد که با تجزیه به مولفه‌های اصلی، صفات فنوتیپی وزن هزاردانه و محتوای پروتئین، بیشترین تمایز را نشان دادند. تجزیه خوشه‌ای براساس صفات زراعی، نمونه‌های ژنی را براساس گونه گروه‌بندی کرد. تنوع شناسایی شده در داخل نمونه‌های هر گونه و تفاوت‌های بین گونه‌ها ممکن است برای برنامه‌های اصلاحی بعدی، با تمرکز بر تولید زیست توده و همچنین محتوای پروتئین، مفید باشد (Aci et al., 2020).

در مطالعه‌ای دیگر روی خلر، تجزیه به مولفه‌های اصلی، پنج مؤلفه اصلی را ارائه داد و تجزیه خوشه‌ای، نمونه‌های مورد مطالعه را به چهار گروه تقسیم کرد (Kr et al., 2025). نمونه‌های برتر و متنوع شناسایی شده می‌توانند برای اصلاح خلر و بازگرداندن لگوم طلایی به کشت در مقیاس بزرگ مورد استفاده قرار گیرند. در مطالعه تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های خلر براساس صفات مورفولوژیکی در مجموع ۷۴ درصد تنوع با تجزیه به مولفه‌های اصلی با شش مقدار ویژه اول توجیه شد. در تجزیه خوشه‌ای، بیشترین تعداد ژنوتیپ متعلق به خوشه پنجم و کمترین آن متعلق به خوشه سوم بود (Ahamed et al., 2012).

در پژوهشی دیگر، تنوع ژنتیکی در ژنوتیپ‌های خلر برای سیزده صفت مورفولوژیکی از طریق تجزیه چندمتغیره ارزیابی شد. ژنوتیپ‌ها از طریق تجزیه کلاستر در پنج خوشه گروه‌بندی شدند. در مجموع ۸۴ درصد تنوع با تجزیه به مولفه‌های اصلی توسط سیزده مقدار ویژه اول توجیه گردید (Rahman et al., 2010).

با توجه به این‌که پایه و اساس پژوهش‌های به‌نژادی بر ارزیابی، توصیف و معرفی والدین گیاهی برای انجام برنامه‌های اصلاحی مناسب استوار است، این پژوهش با هدف استفاده از روش‌های تجزیه و تحلیل چندمتغیره در ژنوتیپ‌های خلر انجام گرفت.

بین ژنوتیپ‌ها برای درک بیشتر خصوصیات ژنوتیپ‌ها از تجزیه‌های چندمتغیره استفاده گردید.

تجزیه تابع تشخیص و تجزیه کلاستر

از تجزیه تابع تشخیص برای تعیین نقطه برش دندروگرام استفاده گردید (جدول ۲). بدین صورت که در حالتی که بالاترین سطح معنی‌داری و در نتیجه بیشترین تفاوت بین ژنوتیپ‌ها وجود داشت، یعنی تعداد سه خوشه، به‌عنوان نقطه برش دندروگرام در نظر گرفته شد (Johnson and Wichern, 2007). تجزیه خوشه‌ای با روش وارد و براساس معیار فاصله اقلیدسی، شانزده ژنوتیپ خلر را به سه خوشه یا گروه،

خوشه‌بندی کرد (شکل ۱). خوشه نخست شامل هشت ژنوتیپ ۵، ۶، ۱۰، ۱۱، ۱۳، ۱۴، ۱۵ و ۱۶ بود. خوشه دوم ژنوتیپ‌های ۱، ۲، ۳، ۴، ۸، ۹ و ۱۲ را در بر داشت و خوشه سوم دارای تک ژنوتیپ ۷ بود. ضریب کوفنتیک روش وارد با نرم‌افزار NTSYS برابر ۰/۸۱ محاسبه شد که نشان‌دهنده این است الگوریتم وارد به خوبی توانسته است داده‌های اولیه را به درخت کلاستر تبدیل کند. نمودار درختی تجزیه خوشه‌ای، تنوع قلیل‌توجهی را بین ژنوتیپ‌ها نشان داد و قرار گرفتن ژنوتیپ‌های مطالعه شده در گروه‌های متفاوت نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی قابل‌ملاحظه‌ای است که از این تنوع می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی استفاده کرد.

جدول ۱- شانزده لاین امیدبخش خلر مورد استفاده در پژوهش

Table 1- Sixteen promising lines of grass pea used in the research

Genotype number شماره ژنوتیپ	Origin منشاء
1	یونان (یونان-۱) Greece (Greece-I)
2	یونان (یونان-۲) Greece (Greece-II)
3	---
4	مراکش Morocco
5	اتیوپی Ethiopia
6	مجارستان Hungary
7	هند India
8	بنگلادش (بنگلادش ۱) Bangladesh (Bangladesh-I)
9	بنگلادش (بنگلادش ۲) Bangladesh (Bangladesh-II)
10	یونان (یونان-۳) Greece (Greece-III)
11	روسیه Russia
12	بنگلادش (بنگلادش ۳) Bangladesh (Bangladesh-III)
13	بنگلادش (بنگلادش ۴) Bangladesh (Bangladesh-IV)
14	یونان (یونان-۴) Greece (Greece-IV)
15	بنگلادش (بنگلادش ۵) Bangladesh (Bangladesh-V)
16	نقده (شاهد بومی) Naghadeh (Local Check)

ژنوتیپ‌هایی از مناطق مشابه در کلاسترهای متفاوتی قرار گرفتند و برعکس، که این نتیجه می‌تواند نشان‌دهنده عدم وجود رابطه بین تنوع ژنتیکی و جغرافیایی باشد (Tyagi and Kahn, 2010). تجزیه خوشه‌ای ۳۶۸ ژنوتیپ خلر، ژنوتیپ‌ها را به ۱۹ خوشه مجزا گروه‌بندی کرد (Parihar et al., 2013). با بررسی ۲۰ ژنوتیپ خلر از نظر ۲۵ صفت مورفولوژیک، فنولوژیک و زراعی، ژنوتیپ‌ها در سه گروه خوشه‌بندی گردیدند و ژنوتیپ‌های مختلف از نظر دستیابی به حداکثر هتروزیس و انتخاب بهترین والدین از هم متمایز شدند (Danesh Gylvaie et al., 2011). در تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های گاوآنه، ژنوتیپ‌های مورد بررسی در سه گروه قرار گرفتند (Mardani et al., 2024). در تجزیه خوشه‌ای لاین‌های اینبرد نو ترکیب گندم دوروم، لاین‌های مورد ارزیابی به چهار خوشه گروه‌بندی شدند (Taheri et al., 2023).

ژنتیکی صورت گیرد. بنابراین دورگ‌گیری می‌تواند با ژنوتیپ‌های متعلق به خوشه‌های متفاوت با میانگین بالا برای اکثر صفات شروع شود. پیشنهاد می‌شود ژنوتیپ‌های متنوع از این گروه‌ها همراه با سایر ویژگی‌های مطلوب در برنامه‌های اصلاحی استفاده شوند تا تفکیک بهتری برای عملکرد بالا و اجزاء عملکرد حاصل گردد. در تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌های مختلف لوبیا، چهار کلاستر به‌دست آمد که ژنوتیپ‌های موجود در کلاستر اول از نظر میانگین صفات وزن غلاف با بذر، تعداد غلاف در بوته، تعداد بذر در بوته و عملکرد تک‌بوته، بالاترین مقدار را داشتند و ژنوتیپ‌های موجود در کلاستر چهارم در اکثر صفات کمترین میزان میانگین را نشان دادند. این نتایج نشان داد که تلاقی ژنوتیپ‌های این دو کلاستر، امکان تولید هیبریدهای زودرس با میانگین عملکرد بالا را نوید می‌دهد (Shafiee Khorshidi et al., 2012). در پژوهشی دیگر، نتایج حاصل از تجزیه کلاستر ۴۰ ژنوتیپ عدس نشان داد که

جدول ۳- میانگین و انحراف سه کلاستر حاصل از تجزیه خوشه‌ای برای صفات مورد ارزیابی در ۱۶ ژنوتیپ خلر

Table 3- Mean and deviation of three clusters resulting from cluster analysis for the evaluated traits in 16 grass pea genotypes

خوشه Cluster	وزن صد دانه (g) 100 grains weight	عملکرد دانه (t/ha) Grain yield	عملکرد خشک علوفه (t/ha) Forage dry yield	عملکرد تر علوفه (t/ha) Forage fresh yield	تعداد دانه در غلاف Grains per pod	تعداد غلاف در بوته Pods per plant	تعداد روز ارتفاع بوته (cm) Plant height	تعداد روز تا رسیدگی دانه Days to grain maturity	تعداد روز تا گلدهی Days to flowering
1	میانگین Mean	10.07	1.42	4.87	14.96	3.24	25.21	65.51	122.63
	انحراف Deviation	0.75	0.77	0.54	0.84	-0.01	-3.10	0.92	0.30
2	میانگین Mean	9.92	1.42	4.81	14.83	3.27	26.68	62.54	121.85
	انحراف Deviation	-0.79	0.84	-0.70	-0.05	0.81	2.53	-3.66	-0.35
3	میانگین Mean	9.95	1.24	4.88	13.89	3.06	27.87	76.80	122.33
	انحراف Deviation	-0.49	-12.07	0.61	-6.38	-5.53	7.09	18.30	0.05

مولفه اول تا چهارم در جدول ۴ نشان داده شده است. برای تهیه ضرایب ماتریس مولفه، آن تعداد مولفه که ریشه مشخصه آنها بزرگتر از یک بودند انتخاب شدند. در تجزیه به مولفه‌های اصلی شانزده ژنوتیپ خلر براساس میانگین صفات، چهار مؤلفه اصلی اول ۷۷/۵۴ درصد از تغییرات را توجیه کردند. مولفه اول ۲۳/۱۸

تجزیه به مولفه‌های اصلی

به‌منظور بررسی واکنش ژنوتیپ‌ها براساس صفات اندازه‌گیری شده از روش تجزیه به مولفه‌های اصلی استفاده شد. پارامترهای حاصل از تجزیه به مولفه‌های اصلی شامل مقادیر ویژه، درصد واریانس توجیه‌شده و درصد واریانس تجمعی، برای

درصد از تنوع کل را نشان داد. این مقادیر برای مؤلفه‌های دوم، سوم و چهارم به ترتیب ۲۰/۷۰، ۱۷/۴۶ و ۱۶/۱۹ درصد بود. ضریب همبستگی صفات اندازه‌گیری شده با مؤلفه‌ها در جدول ۵ نشان داده شده است. در مؤلفه اول صفت تعداد روز تا گلدهی (۰/۸۹۳)، در مؤلفه دوم عملکرد تر علوفه (۰/۸۲۹) و وزن صد دانه (۰/۷۳۳)، در مؤلفه سوم تعداد روز تا رسیدگی دانه (۰/۶۴۲) و در مؤلفه چهارم ارتفاع بوته (۰/۷۳۴) ضریب مثبت بزرگ داشت. در مجموع می‌توان، مؤلفه دوم را مؤلفه عملکرد علوفه نام‌گذاری کرد و از آن در امر گزینش برای ژنوتیپ‌های برتر خلر استفاده کرد. در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی ژنوتیپ‌های خلر ۵۰ درصد تغییرات کل در دو مؤلفه اول وجود داشت و صفات عملکرد بوته، تعداد غلاف در بوته، عملکرد دانه و بیولوژیک با بیشترین مقادیر در مؤلفه اول تبیین شدند (Parihar et al., 2013).

تجزیه به عامل‌های ژنوتیپ‌های گاودانه (*Vicia ervilia* L) منجر به شناسایی سه عامل شد که در مجموع ۷۶/۵۹ درصد از کل تغییرات داده‌ها را به خود اختصاص دادند. ویژگی‌های فنولوژیک، عملکرد و اجزای عملکرد از عوامل مهم و تعیین‌کننده کل تغییرات بودند (Mardani et al., 2024). در تجزیه به عامل‌های لاین‌های اینبرد نوترکیب گندم دوروم، شش عامل مشخص شد که این عوامل ۸۹/۳ درصد از تغییرات داده‌ها را تبیین کردند (Taheri et al., 2023). در بررسی انجام یافته در ژنوتیپ‌های مختلف نخود، ضرایب همبستگی متغیرها با مؤلفه‌های اصلی نشان داد که صفات تعداد کل غلاف در بوته، وزن دانه تک‌بوته، وزن صد دانه، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، وزن خشک ساقه تک‌بوته و تعداد دانه در بوته، مهم‌ترین صفات در مؤلفه اول بودند و مؤلفه اول را مؤلفه موثر

بر عملکرد نام‌گذاری کردند. یعنی ضرایب صفات در مؤلفه اول نشان‌دهنده این است که ژنوتیپ‌های برخوردار از مقادیر بالای عامل اول دارای عملکرد بیشتری بودند و انتخاب ژنوتیپ‌ها براساس افزایش مؤلفه اول می‌تواند منجر به افزایش عملکرد و اجزای عملکرد در ژنوتیپ‌های مطالعه شده نخود گردد (Pezeshkpour and Afkar, 2018).

در بررسی توده‌های بومی عدس شمال‌غرب ایران نیز مشخص شد که عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیکی بالاترین ضرایب را در مؤلفه اول داشتند (Hashemzadeh and Monirifar, 2016).

برای تعیین ژنوتیپ‌های دارای عملکرد بالا، مقادیر مؤلفه^۱ اول به کار رفت (جدول ۶). همان‌طوری‌که ملاحظه می‌شود ژنوتیپ‌های ۱۴، ۱۳، ۱۶ و ۵ دارای بالاترین مقادیر مؤلفه اول بودند که منطبق با نتایج به‌دست آمده در مورد عملکرد این ژنوتیپ‌ها است. در تحقیق حاضر، از مقایسه نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای با تجزیه به مؤلفه‌های اصلی مشاهده شد که ژنوتیپ‌های با بیشترین عملکرد دارای بیشترین مقادیر مؤلفه در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بودند. از طرف دیگر، همین ژنوتیپ‌ها در تجزیه خوشه‌ای در یک گروه قرار گرفتند. لذا نتایج حاصل از این دو تجزیه تا حدودی با هم مطابقت داشت (Dowlatshah et al., 2021).

با توجه به این‌که تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه کلاستر از دو روش متفاوت برای ارزیابی داده‌ها، یعنی ماتریس همبستگی و ماتریس فاصله استفاده می‌کنند و روش‌ها یکسان نیستند لذا عدم تطابق کامل نتایج دو تجزیه مورد انتظار می‌باشد.

جدول ۴- پارامترهای حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای ۱۶ ژنوتیپ خلر

Table 4- Parameters resulting from principal component analysis for 16 grass pea genotypes

مؤلفه اصلی Principal component	مقادیر ویژه اولیه Initial Eigenvalues		
	کل Total	درصد واریانس of Variance %	تجمعی (%) Cumulative
1	2.09	23.18	23.18
2	1.86	20.70	43.89
3	1.57	17.46	61.35
4	1.46	16.20	77.54

جدول ۵- ضرایب صفات اندازه‌گیری شده در مولفه‌های حاصل از تجزیه به مولفه‌های اصلی برای ژنوتیپ‌های خلر

Table 5- Coefficients of measured traits in the components obtained from principal component analysis for the grass pea genotypes

صفت Trait	مولفه اصلی Principal component			
	1	2	3	4
تعداد روز تا گلدهی Days to flowering	.893	-.124	.089	.215
تعداد روز تا رسیدگی دانه Days to grain maturity	.303	-.368	.642	-.471
ارتفاع بوته Plant height	.188	-.356	.304	.734
تعداد غلاف در بوته Pods per plant	-.764	-.402	-.161	.307
تعداد دانه در غلاف Grains per pod	.259	.135	-.724	-.248
عملکرد تر علوفه Forage fresh yield	-.083	.829	-.116	.318
عملکرد خشک علوفه Forage dry yield	-.543	-.059	.310	.236
عملکرد دانه Grain yield	-.406	.422	.480	-.490
وزن صد دانه grains weight 100	.212	.733	.411	.313

جدول ۶- مقادیر مولفه‌ها برای ۱۶ ژنوتیپ خلر در تجزیه به مولفه‌های اصلی

Table 6- Factor Scores for 16 grass pea genotypes in principal component analysis

ژنوتیپ Genotype	مقادیر مولفه Factor Scores			
	1	2	3	4
1	-0.919	1.504	-0.959	0.573
2	0.869	1.122	-2.421	0.047
3	-0.858	-0.600	0.013	-0.901
4	-0.317	-0.723	-0.373	-1.581
5	0.949	-0.986	0.918	-1.046
6	0.296	-0.291	-0.479	-0.950
7	-0.153	-1.687	0.586	2.511
8	-0.825	0.609	0.189	0.404
9	-1.335	-0.212	-0.824	0.644
10	-0.294	2.124	2.039	-0.066
11	-0.525	0.009	0.745	0.207
12	-1.133	-0.932	-0.023	-1.105
13	1.337	0.649	0.746	-0.457
14	2.022	0.090	0.235	0.476
15	-0.321	0.008	0.325	0.624
16	1.209	-0.686	-0.721	0.619

نتیجه‌گیری کلی

بسیار زیادی دارد. برای رسیدن به ژنوتیپ‌های مطلوب، تجزیه خوشه‌ای کمک خواهد کرد تا به‌جای صرف زمان و هزینه زیاد و انجام تلاقی‌های تصادفی، از تلاقی‌های خوشه‌های دور استفاده کرد. تجزیه خوشه‌ای با روش وارد و براساس معیار فاصله اقلیدسی، شانزده ژنوتیپ خلر را به سه گروه خوشه‌بندی کرد. خوشه نخست شامل هشت ژنوتیپ ۵، ۶، ۱۰، ۱۱، ۱۳، ۱۴، ۱۵

بررسی صفات زراعی ژنوتیپ‌های مورد بررسی، تنوع مطلوبی از نظر روش‌های آماری چندمتغیره نشان داد، انتخاب والدین مناسب به‌منظور دورگ‌گیری یکی از عوامل مهم در برنامه دورگ‌گیری است. در به‌نژادی گیاهان علوفه‌ای، برای موفقیت برنامه‌های اصلاحی دانستن میزان قرابت ژنتیکی والدین اهمیت

به مولفه‌های اصلی، چهار مؤلفه اصلی اول ۷۷/۵۴ درصد از تغییرات را توجیه کردند. مولفه دوم، مولفه عملکرد علوفه نام‌گذاری گردید که از آن می‌توان در امر گزینش برای ژنوتیپ‌های برتر خلر استفاده کرد. نتایج حاصل از این دو تجزیه تا حدودی با هم مطابقت داشتند. تحلیل چندمتغیره (تجزیه به مولفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای) در این مطالعه و انطباق آن با نتایج سایر محققان نشان داد که از این روش‌ها می‌توان به‌عنوان ابزارهای آماری کارآمد استفاده کرد. به‌طور کلی می‌توان نتیجه گرفت که بین ژنوتیپ‌های خلر، تنوع قابل‌توجهی وجود داشت که می‌توان از آن در برنامه‌های به‌نژادی به‌منظور اصلاح عملکرد و سایر صفات زراعی استفاده کرد.

و ۱۶ بود. خوشه دوم ژنوتیپ‌های ۱، ۲، ۳، ۴، ۸، ۹ و ۱۲ را در بر داشت و خوشه سوم دارای تک ژنوتیپ ۷ بود. خوشه نخست از نظر همه صفات غیر از صفات تعداد غلاف در بوته و تعداد دانه در غلاف، ارزش بالاتر از میانگین کل داشت. بنابراین، ژنوتیپ‌های این گروه را می‌توان برای بهبود عملکرد علوفه مورد استفاده قرار داد. در مقابل خوشه دوم از نظر بیشتر صفات غیر از صفات تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف و عملکرد دانه، ارزش پایین‌تر از میانگین کل داشت. از این رو، ژنوتیپ‌های این گروه را می‌توان برای بهبود عملکرد دانه به‌کار برد. این نتایج بیانگر آن است که می‌توان این ژنوتیپ‌ها را در برنامه‌های اصلاحی برای افزایش عملکرد مورد استفاده قرار داد. در تجزیه

References

- Abedi, Z. and Saba, J., 2019. Application of multivariate statistical methods in grouping selection of wheat inbred lines under rain-fed condition. *Plant Production Technology*, 10(2), pp.169-177. [In Persian]. <https://doi.org/10.22084/ppt.2017.4041>
- Aci, M.M., Lupini, A., Badagliacca, G., Mauceri, A., Lo Presti, E. and Preiti, G., 2020. Genetic diversity among *Lathyrus* ssp. based on agronomic traits and molecular markers. *Agronomy*, 10(8), p.1182. <https://doi.org/10.3390/agronomy10081182>
- Ahamed, K.U., Akhter, B., Islam, S.M.A.S., Moniruzzaman, M. and Alam, M.A., 2012. Genetic variability of some morphological traits in grass pea (*Lathyrus sativus*) germplasm. *Bulletin of the Institute of Tropical Agriculture, Kyushu University*, 35(1), pp.061-068. <https://doi.org/10.11189/bita.35.061>
- Aminian, R., Karimzadeh Asl, Kh., Habibzadeh, F. and Baghbani Arani, A., 2019. The Multivariate Statistical Methods to Study the Relationships among Safflower Traits under Normal Irrigation and Drought Stress Conditions. *Plant Productions*, 42(2), pp.211-226. [In Persian]. <https://doi.org/10.22055/ppd.2019.23810.1527>
- Astaraki, H., Sharifi, P., Sheikh, F. and Izadi-Darbandi, A., 2020. Study the relationships between yield and yield component of faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes by multivariate analyses. *Iranian Journal of Pulses Research*, 11(1), pp.74-87. [In Persian]. <https://doi.org/10.22067/ijpr.v11i1.70916>
- Dadkhah, M., Majidi, M.M. and Mirlohi, A., 2011. Multivariate analysis of relationships among different characters in Iranian sainfoin populations (*Onobrichis viciifolia* Scop.). *Iranian Journal of Field Crop Science*, 42(2), pp.349-357. [In Persian]. <https://doi.org/20.1001.1.20084811.1390.42.2.14.2>
- Danesh Gylvaie, M., Karimzadeh, Q. and Aghakhani, M., 2011. Evaluation of genetic diversity and principal components analysis for variant traits in genotypes grass pea. *Journal of Plant Science*, 2: 243-254.
- Dowlatshah, A., Ismaili, A., Ahmadi, H., Khademi, K. and Goudarzi, D., 2021. Evaluation of genetic diversity and estimation of heritability and genetic correlation using REML for different traits in grass pea (*Lathyrus*

- sativus* L.) genotypes. *Plant Genetic Reperches*, 7(2), pp.145-162. [In Persian].
<https://doi.org/20.1001.1.23831367.1399.7.2.13.2>
- Ghanbari A.A., Mozafari, H. and Hassanpour Darvishi, H., 2017. Identification of effective traits on the yield in bean genotypes using multivariate statistical methods. *Journal of Crop Breeding*, 9(22), pp.53-62.
<https://doi.org/10.29252/jcb.9.22.53>
- Guertin, W.H. and Bailey, J.P., 1982. *Introduction to Modern Factor Analysis*. Edwards Brothers Inc., Michigan.
<https://doi.org/10.1017/S0033312300004774>
- Hasani Jifroudi, H. and Mohebodini, M., 2016. Evaluation of genetic diversity and classification of some iranian indigenous fenugreek (*Trigonella foenum-graecum*) populations using multivariate statistical methods. *Journal of Vegetable Sciences*, 2(4), pp.21-35. [In Persian]. <https://doi.org/10.22034/iuvs.2016.32879>
- Hashemzadeh, J. and Monirifar, H., 2016. Agro-Morphological traits variation in some Lentil landrace cultivars from Northwest of Iran. *Journal of Crop Breeding*, 8(19), pp.102-111. [In Persian].
<https://doi.org/20.1001.1.22286128.1395.8.19.15.0>
- Johnson, R. A. and Wichern, D.W., 2007. *Applied multivariate statistical analysis*. (4th ed.). Prentice and Hall International, INC, New Jersey.
- Kr, R., Tripathi, K., Singh, R., Pandey, A., Pamarthi, R.K., Rajendran, N.R. and Bhatt, K.C., 2025. Insights into morphological and molecular diversity in grass pea (*Lathyrus sativus* L.) germplasm. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 72(1), pp.543-555. <https://doi.org/10.1007/s10722-024-01992-7>
- Majidi, M. and Mirlohi, A., 2009. Multivariate statistical analysis in Iranian and exotic tall fescue germplasm. *Journal of Crop Production and Processing*, 12(46), pp.77-90. [In Persian].
<https://doi.org/20.1001.1.22518517.1387.12.46.38.2>
- Mardani, Z., Najaphy, A. and Bahraminejad, S., 2024. Evaluation of genetic diversity in bitter vetch (*Vicia ervilia* L.) under normal and water deficit stress conditions using multivariate statistical methods. *Crop Production*, 17(1), pp.127-144. [In Persian]. <https://doi.org/10.22069/ejcp.2024.22152.2617>
- Mohammadi, S.A. and Prasanna, B.M., 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, 43(4), pp.1235-1248. <https://doi.org/10.2135/cropsci2003.1235>
- Moosavi, S.S., Kian Ersi, F. and Abdollahi, M.R., 2013. Application of multivariate statistical methods in detection of effective traits on bread wheat (*Triticum aestivum* L.) yield under moisture stress condition. *Cereal Research*, 3(2), pp.119-130. [In Persian]. <https://doi.org/20.1001.1.22520163.1392.3.2.3.2>
- Moradi, M. and Soltani Hoveize, M., 2016. Multivariate analysis of the grain yield and related traits in spring rapeseed. *Breeding of Agronomic and Horticultural Crop*, 4(1), pp.91-103. [In Persian].
- Parihar, A.K., Dixit, G.P. and Singh, D., 2013. Multivariate analysis of various agronomic traits in grass pea (*Lathyrus spp*) germplasm. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 83(5), pp.570-575.
<https://doi.org/10.56093/ijas.v83i5.29646>

- Pezeshkpour, P. and Afkar, S., 2018. The study of genetic diversity, heritability and genetic advance of morphological traits, yield and yield components in different chickpea (*Cicer arietinum*) genotypes. *Journal of Crop Breeding*, 9(24), pp.61-68. [In Persian]. <https://doi.org/10.29252/jcb.9.24.61>
- Rahimi, A., Pourmohammad, A., Mohammadi, R. and Aliloo, A.A., 2020. Using multi-variate statistical methods for evaluation of genetic diversity in tall fescue. *Modares Journal of Biotechnology*, 11(1), pp.53-60. [In Persian].
- Rahman, M.M., Quddus, M.R., Ali, M.O., Liu, R., Li, M., Yan, X. and Zong, X., 2022. Genetic diversity of *Lathyrus* sp. collected from different geographical regions. *Molecular Biology Reports*, 49(1), pp.519-529. <https://doi.org/10.1007/s11033-021-06909-6>
- Roshandel, M., Pourmohammad, A., Babaei, H. and Shekari, F., 2016. Grain yield stability analysis of soybean genotypes by AMMI method. *Azarian Journal of Agriculture*, 3, pp.119-128.
- Shafiee Khorshidi, M., Bihamta, M.R., Khialparast, F. and Naghavi, M.R., 2012. Assessment of genetic variation in common Bean (*Phaseolus vulgaris* L) genotypes under drought condition using cluster and canonical discriminant analysis (CDA). *Journal of Crop Breeding*, 4, pp.1-17. [In Persian]. <https://doi.org/10.22067/ijpr.v11i2.70383>
- Taheri, R., Khodarahmpour, Z., Khodarahmi, M. and Moradi, M., 2023. Multivariate analysis of recombinant inbred lines of durum wheat (*Triticum durum*) in full irrigation and terminal drought stress conditions. *Crop Production Journal*, 16(3), pp.131-154. [In Persian]. <https://doi.org/10.22069/ejcp.2024.21105.2568>
- Tokarz, B., Makowski, W., Jędrzejczyk, R. and Tokarz, K.M., 2020. What is the difference between the response of grass pea (*Lathyrus sativus* L.) to salinity and drought stress? *Physiological study. Agronomy*, 10(6), pp.833. <https://doi.org/10.3390/agronomy10060833>
- Tyagi, S.D. and Kahn, M.H., 2010. Genetic diversity in Lentil. *African Crop Science Journal*, 18, pp.69-74. <https://doi.org/10.29252/jcb.11.31.144>
- Zabet, M. and Hoseinzadeh, A., 2011. Determination of the most effective traits on yield in mung bean (*Vigna radiata* L. wilczek) by multivariate analysis in stress and non-stress conditions. *Iranian Journal of Pulses Research*, 2(1), pp.87-98. [In Persian]. <https://doi.org/10.22067/ijpr.v2i1.12020>