نشریهٔ پژوهش‌های حبوبات ایران
جلد۴ شمارهٔ۲، صفحهٔ ۳۴-۲۱، نیمهٔ دوم۱۳۹۲

Iranian Journal of Pulses Research
Vol. 4, No. 2, 2013, p. 21-34

گروه‌بندی تعدادی ژنوتیپ نخود کابلی با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره

هادی‌محمد علی‌پور یامچی[1*]، محمدرضا بی‌همتا[2]، سیدعلی پیغمبری[2]، محمدرضا نقوی[2] و ناصر مجنون‌حسینی[2]

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران

۲- اعضای هیئت علمی دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۰/۰۸/۱۰
تاریخ پذیرش: ۱۳۹۲/۱۱/۲۷

چکیده

به‌منظور ارزیابی و شناخت تنوع ژنتیکی و تعیین روابط ژنتیکی ۶۴ژنوتیپ نخود کابلی، آزمایشی در قالب طرح لاتیس ساده (۸×۸) در مزرعه تحقیقاتی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران در سال زراعی ۸۹- ۱۳۸۸ اجرا گردید. نتایج همبستگی‌های فنوتیپی نشان داد که عملکرد دانه در بوته به‌ترتیب با صفات وزن دانه با غلاف، عملکرد بیولوژیک، تعداد غلاف‌های پُر، وزن۱۰۰دانه، قطر دانه و قطر شاخه اصلی، همبستگی مثبت معنی‌داری در سطح احتمال ۱درصد و با تعداد روز تا گلدهی و تعداد روز تا غلاف‌دهی، همبستگی منفی معنی‌داری نشان داد. البته مقادیر عددی این همبستگی‌ها کم بود که ممکن است دال بر عدم وجود همبستگی ژنتیکی بین صفات باشد که در نتیجه، اهمیت بیولوژیک آنها را کاهش می‌دهد. بر اساس تجزیه به عامل‌ها، چهار عامل که در مجموع ۷۹درصد از تغییرات موجود در کل داده‌ها را توجیه کردند، انتخاب شدند. عامل اول و دوم که بیشترین تغییرات واریانس داده‌ها را توجیه کردند، شامل صفات وزن۱۰۰دانه، ارتفاع بوته، طول و قطر غلاف، طول و قطر دانه، صفات تعداد غلاف‌های پُر، وزن دانه با غلاف، عملکرد بیولوژیک، صفات عملکرد دانه در بوته و قطر شاخه اصلی بودند. سپس از این دو عامل، جهت به‌دست‌آوردن پراکنش و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در دستگاه مختصات استفاده شد و ژنوتیپ‌های ۲، ۲۲، ۲۹، ۳۶،۱۲۰، ۱۳۹، ۱۹۸، ۲۳۹، ۳۳۵، ۳۴۵، ۳۵۶، ۳۵۷، ۳۷۵، ۴۷۳، ۴۷۴، ۵۳۴، ۵۵۲، ۵۵۵ و ۶۲۹ به همراه ژنوتیپ‌های شاهد جم (۹۹۸) و کوروش (۹۹۹) که از نظر عامل‌های اول و دوم، مثبت و بالاتر بودند، به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر انتخاب شدند. با توجه به نتایج تجزیهٔ خوشه‌ای بر اساس صفات مورفولوژیک، ژنوتیپ‌های مورد بررسی در پنج گروه، دسته‌بندی شدند که ژنوتیپ‌های گروه سوم و چهارم از نظر اکثر صفات زراعی مورد بررسی و عملکرد، میانگین بالاتری را در میان سایر گروه‌ها و همچنین میانگین کل ژنوتیپ‌ها داشتند و در عین حال نسبت به سایر گروه‌ها، زودرس‌تر نیز بودند. بنابراین با توجه به نتایج تجزیهٔ خوشه‌ای، می‌توان از تلاقی ژنوتیپ‌های گروه سوم و چهارم و ژنوتیپ‌های شاهد جم و کوروش، برای تولید ژنوتیپ‌های جدید با عملکرد بالا بهره جست.

واژه‌های کلیدی: تجزیه به عامل‌ها، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه واریانس چندمتغیره، صفات مورفولوژیک، نخود کابلی

مقدمه

پس از غلات، دومین منبع مهم غذایی بشر، حبوبات هستند. دانهٔ حبوبات با برخورداری از۱۸ تا ۳۲درصد پروتئین، یکی از منابع پروتئینی جهان محسوب شده و به‌عنوان مکمل کمّی و کیفی دانهٔ غلات که پروتئین آنها اغلب کمتر از ۱۴ درصد است، در تغذیهٔ بشر نقش مهمی دارند. در بین حبوبات، نخود نقش مهمی در تأمین نیازهای غذایی جوامع بشری، چه از لحاظ کمّی و چه از نظر کیفی، به‌ویژه در کشورهای درحال‌توسعهٔ آسیایی، آفریقایی و آمریکای لاتین دارد (Bagheri *et al.*, 1997). گرچه ایران یکی از مراکز اصلی تنوع نخود است، ولی با این وجود، افزایش عملکرد نخود در ایران از پیشرفت ناچیزی برخوردار بوده است که می‌توان با افزایش تنوع و انجام تلاقی‌های لازم، این مشکل را حل کرد (Van Rheenen, 1993). برای اصلاح ژنوتیپ‌های نخود و نیز نگهداری و حفظ ذخایر توارثی آن، بررسی تنوع موجود بین ژنوتیپ‌های نخود از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است (Suzuki & Konno, 1982؛ Tilman & Wedin, 1996) و شناسایی تنوع ژنتیکی، بِه‌نژادگران را در امر شناسایی والدین برای انجام تلاقی‌های مطلوب، یاری می‌رساند. از طرفی دیگر، منابع ژنی گیاهان، پایهٔ امنیت غذایی جهان بوده و برای دستیابی به غذای بیشتر، لازم است تا از دامنهٔ گستردهٔ تنوع ژنی گیاهان دنیا استفاده شود. چندین روش برای اندازه‌گیری تنوع وجود دارد. با تجزیهٔ تک‌متغیره، هر صفت به‌طور جداگانه تجزیه می‌شود؛ اما روش‌های تک‌متغیره همانند تجزیهٔ واریانس، میزان تفاوت

*نویسنده مسئول: همراه: ۰۹۱۴۱۹۰۳۵۴۴، hadi_map22@yahoo.com

ارقام را در زمانی که صفات اندازه‌گیری شده با یکدیگر ارتباط دارند، توصیف نمی‌کنند (Yeater *et al.*, 2004).

تجزیه تشخیص کانونیکی می‌تواند اثرات بین جمعیت‌ها را از اثرات دورن جمعیت‌ها به‌وسیلهٔ حداکثرکردن تشخیص بین جمعیت‌ها زمانی که در مقابل تنوع درون جمعیت‌ها آزمون می‌شود، جدا کند (Riggs, 1973). بعد از تعیین تنوع درون‌جمعیتی، آمارهٔ مربع فاصله ماهالانوبیس (D^2) به‌عنوان یک شاخص که نشان‌دهندهٔ تفاوت بین جمعیت‌ها است، استفاده می‌شود (Loos, 1993). تجزیه کانونیکی قادر است تنوع درون ارقام را که مربوط به اثرات محیطی و ژنتیکی است، جدا کند. این تشخیص به‌وسیله نسبت واریانس میان جمعیت‌ها به واریانس درون جمعیت‌ها به‌دست می‌آید (Rencher, 2002). از اطلاعات به‌دست‌آمده از تجزیه تشخیص کانونیکی، می‌توان برای گروه‌بندی توده‌ها و ارقام به زیرگروه‌های کوچک‌تر که شباهت زیادی درون آنها وجود دارد، استفاده نمود (Khattree & Naik, 2000).

Mardi *et al*, (2003) در بررسی تنوع ژنتیکی و شناسایی اجزای عملکرد ۴۱۸ژنوتیپ نخود دسی، نشان دادند که از لحاظ وزن دانه با غلاف و تعداد دانه در بوته، تنوع زیادی بین ژنوتیپ‌ها وجود دارد. Toker & Cagirgan (2004) برای ارزیابی عملکرد نخود، ۱۷ژنوتیپ نخود کابلی را با استفاده از همبستگی‌های فنوتیپی و تجزیه به عامل‌ها، مورد مطالعه قرار داده و نشان دادند که عملکرد دانه، همبستگی معنی‌داری با عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، ارتفاع گیاه، تعداد شاخه و غلاف در بوته داشته و با وزن دانه، رابطهٔ منفی و معنی‌داری دارد. Yucel *et al*, (2006) در بررسی ۱۵ژنوتیپ نخود زراعی در طی دو سال متوالی نشان داد که عملکرد دانه در گیاه، روابط مثبت و معنی‌داری با ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین، تعداد کل غلاف، تعداد غلاف‌های پُر و تعداد دانه در گیاه دارد. Fayyaz & Talebi (2009) نیز اظهار نمودند که تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت، صفات اصلی در انتخاب برای افزایش عملکرد نخود می‌باشند. Kanouni & Malhotra (2003) و Meena *et al*, (2010) نشان دادند که عملکرد دانه با تعداد غلاف در بوته، تعداد شاخه‌های ثانویه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت، همبستگی مثبت و معنی‌دار و با صفات تعداد روز تا گلدهی و تعداد روز تا رسیدگی، همبستگی منفی و معنی‌داری دارد. بنابراین، تلاش برای دستیابی به ژنوتیپ‌های برتر و تعیین صفات مرتبط با سازگاری بیشتر به شرایط مختلف که افزایش عملکرد نخود را به‌دنبال داشته باشد، دارای اهمیت بسیاری است.

ارزیابی تنوع ژنتیکی بر مبنای صفات مورفولوژیک، فیزیولوژیک و زراعی می‌تواند برای سازماندهی ژرم‌پلاسم، گزینش والدین مناسب برای دورگ‌گیری و تولید جمعیت‌های در حال تفرق، سودمند باشد (Foundra *et al.*, 2000).

این تحقیق به‌منظور بررسی الگوی تنوع ژنتیکی و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس عملکرد و صفات مورفولوژیک با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره (تجزیهٔ گروه و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی) انجام شد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق، ۶۲ژنوتیپ نخود کابلی به همراه دو رقم شاهد (کوروش و جم) (جدول ۱) از میان ۴۶۹ژرم‌پلاسم نخود کابلی، براساس آزمایشی که در سال۱۳۸۷ در قالب طرح آگمنت اجرا شده بود (Mohammad Ali Pour *et al.*, 2010)، از کلکسیون حبوبات پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران-کرج، انتخاب و در قالب طرح لاتیس ساده (۸×۸)، در مزرعه تحقیقاتی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران واقع در دولت‌آباد کرج با عرض جغرافیایی ۳۵درجه و ۵۶دقیقه شمالی و طول جغرافیایی ۵۰درجه و ۵۸دقیقه شرقی با ارتفاع ۱۱۱۲/۵ از سطح دریا در سال۱۳۸۹ کشت شدند.

کاشت بذر به‌صورت دستی انجام گرفت، به‌طوری‌که هر کرت آزمایشی شامل دو خط به طول ۲متر و با فاصله خطوط ۵۰سانتی‌متر و فاصله بذور روی خطوط ۱۰سانتی‌متر و عمق بذر حدود ۵سانتی‌متر درنظر گرفته شد. در مراحل داشت، برای مبارزه با علف‌های‌هرز، وجین دستی صورت گرفت. زمانی که در حدود ۹۰درصد بوته‌های کرت‌ها رسیدند، برداشت انجام شد. صفات مورد بررسی، شامل تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا غلاف‌دهی، تعداد شاخه‌های اصلی، قطر شاخه اصلی در گره اول، تعداد گره، ارتفاع بوته، طول غلاف، قطر غلاف، طول دانه، قطر دانه، تعداد دانه در غلاف، تعداد دانه در هر بوته، تعداد غلاف‌های‌پُر، وزن دانه با غلاف، وزن ۱۰۰دانه، عملکرد دانه در بوته، عملکرد بیولوژیک هر بوته و شاخص برداشت بود که پس از میانگین‌گیری مشاهدات برای صفات مورد بررسی، مورد تجزیه آماری قرار گرفتند. برای آزمون نرمال‌بودن داده‌ها و یکنواختی واریانس‌ها از نرم‌افزار Minitab 16 و برای تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و ترسیم نمودارهای دوبعدی از نرم افزارهای SPSS 19، SAS 9.1 و STATGRAPHICS 16 استفاده گردید. برای تأیید صحت گروه‌بندی انجام شده، از تجزیه واریانس چندمتغیره، تجزیه تابع تشخیص، استفاده شد. همچنین برای بررسی تفاوت گروه‌ها از لحاظ صفات مختلف، مقایسه میانگین گروه‌ها برای صفات مورد بررسی انجام شد.

جدول ۱- اسامی و منشأ ۶۴ژنوتیپ نخود کابلی مورد بررسی

Table 1. Name and origin of studied 64 Kabuli type chickpea genotypes

کد ژنوتیپ Genotype code	شماره ژنوتیپ Genotype No.*	منشاء Origin	کد ژنوتیپ Genotype code	شماره ژنوتیپ Genotype No.	منشاء Origin
2	12-071-01834	Karaj	318	12-071-03846	Jiroft
12	12-071-01952	Karaj	323	12-071-03852	Torbat Jam
16	12-071-01972	Karaj	325	12-071-03854	Torbat Jam
22	12-071-02090	Karaj	328	12-071-03859	Torbat Jam
23	12-071-01837	Gazvin	335	12-071-03871	Torbat Jam
29	12-071-02270	Esfahan	345	12-071-03884	Torbat Jam
36	12-071-02316	Esfahan	356	12-071-03899	Torbat Jam
38	12-071-02351	Gochan	357	12-071-03900	Torbat Jam
56	12-071-02740	Shiraz	369	12-071-03915	Torbat Jam
59	12-071-02940	Ardabil	370	12-071-03916	Torbat Jam
109	12-071-06678	Mamghan	375	12-071-03922	Torbat Jam
120	12-071-03585	Karaj	394	12-071-03946	Torbat Jam
128	12-071-03718	Urmia	403	12-071-03753	Torbat Jam
129	12-071-03746	Urmia	466	12-071-04043	Esfahan
139	12-071-03885	Torbat Jam	473	12-071-04052	Dare Gaz
154	12-071-03641	Karaj	474	12-071-04053	Dare Gaz
187	12-071-03686	Urmia	478	12-071-04063	Esfahan
198	12-071-03703	Urmia	490	12-071-04084	Ardabil
216	12-071-03725	Urmia	492	12-071-04091	FAO
233	12-071-03746	Urmia	508	12-071-06885	Urmia
235	12-071-03749	Urmia	511	12-071-06888	Urmia
236	12-071-03750	Urmia	512	12-071-06889	Urmia
239	12-071-03753	Urmia	525	12-071-06903	Urmia
245	12-071-03760	Jiroft	534	12-071-06912	Ardabil
259	12-071-03776	Jiroft	552	12-071-06931	Miyaneh
269	12-071-03788	Jiroft	555	12-071-06934	Urmia
284	12-071-03805	Jiroft	563	12-071-06942	Khoy
289	12-071-03811	Jiroft	606	12-071-06985	Mahan
306	12-071-03831	Jiroft	629	12-071-07007	Esfahan
307	12-071-03832	Jiroft	642	12-071-07021	Bam
308	12-071-03833	Jiroft	998	Control	Jam
317	12-071-03845	Jiroft	999	Control	Korosh

*: شماره ژنوتیپ‌ها در بانک‌ژن پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران- کرج

نتایج و بحث

تعیین ضرایب همبستگی ساده

شناخت رابطه بین عملکرد دانه و صفات مورفولوژیک در اجرای برنامه‌های گزینشی، اهمیت زیادی دارد. بر اساس میانگین ژنوتیپ‌ها ضرایب همبستگی ساده بین صفات مورد بررسی محاسبه شد. نتایج حاصل از تحلیل همبستگی بین صفات (جدول ۲) نشان داد که عملکرد دانه در بوته به‌ترتیب با صفات وزن دانه با غلاف، عملکرد بیولوژیک، تعداد غلاف‌های‌پُر، وزن۱۰۰دانه، قطر دانه و قطر شاخه اصلی، همبستگی مثبت و معنی‌داری در سطح احتمال ۱درصد و با تعداد روز تا گلدهی و تعداد روز تا غلاف‌دهی، همبستگی منفی و معنی‌داری دارد که البته مقادیر عددی این همبستگی، کم بود که ممکن است معرف عدم وجود همبستگی ژنتیکی بین صفات بوده و در نتیجه اهمیت بیولوژیکی آنها را کاهش می‌دهد. همان‌طور که ملاحظه می‌گردد، بیشترین ضرایب همبستگی به‌ترتیب بین عملکرد دانه در بوته و وزن دانه با غلاف با متوسط ۰/۹۸۴ و عملکرد بیولوژیک با متوسط ۰/۸۰۱ مشاهده شد. Mardi *et al*, (2003) نیز در بررسی ژنوتیپ‌های نخود دسی، همبستگی بسیار معنی‌داری بین عملکرد دانه در بوته با وزن دانه با غلاف ($r=0/97^{**}$) و عملکرد بیولوژیک ($r=0/956^{**}$) مشاهده کردند. سایر محققان (Toker, 2004؛ Shobeiri *et al.*, 2006؛ Farshadfar & Farshadfar, 2008؛ Saman *et al.*, 2010؛ Talebi *et al.*, 2007؛ Fayyaz & Talebi, 2009؛ Malik *et al.*, 2010؛ Meena *et al.*, 2010) نیز همبستگی معنی‌داری بین صفات فوق و عملکرد دانه گزارش کرده‌اند.

تجزیه به عامل‌ها

از طریق تجزیه به عامل‌ها می‌توان به تأثیر شرایط محیطی بر اهمیت و گروه‌بندی صفات مختلف پی برد. ضرایب عامل‌ها پس از چرخش وریماکس[1] بر مبنای تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برآورد شدند (جدول ۳). البته در ابتدا به‌منظور تشخیص مناسب‌بودن داده‌ها برای تحلیل عاملی از دو شاخص KMO (کایزر- میر- اولکین) و آزمون کرویت بارتلت استفاده شد. با توجه به اینکه مقدار KMO برابر ۰/۷۲۱ به‌دست آمد، لذا همبستگی‌های موجود بین داده‌ها برای تحلیل عاملی مناسب بودند. آزمون کرویت بارتلت نیز بسیار معنی‌دار بود (۱۳۷۱/۷۷۱ $=\chi^2$) که وجود همبستگی کافی بین متغیرها را نشان داد. بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که داده‌ها برای تحلیل عاملی مناسب می‌باشند. برای تعیین اعتبار داده‌ها[2]، آنها به دو گروه تصادفی تقسیم شدند و سپس تجزیه به عامل‌ها برای هر گروه به‌طور جداگانه انجام شد. با توجه به این‌که نتایج در دو گروه یکسان بود، بنابراین تغییر افراد روی نتایج تأثیری نداشته و می‌توان یک جمع‌بندی کلی انجام داد. تجزیه به عامل‌ها با استفاده از صفات مورد بررسی صورت گرفت و چهار عامل بر اساس مقادیر ویژه بزرگ‌تر از ۱ انتخاب شدند که جمعاً ۷۹درصد از تغییرات موجود در کل داده‌ها را توجیه کردند (جدول ۳). عامل اول، حدود ۳۸درصد از تغییرات را توجیه کرد که شامل صفت تعداد دانه در بوته با بار منفی و صفات وزن۱۰۰دانه، ارتفاع بوته، طول و قطر غلاف و طول و قطر دانه با بار مثبت می‌باشد و عامل دوم که حدود ۲۰درصد از تغییرات را توجیه کرد، شامل صفات تعداد غلاف‌های پُر، وزن دانه با غلاف، عملکرد بیولوژیک، صفات عملکرد دانه در بوته و قطر شاخه اصلی با بار مثبت می‌باشد که به همراه عامل اول، صفات مربوط به عملکرد و اجزای عملکرد را شامل می‌شوند. با توجه به اهمیت این دو عامل، صفات مذکور به‌عنوان مهم‌ترین صفات جهت انتخاب ژنوتیپ‌های نخود کابلی بوده و ژنوتیپ‌های برگزیده‌شده، بیشترین میزان عملکرد دانه در بوته را نشان خواهند داد. عامل سوم که حدود ۱۶درصد تغییرات را توجیه کرد، شامل صفات فنولوژیک تعداد روز تا گلدهی و غلاف‌دهی با بار مثبت بود. عامل چهارم حدود ۹درصد تغییرات را توجیه کرد که شاخص برداشت و تعداد دانه در غلاف با بار مثبت و تعداد شاخه‌های اصلی با بار منفی، بیشترین تأثیر را در این عامل داشت.

میزان اشتراک نیز بخشی از واریانس یک متغیر است که به عامل‌های مشترک مربوط می‌شود که هر چه بیشتر باشد، نشان‌دهندهٔ دقت بیشتر در برآورد واریانس متغیر مربوطه می‌باشد (Jackson, 1991). همان‌گونه که ملاحظه می‌گردد، میزان اشتراک اکثر صفات، بالا است (جدول ۳). این امر، نشان می‌دهد که تعداد عامل مورد انتخاب، مناسب بوده و عامل‌های منتخب توانسته‌اند تغییرات صفات را به‌نحو مطلوبی توجیه نمایند. با توجه به میزان اشتراک، صفات تعداد دانه در بوته (۰/۹۶۸) و ارتفاع بوته (۰/۴۵۱) به‌ترتیب دارای بیشترین و کمترین دقت برآورد بودند.

Naghavi & Jahansouz (2005) و Mardi *et al*, (2003)، تعداد دانه در بوته، عملکرد دانه در بوته، تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف و وزن۱۰۰دانه را به‌عنوان عامل عملکرد معرفی کردند.

با توجه به این‌که دو عامل اصلی اول و دوم، بیشترین تغییرات واریانس داده‌ها را توجیه کردند و صفات عملکرد دانه و اجزای عملکرد در این عامل‌ها قرار داشتند، از این دو عامل جهت به‌دست‌آوردن پراکنش و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در دستگاه مختصات، استفاده شد. همان‌طور که ملاحظه می‌گردد (شکل ۱)، ژنوتیپ‌های ۲، ۲۲، ۲۹، ۳۶، ۱۲۰، ۱۳۹، ۱۹۸، ۲۳۹، ۳۳۵، ۳۴۵، ۳۵۶، ۳۵۷، ۳۷۵، ۴۷۳، ۴۷۴، ۵۳۴، ۵۵۲، ۵۵۵ و ۶۲۹ به همراه ژنوتیپ‌های شاهد جم (۹۹۸) و کوروش (۹۹۹) از نظر عامل‌های اول و دوم، مثبت و بالاتر بودند، لذا این ژنوتیپ‌ها را می‌توان به‌عنوان ژنوتیپ‌های با عملکرد و اجزای عملکرد بالا معرفی کرد.

تجزیه خوشه‌ای

به‌منظور تعیین قرابت ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی آنها بر مبنای صفات مورد بررسی، تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA و با استفاده از مربع فاصله اقلیدوسی انجام شد. ژنوتیپ‌های مورد بررسی در پنج گروه دسته‌بندی شدند که ۲۶ژنوتیپ در گروه اول، ۱۷ژنوتیپ در گروه دوم، ۶ژنوتیپ در گروه سوم، ۷ژنوتیپ در گروه چهارم و ۸ژنوتیپ در گروه پنجم قرار گرفتند (شکل ۲).

به‌منظور تأیید اختلافات بین گروه‌ها، تجزیه واریانس چندمتغیره بر پایه طرح کاملاً تصادفی نامتعادل برای صفات مورد نظر انجام شد که در آن، هر چهار آمارهٔ ویلکس لامبدا[3] (۰/۰۱۳)، اثر پیلای[4] (۲/۰۴۶)، اثر هتلینگ[5] (۱۷/۷۰۵) و بالاترین ریشه روی[6] (۱۵/۳۲۵) در سطح احتمال ۱درصد معنی‌دار شدند. بنابراین، به‌طور قاطع می‌توان نتیجه گرفت، بین بردار میانگین‌ها اختلاف معنی‌داری وجود داشته است.

[1] Varimax
[2] Data Validation
[3] Wilks' Lambda
[4] Pillai's Trace
[5] Hotelling's Trace
[6] Roy's Largest Root

جدول ۲- ضرایب همبستگی فنوتیپی بین صفات مورد بررسی در ژنوتیپ‌های نخود کابلی

Table 2. Correlation coefficients between investigated traits of Kabuli type chickpea genotypes

Traits	صفات	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
1. DF	تعداد روز تا ٪۵۰ گلدهی	1																
2. DP	دهی تعداد روز تا ٪۵۰ غلاف	0.795**	1															
3. SPl	تعداد دانه در بوته	-0.047 ns	0.023 ns	1														
4. PP	تعداد غلاف پُر در بوته	-0.080 ns	-0.177 ns	0.769**	1													
5. 100SW	وزن ۱۰۰ دانه	-0.276*	-0.312*	-0.507**	-0.138 ns	1												
6. SPW	وزن دانه با غلاف	-0.314*	-0.328*	0.332**	0.595**	0.591**	1											
7. BY	عملکرد بیولوژیک	-0.084 ns	-0.146 ns	0.264*	0.583**	0.451**	0.815**	1										
8. SY	عملکرد دانه در بوته	-0.331**	-0.327**	0.359**	0.599**	0.590**	0.984**	0.802**	1									
9. HI	شاخص برداشت	-0.316*	-0.186 ns	0.218 ns	-0.045 ns	0.152 ns	0.289*	-0.209 ns	0.335*	1								
10. PH	ارتفاع بوته	-0.060 ns	-0.233 ns	-0.080 ns	0.213 ns	0.517**	0.455**	0.400*	0.451**	0.006 ns	1							
11. NB	تعداد شاخه‌های اصلی	-0.078 ns	-0.105 ns	0.004 ns	0.289*	0.420**	0.396**	0.509**	0.424**	-0.193 ns	0.418**	1						
12. BW	قطر شاخه اصلی	0.093 ns	-0.030 ns	0.125 ns	0.333**	0.218 ns	0.474**	0.618**	0.432**	-0.146 ns	0.458**	0.311*	1					
13. SPo	تعداد دانه در غلاف	0.033 ns	0.284*	0.491**	-0.158 ns	-0.566**	-0.240*	-0.351**	-0.206 ns	0.337**	-0.377**	-0.411**	-0.219 ns	1				
14. PL	طول غلاف	-0.042 ns	-0.123 ns	-0.427**	-0.174 ns	0.699**	0.442**	0.390**	0.391**	0.003 ns	0.401**	0.166 ns	0.382**	-0.405**	1			
15. PW	قطر غلاف	-0.065 ns	-0.138 ns	-0.458**	-0.264 *	0.757**	0.425**	0.373**	0.385**	0.040 ns	0.493**	0.216 ns	0.421**	-0.330**	0.914**	1		
16. SL	طول دانه	-0.333**	-0.422**	-0.435**	0.031 ns	0.699**	0.427**	0.390**	0.416**	-0.007 ns	0.366**	0.271*	0.208 ns	-0.660**	0.453**	0.423**	1	
17. SW	قطر دانه	-0.098 ns	-0.160 ns	-0.510**	-0.167 ns	0.865**	0.498**	0.378**	0.490**	0.174 ns	0.405**	0.285*	0.212 ns	-0.498**	0.672**	0.720**	0.654**	1

Abbreviations: DF= Days to 50% flowering; DP= Days to 50% podding; SPl= Seeds per plant; PP= Pods per plant; 100SW= 100-seed weight; SPW= Seed and pod weight; BY= Biological yield per plant; SY= Seed yield per plant; HI= Harvest index; PH= Plant height; NB= Number of main branches; BW= Main branch diameter; SPo= Seeds per pod; PL= Pod length; PW= Pod diameter; SL= Seed length; SW= Seed diameter.

ns، * و **: به‌ترتیب غیرمعنی، معنی‌دار در سطوح احتمال پنج‌درصد و یک‌درصد.

ns, * and **: Non-significant, significant at 5% and 1% levels of probability, respectively.

جدول ۳- تجزیه به عامل‌ها با دوران وریماکس برای ژنوتیپ‌های نخود کابلی

Table 3. Factor analysis using Varimax rotation for Kabuli type chickpea genotypes

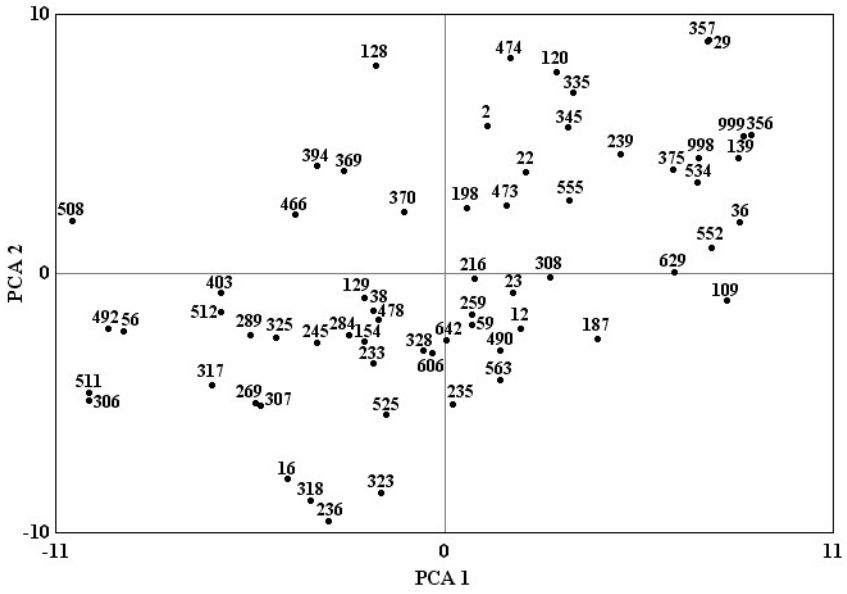
Traits	صفات	عامل اول (First)	عامل دوم (Second)	عامل سوم (Third)	عامل چهارم (Fourth)	میزان اشتراک Communality
DF	تعداد روز تا ۵۰درصد گلدهی	-0.034	-0.060	0.888	-0.148	0.816
DP	تعداد روز تا ۵۰درصد غلافدهی	-0.081	-0.115	0.878	0.073	0.795
SPl	تعداد دانه در بوته	-0.644	0.629	0.033	0.395	0.968
PP	تعداد غلاف پُر در بوته	-0.399	0.838	-0.147	-0.068	0.888
100SW	وزن۱۰۰دانه	0.864	0.207	-0.316	-0.139	0.909
SPW	وزن دانه با غلاف	0.372	0.844	-0.282	0.148	0.952
BY	عملکرد بیولوژیک	0.260	0.854	-0.018	-0.244	0.858
SY	عملکرد دانه در بوته	0.345	0.843	-0.307	0.175	0.955
HI	شاخص برداشت	0.144	0.055	-0.339	0.801	0.779
PH	ارتفاع بوته	0.449	0.447	-0.069	-0.211	0.451
NB	تعداد شاخه‌های اصلی	0.171	0.485	-0.088	-0.475	0.498
BW	قطر شاخه اصلی	0.278	0.633	0.251	-0.176	0.571
SPo	تعداد دانه در غلاف	-0.407	-0.132	0.248	0.749	0.807
PL	طول غلاف	0.870	0.170	0.059	-0.032	0.790
PW	قطر غلاف	0.917	0.153	0.062	0.007	0.868
SL	طول دانه	0.562	0.145	-0.490	-0.387	0.726
SW	قطر دانه	0.872	0.140	-0.162	-0.070	0.810
Eigen values	مقادیر ویژه	6.508	3.318	2.090	1.524	-
Cumulative of variance (%)	درصد سهم تجمعی	38.284	57.804	70.099	79.064	-

DF= Days to 50% flowering; DP= Days to 50% podding; SPl= Seeds per plant; PP= Pods per plant; 100SW = 100-seed weight; SPW= Seed and pod weight; BY= Biological yield per plant; SY= Seed yield per plant; HI= Harvest index; PH= Plant height; NB= Number of main branches; BW= Main branch diameter; SPo= Seeds per pod; PL= Pod length; PW= Pod diameter; SL= Seed length; SW= Seed diameter

به این ترتیب، ژنوتیپ‌های قرارگرفته در درون گروه‌ها نسبت به ژنوتیپ‌های قرارگرفته در گروه‌های متفاوت از نظر این صفات، شباهت بیشتری با هم داشته و گروه‌بندی، صحیح بوده است.

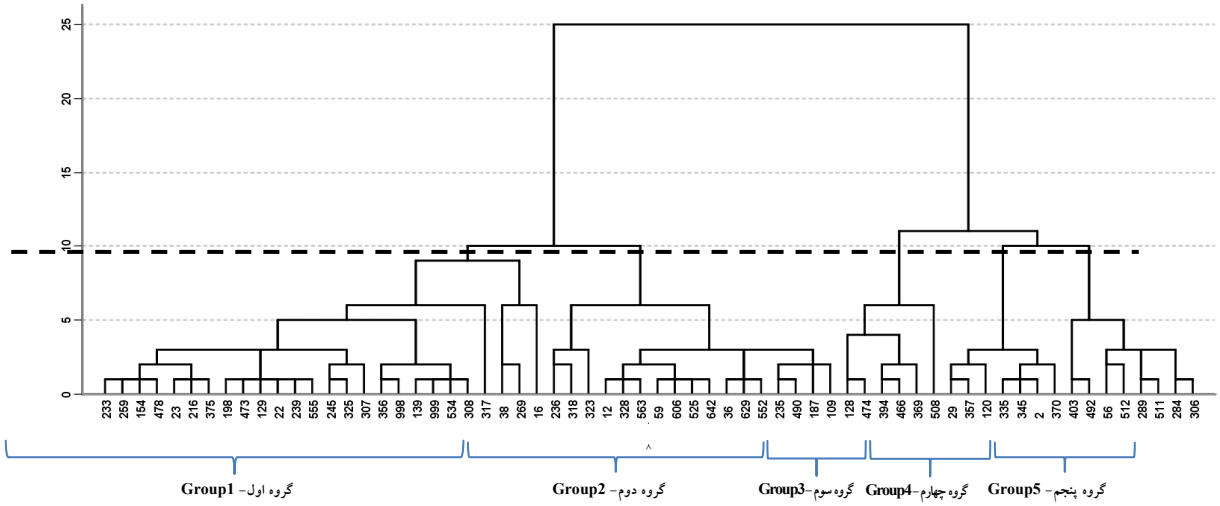
از طرف دیگر، به‌منظور بررسی صحت گروه‌بندی‌های به‌دست‌آمده از روش تجزیه خوشه‌ای، از تابع تشخیص استفاده گردید که نتایج گروه‌بندی تابع تشخیص در جدول۴ آمده است. نتایج تجزیه تابع تشخیص نشان داد که تمامی ژنوتیپ‌ها به‌طور صحیح گروه‌بندی شده‌اند و میزان موفقیت تابع تشخیص، به‌جُز غیر از گروه ۴ که در آن ۱۴/۳ درصد از ژنوتیپ‌ها در گروه خود قرار نگرفته‌اند، اما سایر گروه‌ها، ۱۰۰درصد در گروه خود قرار گرفتند.

در تجزیه تابع تشخیص کانونیکی، دو متغیر کانونیک اول که مقادیر ویژهٔ بالاتر از یک داشتند، در مجموع، ۹۶/۵درصد واریانس موجود را تبیین کردند که می‌تواند به‌عنوان معیاری مطمئن جهت انتساب ارقام جدید به گروه صحیح مورد استفاده قرار گیرد. هر متغیر کانونیکی، ترکیب خطی مجموعه متغیرهای پیش‌بینی‌کننده و متغیرهای مجموعهٔ اندازه گیری‌شده را محاسبه می‌کند (Vaylay & Van Santen, 2002).



شکل ۱- پراکنش ژنوتیپ‌های نخود کابلی براساس دو عامل اصلی اول و دوم

Fig. 1. Distribution of Kabuli type chickpea genotypes on the basis of the first and the second components



شکل ۲- دندروگرام مربوط به گروه‌بندی ژنوتیپ‌های نخود کابلی با استفاده از صفات زراعی

Fig. 2. Classifying dendrogram in Kabuli chickpea genotype based on morphological traits

جدول ۴- نتایج تابع تشخیص برای صحت گروه‌بندی ژنوتیپ‌های نخود کابلی

Table 4. Result of discriminant analysis to confirmation Kabuli chickpea genotype classification

گروه‌بندی Grouping			اعضای گروه (Group) 1	2	3	4	5	جمع کل Total
اصلی (Main)	مجموع (Sum)	1	26	0	0	0	0	26
		2	0	17	0	0	0	17
		3	0	0	6	0	0	6
		4	0	0	0	6	1	7
		5	1	0	0	0	8	8
	درصد (%)	1	100	0	0	0	0	100
		2	0	100	0	0	0	100
		3	0	0	100	0	0	100
		4	0	0	0	85.7	14.3	100
		5	0	0	0	0	100	100

همبستگی‌های کانونیکی بسیارمعنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها با اولین متغیر کانونیک (R_c=۰/۹۶۹) و دومین متغیر کانونیک (R_c=۰/۷۹۹) نشان‌دهندهٔ این است که متغیرهای کانونیک، تفاوت بین ارقام را به‌خوبی توجیه می‌کنند (جدول ۸).

ضرایب تشخیص استانداردشدهٔ کانونیکی، همبستگی خطی ساده بین متغیرهای اصلی و متغیرهای کانونیکی را محاسبه می‌کند؛ لذا ضرایب تشخیص استانداردشده کانونیکی منعکس‌کننده واریانسی مشترکی است که متغیرهای اندازه‌گیری‌شده با متغیرهای کانونیک دارند و می‌توانند در ارزیابی توجیه نسبی هر متغیر در هر معادله کانونیک مورد تفسیر قرار گیرد (Cruz-Castillo *et al.*, 1994). Rencher (2002) نیز توصیه می‌کند که برای تفسیر توابع تشخیص، از ضرایب تشخیص استانداردشده استفاده شود. این ضرایب، تأثیرات هر صفت را پس از حذف اثرات سایر صفات در توابع تشخیص به‌دست می‌دهد. در حقیقت، اثرات خالص هر صفت را در تابع تشخیص محاسبه می‌کند. ضرایب استانداردشده کانونیکی صفات تعداد دانه در بوته و تعداد غلاف پُر در بوته در اولین معادله تشخیصی کانونیکی قابل‌توجه است (جدول ۵). همچنین ضرایب صفات وزن۱۰۰دانه، وزن دانه با غلاف، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه در بوته، ارتفاع بوته، تعداد شاخه‌های اصلی، تعداد دانه در غلاف، طول و قطر غلاف و دانه در دومین معادله تشخیص کانونیکی زیاد است (جدول ۵). این نتایج، حاکی از آن است که این صفات بیشترین تأثیر را در تنوع بین ژنوتیپ‌ها دارند. سپس از متغیرهای کانونیکی معنی‌دار اول و دوم برای گروه‌بندی ارقام استفاده شد (شکل ۳). همان‌طور که ملاحظه می‌گردد، پنج گروه کاملاً مجزا به‌دست آمد و در هر گروه، تنوع ژنتیکی درون‌گروهی کمی نسبت به تنوع ژنتیکی بین‌گروهی دارد. در حقیقت، ارقام هر گروه، فاصله ژنتیکی کمی با یکدیگر دارند. سپس به‌منظور تطبیق فاصله بین گروه‌ها، فواصل بین گروه‌ها به وسیله فاصله ماهالانوبیس (D^2) محاسبه گردید (جدول ۶).

جدول ۵- ماتریس ساختاری کانونیکی صفات مطالعه‌شده در ژنوتیپ‌های نخود کابلی

Table 5. Canonical structure matrix of studied traits in Kabuli chickpea genotype

Traits	صفات	متغیرهای کانونیکی (Canonical varieties)			
		1	2	3	4
DF	تعداد روز تا ۵۰درصد گلدهی	-0.031	-0.137	0.143	0.364*
DP	تعداد روز تا ۵۰درصد غلاف‌دهی	-0.013	-0.204	0.257	0.460*
SPl	تعداد دانه در بوته	0.713*	-0.378	-0.135	-0.050
PP	تعداد غلاف پُر در بوته	0.439*	0.304	-0.210	-0.010
100SW	وزن۱۰۰دانه	-0.104	0.411*	-0.052	-0.224
SPW	وزن دانه با غلاف	0.177	0.538*	-0.116	-0.136
BY	عملکرد بیولوژیک	0.145	0.521*	-0.065	0.058
SY	عملکرد دانه در بوته	0.179	0.491*	-0.107	-0.211
HI	شاخص برداشت	0.046	-0.003	-0.031	-0.260*
PH	ارتفاع بوته	0.011	0.198*	0.005	-0.186
NB	تعداد شاخه‌های اصلی	0.015	0.207*	-0.207	-0.065
BW	قطر شاخه اصلی	0.058	0.355	-0.407*	0.257
SPo	تعداد دانه در غلاف	0.090	-0.364*	0.181	-0.012
PL	طول غلاف	-0.102	0.344*	-0.052	0.147
PW	قطر غلاف	-0.108	0.288*	-0.114	0.118
SL	طول دانه	-0.075	0.462*	-0.200	0.098
SW	قطر دانه	-0.117	0.472*	-0.193	-0.237
Eigenvalues	مقادیر ویژه	15.325	1.761	0.368	0.251
Cumulative of variance (%)	درصد سهم تجمعی	86.6	96.5	98.6	100.0
Canonical Correlation	همبستگی کانونیکی	0.969**	0.799**	0.519*	0.448 ns

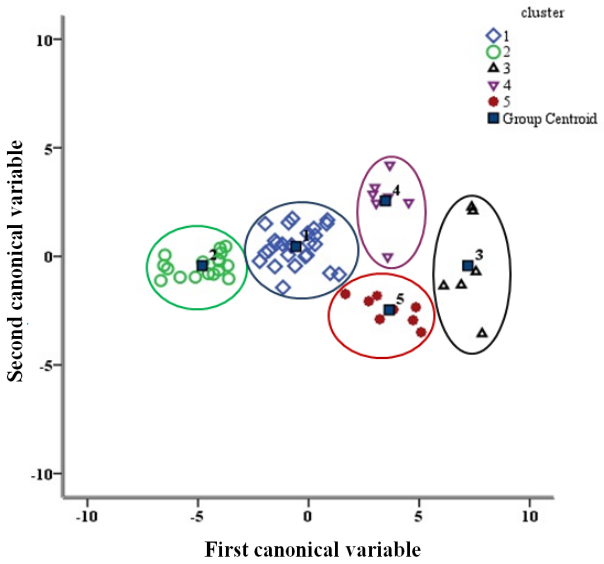
* : بالاترین همبستگی مشاهده‌شده بین هر صفت و متغیر کانونیکی

*: Largest absolute correlation between each variable and any discriminant function

جدول ۶- فواصل ماهالانوبیس بین گروه‌ها

Table 6. Mahalanobis distance between clusters

گروه (Group)	1	2	3	4	5
1	0				
2	26.348	0			
3	67.023	93.246	0		
4	28.491	53.383	45.566	0	
5	39.002	63.788	33.015	30.803	0



شکل ۳- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های نخود کابلی براساس متغیرهای کانونیک معنی‌دار

Fig. 3. Classification of Kabuli chickpea genotype based on significant canonical variables

همان‌طور که مشاهده می‌گردد، بیشترین فاصله بین گروه‌های ۲ و ۳ و کمترین فاصله بین گروه‌های ۱ و ۲ مشاهده گردید (جدول ۶ و شکل ۳). همچنین ژنوتیپ‌های گروه سوم از نظر متغیر کانونیکی اول و ژنوتیپ‌ها گروه چهارم از نظر متغیر کانونیکی دوم، بیشترین مقدار را به خود اختصاص دادند (شکل۳). با توجه به ژنوتیپ‌های گروه سوم و چهارم که دارای عملکرد و اجزای عملکرد خوبی بوده و در عین حال فاصله ژنتیکی متوسطی با یکدیگر دارند و همچنین ژنوتیپ‌های گروه سوم و ژنوتیپ‌های شاهد جم و کوروش از گروه اول که دارای فاصله ژنتیکی خوبی با هم می‌باشند، در برنامه‌های بِه‌نژادی جهت ایجاد ژنوتیپ‌های جدید با عملکرد بالا، می‌توان از تلاقی بین این گروه‌ها استفاده کرد.

به‌منظور بررسی بهتر گروه‌ها، برای تک‌تک صفات مورد بررسی به‌صورت جداگانه تجزیه واریانس یک‌طرفه انجام شد. به‌طوری‌که ملاحظه می‌گردد، بین گروه‌ها در کلیه صفات مورد بررسی به‌جُز صفات تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا غلافدهی، شاخص برداشت، ارتفاع بوته و تعداد شاخه‌های اصلی، اختلاف معنی‌داری مشاهده گردید (جدول ۷). اما مقایسه میانگین گروه‌ها با استفاده از آزمون چنددامنه‌ای دانکن برای صفات تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا غلافدهی و تعداد شاخه‌های اصلی نشان داد که بین گروه‌ها تغییرات کوچک معنی‌داری در سطح احتمال ۵درصد وجود دارد (جدول ۸).

بدیهی است اگر میانگین یک صفت در یک خوشه، از میانگین آن صفت در سایر خوشه‌ها و همچنین میانگین کل، بالاتر باشد، بدین مفهوم است که ژنوتیپ‌های آن گروه برای آن صفت، ارزش بیشتری دارند. همان‌طورکه در نتایج مقایسه میانگین صفات برای گروه‌ها ملاحظه می‌گردد (جدول ۸)، ژنوتیپ‌های گروه اول که شاهد جم و کوروش نیز در این گروه قرار داشتند، به‌همراه ژنوتیپ‌های گروه دوم از نظر اکثر صفات زراعی مورد بررسی در مقایسه با سایر گروه‌ها و میانگین کل ژنوتیپ‌ها، از ارزش پایینی برخوردار بودند. ژنوتیپ‌های گروه سوم و چهارم از نظر اکثر صفات زراعی مورد بررسی و عملکرد، میانگین بالاتری را در میان سایر گروه‌ها و همچنین میانگین کل ژنوتیپ‌ها داشتند و در عین حال نسبت به سایر گروه‌ها، زودرس‌تر نیز بودند. از آنجایی‌که زودرسی، یکی از اهداف مهم اصلاحی در نخود بوده و در بسیاری از مناطق تولید نخود،

کوتاه‌بودن روز تا گلدهی و بلوغ زودرس، یک امتیاز محسوب می‌شود (Singh & Saxena, 1990؛ Siddique *et al.*, 2003)، بنابراین ژنوتیپ‌های این دو گروه را می‌توان به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر در این تحقیق معرفی کرد. با توجه به نتایج پراکنش ژنوتیپ‌ها در فضای بای‌پلات (شکل ۱) نیز اکثر ژنوتیپ‌های گروه سوم و چهارم از نظر عامل دوم که عملکرد و اجزای عملکرد را شامل بود، مقادیر بالاتری را داشتند. ژنوتیپ‌های گروه پنجم از نظر اکثر صفات زراعی، مقادیر کمتری نسبت به میانگین کل ژنوتیپ‌ها نشان دادند و نسبت به سایر گروه‌ها، دوره‌های فنولوژیک طولانی‌تری داشتند. بنابراین با توجه به نتایج تجزیه خوشه‌ای می‌توان از تلاقی ژنوتیپ‌های گروه سوم و چهارم و ژنوتیپ‌های شاهد جم و کوروش برای تولید ژنوتیپ‌های زودرس با عملکرد بالا اقدام نمود. Nezami *et al*, (2010) در بررسی ژنوتیپ‌های نخود تیپ دسی، ۷۰ژنوتیپ را در ۹گروه دسته‌بندی کردند که خوشۀ۱ با ۲۹ژنوتیپ و خوشۀ۹ با یک ژنوتیپ، به‌ترتیب بزرگ‌ترین و کوچک‌ترین خوشه‌ها بودند. Dwevedi & Gairiyal (2009) نیز در بررسی تنوع ژنتیکی ۲۵ژنوتیپ نخود، آنها را در شِش گروه قرار داده و بیشترین فاصله را بین ژنوتیپ‌های گروه ۳ و ۴ مشاهده کردند.

جدول ۷- تجزیه واریانس گروه‌ها براساس صفات مورد بررسی
Table 7. Groups analysis of variance based on studied traits

Traits	صفات	Variance	
		واریانس بین‌گروهی Between group	واریانس درون‌گروهی Within group
d.f.	درجه آزادی	4	59
DF	تعداد روز تا ۵۰درصد گلدهی	6.970 ns	7.663
DP	تعداد روز تا ۵۰درصد غلافدهی	11.923 ns	5.276
SPl	تعداد دانه در بوته	8886.954**	74.851
PP	تعداد غلاف پُر در بوته	3533.081**	76.439
100SW	وزن۱۰۰دانه	98.203**	13.990
SPW	وزن دانه با غلاف	266.383**	18.062
BY	عملکرد بیولوژیک	515.954**	43.606
SY	عملکرد دانه در بوته	154.438**	11.234
HI	شاخص برداشت	38.011 ns	51.264
PH	ارتفاع بوته	14.423 ns	12.271
NB	تعداد شاخه‌های اصلی	0.067 ns	0.047
BW	قطر شاخه اصلی	1.355**	0.261
SPo	تعداد دانه در غلاف	0.162**	0.030
PL	طول غلاف	12.183*	2.196
PW	قطر غلاف	3.104*	0.631
SL	طول دانه	2.121**	0.300
SW	قطر دانه	1.532**	0.165

DF= Days to 50% flowering; DP= Days to 50% podding; SPl= Seeds per plant; PP= Pods per plant; 100SW = 100-seed weight; SPW= Seed and pod weight; BY= Biological yield per plant; SY= Seed yield per plant; HI= Harvest index; PH= Plant height; NB= Number of main branches; BW= Main branch diameter; SPo= Seeds per pod; PL= Pod length; PW= Pod diameter; SL= Seed length; SW= Seed diameter

ns، * و **: به‌ترتیب غیرمعنی‌دار، معنی‌دار در سطوح احتمال پنج و یک‌درصد

ns, * and **: Non-significant, significant at 5% and 1% levels of probability, respectively

نتیجه‌گیری

به‌طورکلی نتایج نشان داد که بین ارقام مورد بررسی تنوع ژنتیکی معنی‌داری وجود دارد و برخی از ژنوتیپ‌ها با داشتن توان تولید بالا و یا صفات مطلوب دیگر می‌توانند در برنامه‌های بِه‌نژادی مورد استفاده قرار گیرند و منشأ تولید واریته‌های اصلاح‌شده باشند. تجزیه تابع تشخیص کانونیکی نیز در محاسبه میزان تنوع و شناسایی صفات بسیار مؤثر در تنوع ژنوتیپ‌های نخود کابلی، موفق عمل کرد. صفات وزن۱۰۰دانه، تعداد غلاف‌های پُر، تعداد دانه در غلاف، تعداد دانه در بوته، وزن دانه با غلاف از جمله صفات مهم و تأثیرگذار بر عملکرد دانه در بوته بوده و می‌توان با گزینش برای این صفات، عملکرد دانه را افزایش داد. همچنین با توجه به این‌که بیشترین تنوع

برای این صفات در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی مشاهده شد، بنابراین با انتخاب و اصلاح برای این صفات می‌توان عملکرد دانه در بوته را به نحو مطلوبی افزایش داد. علاوه بر این، استفاده از روش تجزیه خوشه‌ای در تمایز ژنوتیپ‌ها به زیرگروه‌های مشابه بر اساس صفات مورفولوژیک و زراعی، نتیجه مطلوب و قابل‌قبولی در برداشت.

جدول ۸- انحراف معیار و مقایسه میانگین صفات گروه‌ها و میانگین کل در صفات مورد بررسی در نخود کابلی

Table 8. Cluster analysis in Kabuli chickpea genotypes

Traits	صفات	گروه ۱ Cluster 1	گروه ۲ Cluster 2	گروه ۳ Cluster 3	گروه ۴ Cluster 4	گروه ۵ Cluster 5	میانگین کل Total Average
Number of genotype	تعداد ژنوتیپ	26	17	6	7	8	64
DF	تعداد روز تا ۵۰درصد گلدهی	93.37 ^{ab} ±2.88	94.12 ^{ab} ±3.19	92.00 ^{b} ±1.41	93.14 ^{ab} ±2.44	95.06 ^{a} ±2.29	93.63 ±2.79
DP	تعداد روز تا ۵۰درصد غلاف‌دهی	102.27 ^{b} ±2.69	102.68 ^{ab} ±2.27	101.08 ^{b} ±0.86	102.00 ^{b} ±1.87	104.50 ^{a} ±1.83	102.52 ±2.39
SPl	تعداد دانه در بوته	107.63 ^{d} ±8.44	85.43 ^{e} ±7.93	160.54 ^{a} ±10.31	126.05 ^{c} ±5.60	142.84 ^{b} ±11.40	113.11±25.19
PP	تعداد غلاف پُر در بوته	90.92 ^{d} ±9.82	74.26 ^{e} ±7.96	121.42 ^{a} ±9.76	113.29 ^{b} ±4.00	99.36 ^{c} ±8.58	92.85±17.20
100SW	وزن۱۰۰دانه	19.03 ^{a} ±4.36	19.13 ^{a} ±3.92	15.30 ^{b} ±2.85	19.83 ^{a} ±2.73	12.12 ^{b} ±1.62	17.93 ±4.40
SPW	وزن دانه با غلاف	26.22 ^{b} ±4.88	21.40 ^{c} ±3.81	31.21 ^{a} ±4.59	33.87 ^{a} ±3.37	22.32 ^{c} ±3.05	25.81±5.82
BY	عملکرد بیولوژیک	40.22 ^{bc} ±7.50	33.79 ^{d} ±6.00	45.15 ^{b} ±6.06	52.10 ^{a} ±7.84	34.59 ^{cd} ±2.37	39.57±8.58
SY	عملکرد دانه در بوته	20.25 ^{b} ±3.72	16.30 ^{c} ±3.36	24.34 ^{a} ±3.16	25.56 ^{a} ±2.47	17.33 ^{bc} ±2.66	19.80±4.51
HI	شاخص برداشت	50.41 ^{a} ±9.12	48.36 ^{a} ±4.52	54.12 ^{a} ±4.66	49.65 ^{a} ±5.26	50.10 ^{a} ±7.02	50.09±7.10
PH	ارتفاع بوته	43.27 ^{a} ±4.02	42.16 ^{a} ±3.58	43.21 ^{a} ±2.83	44.11 ^{a} ±3.20	40.80 ^{a} ±1.43	42.75±3.52
NB	تعداد شاخه‌های اصلی	3.52 ^{ab} ±0.15	3.51 ^{ab} ±0.22	3.58 ^{ab} ±0.35	3.64 ^{a} ±0.21	3.39 ^{b} ±0.23	3.52±0.22
BW	قطر شاخه اصلی	5.07 ^{bc} ±0.52	5.07 ^{bc} ±0.59	5.42 ^{ab} ±0.44	5.88 ^{a} ±0.53	4.80 ^{b} ±0.23	5.16±0.57
SPo	تعداد دانه در غلاف	1.20 ^{bc} ±0.21	1.16 ^{c} ±0.12	1.33 ^{ab} ±0.15	1.10 ^{c} ±0.06	1.44 ^{a} ±0.19	1.22±0.20
PL	طول غلاف	20.03 ^{a} ±1.32	20.41 ^{a} ±1.44	18.44 ^{b} ±2.01	20.81 ^{a} ±1.39	18.11 ^{b} ±1.74	19.83±1.68
PW	قطر غلاف	9.58 ^{a} ±0.84	9.88 ^{a} ±0.86	8.82 ^{b} ±0.75	9.89 ^{a} ±0.76	8.65 ^{b} ±0.45	9.51±0.89
SL	طول دانه	7.86 ^{ab} ±0.55	7.96 ^{ab} ±0.49	7.47 ^{bc} ±0.65	8.37 ^{a} ±0.64	7.00 ^{c} ±0.51	7.80±0.64
SW	قطر دانه	6.08 ^{ab} ±0.44	6.15 ^{a} ±0.40	5.71 ^{b} ±0.40	6.24 ^{a} ±0.26	5.24 ^{c} ±0.40	5.98±0.50

در هر ردیف مقادیری که حروف مشترکی با یکدیگر ندارند بر اساس آزمون چنددامنه‌ای دانکن در سطح احتمال ۵درصد، تفاوت معنی‌داری با هم دارند.

Means by the uncommon letter in each row are significantly different according to Duncan's multiple range tests (5%).

DF= Days to 50% flowering; DP= Days to 50% podding; SPl= Seeds per plant; PP= Pods per plant; 100SW = 100-seed weight; SPW= Seed and pod weight; BY= Biological yield per plant; SY= Seed yield per plant; HI= Harvest index; PH= Plant height; NB= Number of main branches; BW= Main branch diameter; SPo= Seeds per pod; PL= Pod length; PW= Pod diameter; SL= Seed length; SW= Seed diameter

سپاسگزاری

بخشی از بودجه این تحقیق از محل طرح تحقیقاتی دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی دانشگاه تهران با شماره طرح ۷۱۰۱۰۱۰/۱/۰۴ مصوب مورخ ۱۳۸۹/۱۲/۱۶ تحت عنوان "بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های لوبیای معمولی و نخود کابلی کلکسیون بانک ژن دانشکده کشاورزی با نشانگر SSR" و همچنین وزارت علوم، قطب‌های علمی و قطب علمی تحقیقات حبوبات دانشگاه تهران تأمین شده است که تشکر و قدردانی به‌عمل می‌آید.

منابع

1. Bagheri, A., Ganjali, A., and Parsa, M. 1997. Chickpea Planting and Improvement. Press of Mashhad Academic Jihad. Iran.
2. Cruz-Castillo, J.G., Ganeshanandam, S., MacKay, B.R., Lawes, G.S., Lawoko, C.R.O., and Woolley, D.J. 1994. Applications of canonical discriminant analysis in horticultural research. Hort Science 29: 1115-1119.
3. Dwevedi, K.K., and Gaibriyal, M.L. 2009. Assessment of genetic diversity of cultivated chickpea (*Cicer arietinum* L.). Asian Journal of Agricultural Sciences 1: 7-8.
4. Farshadfar, M., and Farshadfar, E. 2008. Genetic variability and path analysis of chickpea (*Cicer arientinum* L.) landraces and lines. J. of Applied Sci. 8: 3951-3956.

5. Fayyaz, F., and Talebi, R. 2009. Determining relationships among yield and some yield components using path coefficient analysis in chickpea (*Cicer arietinum* L.). Iranian Journal of Agricultural Research 7: 135-141. (In Farsi)
6. Foundra, M.Z., Hernandez, M., Lopez, R., Fernandez, L., Sanchez, A., Lopez J., and Ravelo, I. 2000. Analysis of the variability in collected peanut (*Arachis hypogaea* L.) cultivars for the establishment of core collection. PGR Newsletter 137: 1540-1544.
7. Jackson, J.E. 1991. A User's Guide to Principal Components. Wiley Interscience. New York, U.S.A. 569 pp.
8. Kanouni, H., and Malhotra, R.S. 2003. Genetic variation and relationships between traits in chickpea (*Cicer arientinum* L.) lines under dryland conditions. Iranian J. of Crop Sci. 5(3): 185-191. (In Farsi)
9. Khattree, R., and Naik, D.N. 2000. Multivariate data reduction and discrimination with SAS software. SAS Institute Inc., Cary, NC.
10. Loos, B.P. 1993. Morphological variation in *Lolium* (Poaceae) as a measure of species relationships. Plant Syst. Evol. 188: 87-99.
11. Malik, S.R., Bakhsh, A., Asif, M.A., Iqbal U., and Iqbal, S.M. 2010. Assessment of genetic variability and interrelationship among some agronomic traits in chickpea. International Journal of Agriculture and Biology 12(1): 81-85.
12. Mardi, M., Taleei, A., and Omidi, M. 2003. A study of genetic diversity and identification of yield components in Desi chickpea. Iranian Journal of Agricultural Science 34(2): 345-351. (In Farsi)
13. Meena, H.P., Kumar, J., Upadhyaya, H.D., Bharadwaj, C., Chauhan, S.K., Verma, A.K., and Rizvi, A.H. 2010. Chickpea mini core germplasm collection as rich sources of diversity for crop improvement. SAT E-Journal 8: 1-5.
14. Mohammad Ali Pour, H., Dashtaki, M., Bihamta, M.R., Peighambary, S.A., and Nagavi, M.R. 2010. Evaluation of genetic diversity in Kabuli chickpea germplasm using by agronomic and physiological traits. Abstracts of 11th Iranian Congress of Agronomy and Plant Breeding, Vol. 2: Breeding. Pp. 47. (In Farsi).
15. Naghavi, M.R., and Jahansouz, M.R. 2005. Variation in the agronomic and morphological traits of Iranian chickpea accessions. Journal of Integrative Plant Biology 47(3): 375-379.
16. Nezami, A., Pouramir, F., Momeni, S., Porsa, H., Ganjeali, A., and Bagheri, A. 2010. Evaluation of phenologic, morphologic and yield characteristics of chickpea germplasms in Ferdowsi University of Mashhad Seed Bank I. Deci type chickpeas. Iranian Journal of Pulses Research, 1(2): 21-36. (In Farsi).
17. Rencher, A.C. 2002. Methods of Multivariate Analysis. John Wiley & Sons, Inc.
18. Riggs, T.J. 1973. The use of canonical analysis for selection within a cultivar of spring barley. Ann. Appl. Biol. 74: 249-258.
19. Saman, M., Sepehri, A., Ahmadvand, G., and Sabaghpour, S.H. 2010. Season final drought stress effects on yield and yield component on five chickpea genotypes. Iranian Journal of Agricultural Science 41(2): 259-269. (In Farsi).
20. Shobeiri, S., Ghassemi-Golezani, K., and Saba, J. 2006. Effect of water deficit on phenology and yield of three chickpea cultivars. Agricultural Science 16(2): 137-147. (In Farsi).
21. Siddique, K.H.M., Loss, S.P., and Thomsons, B.D. 2003. Cool seasons grain legume in dry land Mediterranean environment of Western Australia: Significance of early flowering. pp. 151-163. In: N.P. Saxena (Ed.). Management of Agriculture Drought "Agronomic and Genetic Options". Science Publishers Inc, NH, USA.
22. Singh, K.B., and Saxena, M.C. 1990. Studies on Drought Tolerance. Annual Report, ICARDA, Aleppo, Syria.
23. Suzuki, F., and Konno, S. 1982. Regional report on grain legumes production in Asia. Tokyo, Japan: Asian Productivity Organization. pp. 19-93.
24. Talebi, R., Fayyaz, F., and Babaeian Jeldor, F. 2007. Correlation and path coefficient analysis of yield and yield component of chickpea (*Cicer arietinum* L.) under dry land condition in the west of Iran. Asian Journal of Plant Sciences 6(7): 1151-1154.
25. Toker, C. 2004. Evaluation of yield criteria with phenotypic correlations and factor analysis in chickpea. Plant Soil Sci. 54: 45-48.
26. Toker, G., and Cagirgan, M.I. 2004. The use of phenotypic correlation and factor analysis in determining characters for grain yield selection in chickpea (*Cicer arietinum* L.). Hereditas 140: 226-228.
27. Tilman, D., and Wedin, D. 1996. Productivity and sustainability influenced by biodiversity in grassland ecosystem. Nature pp. 718-720.

28. Van Rheenen, H.A. 1993. How to accelerate the genetic improvement of a recalcitrant crop species such as chickpea. Crop Sci. 65: 414-417.
29. Vaylay, R., and Van Santen, E. 2002. Application of canonical discriminant analysis for the assessment of genetic variation in tall fescue. Crop Sci. 42: 534-539.
30. Yeater, K.M., Bollero, G.A., Bullock, D.G., Rayburn, A.L., and Rodriguez-Zas, S. 2004. Assessment of genetic variation in hairy vetch using canonical discriminant analysis. Crop Sci. 44: 185-189.
31. Yucel, D.Ö., Anlarsal, A.E., and Yucel, C. 2006. Genetic variability, correlation and path analysis of yield, and yield components in chickpea (*Cicer arietinum L.*). Turk. J. Agri. For. 30: 183-188.

Iranian Journal of Pulses Research
Vol. 4, No. 2, 2013, p. 21-34

Grouping of Kabuli chickpea genotypes using multivariate statistical methods

Alipoor Yamchi[1*], H.M., Bihamta[2], M.R., Peyghambari[2], S.A., Naghavi[2], M.R. & Majnoon Hoseini[2], N.

1. MSc. Student of Plant Breeding, Faculty of Agricultural, Tehran University
2. Contributions from College of Agricultural, Tehran University

Received: 1 November 2011
Accepted: 16 February 2014

Abstract

In order to assess and identify genetic diversity and genetic relationships of the 64 Kabuli chickpeas genotypes, an experimental design was carried out in a simple lattice design (8×8) in 2009-2010 cropping season on the Research Field of College of Agriculture and Natural Resource of Tehran University. The results of phenotypic correlation showed that grain yield per plant had significant and positive correlation with seed and pod weight, biological yield, number of filled pods, 100 seed weight, number of seeds per plant, seed diameter and main branch diameter at 1% level probability and negative correlation with day to 50% flowering and days to 50% podding. Based on factor analysis, four factors were selected that in total 79% of the total variation was explained. The first and second factors were explained high percent of variation that including 100-seed weight, plant height, pod length, pod diameter, seed length, seed diameter, number of filled pods, seed and pod weight, biological yield, grain yield and main branch diameter. Therefore, these two factors used to identify genotypes with high yield and yield components and genotypes 2, 22, 29, 36, 120, 139, 198, 239, 335, 345, 356, 357, 375, 473, 474, 534, 552, 555 and 629 with two control genotypes Jam (998) and Korosh (999) were selected as high yield and component yield genotypes. According to the result of cluster analysis, the genotypes were classified in 5 clusters. The genotypes of third and fourth cluster had high yield and earliness in compare with other clusters and genotype average. According to the result of cluster analysis, we can use third and fourth cluster genotypes and two control genotypes (Jam and Korosh) for producing new genotypes with high yield.

Key words: Cluster analysis, Factor analysis, Kabuli Chickpea, Morphological traits, Multivariate analysis of variance

***Corresponding Author:** hadi_map22@yahoo.com, Mobile: 09141903544