فصلنامه علوم محیطی، دوره پانزدهم، شماره ۲، تابستان ۱۳۹۶

۲۱-۳۸

ارزیابی تنوع ژنتیکی و شناسایی صفات موثر بر عملکرد لاین‌های نخود با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره

مهدی کاکایی[۱] و سیدسعید موسوی[۲]*

[۱] بخش مهندسی کشاورزی، دانشگاه پیام‌نور، تهران- ایران

[۲] گروه زراعت و اصلاح‌نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی‌سینا، همدان

تاریخ دریافت: ۹۶/۱/۲۳ تاریخ پذیرش: ۹۶/۵/۲۲

کاکایی، م. و س. س. موسوی. ۱۳۹۶. ارزیابی تنوع ژنتیکی و شناسایی صفات موثر بر عملکرد لاین‌های نخود با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره. فصلنامه علوم محیطی. ۱۵(۲): ۳۸-۲۱.

سابقه و هدف: نخود محتوای پروتئینی بالا و نقش بسیار مهمی در سیکل امنیت غذایی در جهان و به‌ویژه در توسعه کشورهایی نظیر ایران دارد. ایران یکی از مهمترین کشورهای آسیایی در تولید نخود است. نخود ایرانی در ۳۳ کشور کشت می‌شود و سطح زیر کشت آن در ایران ۶۵۰۰۰۰ هکتار است. اما یکی از مشکلات بسیار اساسی، عملکرد پایین دانه نخود در ایران است. بنابراین اصلاح گیاهان روش مناسبی برای حل این مشکل است. تنوع‌ژنتیکی، وراثت‌پذیری و شدت گزینش سه عامل مؤثر در پاسخ به گزینش برای یک صفت است. استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره روش مناسبی برای شناسایی تنوع‌ژنتیکی در برنامه‌های اصلاحی است. بنابراین تجزیه به مولفه‌های اصلی، تجزیه عاملی، تجزیه کلاستر و تجزیه تابع تشخیص از جمله مهمترین روش‌های آماری چندمتغیره هستند که به‌صورت عمومی برای تعیین تنوع در گیاهان استفاده می‌شود. خیلی از محققان از روش‌های آماری چندمتغیره در گیاهانی نظیر برنج، سیب‌زمینی، گندم و نخود استفاده کردند و اثر ژنوتیپ و صفات در نخود در ارتباط با تنوع ژنوتیپی مهمترین موضوعات در تحقیقات اخیر بوده است.

مواد و روش‌ها: مهم‌ترین اهداف این پژوهش، ارزیابی تنوع‌ژنتیکی در ۱۹ لاین نخود و شناسایی صفات مؤثر بر عملکرد دانه با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره مختلف بود. بنابراین، تحقیق حاضر در قالب یک طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در شرایط مطلوب رطوبتی اجرا شد. آزمایش در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه بوعلی‌سینا (و آزمایشگاه دانشگاه پیام‌نور اسدآباد) در فصل رشد انجام شد. صفات شاخص کلروفیل، ارتفاع گیاه، تعداد شاخه در هر بوته، تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در بوته، تعداد دانه در غلاف، وزن صد دانه، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت اندازه‌گیری شد. پس از اندازه‌گیری صفات، روش‌های آماری تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه عاملی، تجزیه کلاستر و تجزیه تابع تشخیص برای داده‌های به‌دست‌آمده انجام شد.

نتایج و بحث: نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که سه مؤلفه اول در مجموع ۶۸/۹ درصد از واریانس کل داده‌ها را توجیه کردند. مؤلفه اول و دوم به‌ترتیب به‌عنوان مؤلفه‌های "عملکرد دانه" و " شاخص برداشت" نام‌گذاری شدند که مقدار زیاد آنها مورد نظر بود. نتایج تجزیه به عامل‌ها، به‌ترتیب سه عامل "عملکرد دانه"،"شاخص برداشت" و "بنیه گیاه" را شناسایی کرد که این سه عامل هم در مجموع

* Corresponding Author. *E-mail Address*: s.moosavi@basu.ac.ir

۶۸/۸ درصد از واریانس کل را توجیه کردند. تجزیه خوشه‌ای بیانگر تنوع قابل‌توجه در بین لاین‌ها بود به‌طوری‌که لاین‌ها را در چهار خوشه مجزا گروه‌بندی کرد. نتایج تجزیه تابع تشخیص نیز، صحت گروه‌بندی تجزیه خوشه‌ای را به‌طور صد در صد تأیید کرد. به‌طور کلی، لاین‌ها دارای تنوع‌ژنتیکی بالا و قابل‌توجهی بودند و با توجه به نتایج حاصله، لاین‌های شماره ۱۲ و ۱۸ به‌ترتیب به عنوان مطلوب‌ترین و نامطلوب‌ترین لاین‌ها تحت شرایط این آزمایش شناسایی شدند. نتایج نشان داد در حالی‌که افزایش صفات تعداد غلاف در بوته، وزن صد دانه و شاخص برداشت، بیشترین تأثیر را بر افزایش عملکرد دانه داشتند، ولی افزایش صفت تعداد شاخه (مجموع تعداد شاخه‌های اصلی و فرعی) در بوته منجر به کاهش عملکرد دانه در این تحقیق شد.

نتیجه‌گیری: بر اساس نتایج به‌دست‌آمده از این تحقیق، روش‌های آماری چندمتغیره، روش‌های مناسب و مفیدی برای انتخاب عملکرد دانه هستند که می‌تواند به طور موفقیت‌آمیزی ژنوتیپ‌ها و صفات را از هم تفکیک کند. هدف اصلی این تحقیق بررسی تنوع ژنتیکی ۱۹ ژنوتیپ نخود برای برنامه‌های اصلاحی است. بر اساس نتایج کلی، صفات تعداد غلاف در بوته مناسب‌ترین صفت برای انتخاب غیرمستقیم عملکرد دانه است و ژنوتیپ شماره ۱۲ مناسب‌ترین ژنوتیپ از نظر داشتن بیشترین مقدار صفت تعداد غلاف در بوته، وزن صد دانه و شاخص برداشت است، در حالی که ژنوتیپ شماره ۱۸ یک ژنوتیپ نامناسب است، هرچند دارای بیشترین مقدار صفت تعداد شاخه در گیاه نیز است.

واژه‌های کلیدی: نخود زراعی، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه عاملی، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه تابع تشخیص.

مقدمه

نخود زراعی (*Cicer aretinum* L.) گیاهی از تیره Leguminosae، یک‌ساله و خودگشن است که از نظر میزان سطح زیرکشت و اهمیت غذایی، بعد از لوبیا و نخود فرنگی، سومین لگوم مهم دنیا محسوب می‌شود (Fayyas and Talebi, 2009; FAO, 2014). طبق آمار سال ۲۰۱۲، میزان سطح زیرکشت این گیاه در جهان ۱۳/۲-۱۱/۶ میلیون هکتار بوده، حدود ۹۵ درصد از این سطح زیر کشت مربوط به کشورهای در حال توسعه است (FAO, 2012). ایران، به‌عنوان یک کشور درحال توسعه، یکی از بزرگ‌ترین تولیدکنندگان نخود در جنوب آسیا است، به‌طوری‌که نخود ایرانی در ۳۳ کشور جهان کشت می‌شود (Ahmed Khan, 2009). در ایران، حدود ۶۵۰ هزار هکتار از سطح اراضی زیر کشت را به خود اختصاص داده است (Dargahi, 2006). نخود، علاوه بر اینکه منبع مهمی برای تأمین پروتئین مورد نیاز انسان و دام به حساب می‌آید، نقش بسزایی در تثبیت نیتروژن و بهبود وضعیت حاصل‌خیزی خاک نیز دارد. با وجود این که عملکرد این گیاه در ایران، به دلایلی چون شرایط محیطی نامساعد، عدم دسترسی به آب کافی و نوع ژنوتیپ‌های مورد استفاده به نسبت پایین است، ولی متاسفانه برای حل این مشکل، فعالیت‌های به‌نژادی چشمگیری برای اصلاح ژنوتیپ‌های مختلف صورت نگرفته است (Fazeli and Cheghamirza, 2011). با توجه به روند رو به رشد افزایش جمعیت در کشور و همچنین نیاز روزافزون به افزایش تولید محصولات کشاورزی در واحد سطح، ارزیابی تنوع ژرم‌پلاسم‌های موجود برای بهره‌برداری بیشتر از آنها، در برنامه‌های به‌نژادی آتی لازم و ضروری ماست و انجام پژوهش‌های ممتد و مرتبط را می‌طلبد. در فرآیند به‌نژادی، میزان تنوع‌ژنتیکی، وراثت‌پذیری و شدت گزینش، سه عامل مهم و مؤثر در تعیین میزان پاسخ به گزینش در هر صفت است (Falconer, 1989). به‌طوری‌که در این راستا، یکی از روش‌های مفید برای کسب اطلاعات کارآمد در مورد تنوع ژنتیکی یک ژرم‌پلاسم، استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره به منظور شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب و مناسب برای انجام تلاقی‌های سازگار است. به عبارت دیگر، کاربرد این روش‌های آماری در شناسایی پتانسیل ژنتیکی صفات مرتبط با اهداف به‌نژادی کمک شایانی خواهد کرد. روش‌های آماری چند متغیره به‌طور همزمان با تعداد زیادی متغیر سروکار داشته، در این روش‌ها در مورد روابط همزمان

متغیرهای مختلف بحث می‌شود (Farshadfar, 1997). در این راستا برای ارزیابی تنوع موجود در ژرم‌پلاسم‌های گیاهی، محققان به وفور از روش‌های آماری چندمتغیره در گیاهان مختلف استفاده کرده‌اند. برای مثال، می‌توان به گیاه برنج (Gholipour and Mohammad-Salehi, 2003)، سیب‌زمینی (Rabie *et al.*, 2008)، ماش (Jafari *et al.*, 2004; Zabet and Hassanzadeh, 2011)، نخود (Jeena and Arora, 2002)، گندم (Moosavi *et al.*, 2013)، عدس (Saman *et al.*, 2012) و غیره اشاره کرد. به‌طور کلی، استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره، برای شناسایی صفات مهم و مؤثر در عملکرد و تعیین میزان سهم نسبی هر یک از آنها بر عملکرد، مفید و کارآمد است. کانونی و همکاران (Kanouni *et al.*, 2016) در ارزیابی لاین‌های مختلف در نخود با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی اظهار کردند که لاین‌های مورد بررسی دارای تنوع قابل توجهی بودند. Dargahi (2006) با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان دادکه هفت مؤلفه‌ی اصلی حدود ۶۶ درصد از واریانس کل موجود در بین داده‌ها را توجیه می‌کند.

از بین روش‌های مختلف چندمتغیره، تجزیه به عامل‌ها روشی قدرتمند برای کاهش تعداد زیادی صفات همبسته به تعداد کمی از عامل‌ها مستقل و تشریح همبستگی بین متغیرها است (Gholipour and Mohammad-Salehi, 2003; Jeena and Arora, 2002). در پژوهشی Toker and Cagirgan (2004) ، با استفاده از تحلیل عاملی روی نخود زراعی سه عامل را شناسایی کردند که ۹۲/۹ درصد از کل واریانس صفات را توجیه می‌کردند. در پژوهشی Toker (2003)، چهار عامل پنهانی را به منظور ارزیابی اجزاء عملکرد در نخود زراعی شناسایی کرد که ۸۷ درصد از واریانس مشاهده شده در صفات را توجیه کردند.

گروه‌بندی ژرم‌پلاسم به به‌نژادگران این امکان را می‌دهد تا از دوباره‌کاری در نمونه‌گیری از جمعیت‌ها، خودداری کنند (Sharma and Hore, 1993). با وجود اینکه عمده‌ترین کارآیی تجزیه خوشه‌ای عبارت از شناسایی گروه‌های واقعی و کاهش حجم داده‌ها است، ولی گاهی ممکن است که گروه‌های غیرقابل انتظاری را ایجاد کنند که در این صورت، برای تایید گروه‌بندی انجام شده از تجزیه تابع تشخیص استفاده می‌شود (Moghadam *et al*., 1994). یکی از اهداف تجزیه تابع تشخیص تایید صحت گروه‌بندی‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای است (Moghadam *et al*., 1994).

Ray chadhury *et al.* (2007) در بررسی روابط ژنتیکی، ارقام نخودفرنگی را به دو خوشه اصلی با دو زیرگروه در هر خوشه گروه‌بندی کردند. در پژوهشی Kanoui *et al.* (2012) ژنوتیپ نخود در چهار خوشه قرار گرفت و صحت گروه‌بندی را با تجزیه تابع تشخیص تأیید کردند. Moosavi *et al.* (2013) در گروه‌بندی ۲۰ لاین امیدبخش گندم از تجزیه خوشه‌ای به روش Ward استفاده و صحت گروه‌های حاصل را با روش تابع تشخیص ارزیابی کردند. در پژوهشی Chegamirza *et al.* (2011) از تجزیه خوشه‌ای به نحو مفیدی در مطالعات داده‌های مورفولوژیکی در گیاه نخود استفاده کردند و صحت گروه‌بندی‌ها را با استفاده از تجزیه تابع تشخیص تایید کردند.

هدف این پژوهش ارزیابی تنوع ژنتیکی ۱۹ لاین نخود زراعی و شناسایی برخی از صفات مؤثر بر عملکرد دانه با استفاده از روش‌های چندمتغیره آماری مختلف بود به‌طوری‌که از نتایج حاصله می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی در آینده استفاده کرد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی این تحقیق شامل ۱۹ لاین نخود زراعی (جدول۱) بود که در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه بوعلی‌سینا (با ارتفاع ۱۸۱۰ متر از سطح دریا و عرض جغرافیایی ۳۵ درجه و ۱ دقیقه شمالی و طول جغرافیایی

۴۸ درجه و ۳۱ دقیقه شرقی) در سال زراعی ۹۱-۱۳۹۰ اجرا شد. مشخصات خاک مزرعه مورد نظر (جدول ۲) و خصوصیات آب‌وهوایی محل انجام تحقیق (جدول ۳) طی شش ماه اول سال زراعی ۹۱-۱۳۹۰ تعیین و برای تفسیر نتایج استفاده شد.

بذرهای هر ژنوتیپ در هر بلوک، در پنج ردیف دو متری با فواصل خطوط ۴۰ سانتی‌متر و فاصله بوته‌ای شش سانتی‌متر در اوایل اسفند ماه کاشته شد. وجین گیاهان به صورت دستی و دو مرتبه قبل از گل‌دهی انجام شد. با ورود ۹۰ درصد بوته‌ها به مرحله رسیدگی، عملیات برداشت محصول (اواسط تیر ماه) آغاز شد به‌طوری‌که پس از حذف اثرات حاشیه‌ای، از سه ردیف باقی‌مانده از هر کرت ده بوته به‌طور تصادفی برای اندازه‌گیری کلیه صفات، جز عملکرد دانه، زیست‌توده و شاخص برداشت، استفاده شد. برای اندازه‌گیری عملکرد دانه و زیست‌توده از سطحی معادل ۲/۴ متر مربع در هر تکرار استفاده شد و مقدار محاسبه شده به واحد مترمربع تبدیل شد. صفات اندازه‌گیری‌شده در این تحقیق عبارت‌اند از: ارتفاع بوته، تعداد شاخه در بوته، تعداد غلاف در بوته، تعداد بذر در بوته، تعداد بذر در غلاف (با شمارش بذرهای موجود در غلاف‌های هر بوته و میانگین‌گیری، محاسبه شد)، وزن ۱۰۰ دانه، وزن تک‌بذر (از میانگین بذرهای بوته تقسیم بر تعداد بذرها به دست آمد)، عملکرد دانه (از وزن کل عملکرد دانه بوته‌های برداشتی از سطح ۲/۴۰ متر مربع برای محاسبه این صفت استفاده شد و سپس مقدار به‌دست‌آمده به عملکرد دانه در متر مربع تبدیل شد)، زیست‌توده (از وزن کل اندام هوایی بوته‌های برداشتی از سطح ۲/۴۰ متر مربع برای محاسبه این صفت استفاده شد و سپس مقدار به‌دست‌آمده به زیست‌توده در متر مربع تبدیل شد) و شاخص برداشت (از تقسیم مقدار عملکرد دانه در متر مربع بر زیست‌توده در متر مربع محاسبه شد). در نهایت داده‌ها با استفاده از نرم‌افزارهای آماری Minitab Ver.16 و SPSS Ver.19 تجزیه شدند.

به منظور شناسایی مطلوب‌ترین صفات و لاین‌ها و برای ارزیابی میزان تنوع لاین‌ها (بر اساس مقدار دو مولفه اصلی اول و دوم)، عمل تجزیه به مولفه‌های اصلی انجام شد و سپس نمودار بای‌پلات بر اساس دو مولفه اصلی ترسیم شد. سپس ضرایب عامل‌ها بر اساس چرخش وریماکس و به کمک روش مولفه‌های اصلی محاسبه شد، که در نهایت سه عامل اول، دوم و سوم، به‌عنوان مهم‌ترین عوامل شناسایی و تجزیه و تحلیل شدند. در ادامه، به منظور گروه‌بندی لاین‌ها و تعیین گروه‌های با بیشترین فواصل ژنتیکی جهت انجام آمیزش‌های آتی، تجزیه خوشه‌ای به روش Ward و بر اساس مربع ماتریس فاصله پیرسون برای کلیه صفات مورد نظر در ۱۹ لاین نخود انجام شد. در پایان برای تایید صحت گروه‌های به‌دست‌آمده از تجزیه خوشه‌ای، عمل تجزیه تابع تشخیص یا تحلیل ممیزی انجام شد.

جدول ۱- مشخصات ژرم‌پلاسم مورد استفاده
Table 1. The characters of the used germplasm

نام ژنوتیپ Name of genotype	شماره ژنوتیپ Number of genotype	نام ژنوتیپ Name of genotype	شماره ژنوتیپ Number of genotype
FLIP-00-40C	11	X95TH154	1
S95181	12	S925274	2
X95TH12	13	X96TH46	3
X96TH41K4	14	ILC482	4
FLIP-82-245	15	HASHEM	5
ARMAN	16	FLIP-99-26C	6
FLIP-00-6C	17	X95TH69	7
FLIP-82-115	18	S96085	8
S95349	19	BIRANIAN	9
		FLIP-82-150C	10

جدول ۲- ویژگی‌های خاک مزرعه
Table 2. The properties of the farm soil

روی کل (قسمت در میلیون) Total zinc (ppm)	ازت کل (قسمت در میلیون) Total nitrogen (ppm)	پی اچ خاک Soil pH	بافت خاک Soil texture
0.88	0.11	8.1	Clay-Silt

جدول ۳- متوسط بارندگی و دما درفصل زراعی ۹۱-۱۳۹۰

Table 3. Average of rainfall and temperature in 2010-11 growing season

ماه Month	کل بارندگی (میلی متر) Total rainfall (mm)	متوسط دما (سلسیوس) Average of temperature (C°)
فروردین March	24	8.9
اردیبهشت April	29.1	14.8
خردادMay	34.1	19.7
تیر June	37.2	23.2
مرداد July	37.9	24.9
شهریور August	36.2	21.7

نتایج و بحث

آماره‌های توصیفی صفات

نتایج آماره‌های توصیفی (جدول ۴) نشان داد که بیشترین تنوع بر اساس آماره ضریب تغییرات، مربوط به دو صفت شاخص برداشت (۴۲/۱۷) و تعداد غلاف در بوته (۳۷/۰۵) و کمترین آن مربوط به صفت وزن صد دانه (۱۰/۶۹) بود. طبق نتایج فوق، از تنوع موجود در این صفات، به‌ویژه صفت ارزشمند تعداد غلاف در بوته، می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی نخود استفاده کرد. در پژوهشی Mohammadi *et al.* (2002) از آماره‌های توصیفی در بررسی ژنوتیپ‌های گندم نان استفاده کردند و اظهار داشتند که از صفاتی که دارای دامنه تغییرات گسترده‌ای هستند، می‌توان برای بررسی‌های به‌نژادی استفاده کرد. در پژوهشی (Mardi *et al.* (2003 با ارزیابی آماره‌های توصیفی صفات مختلف نخود اظهار کردند که بیشترین پراکنش مربوط به صفت تعداد بذر در بوته، با دامنه تغییرات ۴۲/۳ تعداد و کمترین پراکنش مربوط به صفت تعداد روز از کاشت تا رسیدن کامل، با دامنه تغییرات ۳/۷ روز بود.

جدول ۴- آماره‌های توصیفی صفات مختلف در ۱۹ لاین نخود

Table 4. Descriptive statistics of different traits in 19 chickpea lines

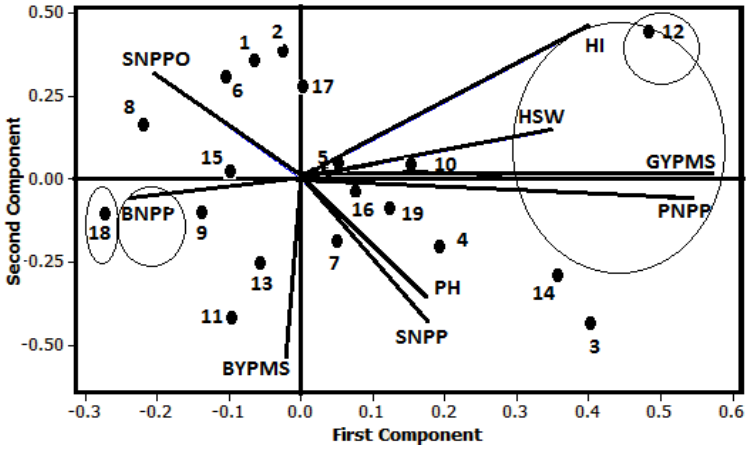
صفت Trait	کمترین Minimum	بیشترین Maximum	میانگین men	ضریب تغییرات (٪) CV%
ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (centimeters)	27.06	33.60	30.08	12.98
تعداد شاخه در بوته Number of branches per plant	2.93	5.9	4.37	33.11
تعدادغلاف در بوته Number of pod per plant	16.40	40.80	26.79	37.05
تعداد بذر در بوته Number of seeds per plant	15.33	22.39	19.48	22.03
تعداد بذر در غلاف Number of seeds per pod	0.79	1.1	0.97	13.94
وزن ۱۰۰ دانه (گرم) 100- seeds weight (gr)	28.69	36.04	32.02	10.69
عملکرد دانه در متر مربع (گرم) Seed yield per square meter (gr)	155.01	259.49	205.74	24.11
زیست‌توده در متر مربع (گرم) Biomass per square meters (gr)	345.33	751.46	476.52	33.63
شاخص برداشت (درصد) Harvest index (percent)	26.35	73.18	45.34	42.17

تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی

نتایج (جدول ۶) بیانگر این بود که سه مؤلفه اول حدود ۷۰ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه کردند. به‌طوری‌که نتایج (جدول ۵) نشان داد که مؤلفه اول به‌تنهایی ۲۷/۵ درصد از واریانس کل داده‌ها را توجیه کرد. مهمترین صفات تأثیرگذار بر این مؤلفه به ترتیب شامل صفات عملکرد دانه (۰/۵۵۱)، تعداد غلاف در بوته (۰/۵۲۴)، شاخص برداشت (۰/۳۹۴) و وزن صد دانه (۰/۳۳۹) بودند. کلیه این صفات دارای ارتباط قوی و مثبت با مؤلفه اول هستند که طبق این نتایج، می‌توان مؤلفه اول را به‌عنوان "مؤلفه عملکرد دانه" نام‌گذاری کرد. در حقیقت انتخاب بر اساس مقادیر بالای این مولفه، منجر به انتخاب لاین‌هایی با تعداد غلاف در بوته، شاخص برداشت و وزن صد دانه بالاتر و در نهایت عملکرد دانه بیشتر خواهد شد. بنابراین به‌طور کلی، مقدار بیشتر مولفه اول مورد نظر خواهد بود. نتایج (جدول ۵) نشان داد که مؤلفه دوم ۲۲/۶ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه کرده، از یک طرف دارای ارتباط قوی و مثبت با صفات شاخص برداشت (۰/۴۵۳) و تعداد بذر در غلاف (۰/۳۱۲) دارد در حالی‌که از طرفی دیگر، دارای رابطه قوی و منفی به‌ترتیب با صفات زیست‌توده (۰/۵۸۴-)، تعداد بذر در بوته (۰/۴۳۳-) و ارتفاع بوته (۰/۳۸۱-) هستند. در واقع از نتایج فوق استنباط می‌شود که افزایش شاخص برداشت از طریق این مولفه، به دلیل اثر معکوس این مولفه بر صفات زیست‌توده و تعداد بذر در بوته است در حالی‌که با افزایش تعداد بذر در غلاف شاخص برداشت افزایش می‌یابد. بنابراین، انتخاب بر اساس مقادیر زیاد این مؤلفه، باعث انتخاب ژنوتیپ‌های با شاخص برداشت بالا، زیست‌توده پایین و تعداد بذر در بوته کمتر می‌شود و می‌توان آن را " مؤلفه شاخص برداشت" نامید. با توجه به ماهیت صفات گروه اول یعنی شاخص برداشت و تعداد بذر در غلاف، مقدار مثبت این مولفه در فضای بای‌پلات مورد نظر است، هرچند که این مولفه تاثیر معنی‌داری بر عملکرد دانه ندارد. بنابراین با توجه به این‌که مقدار زیاد مؤلفه اول و دوم مورد نظر است، بنابراین مطلوب‌ترین ناحیه بای‌پلات (شکل ۱)، ناحیه اول است. بنابراین، لاین شماره ۱۲ به‌عنوان مطلوب‌ترین لاین و صفات عملکرد دانه در متر مربع، تعداد غلاف در بوته، وزن صد دانه و شاخص برداشت هم به‌عنوان مطلوب صفات انتخاب شدند. طبق نتایج (شکل ۱) صفت تعداد غلاف در بوته بیشترین همراستایی را با عملکرد دانه در متر مربع داشت. البته لاین‌های ۳ و ۱۴ هم دارای عملکرد مطلوبی بودند ولی در مجموع، صفات لاین ۱۲ نسبت به آنها ارجحیت داشت. در مقابل نتایج فوق، نامطلوب‌ترین ناحیه بای‌پلات (شکل ۱)، ناحیه سوم و نامطلوب‌ترین ژنوتیپ، لاین ۱۸ با مقدار زیادی از صفت نامطلوب تعداد شاخه در بوته بود. این در حالی بود که Moosavi *et al.* (2015) اظهار داشتند به‌ترتیب صفات تعداد شاخه فرعی در بوته، تعداد غلاف در بوته، تعداد شاخه‌های اصلی در بوته، تعداد دانه در بوته، شاخص برداشت و زیست‌توده دارای بیشترین همبستگی مثبت و معنی‌دار و صفت روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی دارای بیشترین همبستگی منفی و معنی‌دار با عملکرد دانه بودند. مؤلفه سوم هم ضمن داشتن رابطه منفی با صفات شاخص برداشت و عملکرد دانه، بیشترین ارتباط منفی را با صفت تعداد شاخه در بوته (۰/۵۹۷-) داشت. این مؤلفه دارای ارتباط منفی و قوی با صفت تعداد بذر در بوته (۰/۴۱۱-) بود در نتیجه این ارتباط، رابط آن با صفت وزن صد دانه مثبت و قابل توجه (۰/۳۴۴) بود. در مجموع مقدار کم این مؤلفه مورد نظر است. پراکنش ژنوتیپ‌ها در هر چهار ناحیه بای‌پلات، (شکل ۱) بیانگر تنوع مطلوب و قابل توجه ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر کلیه صفات است.

در پژوهشی Kanouni *et al.* (2016) در ارزیابی لاین‌های مختلف در نخود با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی اظهار شد که لاین‌های مورد بررسی دارای تنوع قابل‌توجهی بودند. در تحقیقی دیگر (Kanouni *et al.* 2012) در مطالعه ۱۵۵ ژنوتیپ نخود اظهار شد که پنج مؤلفه اول ۸۲/۶۰ درصد از کل تغییرات داده‌ها را توجیه

کرده است، و توجه بیشتر به صفات عملکرد دانه، سرعت رشد و تجمع ماده خشک را در نخود مفید دانستند. Dargahi (2006)با استفاده ازتجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که هفت مؤلفه‌ی اصلی حدود ۶۶ درصد از واریانس کل موجود در بین داده‌ها را توجیه می‌کند. همچنین در پژوهشی دیگر Mohammadi *et al*. (2002) در بررسی تنوع ژنتیکی لاین‌های گندم نان هشت مؤلفه اصلی را استخراج کردند که در مجموع ۸۰/۵ درصد از واریانس کل را توجیه می‌کردند.



شکل ۱- بای‌پلات مؤلفه اول و دوم صفات ارتفاع بوته (PH)، تعداد شاخه در بوته (BNPP)، تعدادغلاف در بوته (PNPP)، تعداد بذر در بوته (SNPP)، تعداد بذر در غلاف (SNPPO)، وزن ۱۰۰ دانه (HSW)، عملکرددانه در متر مربع (GYPMS)، زیست‌توده در متر مربع (BYPMS) و شاخص برداشت (HI) در ۱۹ لاین نخود

Fig. 1- Bi-plot of first and second components of plant height (PH), branch number per plant (BNPP), pod number per plant (PNPP), seed number per plant (SNPP), seed number per pod (SNPPO), hundred seed weight (HSW), grain yield per square meter (GYPMS), biological yield per square meter (BYPMS) and harvest index (HI) in 19 chickpea lines

جدول ۵ - بردارهای ویژه مؤلفه اول، دوم و سوم در ۱۹ لاین نخود

Table 5. Eigen- vectors of the first, second and third components in 19 chickpea lines

مؤلفه سوم Third component	مؤلفه دوم Second component	مؤلفه اول First component	صفت Traits
-0.309	-0.381	0.195	ارتفاع بوته Plant height
-0.597	-0.009	-0.204	تعداد شاخه در بوته Number of branches per plant
0.175	-0.062	0.524	تعدادغلاف در بوته Number of pod per plant
-0.411	-0.433	0.177	تعداد بذر در بوته Number of seeds per plant
-0.206	0.312	-0.200	تعداد بذر در غلاف Number of seeds per pod
0.344	0.141	0.339	وزن ۱۰۰ دانه 100-seeds weight
-0.204	0.012	0.551	عملکرد دانه در متر مربع Seed yield per square meter
0.226	-0.584	-0.019	زیست‌توده در متر مربع Biomass in square meters
-0.308	0.453	0.394	شاخص برداشت Harvest index

جدول ۶ – مقادیر ویژه و واریانس تجمعی مؤلفه اول، دوم و سوم در ۱۹ لاین نخود

Table 6. Eigen- values and cumulative variance of the first, second and third components in 19 chickpea lines

	مؤلفه اول First component	مؤلفه دوم Second component	مؤلفه سوم Third component
مقادیر ویژه Eigen-values	2.47	2.03	1.69
واریانس تجمعی (٪) Cumulative variance (%)	27.5	50	68.9

تجزیه عاملی

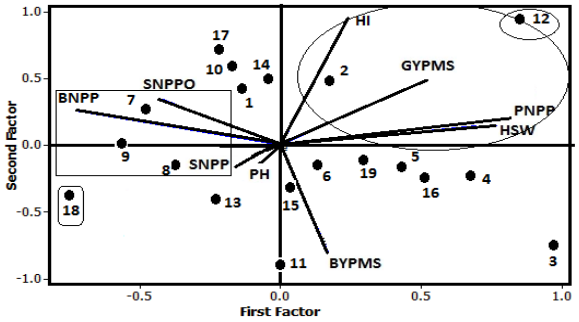
با توجه به نتایج (جدول ۸)، سه عامل اول در مجموع ۶۸/۸ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه کردند که بخش عمده‌ای از تغییرات را توجیه می‌کردند. عامل اول به‌ترتیب با صفات تعداد غلاف در بوته (۰/۷۹۲)، وزن صد دانه (۰/۶۹۴)، عملکرد دانه در متر مربع (۰/۵۲۰) و شاخص برداشت (۰/۲۳۵) ارتباط قوی مثبت و با صفات تعداد شاخه در بوته (۰/۷۳-) و تعداد بذر در غلاف (۰/۴۱۹-) ارتباط قوی منفی داشت. طبق این نتایج عامل اول "عامل عملکرد دانه" نام گرفت. در این عامل، عملکرد دانه با صفت تعداد غلاف در بوته رابطه همسو و با صفت تعداد بذر در غلاف ارتباط معکوس داشت که به‌ترتیب افزایش و کاهش این دو صفت، موجب افزایش عملکرد دانه خواهد شد. صفات شاخص برداشت، عملکرد دانه و تعداد بذر در غلاف به‌ترتیب بیشترین ارتباط مثبت و صفت زیست‌توده بیشترین ارتباط منفی (۰/۷۹۶-) را با عامل دوم داشتند که با توجه به ارتباط مثبت صفت تعداد بذر در غلاف با این عامل و ارتباط منفی زیست‌توده، مشخص می‌شود که افزایش کاه و کلش زیست‌توده ارتباط منفی با این عامل دارد نه افزایش وزن دانه در زیست‌توده، لذا عامل دوم "عامل شاخص برداشت" نام‌گذاری شد که افزایش این عامل تحت تأثیر افزایش عملکرد دانه و افزایش تعداد بذر در غلاف بود.

در عامل سوم، صفات تعداد بذر در بوته (۰/۸۵۳-)، ارتفاع بوته (۰/۷۳۷-) و عملکرد دانه (۰/۵۵-) دارای ارتباط منفی با این عامل بودند، به عبارتی عامل سوم "عامل بنیه گیاه" نامیده شد که با کاهش رشد کلی در یک ژنوتیپ، عملکرد نهایی آن کاهش خواهد یافت (جدول ۷).

به‌طور معمول با افزایش صفت تعداد بذر در بوته، وزن صد دانه کاهش می‌یابد، به‌طوری که این رابطه معکوس بین این دو صفت در هر سه مولفه (جدول ۷) قابل مشاهده است. در پژوهشی Mardi *et al*. (2003) ، در بررسی تنوع ژنتیکی و بررسی تجزیه به عامل‌ها در نخود تیپ دسی سه عامل اجزاء عملکرد، اندازه بذر و ارتفاع گیاه را با چرخش وریماکس جهت ضرایب عامل‌ها و بر مبنای روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برآورد کردند.

با توجه به نمودار بای‌پلات (شکل ۲)، صفات عملکرد دانه، تعداد غلاف در بوته، وزن صد دانه و شاخص برداشت در ناحیه اول نمودار،که مطلوب‌ترین ناحیه و به‌عبارتی ناحیه عملکرد است، قرار دارند. مطلوب‌ترین ژنوتیپ هم، مانند نتایج تجزیه مولفه‌ها، لاین شماره ۱۲ و نامطلوب‌ترین آنها لاین ۱۸ بود. صفات نامطلوب هم عمدتا تعداد شاخه در بوته و تعداد بذر در بوته هستند که بیشترین همراستایی را با ناحیه نامطلوب و لاین‌های نامطلوب دارند (شکل ۲). مقایسه بای‌پلات تجزیه مولفه‌ها و تجزیه عاملی (شکل ۱ و ۲) نشان داد که روش تجزیه عاملی، با انجام چرخش وریماکس، بهتر از تجزیه مولفه‌ها ناحیه مطلوب اول را از دیگر نواحی مجزا ساخت. پراکنش مطلوب ژنوتیپ‌ها در فضای بای‌پلات (شکل۲)، نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی مورد قبول در مواد آزمایشی است که به نحو مطلوبی قابلیت استفاده در برنامه‌های به‌نژادی را دارند. در پژوهشی دیگر (Toker and Cagirgan (2004، در ارزیابی ژنوتیپ‌های نخود به کمک تجزیه عاملی، اظهار شد که صفات زیست‌توده، ارتفاع بوته، عملکرد دانه و شاخص برداشت با عامل اول، صفات تعداد شاخه در بوته و تعداد غلاف در بوته با عامل دوم و صفت عملکرد دانه با عامل سوم ارتباط قابل‌توجه و موثری داشت و این سه فاکتور ۹۲/۹٪ کل تغییرات صفات را توجیه کردند.

در پژوهشی درباره لاین‌های امید بخش نخود Moosavi *et al.* (2015) اظهار شد که مهمترین صفات تأثیرگذار بر میانگین عملکرد دانه به ترتیب شامل صفات تعداد شاخه فرعی، زیست‌توده،شاخص برداشت و روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی (با ضریب رگرسیونی منفی) بودند. همچنین آنها اظهار داشتند که بیشترین اثر غیرمستقیم مثبت مربوط به صفات شاخص برداشت و زیست‌توده (هر دو از طریق افزایش تعداد شاخه‌های فرعی) بود. در واقع یکی از دلایل تفاوت در نتایج به‌دست‌آمده توسط محققان مختلف، به واسطه تفاوت در شرایط آزمایش و نوع ژرم‌پلاسم استفاده شده در هر تحقیق است.در حقیقت برخی از لاین‌ها از طریق برخی صفات و تعداد دیگری از آنها از طریق برخی صفات دیگر عملکرد نهایی خود را افزایش می‌دهند، که به همین دلیل شاید نتوان روند یکسان و مشابهی برای شناسایی مهمترین صفات در تحقیقات مختلف پیدا کرد. Gholipour and Mohammad-Salehi (2003) با انجام تجزیه به عامل‌ها اظهار کردند که شش عامل اصلی اول، ۸۷ درصد تغییرات کل داده‌ها را توجیه کرده‌اند.



شکل ۲ – بای‌پلات عامل اول و دوم صفات ارتفاع بوته (PH)، تعداد شاخه در بوته (BNPP)، تعدادغلاف در بوته (PNPP)، تعداد بذر در بوته (SNPP)، تعداد بذر در غلاف (SNPPO)، وزن ۱۰۰ دانه (HSW)، عملکرددانه در متر مربع (GYPMS)، زیست‌توده در متر مربع (BYPMS) و شاخص برداشت (HI) در ۱۹ لاین نخود

Fig. 2- Bi-plot of first and second factors of plant height (PH), branch number per plant (BNPP), pod number per plant (PNPP), seed number per plant (SNPP), seed number per pod (SNPPO), hundred seed weight (HSW), grain yield per square meter (GYPMS), biological yield per square meter (BYPMS) and harvest index (HI) in 19 chickpea lines

جدول ۷- بردارهای ویژه عامل اول، دوم و سوم در ۱۹ لاین نخود

Table 7. Eigen- vectors of the first, second and third factor in 19 chickpea lines

سوم عامل Third factor	عامل دوم Second factor	عامل اول First factor	صفت Trait
-0.737	-0.087	0.003	ارتفاع بوته Plant height
-0.334	0.254	-0.73	تعداد شاخه در بوته Number of branches per plant
-0.298	0.151	0.792	تعدادغلاف در بوته Number of units per plant
-0.853	-0.088	-0.100	تعداد بذر در بوته Number of seeds per plant
0.268	0.348	-0.419	تعداد بذر در غلاف Number of seeds per pod
0.157	0.143	0.694	وزن ۱۰۰ دانه Weight 100 seeds
-0.550	0.497	0.520	عملکرد دانه در متر مربع Seed yield per square meter
-0.345	-0.796	0.169	زیست‌توده در متر مربع Biomass in square meters
-0.113	0.954	0.235	شاخص برداشت Harvest index

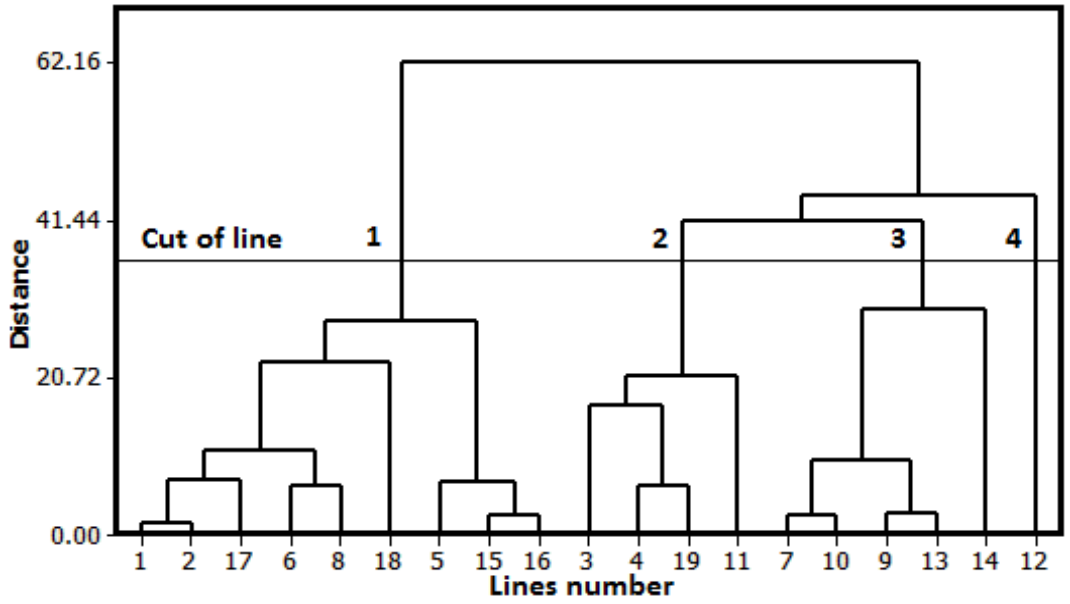
جدول ۸ – مقادیر ویژه و واریانس تجمعی عامل اول، دوم و سوم در ۱۹ لاین نخود
Table 8. Eigen- values and cumulative variance of the first, second and third factors in 19 chickpea lines

	عامل اول First factor	عامل دوم Second factor	عامل سوم Third factor
مقادیر ویژه Eigen-values	2.19	2.01	2
واریانس تجمعی (٪) Cumulative variance (%)	24.2	46.6	68.8

تجزیه خوشه‌ای و تجزیه تابع تشخیص

خط برش دندروگرام تجزیه خوشه‌ای، لاین‌ها را در چهار خوشه مجزا (شکل ۳) قرار داد که برای تایید گروه‌بندی حاصله و ارزیابی صحت خوشه‌بندی انجام شده، در ادامه تجزیه تابع تشخیص انجام شد. نتایج تجزیه تابع تشخیص (جدول ۱۱) نیز صحت گروه‌های حاصله از تجزیه خوشه‌ای را تأیید کرد. نتایج (شکل ۳) نشان داد که لاین مطلوب شماره ۱۲ به‌طور جداگانه در خوشه چهارم و لاین‌های نامطلوب ۱۸ و ۸ هم در خوشه اول قرار گرفتند که با توجه به فاصله ژنتیکی خوشه‌ها می‌توان از آنها در برنامه‌های دورگ‌گیری آتی استفاده کرد، چرا که انتخاب والدین مناسب برای دورگ‌گیری یکی از عوامل مهم در هر برنامه دورگ‌گیری است (Nematzadeh and Kiyani, 2010). نتایج (جدول ۹) بیانگر این بود که خوشه دوم و چهارم در مجموع صفات دارای بیشترین فاصله ژنتیکی (۲۶۰/۳۲) و کمترین قرابت ژنتیکی را دارا هستندکه می‌توان از این فاصله ژنتیکی جهت ایجاد تنوع در برنامه‌های به‌نژادی سود برد. طبق نتایج (جدول ۱۰)، میانگین خوشه‌ها از نظر کلیه صفات دارای تفاوت معنی‌دار ($p<0.05$) بودند که این بیانگر مطلوب بودن گروه‌بندی انجام شده و واقعی بودن تنوع موجود در بین آنها است. خوشه چهارم از نظر صفات تعداد غلاف در بوته، وزن صد دانه، شاخص برداشت و در نهایت عملکرد دانه بیشترین مقدار را دارا است و به همین دلیل می‌توان این خوشه را "خوشه عملکرد" نامید. نکته قابل توجه این است که تجزیه‌های مختلف نتایج همدیگر را تایید کردند، به طوری‌که در نتایج بای پلات‌ها هم ژنوتیپ ۱۲ به‌عنوان مطلوب‌ترین لاین و صفات عملکرد دانه، تعداد غلاف در بوته، وزن صد دانه و شاخص برداشت به‌عنوان صفات مطلوب انتخاب شدند. در پژوهش Mohammadi *et al.* (2002) در بررسی تنوع‌ژنتیکی لاین‌های بومی گندم با کمک تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA با در نظر گرفتن ۶۵٪ شباهت درون گروهی مکان‌های مورد بررسی را در شش گروه قرار دادند. در پژوهشی دیگر (Jeena and Arora 2002)، در بررسی روش‌های چندمتغیره آماری در نخود به طور مفیدی از تجزیه خوشه‌ای (با استفاده از ماتریس فاصله‌ی ماهالانوبیس) استفاده کردند و اظهار داشتند که دو تا از ژنوتیپ‌ها (ICC1452 و ICCL85319) به دلیل داشتن فاصله‌ی ژنتیکی زیاد، برای دورگ‌گیری و به دست آوردن بیشترین تنوع در برنامه‌های تلاقی‌ها استفاده شوند. Jomova *et al.* (2005) در بررسی تجزیه خوشه‌ای توده‌های نخود گزارش کردند که ۵۱ نمونه آزمایشی بر اساس روش WARD در سه گروه خوشه‌بندی شدند. نتایج تجزیه تابع تشخیص (جدول ۱۱) هم نتایج گروه‌بندی تجزیه خوشه‌ای را به‌طور صد در صد تأیید کرد که این بیانگر مطلوب بودن روش انجام تجزیه خوشه‌ای (روش Ward) و مناسب بودن ماتریس فاصله استفاده شده (مربع پیرسون) است. در پژوهشی Ahmed Khan (2009)، در بررسی ژنوتیپ‌های نخود با استفاده از روش‌های آماری تک متغیره و چندمتغیره برای تأیید گروه‌بندی تجزیه خوشه‌ای از تجزیه تابع

تشخیص استفاده کردند که میزان تأیید آن را ۷۹/۴٪ گزارش کرده‌اند. طی پژوهشی (Ray chadhury *et al.* 2007)، در بررسی روابط ژنتیکی، ارقام نخود فرنگی رابه دوخوشه اصلی با دو زیرگروه در هرخوشه گروه‌بندی کردند. در پژوهش‌هایی جداگانه، Chegamirza *et al.* (2011) و Kanouni *et al.* (2012)، از تجزیه خوشه‌ای به نحو مفیدی در بررسی داده‌های مورفولوژیکی در گیاه نخود استفاده کردند و صحت گروه‌بندی‌ها را با استفاده از تجزیه تابع تشخیص تایید کردند. در تحقیقی Moosavi *et al.* (2013) ، در گروه‌بندی ۲۰ لاین امیدبخش گندم از تجزیه خوشه‌ای به روش Ward استفاده کرده، صحت گروه‌های حاصله را با روش تابع تشخیص ارزیابی کردند.



شکل ۳- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای به روشWard و مربع ماتریس فاصله پیرسون در ۱۹ لاین نخود

Fig. 3- Dendrogram of cluster analysis by Ward method and Pearson's distance matrix square in 19 lines of chickpea

جدول ۹- ماتریس فاصله مرکز خوشه‌ها (برآورد شده از متغیرهای استانداردشده)

Table 9. Matrix of distance between centers of clusters (estimated from standardized variables)

خوشه۴ Cluster 4	خوشه ۳ Cluster 3	خوشه ۲ Cluster 2	خوشه ۱ Cluster 1	خوشه‌ها Clusters
104.26	58.49	184.3	0	خوشه ۱ Cluster 1
260.32	133.07	0	184.3	خوشه ۲ Cluster 2
130.89	0	133.07	58.49	خوشه ۳ Cluster 3
0	130.89	260.32	104.26	خوشه ۴ Cluster 4

جدول ۱۰- نتایج مقایسه میانگین خوشه‌ها برای صفات مختلف ۱۹ لاین نخود

Table 10. Results of mean comparison of cluster for different traits of 19 chickpea lines

میانگین خوشه چهارم Mean of fourth cluster	میانگین خوشه سوم Mean of third cluster	میانگین خوشه دوم Mean of second cluster	میانگین خوشه اول Mean of first cluster	صفت Trait
27.2^{b}	32.42^{a}	29.96^{a}	29.15^{a}	ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)
4.54^{ab}	5.10^{a}	3.69^{b}	4.25^{ab}	تعداد شاخه در بوته Number of branches per plant
39.13^{a}	26.26^{bc}	31.717^{b}	23.53^{c}	تعدادغلاف در بوته Number of pod per plant
20.06^{b}	21.97^{a}	20.5^{b}	17.58^{c}	تعداد بذر در بوته Number of seeds per plant
1^{a}	0.997^{b}	0.938^{c}	0.978^{b}	تعداد بذر در غلاف Number of seeds per pod
36.04^{a}	30.8^{b}	32.29^{b}	32.14^{b}	وزن ۱۰۰ دانه (گرم) 100- seeds weight (gr)
250.33^{a}	218.95^{b}	221.36^{b}	186.5^{c}	عملکرد دانه در متر مربع (گرم) Seed yield per square meter (gr)
354.33^{c}	477.93^{b}	610.448^{a}	429.79^{b}	زیست‌توده در متر مربع (گرم) Biomass in square meters (gr)
73.18^{a}	47.74^{b}	37.69^{c}	44.31^{bc}	شاخص برداشت (درصد) Harvest index (percent)

حروف مشابه در هر ردیف، به مفهوم عدم تفاوت معنی‌دار در بین میانگین خوشه‌ها در سطح ۵ درصد به روش دانکن است.

The same letters in each row show not significant difference between the mean clusters at the 5% level by Duncan's method.

جدول ۱۱- نتایج تجزیه تابع تشخیص برای گروه‌بندی ۱۹ لاین نخود

Table 11. Results of discrimination function analysis for grouping 19 chickpea lines

کل Total		گروه‌های پیش‌بینی شده بر اساس تجزیه تابع تشخیص Preventive groups based on the discrimination function analysis								گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای Groups of cluster analysis
		گروه ۴ Group 4		گروه ۳ Group 3		گروه ۲ Group 2		گروه ۱ Group 1		
درصد Percent	تعداد Number	درصد Percent	تعداد Number	درصد Percent	تعداد Number	درصد Percent	تعداد Number	درصد Percent	تعداد Number	
100	9	0	0	0	0	0	0	100	9	1
100	4	0	0	0	0	100	4	0	0	2
100	5	0	0	100	5	0	0	0	0	3
100	1	100	1	0	0	0	0	0	0	4

نتیجه‌گیری

طبق نتایج، لاین۱۲ به‌عنوان مطلوب‌ترین و لاین شماره ۱۸ به‌عنوان نامطلوب‌ترین لاین در این ارزیابی شناسایی شدند که لاین مطلوب شماره ۱۲ دارای مقادیر بالایی از صفات مطلوب تعداد غلاف در بوته، وزن صد دانه، شاخص برداشت و در نهایت عملکرد دانه بود در حالی که لاین نامطلوب ۱۸، با مقدار زیاد صفت نامطلوب تعداد شاخه در بوته هم راستایی داشت که شاید این افزایش تعداد شاخه در بوته منجر به رشد رویشی بیش از حد و محدودیت در دوره رشد زایشی شود. بر اساس نتایج

تجزیه‌های چندمتغیره مختلف، از جمله تجزیه خوشه‌ای، تنوع قابل‌توجهی در بین لاین‌ها مشاهده شد و میانگین گروه‌ها از نظر کلیه صفات دارای تفاوت معنی‌دار آماری بودند که می‌توان از این تنوع در بررسی‌های بعدی به نحو مطلوبی استفاده کرد.

تشکر و قدردانی

از استاد ارجمند جناب آقای دکتر عزت‌الله فرشادفر، برای در اختیار قرار دادن مواد گیاهی این آزمایش و همه عزیزانی که در اتمام این گزارش همکاری نمودند، سپاسگزاری می‌شود.

منابع

Ahmed Khan, T., 2009. Application of univariate and multivariate techniques in evaluation of chickpea (*Cicer aretinum* L.) genotypes. MS.c. Thesis. Dharwad University of Agriculture Sciences, India.

Chegamirza, S.H., Chegamirza, K. and Mohammadi, R., 2011. Study of genetic variation in cultivars and landraces of chickpea based on agronomic traits in dryland conditions. Journal of Agricultural Sciences Rainfed Iran. 1(1), 108-119.

Dargahi, H.R., 2006. Assessing genetic diversity of some white bean lines in Iran by multivariate statistical methods. In Proceedings 9th International Genetic Congress of Iran, 20th – 22th, Tehran, Iran. p. 25.

Falconer, D S., 1989. Introduction to Quantitative Genetics". (3rd edition). Longman, New York.

Farshadfar, A., 1997. The Application of Quantitative Genetics in Plant Breeding. Kermanshah Razi University Press, Kermanshah, Iran.

Farshadfar, A., 2005. Principles and Multivariate Statistical Methods. Kermanshah Taq-e Bostan Publications, Kermanshah, Iran.

Food and Agricultural Organization of the United Nations 2012. FAOSTAT. Available online at http://faostat3.fao.org/home/index.html.

Food and Agricultural Organization of the United Nations 2014. Statistical Database. Rome, Italy, Available online at http://www.apps.fao.org.

Fayyas, F. and Talebi, R., 2011. Determine the relationship between yield and some yield components of chickpea (*Cicer aretinum* L.) using path analysis. Iran Agricultural Research. 7(1), 131-141 (In Persian with English abstract).

Fazeli, F. and Cheghamirza, K., 2011. Genetic diversity of chickpea (*Cicer arietinum* L.) Iran based on agronomic traits and markers RAPD. Journal of Plant and Seed Breeding. 27 (4), 555-579 (In Persian with English abstract).

Ghafoor, A. and Arshad, M., 2008. Multivariate analyses for quantitative traits to determine genetic diversity of blackgram (*Vigna mungo* L. Hepper) germplasm. Pakistan Journal of Botany. 40 (6), 2307-2313.

Gholipour, M., and Mohammad-Salehi, M.S., 2003. Factor analysis and causality in different rice genotypes. Seed and Plant Journal. 19 (1), 76-86 (In Persian with English abstract).

Jafari, A.A., Ziaee-Nasab, M., Hesamzade, M. and Madah-Arefi, H., 2004. Evaluation of genetic diversity in populations of red clover seed yield (*Trifolium pretense* L.) using multivariate statistical analysis. Journal of Genetic Research and Plant Breeding of Pasture and Forest. 1(12),

91-109 (In Persian with English abstract).

Jeena, A.S. and Arora, P.P., 2002. Multivariate techniques in chickpea. Agriculture Science. 22(1), 57-58.

Jomova k, Benkova M, Zakova M, Gregova E, Kraic J., 2005. Clustering of chickpea (*Cicer arietinum* L.) accessions. Genetic Resources and Crop Evolution. 52, 1039-1084.

Kanouni, H., Farayedi, Y., Sabaghpour, S.H. and Saeid, A., 2016. Assessment of genotype×environment interaction effect onseed yield of chickpea (*Cicer arietinum* L.) lines under rained winter planting conditions. Iranian Journal of Crop Sciences. 18(1), 63 -75 (In Persian with English abstract).

Kanouni, G., Bekele, E., Assefa, F., Imtiaz, M., Debele, T., Dagne, K. and Getu, E., 2012. Phenotypic diversity for symbio-agronomic characters in Ethiopian chickpea (*Cicer aretinum* L.) germplasm accession. African Journal of Biotechnology. 33 (63), 12634-12651.

Mardi, M., Talei, A. and Omidi, M., 2003. Genetic diversity and identify its components in Desi-chickpea. Journal of Agricultural Sciences of Iran. 34 (2), 345-351 (In Persian with English abstract).

Moghadam, M., Mohammadi-Shooty, S.A. and Aghaie Sarbarze, M., 1994. Introduction to multivariate methods. (Translation), leading of science publisher.

Mohammadi, M., Ghanadha, M.R. and Talei, A., 2002. Genetic diversity of indigenous wheat lines using multivariate statistical Iran. Seed and Plant Journal. 18 (3), 328-347 (In Persian with English abstract).

Moosavi, S.S., Abdollahi, M.R, Ghanbari, F, and Kanouni, H., 2015. Detection and selection of effective traits on grain yield in chickpea (*Cicer arietinum* L.) under normal moisture conditions. Plant Production. 39 (1), 119-131 (In Persian with English abstract).

Moosavi, S.S., Kian-ersi, F. and Abdollahi, M.R., 2013. Application of multivariate statistical methods in identifying effective traits on bread wheat grain yield under moisture stress condition. Cereal Research. 3(2), 119-130 (In Persian with English abstract).

Moshtaghi, N., Bagheri, A.R., Jalali-Javaran, M. and Ghareh-Yazi, B., 2006. Multiple shoots straight five chickpea (*Cicer aretinum* L.) in vitro. Agricultural research: water, soil and agricultural plants. 6 (4), 62-49 (In Persian with English abstract).

Nematzadeh, G.h. and Kiyani, G.h., 2010. Plant breeding; classical methods. First volume. Mazandaran University Press.153 pp. (In Persian with English abstract).

Rabie, K., Khodambashi, M. and Rezai, S., 2008. Identification of traits potatoes using multivariate statistical methods in terms of tension and stress. Journal of Science and Technology of Agriculture and Natural Resources. 46(12), 131-140 (In Persian with English abstract).

Ray chadhury. P., Tanveer, H. and Dixit, G.P., 2007. Identification and detection of genetic relatedness among important varieties of pea (*Pisum sativum* L.) grown in India. Genetica. 130, 183- 191.

Saman, S., Mozaffari, M.J., Vaezi, S.h., Abbasi-Moghadam, A. and Mostafaei, H., 2012. Evaluation of genetic diversity in germplasm characterization of pods and seeds of lentils.

Iranian Journal of Crop Sciences. 14(2), 171-182 (In Persian with English abstract).

Sharma, B.D. and Hore, D.K., 1993. Multivariate analysis of divergence in upland rice. Indian journal of Agriculture Science. 63, 515-517.

Toker, C., 2003. Evaluation of yield criteria with phenotypic correlations and factor analysis in chickpea. Soil and Plant Sciences. 54, 45-48.

Toker, C. and Cagirgan, M.I., 2004.The use of phenotypic correlations and factor analysis in determining characters for grain yield selection in chickpea (*Cicer arietinum* L.). Hereditas.140, 226-228.

Ward, J.H., 1983. Hierarchical grouping to optimize an objective function. Journal of the American Statistical Association. 58, 236-244. Available online at, http://iv.slis.indiana.edu/sw/data/ward.pdf.

Zabet, M. and Hassan zadeh, A., 2011. Determine the traits of mung bean (*Vigna radiate* L.) using multivariate statistical methods in stress and non-stress conditions. Iranian Journal of Beans. 1(2), 87-98 (In Persian with English abstract).

Environmental Sciences Vol.15 / No.2 / Summer 2017

21-38

Assessing genetic diversity and detection of effective traits on yield of chickpea lines using multivariate statistical methods

Mehdi Kakaei[1] and Sayyed Saeed Moosavi[*2]

[1] Assistant Prof. of Agriculture Department, Payame Noor University, PO BOX 19395-4697 -Tehran, Iran,
[2] Assistant Prof. of Agronomy and Plant Breeding Department, Faculty of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan, Iran

Received: 2017.04.12 **Accepted:** 2017.08.13

Kakaei, M., and Moosavi, S. S., 2017. Assessing genetic diversity and detection of effective traits on yield of chickpea lines using multivariate statistical methods. Environmental Sciences. 15(2): 21-38.

Introduction: Chickpea contains a high level of protein and plays very important role in the food security cycle in the worldwide, especially in the developing countries such as Iran which is one of the most important Asian countries in terms of chickpea production. Indeed, Iranian chickpea is planted in 33 countries and its area of cultivation in Iran is approximately 650000 hectare (Ahmed Khan, 2009). Low grain yield is the most basic problem of chickpea in Iran and plant breeding is a economic and permanent solution for solving this problem. Genetic diversity, heritability and intensive selection are three effective factors for responding to selection of traits. As a consequence, multivariate statistical methods are conventional and suitable for identifying genetic diversity in plant breeding programmes; principal component analysis, factor analysis, cluster analysis and discriminate function are the most important multivariate methods generally used for different plants. Many researchers have used multivariate statistical methods in rice (Gholipour and Mohammad-Salehi, 2003), potato (Rabie *et al*., 2008), wheat (Zaki Zadeh *et al.*, 2010), chickpea (Jeena and Arora, 2002), and Identifying the most effective genotypes and traits in chickpea and assessing the genotype diversity were the main objectives of the current research.

Materials and methods: In order to assess genetic diversity and identify the most important and effective traits of grain yield in 19 chickpea genotypes, the current experiment was conducted based on a randomized complete block design with three replications under well water conditions. The experiment was carried out in the Bu-Ali Sina University research field growing season and laboratory of Payame Noor University. The traits of chlorophyll index, plant height, branch number per plant, pod number per plant, seed number per plant, seed number per pod, 100-kernel weight, economic yield per unit area, biological yield per unit area and harvest index were measured. After trait measurement, principal component analysis (PCA), factor analysis (FA),

* Corresponding Author. *E-mail Address*: s.moosavi@basu.ac.ir or moosaviss@gmail.com

cluster analysis (CA) and discriminate function analysis (DFA) were carried out in order to reach the aims of the research.

Results and discussion: The results showed that the maximum coefficient of variation belonged to the traits of pod number per plant and harvest index, while the trait of 100-kernel weight had the minimum coefficient of variation. The results of principal component analysis showed that the three first components explained 68.9 percent of the total variance of the traits. The first and second components were known as the “grain yield” and “harvest index” components, respectively. In addition, factor analysis identified the three factors of “grain yield, “harvest index” and “plant vigour”. Cluster analysis based on the WARD method grouped the genotypes into four clusters. Meanwhile, discriminate function analysis confirmed the cluster analysis groups. The results showed a high genetic diversity among the lines. Lines number 12 and 18 were recognized as generally the best and the worst genotypes. In addition, the traits of pod number per plant, 100-kernel weight and harvest index had maximum effect on grain yield, while the trait of branch number per plant had a negative effect on grain yield in the current research.

Conclusion: According to the results obtained in the research, multivariate statistical methods are suitable and efficient methods for data reduction and indirect selection of grain yield that could successfully separate the efficient genotypes and the traits. The main objective was to assess the genetic diversity of 19 chickpea lines for their application in the new plant breeding programmes. According to the total results, the traits of pod number per plant were recognized as the most suitable traits for indirect grain yield selection. Line number 12, as a suitable line, had a maximum amount of the traits of pod number per plant, 100-kernel weight and harvest, while line number 18 (an unsuitable line) included the maximum amount of the trait of branch number per plant.

Keywords: Chickpea, Principle component analysis, Factor analysis, Cluster analysis, Discriminate function analysis.