



## تنوع ژنتیکی و روابط بین عملکرد و اجزای عملکرد در نسل‌های جو حاصل از تلاقی بادیا × کویر با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره

زینب تقی‌زاده<sup>۱</sup>، حسین صبوری<sup>۲</sup>، حسین حسینی‌مقدم<sup>۳</sup>، حسین علی‌فلاحی<sup>۴</sup> و مهناز کاتوزی<sup>۵</sup>

۱- دانشجوی کارشناسی‌ارشد، رشته بیوتکنولوژی کشاورزی دانشگاه گنبد کاووس

۲- دانشیار، گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، (نویسنده مسوول: hos.sabouri@gmail.com)

۳- استادیار، گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس

۴- استادیار، بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی مازندران، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، ساری

۵- دانشجوی دکتری، کشاورزی هسته‌ای دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

تاریخ دریافت: ۹۵/۶/۵ تاریخ پذیرش: ۹۵/۱۱/۱۹

صفحه: ۱۸۸ تا ۱۹۷

### چکیده

به منظور مطالعه تنوع ژنتیکی و تعیین روابط میان عملکرد دانه و برخی صفات مورفوفیزیولوژیک، تعداد ۱۰۳ خانواده جو F<sub>3</sub> حاصل از تلاقی بادیا و کویر در سال زراعی ۹۳-۱۳۹۴ در مزرعه پژوهشی دانشگاه گنبد کاووس در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار ارزیابی شدند. نتایج نشان داد که صفات عملکرد دانه و اجزای آن از تنوع بالایی برخوردار بوده و بین خانواده‌ها تفاوت معنی‌داری از لحاظ کلیه صفات مورد بررسی به جز طول دانه، طول برگ، قطر پدانکل، تعداد سنبلچه و ارتفاع بوته وجود داشت. صفت عملکرد دانه بیشترین همبستگی (\*\*۰/۵۸) مثبت را با صفت وزن سنبله داشت. نتایج تجزیه رگرسیونی گام‌به‌گام نشان داد که صفات عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، وزن سنبله و ارتفاع بوته سهم بالا و مؤثری در عملکرد دانه داشتند. بر اساس نتایج تجزیه علیت نیز، بیشترین اثرات مستقیم و غیرمستقیم در جهت افزایش عملکرد دانه، به ترتیب به صفات عملکرد بیولوژیک (۰/۳۴) و وزن سنبله (۰/۱۵) تعلق داشت. بنابراین، این صفات به‌عنوان مهم‌ترین اجزای مؤثر بر عملکرد دانه شناخته شدند و می‌توان آن‌ها را به‌عنوان معیارهای گزینش برای بهبود عملکرد دانه معرفی نمود. تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات اندازه‌گیری شده خانواده‌های مورد بررسی را به دو گروه تقسیم کرد که بین گروه‌ها از نظر بیشتر صفات اختلاف معنی‌داری وجود داشت، و گروه اول به‌عنوان گروه مطلوب برگزیده شد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه علیت، تجزیه خوشه‌ای، تنوع ژنتیکی، همبستگی، جو

### مقدمه

که با عملکرد همبستگی دارند و در واقع شناخت همبستگی بین عملکرد و اجزای آن و یافتن نوع روابط بین آن‌ها می‌تواند باعث افزایش عملکرد گردد (۱۸).

جو به‌عنوان یک گیاه مدل در پژوهش‌های ژنتیکی و فیزیولوژیکی محسوب می‌شود که این قابلیت آن به خصوصیات از جمله داشتن تنوع ژنتیکی و مورفوفیزیولوژیکی بالا، در دسترس بودن نقشه ژنتیکی قابل استناد، یکساله بودن، چرخه زندگی کوتاه و قابلیت تلاقی با گونه‌های درون خزانه‌های ژنی اولیه بر می‌گردد (۱۷). سینگ و همکاران (۱۴) در بررسی همبستگی بین صفات با عملکرد دانه در جو نشان دادند که عملکرد دانه در جو با وزن هزار دانه، طول پدانکل، تعداد پنجه هر بوته و ارتفاع بوته همبستگی مثبت و معنی‌داری دارد، تجزیه علیت صفات نشان داد وزن هزار دانه بیشترین اثر مستقیم با عملکرد دانه داشت. میلوهر کامادیک و جروویچ (۱۰) به‌منظور بررسی همبستگی و تجزیه علیت بین عملکرد و اجزای عملکرد در جو نشان دادند که بین صفات شاخص برداشت، ارتفاع ساقه، عملکرد بیولوژیک و تعداد دانه در سنبله همبستگی مثبت و معنی‌داری وجود دارد. در این تحقیق عملکرد بیولوژیک، بیشترین همبستگی مثبت را با عملکرد دانه داشت و همبستگی بین وزن دانه در سنبله با عملکرد دانه غیر معنی‌دار بود، و همچنین عملکرد بیولوژیک بالاترین اثر مستقیم را با عملکرد دانه داشت و بعد از آن به ترتیب صفات شاخص برداشت و تعداد دانه در سنبله، اثرات مستقیم بالایی داشتند. شوهر و همکاران (۱۵) در آزمایشی راجع به همبستگی و تجزیه علیت صفات کمی جو عنوان

تنوع ژنتیکی پایه و اساس اصلاح گیاهان زراعی محسوب می‌شود چرا که گزینش گیاهان با خصوصیات مطلوب یا انتقال صفات به گیاهان زراعی را مقدور می‌سازد. همچنین مقاومت گیاهان در برابر آفات، بیماری‌ها و تنش‌های محیطی بستگی زیادی به تنوع ژنتیکی دارد (۱۳). جو بعد از گندم، ذرت و برنج چهارمین غله مهم در دنیا است و جزء ۱۰ محصول برتر زراعی به‌شمار می‌آید (۲). به علت تنوع ژنتیکی بالا یکی از گیاهانی است که در شرایط کاملاً متفاوت آب و هوایی رشد کرده و دارای ارقامی می‌باشد که نسبت به شرایط مختلف سازگاری دارند (۸). به‌طوری‌که تنوع موجود در ک ژرم پلاسما می‌تواند منجر به انتخاب ارقام بهتر و همچنین استفاده از این تنوع در جهت بهبود خصوصیات رقم زراعی گردد (۳). برای تعیین تنوع ژنتیکی گیاهان، می‌توان از روش‌های مختلف نظیر انواع نشانگرها مثل، نشانگرهای مورفولوژیک، بیوشیمیایی و دی.ان.ای مورد استفاده قرار داد. نشانگرهای مورفولوژیک مبتنی بر خصوصیات ظاهری است. استفاده از معیارهای ظاهری و سایر ویژگی‌های مزرعه‌ای در گذشته اهمیت زیادی داشته است، ولی همواره با مشکلاتی مواجه بوده، که اصلی‌ترین آن‌ها غیرمستقیم بودن روش مورد نظر می‌باشد. هرچند که این صفات دارای کنترل ژنتیکی هستند، ولی عوامل محیطی هم باعث انحراف از ژنوتیپ موجود می‌گردد و علاوه بر این، خصوصیات مورفولوژیک قابل اندازه‌گیری، محدود و متأثر از دوره رشد گیاه است (۴). کنترل ژنتیکی عملکرد به‌طور غیرمستقیم تحت تاثیر صفاتی است

روز تا سنبله‌دهی، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و طول دوره پر شدن دانه بودند که برای تعیین آن‌ها در هر تیمار ۲۰ بوته به طور تصادفی انتخاب و اندازه‌گیری شدند. به‌منظور بررسی تعداد سنبله در مترمربع، پیش از برداشت نهایی تعداد سنبله‌ها در هر کرت شمارش گردیدند.

برای تعیین عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه در تیمارها، در زمان رسیدگی کامل محصول، عملیات برداشت از ابتدا تا انتهای هر خط، به صورت کامل انجام شد و سپس عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه بر حسب کیلوگرم در هکتار تعیین گردیدند. شاخص برداشت دانه از تقسیم عملکرد دانه بر عملکرد بیولوژیکی محاسبه شد. در این تحقیق از نرم‌افزار SAS 9.4 جهت تجزیه واریانس و مقایسه میانگین صفات و از SPSS 23 جهت محاسبه همبستگی‌ها، رگرسیون مرحله‌ای چند متغیره خطی (گام‌به‌گام) و تجزیه خوشه‌ای به روش Ward استفاده شد.

### نتایج و بحث

نظر به اینکه اختلاف بین تکرارها برای هیچ کدام از صفات معنی‌دار نبود، تجزیه داده‌ها بر اساس مدل طرح کاملاً تصادفی انجام شد (جدول ۱). همان طوری که مشاهده می‌شود بین خانواده‌ها از لحاظ کلیه صفات به جز طول دانه، طول برگ، ارتفاع بوته، تعداد سنبلچه و قطر پدانکل اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال یک و پنج درصد وجود داشت و این بیانگر وجود تنوع و تفاوت‌های ژنتیکی بین خانواده‌های مورد مطالعه می‌باشد.

#### پتانسیل ژنوتیپ‌ها و همبستگی صفات مورد بررسی

میانگین‌های صفات مورد بررسی خانواده‌ها در جدول ۲ نشان داده شده است. به علت حجم زیاد داده‌ها، مقایسه میانگین خانواده‌های دارای ۵ درصد ارزش بالاتر و خانواده‌های دارای ۵ درصد ارزش پایین‌تر برای کلیه صفات نشان داده شده است. همان طوری که مشاهده می‌شود خانواده‌های ۷۳، ۳۴، ۱۸، ۴۹ و ۳۵ بیشترین تعداد روز تا ظهور سنبله و خانواده‌های ۷۷، ۶۲، ۱۰۵، ۹۲ و ۷۹ کمترین تعداد روز را دارا بودند. خانواده‌های ۲، ۱۸، ۴۱، ۴۶ و ۳۱ از نظر صفت روز تا رسیدگی فیزیولوژیک به‌عنوان بیشترین تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک شناسایی شدند. در مقابل خانواده‌های ۹۴، ۹، ۳۶، ۷۹ و ۶۳ کمترین تعداد روز را دارا بودند. نتایج مقایسه میانگین نشان داد خانواده ۷۹ به‌عنوان زودرس‌ترین خانواده دارای کمترین تعداد روز تا ظهور سنبله و تعداد روز تا رسیدگی بوده است. و خانواده ۱۸ به‌عنوان دیررس‌ترین خانواده دارای بیشترین تعداد روز تا ظهور سنبله و تعداد روز تا رسیدگی بوده است. ارتفاع بوته در خانواده‌های ۳۷، ۱۰۴، ۷۵، ۵۸ و ۶۴ بلندتر و در خانواده‌های ۹۶، ۹۷، ۲، ۴۱ و ۱ کوتاه‌تر از سایر خانواده‌ها بود. خانواده‌های ۴۵، ۷۵، ۴، ۵۸ و ۴۳ از نظر عملکرد بیولوژیک بیشترین میزان را دارا بودند. و با بقیه خانواده‌ها اختلاف معنی‌داری داشتند. خانواده‌های ۱۳، ۳۲، ۷۲، ۶۶ و ۸۰ بیشترین تعداد دانه در سنبله را داشتند و با سایر خانواده‌ها از نظر تعداد دانه در سنبله اختلاف معنی‌داری را نشان دادند. از لحاظ تعداد سنبله در مترمربع خانواده‌های ۱۰۵،

کردند که ارتفاع بوته، وزن هزار دانه و طول سنبله با عملکرد دانه همبستگی مثبت داشت در حالی که همبستگی تعداد دانه در سنبله با عملکرد منفی بود. طول خوشه و وزن دانه در خوشه بیشترین تاثیر مستقیم را بر عملکرد داشتند و تعداد دانه در خوشه تاثیر مستقیم منفی و قابل توجهی را بر عملکرد نشان داد و ارتفاع بوته اثر مستقیم مثبت بر عملکرد دانه از طریق صفات دیگر نشان داد. مهدی‌نژاد و همکاران (۹) در آزمایش بر عملکرد دانه و اجزای عملکرد در لاین‌های اینبرد نوترکیب گندم نان نشان دادند که عملکرد بیولوژیک بیشترین همبستگی مثبت را با عملکرد دانه داشت و با استفاده از رگرسیون گام‌به‌گام چهار صفت عملکرد بیولوژیک، وزن هزار دانه، شاخص برداشت و تعداد روز تا سنبله‌دهی به‌عنوان صفات تاثیر گذار بر عملکرد دانه معرفی شدند که ۹۸ درصد از تغییرات عملکرد دانه را توضیح دادند و بزرگترین تاثیر مستقیم و مثبت از تجزیه علیت بر عملکرد دانه مربوط به عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت بدست آمد. فراهانی و ارزانی (۵) در مطالعه تنوع ژنتیکی هیبریدهای  $F_1$  گندم دوروم ژنوتیپ‌ها بر مبنای خصوصیات زراعی و مورفولوژیک، به ۸ گروه تفکیک نمودند. که میانگین مربعات بین گروه‌ها برای تمام صفات در سطح یک درصد معنی‌دار بود. ابراهیم و همکاران (۸) یک مجموعه از ژنوتیپ‌های جو (۳۹ ژنوتیپ از ایکاردا و یک ژنوتیپ بومی از مصر) را از لحاظ صفات زراعی مورد ارزیابی قرار دادند. بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد مطالعه تفاوت معنی‌داری وجود داشت. تجزیه خوشه‌ای آن‌ها را در پنج گروه تقسیم‌بندی کرد.

هدف از اجرای این تحقیق، بررسی تنوع ژنتیکی و گروه‌بندی خانواده جو زراعی با استفاده از صفات زراعی و مورفولوژیک و شناخت همبستگی‌های موجود بین عملکرد دانه با صفات مختلف فیزیولوژیک و مورفولوژیک و همچنین مطالعه اثرات مستقیم و غیرمستقیم این اجزا با عملکرد دانه و کسب اطلاعاتی درباره روابط علت و معلولی بین آن‌ها است.

#### مواد و روش‌ها

به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی در ۱۰۳ خانواده  $F_3$  جو حاصل از تلاقی ارقام بادیا و کویر، آزمایشی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در دانشکده کشاورزی دانشگاه گنبدکاووس با عرض جغرافیایی ۳۷ درجه و ۱۶ دقیقه و با طول جغرافیایی ۵۵ درجه و ۱۲ دقیقه، در سال زراعی ۹۴-۱۳۹۳ اجرا گردید. هر کرت شامل یک ردیف یک متری با فاصله بین بوته ۱/۵ سانتی‌متر بود. کاشت بذور در تاریخ ۱۸ آبان ۱۳۹۳ به صورت دستی انجام شد. صفات مورد بررسی در این آزمایش شامل تعداد سنبله در مترمربع، تعداد بذر سبز شده، تعداد کل پنجه در مترمربع، وزن سنبله (گرم)، وزن هزار دانه (گرم)، عملکرد بیولوژیکی (کیلوگرم در هکتار)، عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)، شاخص برداشت، تعداد دانه در سنبله، ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، طول پدانکل (سانتی‌متر)، قطر پدانکل (میلی‌متر)، طول سنبله (سانتی‌متر)، طول ریشک (سانتی‌متر)، طول برگ (سانتی‌متر)، وزن برگ (گرم)، طول دانه (میلی‌متر)، قطر دانه (میلی‌متر)، تعداد سنبلچه در سنبله،

پدانکل، طول سنبله، وزن برگ، و طول دوره پر شدن دانه همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت. در بین صفات مورد بررسی وزن سنبله که مؤلفه‌ای از تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه است بالاترین همبستگی مثبت را با عملکرد دانه نشان داد. بنابراین به نظر می‌رسد این صفت می‌تواند در برنامه‌های به‌نژادی به‌عنوان عاملی در افزایش عملکرد دانه مفید واقع شود. از طرفی همبستگی بین تعداد دانه در سنبله با عملکرد دانه مثبت و غیر معنی‌دار بود که این نشان دهنده این موضوع می‌باشد که تأثیر وزن دانه از تعداد دانه در سنبله بر عملکرد بیشتر بود. اما در آزمایشی که توسط میلومر کامادیک و جروویچ (۱۰) انجام شده است، رابطه بین وزن دانه و عملکرد غیر معنی‌دار گزارش شده است. اما معمولاً مشاهده می‌شود بین اجزاء تشکیل‌دهنده عملکرد همبستگی منفی وجود داد و با افزایش تعداد دانه به علت افزایش ظرفیت مخزن در مقابل مقدار ثابتی از مواد ذخیره‌ای، طبیعی است که در ظرفیت مخزن، تعداد کمتری ماده ذخیره شود و بالعکس و این نکته قابل توجه است که ماهیت روابط بین اجزاء صرفاً ژنتیکی نبوده و از محیطی به محیط دیگر تغییر می‌نماید (۱).

۶۳، ۲۸، ۱۰۲ و ۱۶ بیشترین میزان را دارا بودند. خانواده‌های ۸، ۶۴، ۷۳ و ۸۷ دارای بیشترین وزن هزار دانه و نسبت به سایر خانواده‌ها اختلاف معنی‌داری نشان دادند. خانواده‌های ۶۷، ۶۳، ۱۰۱، ۲۸ و ۱۰۳ بیشترین عملکرد دانه را به خود اختصاص دادند و در مقابل خانواده‌های ۵۳، ۴۹، ۸۰، ۱۹ و ۵۰ کمترین را دارا بودند، همچنین خانواده ۶۳ با دارا بودن بیشترین مقدار عملکرد دانه از نظر اجزای عملکرد شامل وزن سنبله و تعداد سنبله بیشتر از میانگین کل بود که نشان‌دهنده هماهنگی بین اجزای عملکرد در توجیه عملکرد دانه بوده است. خانواده‌های ۵۳، ۷۷، ۶۵، ۱۶ و ۱۰۳ شاخص برداشت کل بالایی را دارا بودند. جهت گروه‌بندی آماری صفات از آزمون t استفاده شد، بر پایه نتایج آزمون t کلیه صفات اندازه‌گیری شده به جز تعداد سنبله در مترمربع و وزن برگ در سطح یک درصد معنی‌دار شدند، و صفت تعداد بذر سبز شده در سطح پنج درصد معنی‌دار بود. ضرایب همبستگی ساده بین صفات مورد مطالعه، در جدول ۳ ارائه شده است. بر اساس این جدول، عملکرد دانه با صفات تعداد سنبله، تعداد بذر سبز شده، تعداد پنجه در مترمربع، وزن سنبله، وزن هزار دانه، عملکرد بیولوژیکی، شاخص برداشت، ارتفاع بوته، قطر

جدول ۱- تجزیه واریانس صفات مورد بررسی در خانواده F<sub>3</sub> جو حاصل از تلاقی بادیا و کویر

Table 1. Analysis of variance studied traits in F<sub>3</sub> families of barley derived Badia × Kavir cross

میانگین مربعات												
منابع تغییر	درجه آزادی	تعداد کل سنبله	وزن هزار دانه	شاخص برداشت	تعداد دانه در سنبله	عملکرد دانه	طول پدانکل	طول دانه	طول برگ	تعداد بذر جوانه زده	ارتفاع بوته	قطر دانه
ژنوتیپ	۱۰۴	۳۰۲۳۲/۹۷**	۶/۴۶**	۶۸/۱۳**	۷۲/۲۴**	۴۲۳۲۶۸۱**	۸/۶۴*	۰/۸۰ <sup>ns</sup>	۱/۹۱ <sup>ns</sup>	۱۳۳۶۳/۷۰**	۱۱۷/۰۳ <sup>ns</sup>	۰/۰۳*
خطا	۲۱۰	۱۸۶۳۳/۷۵	۱/۰۹	۲/۰۳	۳۲/۰۸	۱۰۴۸۷۳۵/۳	۶/۴۱	۰/۶۵	۱/۷۶	۴۲۰۵/۵۵	۱۱۲/۴۸	۰/۰۲
ضریب تغییرات		۲۴/۵۳	۲/۷۷	۳/۸۸	۱۵/۵۷	۱۴/۷۵	۸/۹۵	۶/۸۱	۱۳/۴۵	۲۵/۸۱	۹/۹۷	۶/۹۵

\*، \*\* و <sup>ns</sup> به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱ و ۵ درصد و غیر معنی‌دار

ادامه جدول ۱- جدول تجزیه واریانس صفات مورد بررسی در خانواده F<sub>3</sub> جو حاصل از تلاقی بادیا × کویر

Table 1. Continued Analysis of variance studied traits in F<sub>3</sub> families of barley derived Badia × Kavir cross

میانگین مربعات												
منابع تغییر	درجه آزادی	تعداد سنبله دهی	روز تا سنبله دهی	طول ریشک	قطر پدانکل	طول سنبله	کل پنجه	عملکرد بیولوژیکی	وزن برگ	روز تا رسیدگی فیزیولوژیک	طول دوره پر شدن دانه	وزن کل سنبله
ژنوتیپ	۱۰۴	۱/۴۶ <sup>ns</sup>	۶/۶۸**	۱/۲۳**	۰/۱۴ <sup>ns</sup>	۰/۴۰**	۲۶۴۹۶/۴۲**	۱۰۹۲۱۳۹۸**	۰/۰۰۰۰۴۹**	۲/۵۷**	۳/۹۹**	۷۲۹۴۸/۶۹**
خطا	۲۱۰	۱/۱۹	۳/۳۲	۰/۶۲	۰/۱۳	۰/۲۸	۲۰۸۶/۶۸	۳۷۳۸۱۶۲۳	۰/۰۰۰۰۳۴	۲/۲۷	۲/۷۸	۵۱۴۹۶/۴۰
ضریب تغییرات		۱۲/۸۲	۱/۵۵	۶/۱۸	۱۳/۹۶	۹/۷۰	۱۵/۰۷	۱۷/۳۱	۲۵/۲۵	۰/۹۶	۴/۸۴	۲۶/۱۴

\*، \*\* و <sup>ns</sup> به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱ و ۵ درصد و غیر معنی‌دار

جدول ۲- مقایسه میانگین خانواده‌های F<sub>3</sub> جو حاصل از تلاقی بادیا × کویر از نظر صفات مورد بررسی  
Table 2. Comparison of means traits in F<sub>3</sub> families of barley from Badia × Kavir cross

صفت	درصد خانواده‌های دارای ارزش بالاتر	پایین‌تر	۵ درصد خانواده‌های دارای ارزش	t
تعداد سنبله (متر مربع)	۱۰۵(۱۰۳۰/۰) ۶۳(۷۳۳/۳) ۲۸(۷۲۰/۰)	۵۷(۳۹۵/۰) ۱۷(۳۷۰/۰) ۵۰(۳۴۵/۰)	۱۹(۳۴۰/۰) ۷۰(۳۲۸/۳) ۲۰(۳۴۵/۰)	۱/۹۳ <sup>ns</sup>
تعداد بذر سبز شده	۱۰۵(۷۹۰/۰) ۸۹(۳۳۳/۳۳) ۶۳(۳۲۱/۶۷)	۸۶(۱۸۶/۶۷) ۳۴(۱۷۳/۳۳) ۲۰(۱۸۶/۶۷)	۱۹(۵۶۷/۳) ۷۰(۵۷۶/۸) ۵۰(۴۱۲/۷)	۲/۸۰*
کل پنجه	۳(۵۳۲/۵۰) ۱۶(۵۲۷/۵۰) ۵۳(۵۰۲/۵۰)	۵۷(۱۵۲/۵۰) ۲۴(۹۲/۵۰) ۱۹(۶۷/۵۰)	۱۰۵(۱۲۶۵/۳) ۲۹(۱۲۵۹/۷) ۶۳(۱۱۸۰/۰)	۱۷/۲۹ <sup>ns</sup>
وزن سنبله (گرم)	۵(۱۱۶۵/۶) ۹(۱۱۶۷/۹) ۵(۱۱۶۵/۶)	۱۰۵(۳۵/۲۷) ۳۳(۳۵/۰۱) ۳۴(۳۴/۹۰)	۱۰۵(۳۵/۲۷) ۳۳(۳۵/۰۱) ۳۴(۳۴/۹۰)	۱۷/۱۳ <sup>ns</sup>
وزن هزار دانه (گرم)	۹۶(۳۹/۷۵) ۸۱(۳۹/۶۹) ۷۲(۳۹/۶۸)	۹۸(۳۲/۷۰) ۹۷(۳۴/۴۷) ۹۸(۳۲/۷۰)	۹۸(۳۲/۷۰) ۹۷(۳۴/۴۷) ۹۸(۳۲/۷۰)	۱۱/۲۸ <sup>ns</sup>
عملکرد بیولوژیکی (کیلوگرم در هکتار)	۴۵(۲۸۲۵۰) ۷۵(۲۶۶۲۵) ۴(۲۶۴۱۷)	۵۳(۱۳۲۵۰) ۵۳(۱۳۲۵۷) ۹۱(۱۳۰۰۰)	۵۳(۱۳۲۵۰) ۵۳(۱۳۲۵۷) ۹۱(۱۳۰۰۰)	۲۱/۴۴ <sup>ns</sup>
عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)	۶۷(۹۳۵۸/۳) ۶۳(۹۱۹۳/۰) ۱۰۱(۹۱۰۳/۰)	۴۹(۱۱۶۲۵) ۴۹(۱۱۶۲۵) ۱۶(۱۰۸۱۳)	۴۹(۱۱۶۲۵) ۴۹(۱۱۶۲۵) ۱۶(۱۰۸۱۳)	۲۷/۰۱ <sup>ns</sup>
شاخص برداشت	۵۳(۴۴/۴۶) ۷۷(۴۴/۵۵) ۶۵(۴۴/۲۲)	۳۳(۲۸/۰۷) ۲۴(۲۶/۸۵) ۱۹(۲۶/۸۵)	۳۳(۲۸/۰۷) ۲۴(۲۶/۸۵) ۱۹(۲۶/۸۵)	۲۱/۴۳ <sup>ns</sup>
تعداد دانه در سنبله	۵۳(۴۴/۴۶) ۷۷(۴۴/۵۵) ۶۵(۴۴/۲۲)	۲۵(۳۰/۱۲) ۲۵(۲۹/۱۷) ۵۲(۲۸/۵۷)	۲۵(۳۰/۱۲) ۲۵(۲۹/۱۷) ۵۲(۲۸/۵۷)	۱۳/۷۳ <sup>ns</sup>
ارتفاع (سانتی متر)	۳۷(۱۲۹/۶۶) ۱۰۴(۱۱۶/۶۶) ۷۵(۱۱۶/۶۶)	۹۶(۹۶/۳۳) ۹۷(۹۵/۶۶) ۲(۹۵/۰۰)	۹۶(۹۶/۳۳) ۹۷(۹۵/۶۶) ۲(۹۵/۰۰)	۵/۵۶ <sup>ns</sup>
طول پدانکل (سانتی متر)	۴(۳۶/۹۲) ۸۲(۳۱/۲۴) ۲۸(۳۰/۹۶)	۸۵(۲۵/۹۸) ۸۵(۲۵/۹۸) ۳۸(۲۴/۹۳)	۸۵(۲۵/۹۸) ۸۵(۲۵/۹۸) ۳۸(۲۴/۹۳)	۵/۸۳ <sup>ns</sup>
قطر پدانکل (میلی متر)	۹۰(۳/۴۲) ۴۳(۳/۳۵) ۶۹(۳/۲۸)	۵۰(۲/۳۱) ۴۶(۲/۲۷) ۳۵(۲/۲۷)	۵۰(۲/۳۱) ۴۶(۲/۲۷) ۳۵(۲/۲۷)	۱۶/۸۸ <sup>ns</sup>
طول سنبله (سانتی متر)	۱۲(۶/۱۷) ۳۳(۶/۲۱) ۳۶(۶/۱۷)	۸۸(۴/۹۱) ۷۶(۴/۹۰) ۲۵(۴/۸۰)	۸۸(۴/۹۱) ۷۶(۴/۹۰) ۲۵(۴/۸۰)	۲۲/۶۸ <sup>ns</sup>
طول ریشک (سانتی متر)	۷۹(۱۴/۸۶) ۵۷(۱۴/۸۲) ۱(۱۴/۶۳)	۵۲(۱۱/۷۲) ۲۵(۱۱/۷۱) ۵۶(۱۱/۵۸)	۵۲(۱۱/۷۲) ۲۵(۱۱/۷۱) ۵۶(۱۱/۵۸)	۱۷/۹۳ <sup>ns</sup>
طول برگ (سانتی متر)	۱۲(۱۲/۳۲) ۶۲(۱۱/۷۰) ۴(۱۱/۴۹)	۹۵(۸/۶۱) ۸۵(۸/۵۸) ۲۴(۸/۴۸)	۹۵(۸/۶۱) ۸۵(۸/۵۸) ۲۴(۸/۴۸)	۱۶/۹۷ <sup>ns</sup>
وزن برگ (گرم)	۴(۰/۰۳) ۳۲(۰/۰۳) ۱۲(۰/۰۳)	۸۵(۰/۰۱) ۸۵(۰/۰۱) ۹(۰/۰۱)	۸۵(۰/۰۱) ۸۵(۰/۰۱) ۹(۰/۰۱)	ns
طول دانه (میلی متر)	۴۵(۱۵/۰۲) ۹۴(۱۲/۷۶) ۷۲(۱۲/۹۱)	۸۵(۰/۰۱) ۸۶(۰/۰۱) ۹(۰/۰۱)	۸۵(۰/۰۱) ۸۶(۰/۰۱) ۹(۰/۰۱)	۴/۹۴ <sup>ns</sup>
قطر دانه (میلی متر)	۷۹(۲/۵۴) ۵(۲/۵۲) ۶۲(۲/۴۷)	۲۰(۲/۱۲) ۴۱(۲/۱۰) ۱۸(۲/۱۰)	۲۰(۲/۱۲) ۴۱(۲/۱۰) ۱۸(۲/۱۰)	۲۳/۷۳ <sup>ns</sup>
تعداد سنبله در سنبله	۱۲(۱۰/۵۶) ۶۳(۱۰/۰۰) ۵۸(۹/۹۶)	۹۴(۷/۴۳) ۸۷(۷/۳۶) ۹۲(۷/۲۶)	۹۴(۷/۴۳) ۸۷(۷/۳۶) ۹۲(۷/۲۶)	۱۸/۳۱ <sup>ns</sup>
روز تا سنبله دهی	۷۳(۱۲۰/۰۰) ۳۴(۱۲۰/۰۰) ۱۸(۱۲۰/۰۰)	۱۰۵(۱۱۴/۳۳) ۹۲(۱۱۴/۳۳) ۲۳(۱۱۴/۳۳)	۱۰۵(۱۱۴/۳۳) ۹۲(۱۱۴/۳۳) ۲۳(۱۱۴/۳۳)	۲۳/۵۳ <sup>ns</sup>
روز تا رسیدگی فیزیولوژیک	۲(۱۵۴/۳۳) ۱۸(۱۵۳/۶۶) ۴۱(۱۵۳/۳۳)	۹۴(۱۴۹/۳۳) ۷۹(۱۴۸/۰۰) ۹(۱۴۹/۰۰)	۹۴(۱۴۹/۳۳) ۷۹(۱۴۸/۰۰) ۹(۱۴۹/۰۰)	۱۳/۵۷ <sup>ns</sup>
طول دوره پر شدن دانه	۱۰۵(۳۷/۰۰) ۴۶(۳۶/۶۶) ۸۱(۳۶/۶۶)	۶۵(۳۲/۶۶) ۳۵(۳۲/۰۰) ۴۹(۳۲/۳۳)	۶۵(۳۲/۶۶) ۳۵(۳۲/۰۰) ۴۹(۳۲/۳۳)	۲۴/۶۴ <sup>ns</sup>

جدول ۳- ضرایب همبستگی ساده بین صفات زراعی و مورفولوژیکی ۱۰۵ خانواده نسل F<sub>3</sub> جو حاصل از تلاقی بادیا × کویر  
Table 3. Simple correlation coefficients between agronomic and morphological traits in F<sub>3</sub> families of Badia × Kavir cross

شماره	صفت	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱
۱	تعداد کل سنبله	۱										
۲	تعداد بذر سبز شده	۰/۶۱ <sup>**</sup>	۱									
۳	کل پنجه	۰/۶۳ <sup>**</sup>	۰/۱۳ <sup>ns</sup>	۱								
۴	وزن کل سنبله	۰/۷۳ <sup>**</sup>	۰/۴۷ <sup>**</sup>	۰/۲۱ <sup>ns</sup>	۱							
۵	وزن هزار دانه	۰/۰۰۶ <sup>ns</sup>	۰/۰۰۵ <sup>ns</sup>	۰/۰۰۹ <sup>ns</sup>	۰/۲۷ <sup>**</sup>	۱						
۶	عملکرد بیولوژیکی	۰/۳۳ <sup>**</sup>	۰/۱۶ <sup>ns</sup>	۰/۲۵ <sup>**</sup>	۰/۵۸ <sup>**</sup>	۰/۰۷ <sup>ns</sup>	۱					
۷	عملکرد دانه	۰/۵۷ <sup>**</sup>	۰/۲۵ <sup>**</sup>	۰/۴۰ <sup>**</sup>	۰/۱۹ <sup>**</sup>	۰/۲۱ <sup>*</sup>	۰/۵۵ <sup>**</sup>	۱				
۸	شاخص برداشت	۰/۲۳ <sup>*</sup>	۰/۸۷ <sup>ns</sup>	۰/۱۷ <sup>ns</sup>	۰/۱۹ <sup>**</sup>	۰/۰۹ <sup>ns</sup>	۰/۳۵ <sup>**</sup>	۰/۲۰ <sup>*</sup>	۱			
۹	تعداد دانه در سنبله	۰/۰۰۴ <sup>ns</sup>	۰/۱۸ <sup>ns</sup>	۰/۰۱ <sup>ns</sup>	۰/۱۰۵ <sup>ns</sup>	۰/۱۳ <sup>ns</sup>	۰/۲۵ <sup>**</sup>	۰/۱۶ <sup>ns</sup>	۰/۱۴ <sup>ns</sup>	۱		
۱۰	ارتفاع	۰/۱۳ <sup>ns</sup>	۰/۰۳ <sup>ns</sup>	۰/۱۴ <sup>ns</sup>	۰/۱۶ <sup>ns</sup>	۰/۰۵ <sup>ns</sup>	۰/۲۱ <sup>*</sup>	۰/۳۱ <sup>**</sup>	۰/۰۶ <sup>ns</sup>	۰/۰۰۹ <sup>ns</sup>	۱	
۱۱	طول پدانکل	۰/۰۳ <sup>ns</sup>	۰/۰۳ <sup>ns</sup>	۰/۰۴ <sup>ns</sup>	۰/۱۶ <sup>ns</sup>	۰/۰۵ <sup>ns</sup>	۰/۲۱ <sup>*</sup>	۰/۱۸ <sup>ns</sup>	۰/۱۳ <sup>ns</sup>	۰/۰۳ <sup>**</sup>	۰/۰۲۳ <sup>*</sup>	۱

\*\*\* و \*\*: به ترتیب نشان‌دهنده معنی‌دار بودن در سطح احتمال یک و پنج درصد و عدم معنی‌دار بودن می‌باشد.

ادامه جدول ۳- ضرایب همبستگی صفات زراعی و مورفولوژیکی ۱۰۵ خانواده نسل F<sub>3</sub> جو حاصل از تلاقی بادیا × کویر  
Table 3. Continued Simple correlation coefficients between agronomic and morfological traits in 105 family of crosses Badia×Kavir

صفت	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱	۱۲
۱۲ قطر پدانکل	۰/۰۳ <sup>ns</sup>	-۰/۰۲ <sup>ns</sup>	-۰/۰۳ <sup>ns</sup>	-۰/۰۶ <sup>ns</sup>	-۰/۱۶ <sup>ns</sup>	-۰/۲۳ <sup>**</sup>	-۰/۱۹*	-۰/۱۰ <sup>ns</sup>	-۰/۲۵ <sup>**</sup>	-۰/۱۳ <sup>ns</sup>	-۰/۳۹ <sup>**</sup>	۱
۱۳ طول سنبله	۰/۱۸ <sup>ns</sup>	-۰/۰۵ <sup>ns</sup>	-۰/۰۴ <sup>ns</sup>	-۰/۱۹*	-۰/۱۶ <sup>ns</sup>	-۰/۲۱*	-۰/۱۱*	-۰/۱۱ <sup>ns</sup>	-۰/۴۶ <sup>**</sup>	-۰/۱۳ <sup>ns</sup>	-۰/۲۳*	-۰/۳۶ <sup>**</sup>
۱۴ طول ریشک	-۰/۰۶ <sup>ns</sup>	-۰/۰۷ <sup>ns</sup>	-۰/۰۷ <sup>ns</sup>	-۰/۰۸ <sup>ns</sup>	-۰/۰۱ <sup>ns</sup>	-۰/۰۹ <sup>ns</sup>	-۰/۱۰ <sup>ns</sup>	-۰/۱۳ <sup>ns</sup>	-۰/۳۰ <sup>**</sup>	-۰/۲۵ <sup>**</sup>	-۰/۱۶ <sup>ns</sup>	-۰/۱۷ <sup>ns</sup>
۱۵ طول برگ	-۰/۰۶ <sup>ns</sup>	-۰/۱۲ <sup>ns</sup>	-۰/۰۴ <sup>ns</sup>	-۰/۱۶ <sup>ns</sup>	-۰/۰۳ <sup>ns</sup>	-۰/۱۵ <sup>ns</sup>	-۰/۰۸ <sup>ns</sup>	-۰/۰۶ <sup>ns</sup>	-۰/۲۱*	-۰/۲۳ <sup>**</sup>	-۰/۱۶ <sup>ns</sup>	-۰/۱۶ <sup>ns</sup>
۱۶ وزن برگ	-۰/۲۳*	-۰/۰۶ <sup>ns</sup>	-۰/۰۷ <sup>ns</sup>	-۰/۳۶ <sup>**</sup>	-۰/۰۴ <sup>ns</sup>	-۰/۲۴*	-۰/۱۹*	-۰/۱۶ <sup>ns</sup>	-۰/۳۹ <sup>**</sup>	-۰/۲۳*	-۰/۳۴ <sup>**</sup>	-۰/۳۹ <sup>**</sup>
۱۷ طول دانه	-۰/۰۲ <sup>ns</sup>	-۰/۰۱ <sup>ns</sup>	-۰/۰۷ <sup>ns</sup>	-۰/۰۳ <sup>ns</sup>	-۰/۰۱ <sup>ns</sup>	-۰/۲۲*	-۰/۰۳ <sup>ns</sup>	-۰/۰۸ <sup>ns</sup>	-۰/۲۴*	-۰/۳ <sup>ns</sup>	-۰/۱۹*	-۰/۰۵ <sup>ns</sup>
۱۸ قطر دانه	-۰/۰۶ <sup>ns</sup>	-۰/۰۸ <sup>ns</sup>	-۰/۰۶ <sup>ns</sup>	-۰/۰۱ <sup>ns</sup>	-۰/۰۳ <sup>ns</sup>	-۰/۰۰۱ <sup>ns</sup>	-۰/۰۷ <sup>ns</sup>	-۰/۰۴ <sup>ns</sup>	-۰/۱۴ <sup>ns</sup>	-۰/۰۹ <sup>ns</sup>	-۰/۱۳ <sup>ns</sup>	-۰/۰۵ <sup>ns</sup>
۱۹ تعداد سنبله در سنبله	-۰/۰۶ <sup>ns</sup>	-۰/۰۸ <sup>ns</sup>	-۰/۰۶ <sup>ns</sup>	-۰/۰۱ <sup>ns</sup>	-۰/۰۳ <sup>ns</sup>	-۰/۰۰۱ <sup>ns</sup>	-۰/۰۷ <sup>ns</sup>	-۰/۰۴ <sup>ns</sup>	-۰/۱۴ <sup>ns</sup>	-۰/۰۹ <sup>ns</sup>	-۰/۱۳ <sup>ns</sup>	-۰/۰۵ <sup>ns</sup>
۲۰ روز تا سنبله‌دهی	-۰/۰۶ <sup>ns</sup>	-۰/۱۱ <sup>ns</sup>	-۰/۰۶ <sup>ns</sup>	-۰/۲۰*	-۰/۰۱ <sup>ns</sup>	-۰/۲۰*	-۰/۱۰ <sup>ns</sup>	-۰/۰۱ <sup>ns</sup>	-۰/۴۰ <sup>**</sup>	-۰/۰۹ <sup>ns</sup>	-۰/۱۸ <sup>ns</sup>	-۰/۴۸ <sup>**</sup>
۲۱ روز تا رسیدگی	-۰/۰۱ <sup>ns</sup>	-۰/۲۰*	-۰/۰۲ <sup>ns</sup>	-۰/۱۶ <sup>ns</sup>	-۰/۰۹ <sup>ns</sup>	-۰/۰۹ <sup>ns</sup>	-۰/۰۱ <sup>ns</sup>	-۰/۰۱ <sup>ns</sup>	-۰/۰۶ <sup>ns</sup>	-۰/۲۱*	-۰/۲۴*	-۰/۱۹*
۲۲ طول دوره پر شدن دانه	-۰/۰۸ <sup>ns</sup>	-۰/۰۰۸ <sup>ns</sup>	-۰/۰۳ <sup>ns</sup>	-۰/۰۱ <sup>ns</sup>	-۰/۰۷ <sup>ns</sup>	-۰/۰۵ <sup>ns</sup>	-۰/۲۴*	-۰/۰۷ <sup>ns</sup>	-۰/۰۶ <sup>ns</sup>	-۰/۲۷ <sup>**</sup>	-۰/۲۰*	-۰/۲۸ <sup>**</sup>

\*، \*\* و ns: به ترتیب نشان‌دهنده معنی‌دار بودن در سطح احتمال یک و پنج درصد و عدم معنی‌دار بودن می‌باشد

ادامه جدول ۳- ضرایب همبستگی صفات زراعی و مورفولوژیکی ۱۰۵ خانواده نسل F<sub>3</sub> جو حاصل از تلاقی بادیا × کویر  
Table 3. Continued Simple correlation coefficients between agronomic and morfological traits in F<sub>3</sub> families of Badia × Kavir cross

صفت	۱۳	۱۴	۱۵	۱۶	۱۷	۱۸	۱۹	۲۰	۲۱	۲۲
۱۳ طول سنبله	۱									
۱۴ طول ریشک	۰/۰۹ <sup>ns</sup>	۱								
۱۵ طول برگ	-۰/۳۳ <sup>**</sup>	۰/۱۷ <sup>ns</sup>	۱							
۱۶ وزن برگ	-۰/۴۳ <sup>**</sup>	-۰/۲۶ <sup>**</sup>	۰/۴۷ <sup>**</sup>	۱						
۱۷ طول دانه	-۰/۰۸ <sup>ns</sup>	-۰/۱۴ <sup>ns</sup>	-۰/۰۳ <sup>ns</sup>	۰/۰۳ <sup>ns</sup>	۱					
۱۸ قطر دانه	-۰/۳۰ <sup>**</sup>	-۰/۱۳ <sup>ns</sup>	-۰/۱۱ <sup>ns</sup>	-۰/۱۶ <sup>ns</sup>	-۰/۰۸ <sup>ns</sup>	۱				
۱۹ تعداد سنبله در سنبله	-۰/۳۰ <sup>**</sup>	-۰/۲۷ <sup>**</sup>	-۰/۴۱ <sup>**</sup>	-۰/۰۹ <sup>ns</sup>	-۰/۰۵ <sup>ns</sup>	-۰/۱۳ <sup>ns</sup>	۱			
۲۰ روز تا سنبله دهی	-۰/۶۹ <sup>**</sup>	-۰/۰۷ <sup>ns</sup>	-۰/۱۳ <sup>ns</sup>	-۰/۰۷ <sup>ns</sup>	-۰/۰۵ <sup>ns</sup>	-۰/۳۳ <sup>**</sup>	۰/۱۶ <sup>ns</sup>	۱		
۲۱ روز تا رسیدگی	-۰/۰۴ <sup>ns</sup>	-۰/۰۴ <sup>ns</sup>	-۰/۱۹*	-۰/۱۴ <sup>ns</sup>	-۰/۰۵ <sup>ns</sup>	-۰/۳۰ <sup>**</sup>	-۰/۱۱ <sup>ns</sup>	۰/۶۴ <sup>**</sup>	۱	
۲۲ طول دوره پر شدن دانه	-۰/۳۱ <sup>**</sup>	-۰/۰۵ <sup>ns</sup>	-۰/۰۲ <sup>ns</sup>	-۰/۰۵ <sup>ns</sup>	-۰/۰۹ <sup>ns</sup>	-۰/۱۷ <sup>ns</sup>	-۰/۰۱ <sup>ns</sup>	-۰/۶۹ <sup>**</sup>	-۰/۰۷ <sup>ns</sup>	۱

\*، \*\* و ns: به ترتیب نشان‌دهنده معنی‌دار بودن در سطح احتمال یک و پنج درصد و عدم معنی‌دار بودن می‌باشد.

### رگرسیون گام‌به‌گام و تجزیه علیت

با توجه به پیچیدگی ارتباط بین عملکرد دانه و صفات موثر بر آن، قابل انتظار است که برخی از این صفات تاثیر بیشتری بر تغییرات عملکرد دانه داشته باشند. به‌منظور تعیین صفات با بیشترین تاثیر بر عملکرد دانه و تعیین سهم هر یک از صفات، از رگرسیون گام‌به‌گام استفاده شد. نتایج حاصل (جدول ۴) نشان داد که متغیرهای مستقل وزن کل سنبله، عملکرد بیولوژیکی، شاخص برداشت و ارتفاع گیاه به ترتیب ۳۳، ۵۰، ۶۰ و ۶۲ درصد از تغییرات عملکرد را توجیه کردند. زکی‌زاده و همکاران (۲۰) بر اساس نتایج رگرسیون مرحله‌ای اظهار شد که عملکرد بیولوژیکی، وزن دانه در سنبله و تعداد سنبله در مترمربع از مهم‌ترین اجزای عملکرد بوده و سهم مؤثرتری در توجیه عملکرد دانه داشتند. حرب و همکاران (۷) با استفاده از تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام در گندم نشان دادند که صفات شاخص برداشت، عملکرد بیولوژیکی، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبله در واحد سطح و وزن دانه در سنبله بیشترین عوامل مؤثر بر عملکرد اقتصادی هستند. به‌منظور تفسیر جامع‌تر نتایج حاصل از همبستگی‌های ساده و رگرسیون گام‌به‌گام و نیز تعیین روابط علت و معلولی جهت تعیین اثر مستقیم و غیرمستقیم اجزاء و صفات از تجزیه علیت استفاده شد. برای انجام تجزیه علیت عملکرد دانه به عنوان

متغیر وابسته (معلول) و صفات موجود در مدل رگرسیونی گام‌به‌گام به‌عنوان متغیرهای مستقل (علت) در نظر گرفته شد. نتایج تجزیه علیت (جدول ۴) نشان داد که بیشترین کمترین اثرات مستقیم به ترتیب مربوط به صفات عملکرد بیولوژیکی (۰/۵۴) و ارتفاع بوته (۰/۱۶۰) بود. در این مطالعه عملکرد بیولوژیکی دارای اثر مستقیم مثبت و بالا (۰/۵۴) و همچنین این صفت از طریق شاخص برداشت (-۰/۱۲۲) اثر غیرمستقیم منفی بر عملکرد دانه داشت ولی اثر غیرمستقیم آن از طریق وزن کل سنبله (۰/۹۳) و ارتفاع بوته (۰/۳۵) مثبت و کوچک بود. با توجه به اثر مستقیم بالای عملکرد بیولوژیکی و معنی‌داری همبستگی آن با عملکرد دانه در سطح یک درصد این صفت می‌تواند به‌عنوان معیار گزینش برای بهبود عملکرد دانه انتخاب شود. سید آقا میری و همکاران (۱۶) که بر اساس نتایج تجزیه علیت صفت عملکرد بیولوژیکی (۰/۹۹۲) دارای بیشترین اثر مستقیم و مثبت بر عملکرد دانه بود با نتایج این تحقیق مشابه است. واعظی (۱۹) نیز در بررسی ۵۰ نمونه از توده‌های بومی گندم دوروم، صفات عملکرد بیولوژیکی و شاخص برداشت را از طریق رگرسیون گام‌به‌گام بر روی عملکرد دانه مؤثر دانست. نتایج تحقیق دیگری مشابه بوده و نشان داد که بیشترین همبستگی مثبت (۰/۸۵) و بیشترین اثر مستقیم بین عملکرد بیولوژیکی و عملکرد دانه

متغیره است که برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه یک گیاه از نظر ژنتیکی و محیطی و تعیین والدین در هیبریداسیون مفید می‌باشد. در این پژوهش برای نشان دادن ارزش هر یک از گروه‌ها از نظر صفات مورد ارزیابی، درصد انحراف میانگین هر یک از خوشه‌ها از میانگین کل محاسبه شد و جهت گروه بندی خانواده‌های  $F_3$  از روش خوشه‌بندی به روش وارد استفاده شد. بر اساس این گروه‌بندی خانواده‌های مورد مطالعه در دو گروه قرار گرفتند (شکل ۱). با توجه به نتایج تجزیه خوشه‌ای گروه اول از نظر تمام صفات به جز شاخص برداشت، روز تا سنبله‌دهی و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک دارای ارزش بالاتر از میانگین کل بودند اما خانواده‌های گروه دوم از لحاظ اکثر صفات ارزش پایین‌تر از میانگین کل را دارا بودند (جدول ۶). اگر میانگین یک صفت در یک گروه، از میانگین کل آن صفت بالاتر باشد آن گروه از نظر ارزش، بیشتر از متوسط ژنوتیپ‌ها خواهد بود (۱۲). از بررسی و مقایسه این دو گروه چنین به نظر می‌رسد که خانواده‌های خوشه اول به‌دلیل برخورداری انحراف میانگین مثبت از نظر صفات مؤثر بر عملکرد دانه از جمله وزن هزار دانه، وزن سنبله و تعداد دانه در سنبله به‌عنوان اجزای اصلی عملکرد برتر از خانواده‌های گروه دوم شناخته شدند.

(۰/۵۸) وجود داشت. پس از عملکرد بیولوژیکی شاخص برداشت اثر مستقیم (۰/۳۴۴) بر عملکرد دانه داشت (۱۰). اثر غیرمستقیم این صفت بر عملکرد دانه از طریق صفت وزن کل سنبله (۰/۰۶۵) افزایشدهنده و از طریق صفات عملکرد بیولوژیکی (۰/۱۹۴-) و ارتفاع بوته (۰/۰۰۹-) کاهشدهنده بود. اثر مستقیم وزن کل سنبله با عملکرد دانه (۰/۳۴۰)، در حالی که اثر غیرمستقیم آن از طریق عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت و ارتفاع بوته به ترتیب ۰/۱۵۱، ۰/۰۶۶ و ۰/۰۲۵ بود. کم‌ترین اثر مستقیم مربوط به ارتفاع بوته (۰/۱۶۰) بود. بر اساس نتایج به دست آمده از تجزیه علیت می‌توان صفات عملکرد بیولوژیکی، شاخص برداشت و وزن کل سنبله را به عنوان شاخص‌های مناسب برای گزینش عملکرد دانه معرفی کرد. در تحقیقی مشخص شد که سرعت تولید دانه و عملکرد بیولوژیک بیشترین تأثیر مستقیم بر عملکرد را داشت (۶). همچنین اظهار شد که بزرگترین اثرات مستقیم و مثبت بر عملکرد دانه مربوط به صفات عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت بود و بزرگترین تأثیر مستقیم و منفی مربوط به صفت ارتفاع گیاه بود (۱۱).  
**تجزیه خوشه‌ای**  
تجزیه خوشه‌ای یکی از روش‌های تجزیه و تحلیل چند

جدول ۴- نتایج رگرسیون مرحله‌ای برای عملکرد دانه در جمعیت  $F_3$  جو حاصل از تلاقی بادیا × کویر

Table 4. Result of stepwise regression analysis for grain yield in  $F_3$  population of barley derived Badia × Kavir cross

R <sup>2</sup>	F	خطای استاندارد	ضریب رگرسیون	صفات وارد شده به مدل
۰/۳۳۰	۵۳/۱۷	۹۶۹/۳۹	۲/۵۹۱	وزن کل سنبله
۰/۵۰۸	۵۲/۷۳	۸۴۰/۹۸	۰/۱۸۵	عملکرد بیولوژیکی
۰/۶۰۰	۵۰/۴۱	۷۶۲/۷۰	۸۵/۸۵۷	شاخص برداشت
۰/۶۲۴	۴۱/۴۳	۷۴۳/۰۷	۳۰/۴۴۷	ارتفاع گیاه

جدول ۵- تجزیه ضرایب همبستگی به اثرهای مستقیم و غیرمستقیم برای عملکرد دانه در جمعیت  $F_3$  جو حاصل از تلاقی بادیا × کویر

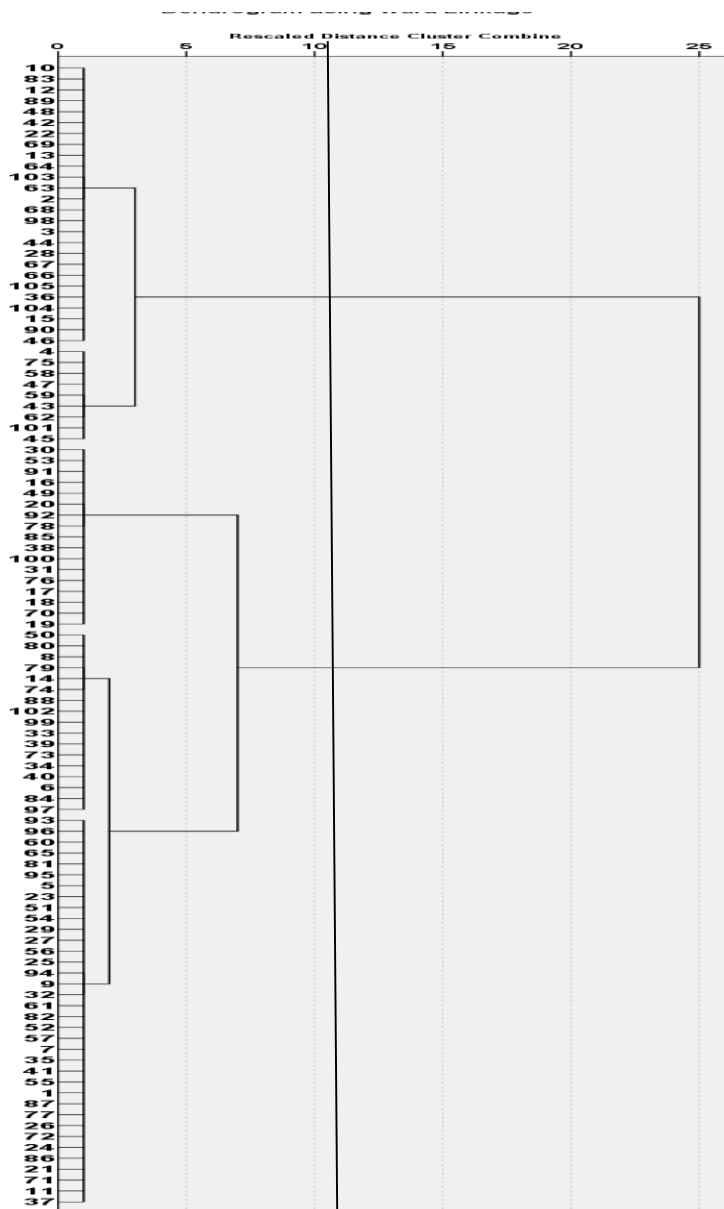
Table 5. Correlation coefficient analysis to direct and indirect effects for grain yield in the  $F_3$  population of barley derived Badia × Kavir cross

صفت	اثرات غیرمستقیم			
	اثر مستقیم	عملکرد بیولوژیکی	شاخص برداشت	وزن کل سنبله
عملکرد بیولوژیکی	۰/۵۴۸	-	-۰/۱۲۲	۰/۰۹۳
شاخص برداشت	۰/۳۴۴	-۰/۱۹۴	-	۰/۰۶۵
وزن کل سنبله	۰/۳۴۰	۰/۱۵۱	۰/۰۶۶	-
ارتفاع بوته	۰/۱۶۰	۰/۱۲۰	-۰/۰۲۰	۰/۰۵۵
اثر باقی مانده	۰/۳۷۸			

جدول ۶- میانگین گروه‌ها و انحراف آن‌ها از میانگین کل برای صفات گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای در جمعیت F<sub>3</sub> جو حاصل از تلاقی بادیا × کویر

Table 6. Groups and their average deviation from the mean for traits due to resulted cluster analysis in the F<sub>3</sub> population of barley derived Badia × Kavir cross

صفات	گروه		میانگین	انحراف معیار	میانگین	انحراف معیار
	اول	دوم				
تعداد کل سنبله	(۶۰۰/۹۸) <sup>a</sup>	۳۳/۵۳	(۵۳۳/۹۳) <sup>b</sup>	-۳۳/۵۲	۵۶۷/۴۵	
تعداد بذر سبز شده	(۲۶۶/۰۵) <sup>a</sup>	۱۱/۱۳	(۲۴۲/۷۹) <sup>a</sup>	-۱۱/۱۲	۲۵۴/۹۲	
کل پنجه	(۳۴۷/۰۸) <sup>a</sup>	۳۳/۰۱	(۲۸۱/۰۶) <sup>b</sup>	-۳۳/۰۱	۳۱۴/۰۷	
وزن کل سنبله	(۹۳۳/۶۳) <sup>a</sup>	۴۹/۳	(۸۳۵/۰۴) <sup>b</sup>	-۴۹/۲۹	۸۸۴/۳۳	
وزن هزار دانه	(۳۸ /۰۷) <sup>a</sup>	-۰/۲۲	(۳۷/۶۳) <sup>a</sup>	-۰/۲۲	۳۷/۸۵	
عملکرد بیولوژیکی	(۲۱۰۱۹/۳۶) <sup>a</sup>	۱۹۵۳/۸۱	(۱۷۱۱۱/۷۴) <sup>b</sup>	-۳۴۲/۴۳	۱۹۰۶۵/۵۵	
عملکرد دانه	(۷۸۷۲/۹۶) <sup>a</sup>	۶۹۹/۸۷	(۶۴۷۳/۲۳) <sup>b</sup>	-۶۹۹/۸۶	۷۱۷۳/۰۹	
شاخص برداشت	(۳۶/۱۲) <sup>a</sup>	-۰/۴۶	(۳۷/۰۴) <sup>a</sup>	۰/۴۶	۳۶/۵۸	
تعداد دانه در سنبله	(۳۵/۸۷) <sup>a</sup>	-۰/۱۲	(۳۵/۶۳) <sup>a</sup>	-۰/۱۲	۳۵/۷۵	
ارتفاع	(۱۰۸/۰۳) <sup>a</sup>	۱/۳	(۱۰۵/۴۴) <sup>a</sup>	-۱/۲۹	۱۰۶/۷۳	
طول پدانکل	(۲۸/۵۶) <sup>a</sup>	-۰/۲۴	(۲۸/۰۹) <sup>a</sup>	-۰/۲۳	۲۸/۳۲	
قطر پدانکل	(۲/۷۵) <sup>a</sup>	-۰/۰۷	(۲/۶۲) <sup>b</sup>	-۰/۰۶	۲/۶۸	
طول سنبله	(۵/۶۷) <sup>a</sup>	-۰/۱۲	(۵/۴۴) <sup>b</sup>	-۰/۱۱	۵/۵۵	
طول ریشک	(۱۲/۸۳) <sup>a</sup>	-۰/۰۷	(۱۲/۷۰) <sup>a</sup>	-۰/۰۶	۱۲/۷۶	
طول برگ	(۱۰/۰۶) <sup>a</sup>	-۰/۱۵	(۹/۷۷) <sup>a</sup>	-۰/۱۴	۹/۹۱	
وزن برگ	(۰/۰۲) <sup>a</sup>	-۰/۰۰	(۰/۰۲) <sup>a</sup>	۰/۰۰	۰/۰۲	
طول دانه	(۸/۳۹) <sup>a</sup>	-۰/۰۷	(۸/۲۶) <sup>a</sup>	-۰/۰۶	۸/۳۲	
قطر دانه	(۲/۳۱) <sup>a</sup>	-۰/۰۰	(۲/۳۲) <sup>a</sup>	۰/۰۱	۲/۳۱	
تعداد سنبلچه در سنبله	(۸/۸۴) <sup>a</sup>	-۰/۲۴	(۸/۳۷) <sup>b</sup>	-۰/۲۳	۸/۶۰	
روز تا سنبله‌دهی	(۱۱۶/۹۰) <sup>a</sup>	-۰/۰۷	(۱۱۷/۰۵) <sup>a</sup>	۰/۰۸	۱۱۶/۹۷	
روز تا رسیدگی فیزیولوژیک	(۱۱۵/۴۱) <sup>a</sup>	-۱۸/۰۶	(۱۵۱/۵۳) <sup>a</sup>	۱۸/۰۶	۱۳۳/۴۷	
طول دوره پر شدن دانه	(۳۴/۵۰) <sup>a</sup>	-۰/۰۳	(۳۴/۴۵) <sup>a</sup>	-۰/۰۲	۳۴/۴۷	



شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای جمعیت  $F_3$  جو حاصل از تلاقی بادیا  $\times$  کویر به روش Ward  
 Figure 1. Dendrogram of cluster analysis in the  $F_3$  population of barley derived the Badia  $\times$  Kavir cross based on Ward method



## منابع

1. Adams, M.W. 1967. Basic of yield component compensation in crop with special reference to the field bean. *Journal of Crop Science*, 7(5): 505- 510.
2. Akar, T., M. Avci and F. Dusunceli. 2004. Introduction. In: Danilo, M. (Ed) *Barley Post-harvest operations*. Lulu Press, United States, US, 3-7 pp.
3. Arzani, A. 2004. *Plant Breeding*. Publication Center, Isfahan University, Isfahan, 630.
4. Fallahati Anbaran, A. 2002. Evaluation of genetic diversity in *Medicago sativa* using molecular markers. M.Sc. Thesis, Plant Breeding College of Agriculture, Guilan University, Iran, 110 pp.
5. Farahani, A. and A. Arzani. 2006. A study of genetic diversity of varieties and F1 hybrids using agronomic characteristics of durum wheat. *Journal of Science and Technology of Agriculture and Natural Resources*, 10(4): 341-354 (In Persian).
6. Gorbani, H., M. Khodarahmi, F. Darvish and M. Taeb. 2010. Study the relationship of important agronomic traits with grain yield in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) lines. *Journal of Crops Improvement*, 12(1): 59-67 (In Persian).
7. Harb, S., M. Khodarahmi and B. Sorkhi. 2012. Evaluation of genetic diversity for morphological and phenological traits in Iranian land race wheat. *Proceeding of 12th Iranian Genetics Congress*, Tehran, Iran, 1-7 pp (In Persian).
8. Ibrahim, O.M., M.H. Mohamed, M.M. Tawfik and E.A. Badr. 2011. Genetic diversity assessment of barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes using cluster analysis *International Journal of Academic Research*, 3(2): 81-85.
9. Mehdinezhad, N., M. Omid, M. Jalal Kamali, M.R. Naghavi and B. Fakheri. 2015. Evaluation the effect of salinity on seed yield, yield components and some agronomic characteristics In particular through recombinant inbred wheat. *Journal of Field Crop Science*, 1(46): 37-48 (In Persian).
10. Milomirka Madic, A. and P.D. Djurovic. 2005. Correlation and path coefficient analysis for yield and yield components in winter barley. *Journal of Acta Agriculturae Serbica*, 10(20): 3-9.
11. Norkhalaj, M., M. Khodarahmi, A. Amini, M. Esmailzade and R. Sadegh Moghadam. 2010. Study on Correlation and Causation relations of Morphological traits in synthetic wheat lines. *Journal of Agronomy and Plant Breeding*, 6(3): 7-17 (In Persian).
12. Rashidi, V., I. Majidi, S.A. Mohamadi and M. Moghadam Vahed. 2007. Determine of gentic relationship in durum wheat lines by cluster analysis and identity of morphological main characters in each gropes. *Journal of Agricultural Sciences*, 13(2): 439-449 (In Persian).
13. Roudbarkalary, F., E. Farshdfar and B. Ghareyazy. 2001. Evaluation of genetic diversity in Iranian rice based on RADP. *Journal of Agricultural Sciences* 3(4): 8-15 (In Persian).
14. Singh, I., L.C. Prasad, A.H. Madakemohekar and S.S. Bornare. 2014. Genetic variability and character association diverse genotypes of barley (*hordeum vulgare* L.). *Journal of Genetics and Plant Breeding*, 9(3): 759-761.
15. Shoufu, X.W., F. Jung and J. Runshen. 1990. Correlation analysis several quantitative characters of barley. *Agricultural Sciences Research Institute of NanChon, Si Chuan, China*, 1-3 pp.
16. Syed Aghamiri, S.M.M., K.H. Mostafavi and A. Mohammadi. 2010. Relationships between yield and yield components under normal and drought stress in barley genotypes using path analysis. The 5th conference of new ideas in agriculture, Azad University of Khorasgan, Iran, 1-3 pp (In Persian).
17. Thomas, W. 2002. Molecular marker-assisted versus conventional selection in barley breeding. In: Slafer, G. Molina- Cano JL, Savin R. Araus, JL and I. Ramagosa (eds.) *Barley science, recent advances from molecular biology to agronomy of yield and quality*. Food Products Press, New York, 177-203 pp.
18. Torrest, V.R., J.H. Davila, A.B. Mendoza, F.R. Godina and R.K. Matit. 2004. Importance of agronomic characteristics in the grain yield of maize under irrigated and rainfed condition. *Journal of Crop Research*, 27: 169-176.
19. Vaezi, S.H. 1994. Study of genetic diversity and geographical qualitative and quantitative Characteristics of collections Iranian durum wheat. MSc Thesis, Tehran University, Tehran, Iran, 100 pp.
20. Zakizade, M., M. Esmailzad Moghadam and D. Kahrizi. 2010. Study on genetic variation and relationship between plant characteristics and grain yield in long spike bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes-using multivariate analysis. *Journal of Agronomy Sciences of Iran*, 12(1): 18-30 (In Persian).

## Genetic Diversity and Relationship between Yield and Yield Components Morphological in F<sub>3</sub> Family of Barley Crosses Badia×Kavir using Multivariate Analysis Methods

Zeinab Taghizadeh<sup>1</sup>, Hossein Sabouri<sup>2</sup>, Hossein Hosseini Moghaddam<sup>3</sup>,  
Hossein Ali Fallahi<sup>4</sup> and Mahnaz Katouzi<sup>5</sup>

- 
- 1- M.Sc. Student of Biotechnology in Agricultural, of Gonbad Kavous University  
2- Associate Professor, Department of Plant Production, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous University, (Corresponding Author: hos.sabouri@gmail.com)  
3- Assistant Professor, Department of Plant Production, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous University  
4- Assistant Professor, Horticulture Crops Research Department, Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Sari  
5- PhD Student of Nuclear Agriculture, Gorgan University of Agriculture Science and Natural Resources
- 
- Received: August 26, 2016 Accepted: February 7, 2017
- 

### Abstract

In order to study the genetic diversity and the relationship between yields with some morpho-physiological traits, 103 families of F<sub>3</sub> barley derived from cross Badia and Kavir were planted in randomized complete block design in three replications at the research field of Gonbad Kavous University, during 2014-2015. Results showed that grain yield and its components, had high genetic variability, and Significant differences were observed among studied traits except grain length, leaf length, peduncle diameter, number of spikelets and plant height. Grain yield had the highest correlation (0.58<sup>\*\*</sup>) with Spike weight. The results of step wise regression showed that biological yield, harvest index, spike weight and plant height had high contributions on grain yield. Based on the results of Path analysis the most direct and indirect effects in increasing grain yield, belong to biological yield (0.34) and spike weight (0.15) respectively, So these traits were identified as the most important components affecting on grain yield and can be used as selection criteria for yield improvement. Cluster analysis based on measured traits studied families divided into two groups that there was significant differences some of the traits in the between of groups, and the first group was chosen as desirable group.

**Keywords:** Barley, Correlations, Cluster analysis, Genetic diversity, Path analysis