

تنوع ژنتیکی بخشی از ذخائر توارثی برنج ایرانی (*Oryza Sativa L.*) بر اساس صفات مورفولوژیکخلیل زینلی نژاد^۱، آفاقخر میرلوحی^۱، قربانعلی نعمت زاده^۲ و عبدالمجید رضایی^۱

چکیده

به منظور بررسی تنوع ژنتیکی ۱۰۰ ژنوتیپ برنج بر اساس صفات مورفولوژیک و گروه‌بندی آنها، آزمایشی در قالب طرح لاتیس ساده در مزرعه مؤسسه تحقیقات برنج کشور (رشت) در سال ۱۳۷۷ انجام شد. ژنوتیپ‌ها که اکثراً متعلق به منطقه شمال کشور و استان اصفهان بودند، بر اساس صفات مورفولوژیک و اجزای عملکرد، در مزرعه ارزیابی شدند. ژنوتیپ‌ها از نظر کلیه صفات مورد بررسی تفاوت معنی داری ($p < 0.01$) داشتند. ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی برای اکثر صفات بالا بود که بیانگر وجود تنوع بالا در صفات مورد بررسی می‌باشد. تجزیه عامل‌ها سه عامل را معرفی نمود که بیش از ۹۰ درصد از تنوع کل را توجیه نمودند. عوامل اول و سوم در ارتباط با ظرفیت مخزن و عامل دوم در ارتباط با تیپ گیاه بود و با توجه به بار عامل‌ها به ترتیب تعداد دانه، تیپ، ساختار گیاه و شکل دانه نام‌گذاری شدند. در تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها بر اساس «معیار توان سوم خوشه‌ها» و «آزمون T^2 کاذب هوتلینگ» در چهار گروه جای گرفتند. تجزیه واریانس صفات برای گروه‌ها نشان داد که تفاوت بین گروه‌های مختلف از نظر اکثر صفات بسیار معنی دار بود.

واژه‌های کلیدی: برنج (*Oryza sativa L.*)، تنوع ژنتیکی، تجزیه عامل‌ها، تجزیه خوشه‌ای

مقدمه

محدود، مانند زمین، آب، انرژی، نیروی کار و خزانه ژنی پاسخ داده شود (۱). نقش متخصصین به نژادی نسبت به سایر گروه‌های علمی درگیر در این عرصه بسیار مهم و اساسی است، زیرا افزایش تولید برنج باید، همچنان بر مبنای افزایش عملکرد صورت بگیرد. برای رسیدن به این هدف به ارقامی با پتانسیل

برنج بعد از گندم مهم‌ترین گیاه زراعی دنیا و غذای اصلی بیش از نیمی از مردم جهان است. بیش از ۹۰ درصد برنج دنیا در آسیا تولید و در همان جا مصرف می‌شود که بیانگر نقش مهم آن در امنیت غذایی مردم آسیاست. تقاضا برای تولید بیشتر باید با منابع

۱. به ترتیب دانشجوی سابق کارشناسی ارشد، دانشیار و استاد زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان

۲. استادیار زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مازندران، ساری

دی و همکاران (۱۰) تنوع ژنتیکی برای عملکرد و یازده صفت مرتبط با آن را در ۲۸ رقم برنج، برای حالت کشت مستقیم و نیز در شرایط نشاء کاری بررسی کرده و تفاوت معنی داری بین ژنوتیپ‌ها از نظر کلیه صفات در هر دو شرایط کشت مشاهده کردند. ژنوتیپ‌ها در شرایط کشت مستقیم و نشاء کاری به ترتیب در ۵ و ۶ گروه قرار گرفتند و هیچ ارتباطی بین توزیع جغرافیایی و تنوع ژنتیکی آنها وجود نداشت. نوریزدان (۷) در بررسی تنوع ژنتیکی ارقام و توده‌های برنج بومی منطقه اصفهان بر اساس صفات مورفولوژیک، تنوع بالایی بین ژنوتیپ‌ها مشاهده کرد و در تجزیه عامل‌ها، سه عامل پنهانی مؤثر بر عملکرد به نام عامل تعداد، عامل ساختار و عامل اندازه را شناسایی نمود که بیش از ۹۸٪ تنوع را توجیه می‌کردند. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در تجزیه کلاستر، در سه گروه قرار گرفتند. بابائیان جلودار و همکاران (۳) در بررسی تنوع ژنتیکی و جغرافیایی برنج‌های بومی مازندران، تنوع بالایی برای صفات مورد مطالعه، گزارش نمود و در گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها مشاهده نمودند که تنوع ژنتیکی عمدتاً از تنوع جغرافیایی پیروی نمی‌کرد. قنادها و همکاران (۵) در بررسی تنوع ژنتیکی و تأثیر صفات مورفولوژیک بر روی عملکرد ارقام بومی گیلان، مشاهده نمودند که ژنوتیپ‌ها از نظر کلیه صفات مورد بررسی دارای اختلاف معنی داری بودند. بیشترین ضریب تغییرات ژنتیکی مربوط به صفات تعداد دانه پوک در پانیکول و نسبت طول به عرض برنج قهوه ای بود. تجزیه عامل‌ها، پنج عامل مستقل اصلی را که حدوداً ۷۶٪ از تنوع کل را توجیه می‌نمودند، آشکار کرد و در تجزیه کلاستر، ارقام در هفت گروه قرار گرفتند. شارما و همکاران (۱۷) در بررسی تنوع ژنتیکی ۱۷ ژنوتیپ برنج آپلند براساس ۱۱ صفت، ژنوتیپ‌های مورد بررسی را در ۵ گروه قرار دادند و از معیار فاصله درون و بین گروه‌ها برای انتخاب والدین در برنامه‌های اصلاحی استفاده کردند. سو و همکاران (۲۰) در مطالعه تنوع ژنتیکی ۱۵۲ ژنوتیپ برنج علفی (Weedy rice) از ۱۰ کشور جهان براساس ۶ صفت مورفو-فیزیولوژیک و ۱۴ مکان آیزوایمی و با به‌کارگیری تجزیه و

عملکرد بالاتر، مقاوم به آفات و بیماری‌ها و تنش‌های محیطی نیاز است (۱۴). شناسایی صفات مهم در گونه‌های گیاهی که در سازگاری، عملکرد و کیفیت نقش دارند و ارزیابی پتانسیل ژنتیکی صفات فوق، و همچنین جستجوی منابعی از ژن‌ها برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی و انتقال ژن‌های مطلوب به ارقام مورد نظر، از جمله راهکارهای اصلاح نباتات است. توجه به این اصول، بیانگر این واقعیت است که تنوع ژنتیکی، اساس و پایه کار اصلاح نباتات است. شناسایی و ارزیابی ذخایر توارثی (ژرم پلاسما) برنج از نظر وجود ژن‌های مورد نظر، گامی بنیادین در این راه است (۱۴). دسترسی به چنین منابع ژنی، متخصصین به نژادی را قادر می‌سازد که به راحتی آنها را به ارقام تجاری انتقال دهند (۱). ارقام بومی اولیه (landrace) از گونه‌های *O. sativa*، *O. glaberrima*، گونه‌های وحشی از جنس *Oryza* و جنس‌های خویشاوند در قبیله *Oryzae* دربرگیرنده تنوع زیستی موجود در خزانه ژنی برنج هستند (۱۱). از طرف دیگر حجم بالای نمونه‌های نگه‌داری شده در مجموعه‌های ذخائر توارثی برنج، مدیریت آن را با اشکال روبه‌رو نموده است. به منظور حل این مشکل و نیز پاسخ به نیاز متخصصین به نژادی، ارزیابی ذخائر توارثی و گروه‌بندی آنها، ضروری به نظر می‌رسد.

سینها و همکاران (۱۹) تنوع ژنتیکی بین ۳۰ رقم بومی برنج از ۹ ایالت در هند را بررسی کرده و بر اساس ده صفت اگرومورفولوژیک، ارقام را در ۶ گروه قرار دادند. ۱۹ ژنوتیپ در یک گروه قرار گرفتند و سه گروه نیز هر یک دارای تنها یک ژنوتیپ بودند. ژنوتیپ‌های مناطق شمال شرقی هند تنوع بیشتری نسبت به سایر مناطق نشان دادند و در پنج گروه از شش گروه وجود داشتند. به هر حال در این مطالعه هیچ گونه هم‌آهنگی بین تنوع جغرافیایی و ژنتیکی دیده نشد و صفاتی مانند تعداد شاخه ثانویه در خوشه، عملکرد در گیاه و تعداد دانه پر در خوشه، نقش مهم‌تری در تنوع کل نشان دادند. از این رو پیشنهاد نمودند که انتخاب والدین با فاصله ژنتیکی دور می‌تواند، هتروزیس بیشتری از نظر صفات یاد شده به وجود آورد.

۱۳۷۶ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان ازدیاد بذر شده بودند) و بقیه از بانک ژن کشور بخش ژنتیک و ذخایر توارثی و مؤسسه تحقیقات برنج کشور تهیه شدند. نمونه‌های دریافتی از بانک ژن و مؤسسه تحقیقات برنج شامل ۶۲ نمونه از ارقام بومی و ۱۲ نمونه از ارقام اصلاح شده ایرانی و ۱۰ نمونه از ارقام خارجی بود. بذر پاشی در تاریخ ۲۹/۷/۱ در خزانه صورت گرفت. زمین اصلی نیز با شخم و تسطیح آماده و هم‌زمان با تسطیح به مقدار ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار کود اوره به مزرعه داده شد. سپس الگوی مناسب برای طرح لاتیس ساده در زمین پیاده شد. برای هر رقم کرتی به مساحت ۲/۲۵ متر مربع در هر تکرار اختصاص یافت. نشاءکاری به روش دستی در اول و دوم خرداد ۱۳۷۷ صورت پذیرفت. هر کرت شامل پنج ردیف به فاصله ۲۰ سانتی‌متر بود و نشاءکاری روی ردیف‌ها با ۹ کپه به فاصله ۲۵ سانتی‌متر و سه گیاه در هر کپه انجام شد، به طوری که هر کرت دارای ۴۵ کپه بود. ۲۰ روز بعد از نشاءکاری، برای مبارزه با علف‌های هرز، وجین به صورت دستی صورت گرفت. صفات عرض برگ، طول برگ، طول ساقه، طول خوشه، تعداد پنجه، قطر ساقه، تعداد سنبلیچه در خوشه، تعداد دانه پوک در خوشه، شاخه‌بندی اولیه در خوشه، طول دانه، عرض دانه، روز تا رسیدگی، وزن صد دانه و عملکرد بر اساس روش استاندارد ارزیابی برنج (SES) (۱۶) در هر کرت برای ۱۰ کپه، خوشه و یا بذر تصادفی اندازه‌گیری شدند و میانگین آنها در محاسبات منظور گردید.

نخست مقادیر صفات اندازه‌گیری شده در قالب طرح لاتیس ساده مورد تجزیه واریانس قرار گرفتند. مزیت نسبی طرح لاتیس ساده نسبت به طرح بلوک‌های کامل تصادفی برای کلیه صفات بررسی شد تا چنانچه این سودمندی برای برخی صفات کم باشد، تجزیه واریانس بر اساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار انجام گیرد (۸). اجزای متشکله واریانس، ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنتیکی و هم‌چنین میزان وراثت پذیری عمومی صفات بر مبنای اجزای متشکله واریانس تعیین شدند. ضرایب هم‌بستگی فنوتیپی بین صفات محاسبه شدند.

تحلیل چند متغیره، ژنوتیپ‌های مورد بررسی را در چهار گروه قرار داده و سپس با به‌کارگیری نشانگرهای ریپید و آیزوزایمی نحوه پیدایش هر یک از گروه‌ها را بررسی کردند. کوماری و فنکاسمی (۱۵) تنوع ژنتیکی بین ۶۲ ژنوتیپ برنج از ۱۶ کشور جهان را براساس ۸ صفت موثر بر عملکرد بررسی کرده و ژنوتیپ‌ها را در ۶ گروه قرار دادند و هیچ ارتباطی بین توزیع جغرافیایی و تنوع ژنتیکی مشاهده نکردند. صفاتی مانند عملکرد دانه در بوته و ارتفاع بوته، بالاترین نقش را در تنوع کل بر عهده داشتند. هم‌چنین بیان کردند که این صفات می‌تواند پایه‌ای برای انتخاب والدین برای تلاقی جهت تولید بالاترین هتروزیس باشند. سینگ و همکاران (۱۸) تنوع ژنتیکی ۴۰ ژنوتیپ برنج را بر اساس ۱۰ صفت، بررسی کرده و ژنوتیپ‌ها را در ۶ گروه قرار دادند. عملکرد دانه و ارتفاع بوته به ترتیب با ۴۰/۶٪ و ۱۶/۵٪ بیشترین سهم از تنوع کل را بر عهده داشتند. هم‌چنین پیشنهاد نمودند برای ایجاد جمعیت با تفرق خوب در برنامه اصلاحی ژنوتیپ‌های گروه‌های با فاصله دورتر می‌توانند استفاده شوند. بنابراین از منابع مختلف برمی‌آید، در برنج، تنوع مطلوب و قابل قبولی در ذخائر توارثی از نظر اکثر صفات موجود است. با توجه به مطالب ذکر شده، هدف این مطالعه، بررسی تنوع ژنتیکی بخشی از ژرم پلاسما برنج ایرانی از نظر صفات مورفولوژیک و چگونگی ارتباط میان این صفات از طریق تجزیه و تحلیل‌های چند متغیره و در نهایت گروه بندی این ذخائر ژنتیکی بود.

مواد و روش‌ها

این آزمایش در سال ۱۳۷۷ در مزرعه آزمایشی مؤسسه تحقیقات برنج کشور (رشت) با عرض جغرافیایی ۳۷ درجه و ۱۶ دقیقه، طول جغرافیایی ۴۹ درجه و ۳۵ دقیقه، و هم‌چنین ارتفاع ۱۰-متر از سطح دریا و متوسط بارندگی سالانه ۱۴۴۱ میلی‌متر اجرا شد. بافت خاک مزرعه سیلتی کلی و اسیدیته آن ۷/۷-۷/۶ است. مواد مورد مطالعه شامل ۱۰۰ ژنوتیپ بود که ۱۶ ژنوتیپ از بین ارقام بومی اصفهان (که در سال ۱۳۷۵ به صورت تک بوته از مزارع کشاورزان جمع‌آوری و در سال

درصد معنی دار بود. از این رو نتیجه گیری شد که بین ژنوتیپ‌ها از نظر این صفات تنوع زیادی وجود دارد. دامنه تغییرات گسترده نیز این مطلب را برای کلیه صفات تأیید می‌کند. در بین صفات مورد بررسی، صفت تعداد دانه پوک در خوشه، بیشترین ضریب تنوع و صفت روز تا رسیدگی کمترین ضریب تنوع را دارا می‌باشند. اله قلی پور و همکاران (۲) و همچنین نوریزدان (۷) در مطالعات خود روی برنج اظهار نمودند که صفت روز تا رسیدگی، دارای کمترین ضریب تنوع بود. برآورد اجزای واریانس و ضرایب تنوع ژنوتیپی و فنوتیپی صفات در جدول ۲ آورده شده است. ضرایب تنوع فنوتیپی برای کلیه صفات از ضرایب تنوع ژنوتیپی بزرگ‌تر بودند. چائوبی و ریچهاریا (۹) نشان دادند که در برنج عموماً ضرایب تنوع فنوتیپی از ضرایب تنوع ژنتیکی بزرگ‌تر هستند. بیشترین و کمترین مقدار ضریب تنوع ژنتیکی، به ترتیب مربوط به تعداد دانه پوک در خوشه و روز تا رسیدگی بود. ضرایب هم‌بستگی ساده بین صفات در جدول ۳ مشخص است. ماتریس ضرایب هم‌بستگی نشان می‌دهد که بین صفات مختلف هم‌بستگی معنی‌داری وجود دارد. نوریزدان (۷) در مطالعه روی برنج هم‌بستگی مثبت و معنی‌داری بین عرض با طول برگ، تعداد پنجه و روز تا رسیدگی با عملکرد، عرض دانه با وزن صد دانه و همچنین هم‌بستگی منفی و معنی‌داری بین طول ساقه و وزن هزار دانه به‌دست آورد. اله قلی پور و همکاران (۲) در مطالعه روی برنج، هم‌بستگی مثبت و معنی‌داری بین تعداد دانه در خوشه با تعداد شاخه بندی اولیه در خوشه به‌دست آوردند. چائوبی و ریچهاریا (۹) در مطالعه روی برنج هم‌بستگی مثبت و معنی‌داری بین طول ساقه با طول خوشه و همچنین هم‌بستگی منفی و معنی‌داری بین طول ساقه و طول خوشه با تعداد پنجه بارور به‌دست آوردند. نتایج فوق توافقی زیادی با هم‌بستگی‌های به‌دست آمده در این تحقیق دارند.

نتایج تجزیه عامل‌ها در جدول ۴ آورده شده است. همان‌طور که مشاهده می‌شود سه عامل پنهانی در مجموع ۹۰ درصد از تنوع کل را توجیه نمود که سهم آنها

به منظور بررسی روابط علت و معلولی بین صفات، شناخت صفاتی که بیشترین نقش را در عملکرد ایفا می‌نمایند و نیز شناسایی عوامل پنهانی مؤثر بر عملکرد از تجزیه عامل‌ها به روش حداکثر درست‌نمایی استفاده شد و عوامل به‌دست آمده با روش وریماکس دوران داده شدند. در نهایت به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها، از تجزیه خوشه‌ای به روش وارد (Ward) یا حداقل

واریانس و بر مبنای مربع فاصله اقلیدس به عنوان معیار فاصله استفاده شد و بر اساس آزمون T^2 کاذب هوتلینگ (Pseudo Hotelling T^2 Test) و معیار توان سوم خوشه‌ها (Cubic Clustering Criterion) تعداد گروه‌ها تعیین شدند. به‌علت متفاوت بودن واحد اندازه‌گیری صفات و همچنین تفاوت زیاد در انحراف معیار صفات با واحد اندازه‌گیری مشابه نخست داده‌ها استاندارد و سپس برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها به‌کارگرفته شدند (۱۲ و ۱۳). به‌منظور کسب اطمینان بیشتر به صحت گروه‌بندی و به‌منظور مقایسه میانگین گروه‌ها از نظر صفات مختلف، تجزیه واریانس بر اساس طرح کاملاً تصادفی نامتعادل انجام گردید، به طوری که گروه‌ها به‌عنوان تیمار و ژنوتیپ‌های داخل هر یک از گروه‌ها به عنوان تکرار در نظر گرفته شدند (۸). محاسبات آماری با استفاده از نرم افزارهای SAS و SPSS انجام گردید.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس طرح لاتیس نشان داد که مزیت نسبی این طرح نسبت به طرح بلوک‌های کامل تصادفی برای کلیه صفات اندازه‌گیری شده کم است. بنابراین برآورد واریانس‌ها و امیدهای ریاضی از طریق تجزیه واریانس و امیدهای ریاضی طرح بلوک‌های کامل تصادفی صورت پذیرفت. ضریب تنوع، کمترین و بیشترین مقدار و شماره ژنوتیپ‌های مربوط، دامنه و میانگین صفات و میانگین مربعات منابع مختلف تغییر در جدول ۱ نشان داده شده است. همان‌طور که ملاحظه می‌شود اختلاف بین ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات در سطح احتمال ۱

جدول ۱. میانگین مربعات منابع مختلف تغییر در تجزیه واریانس، ضرایب تنوع صفات، دامنه، شماره ژنوتیپ‌های مربوط به دامنه و میانگین صفات مختلف درصد ژنوتیپ برنج

صفات	میانگین مربعات				دامنه			
	تکرار	ژنوتیپ	خطا	ضرب تنوع	حداکثر	حداقل	شماره ژنوتیپ‌های مربوط به دامنه	میانگین
عرض برگ (سانتی متر)	۰/۰۰۰۷	**۰/۰۳۲۷	۰/۰۰۴۲	۱۱/۸۵	۱/۶۳	۰/۸۸	۶۶	۱۰
طول برگ (سانتی متر)	۰/۳۳۱۲	**۵۲/۰۴۳۱	۹/۱۶۸۴	۱۱/۹۹	۵۳/۹۵	۱۲۸/۲۰	۶۱	۲۴
طول ساقه (سانتی متر)	**۸۲/۸۹۰	**۴۷۷/۹۹۳۳	۲۰/۹۲۶۳	۱۴/۸۱	۲۸/۲۰	۵۳/۷۰	۲۸	۷۷
طول خوشه (سانتی متر)	۲/۱۴۲۴	**۱۰/۴۹۰۴	۲/۲۵۸۳	۹/۰۷	۳۲/۱	۱۸/۵۰	۳۳	۱۹
تعداد پنجه	۰/۰۱۲۸	**۱۲/۹۸۲۶	۲/۶۷۳۷	۱۹/۰۵	۲۳/۸۰	۸/۲۰	۱۹	۹۶
قطر ساقه (میلی متر)	*۰/۵۷۰۳	**۰/۸۶۲۸	۰/۰۹۹۶	۱۳/۱۲	۷/۴۵	۳/۶۵	۱۰	۹۴
تعداد دانه در خوشه	۸۸/۴۴۵۰	**۱۴۸۱/۹۳۵۹	۱۴۱/۲۰۲۵	۲۰/۸۱	۲۱۹/۰۰	۸۰/۵۰	۳۴	۸۲
تعداد دانه پوک در خوشه	۲/۵۰۰	**۶۵/۱۲۷۰	۱۴/۸۸۳۸	۴۵/۲۴	۳۱/۰۰	۲/۵۰	۷۵,۳۴	۷۶
شاخه بندی اولیه در خوشه	۰/۲۲۴۴	**۳/۸۳۸۶	۰/۴۴۶۲	۱۵/۸۲	۱۳/۲۰	۵/۸۰	۱۰	۷۳
طول دانه (میلی متر)	**۹/۹۹۰۴	**۱/۵۶۷۲	۰/۰۸۴۰۸	۹/۹۳	۱۱/۰۰	۶/۶۵	۶۰	۲
عرض دانه (میلی متر)	**۰/۹۲۲۸	**۰/۲۰۵۹	۰/۰۲۰۲	۱۱/۹۸	۳/۵۵	۲/۱۵	۳۲	۵۷,۸۹
روز تا رسیدگی	۰/۵۰۰۰	**۵۰/۱۸۲۰	۳/۲۷۷۷	۴/۲۲	۱۳۸/۵۰	۱۱۲/۰۰	۲۰	۸۶
وزن صده دانه (گرم)	۰/۰۳۶۹	**۰/۱۴۶۰	۰/۰۱۶۹	۱۰/۹۳	۲/۰۸	۱/۶۳	۸۲	۵۷
عملکرد (۲۱ بوته) (گرم)	۷۹/۳۸۰۰	**۱۷۱۴۲/۰۸۷۰	۱۳۲۲/۶۱۲۳	۱۷/۸۰	۷۵۰/۰۰	۳۰۲/۵	۲۴	۳۳

* و ** به ترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد درجات آزادی تکرار، ژنوتیپ و خطی به ترتیب ۱، ۹۹ و ۹۹

جدول ۲. برآورد اجزای واریانس، ضرایب تنوع و توارث پذیری عمومی صفات مورد مطالعه

وراثت پذیری عمومی %	ضریب تنوع			برآورد اجزای واریانس			صفات
	فنونیهی	ژنتیکی	محیطی	فنونیهی	ژنوتیپی	محیطی	
۷۷/۱۷	۱۲/۵۶	۱۱/۰۳	۰/۰۰۴۲	۰/۰۱۴۲	۰/۰۱۸۴	۰/۰۱۸۴	عرض برگ (سانتی متر)
۷۰/۹۹	۱۲/۹۷	۱۰/۹۲	۹/۱۶۸۴	۲۲/۴۳۷۰	۳۱/۶۰۵۴	۳۱/۶۰۵۴	طول برگ (سانتی متر)
۹۱/۶۱	۱۵/۰۳	۱۴/۳۸	۲۰/۹۲۶۳	۲۲۸/۵۳۳۰	۲۴۹/۴۵۹۳	۲۴۹/۴۵۹۳	طول ساقه (سانتی متر)
۶۴/۵۴	۱۰/۰۰	۸/۰۴	۲/۲۵۸۳	۴/۱۱۶۰	۶/۲۷۲۳	۶/۲۷۲۳	طول خوشه (سانتی متر)
۶۵/۸۵	۲۰/۹۲	۱۶/۹۸	۲/۶۷۳۷	۵/۱۵۵۴	۷/۸۲۹	۷/۸۲۹	تعداد پنجه
۷۹/۳۴	۱۳/۸۶	۱۲/۳۴	۰/۰۹۹۶	۰/۳۸۲۶	۰/۴۸۲۲	۰/۴۸۲۲	قطر ساقه (میلی متر)
۸۲/۶۰	۲۱/۶۷	۱۹/۶۹	۱۴/۲۰۲۵	۶۷۰/۳۶۶۶	۸۱۱/۵۶۹	۸۱۱/۵۶۹	تعداد دانه در خوشه
۶۲/۸۹	۵۰/۱۵	۳۹/۸۴	۱۴/۸۸۳۸	۲۵/۱۲۱۶	۴۰/۰۰۵۴	۴۰/۰۰۵۴	تعداد دانه پوک در خوشه
۷۹/۱۷	۱۶/۶۱	۱۴/۸۸	۰/۴۴۶۲	۱/۶۹۶۱	۲/۱۴۲۳	۲/۱۴۲۳	شاخه بندی اولیه در خوشه
۸۹/۸۲	۱۰/۱۹	۹/۶۶	۰/۰۸۴۰۸	۰/۸۴۱۵	۰/۸۲۵۵	۰/۸۲۵۵	طول دانه (میلی متر)
۸۲/۱۲	۱۲/۵۹	۱۱/۴۰	۰/۰۲۰۲	۰/۰۹۲۸	۰/۱۱۳	۰/۱۱۳	عرض دانه (میلی متر)
۸۷/۸۳	۴/۳۶	۴/۰۸	۲/۳۷۷۷	۲۳/۴۵۲۱	۲۶/۸۲۹۷	۲۶/۸۲۹۷	روز تا رسیدگی
۷۹/۳۳	۱۱/۵۴	۱۰/۲۸	۰/۰۱۶۹	۰/۰۶۴۵	۰/۰۸۱۳	۰/۰۸۱۳	وزن صد دانه (گرم)
۹۲/۲۸	۱۸/۴۷	۱۷/۱۰	۱۳۲۲/۶۱۳۳	۷۹۰۵/۸۳۷۳	۹۲۲۸/۳۴۹۵	۹۲۲۸/۳۴۹۵	عملکرد (۲۱ بوته) (گرم)

جدول ۳. ضرایب همبستگی فنوتیپی صفات مورد مطالعه در ۱۰۰ ژنوتیپ برنج

صفات	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱	۱۲	۱۳	۱۴
۱. عرض برگ	۱													
۲. طول برگ	۰/۲۲۶**	۱												
۳. طول ساقه	-۰/۰۵۲	۰/۶۲۹**	۱											
۴. طول خوشه	۰/۰۳۳	۰/۵۶۹**	۰/۴۶۵**	۱										
۵. تعداد کچجه	-۰/۱۹۳	-۰/۳۰۳**	-۰/۲۸۱**	۰/۳۳۹**	۱									
۶. قطر ساقه	۰/۴۸۱**	۰/۵۱۷**	۰/۴۸۷**	۰/۴۷۱**	-۰/۵۲۵**	۱								
۷. تعداد دانه در خوشه	۰/۷۱۶**	۰/۳۴۷**	۰/۰۰۶	۰/۰۱۳۶	-۰/۰۸۴	۰/۳۳۵**	۱							
۸. تعداد دانه برگ در خوشه	۰/۴۷۷**	۰/۳۱۰**	۰/۰۴۹	۰/۱۲۲	۰/۰۰۱	۰/۲۶۲**	۰/۶۶۳**	۱						
۹. شاخه بندی اولیه در خوشه	۰/۵۵۹**	۰/۳۰۶**	-۰/۰۰۷	۰/۱۷۴	-۰/۰۸۱	۰/۲۹۷**	۰/۶۰۸**	۰/۳۳۰**	۱					
۱۰. طول دانه	-۰/۴۰۰**	-۰/۲۴۱**	-۰/۱۲	۰/۱۵۴	۰/۱۱۲	-۰/۱۱۲	-۰/۱۹۹*	-۰/۰۹۸	-۰/۰۵۰	۱				
۱۱. عرض دانه	۰/۲۶۳**	۰/۱۱۷	۰/۰۲۹	-۰/۱۱۴	-۰/۲۸۵**	۰/۱۵۷	-۰/۰۴۳	-۰/۱۳۶	۰/۰۸۲	-۰/۶۷۷**	۱			
۱۲. روز تا رسیدگی	۰/۲۴۱*	-۰/۰۵۳	-۰/۴۷۱**	-۰/۱۱۴	۰/۲۳۵*	-۰/۱۵۴	۰/۲۷۸**	۰/۲۴۰*	۰/۴۲۸**	۰/۴۰۴	-۰/۰۶۹	۱		
۱۳. وزن صد دانه	-۰/۰۹۸	-۰/۱۴۲	-۰/۲۴۹**	۰/۰۲۹	-۰/۲۵۹**	-۰/۰۰۶	-۳۰۳**	۰/۳۶۱**	۰/۱۴۳	۰/۱۶۶	-۰/۰۱۹	۰/۱۱۲	۱	
۱۴. عملکرد (۲۱ بوته)	-۰/۰۰۲	-۰/۴۰۱**	-۰/۵۳۰**	-۰/۴۹۹**	۰/۳۴۸**	-۰/۳۹۲**	۰/۱۰۲	-۰/۰۶۶	۰/۱۳۵	۰/۰۴۰	-۰/۰۸۲	۰/۳۲۵**	۰/۰۵۱	۱

جدول ۴. بار عامل‌های دوران یافته، نسبت واریانس توجیه شده توسط هر عامل، نسبت تجمعی واریانس توجیه شده و ریشه‌های مشخصه ژنوتیپ‌ها

صفات	بار عامل‌ها		
	اول	دوم	سوم
عرض برگ	۰/۷۹۵	۰/۰۷۳	-۰/۲۶۰
طول برگ	۰/۲۸۰	۰/۷۴۶	۰/۰۶۳
طول ساقه	-۰/۱۱۷	۰/۸۷۰	-۰/۰۳۴
طول خوشه	۰/۰۷۴	۰/۶۰۷	-۰/۱۵۸
تعداد پنجه	-۰/۰۵۵	-۰/۴۱۷	-۰/۲۵۵
قطر ساقه	۰/۳۲۸	۰/۶۲۳	۰/۱۱۲
تعداد دانه در خوشه	۰/۹۱۰	۰/۱۲۳	-۰/۰۵۱
تعداد دانه پوک در خوشه	۰/۶۷۳	۰/۱۳۶	-۰/۱۴۶
شاخه‌بندی اولیه در خوشه	۰/۶۵۱	۰/۰۷۹	۰/۰۷۸
طول دانه	-۰/۲۲۴	-۰/۱۴۰	-۰/۶۶۹
عرض دانه	-۰/۰۰۱	۰/۰۷۳	۰/۹۹۷
روز تا رسیدگی	۰/۴۰۴	-۰/۴۰۸	-۰/۰۳۸
وزن صد دانه	-۰/۲۳۱	-۰/۱۸۰	۰/۳۷۰
نسبت واریانس توجیه شده	۰/۴۴	۰/۲۴	۰/۲۱
جمع کل واریانس توجیه شده	۰/۴۴	۰/۶۸	۰/۹۰
ریشه مشخصه	۱۰/۵۲۳	۵/۷۵۰	۵/۱۵۲

خوشه بلند و نیز قطور بودن ساقه (نه قوی بودن آن) که بیانگر صفات ارقام پابلند است، موجب حساسیت در برابر ورس و عدم کودپذیری و در نهایت کاهش عملکرد می‌شود. تعداد پنجه از مهم‌ترین صفات یک رقم برنج است (۶) و بیانگر تعداد خوشه در واحد سطح و از اجزای عملکرد می‌باشد. در مجموع این عامل را می‌توان در ارتباط با «تیپ و ساختار گیاه» نامگذاری نمود.

در عامل سوم صفاتی مثل عرض دانه و وزن صد دانه دارای بار عامل مثبت و طول دانه دارای بار عامل منفی می‌باشد. با توجه به کوچک بودن بار عامل وزن صد دانه نسبت به عرض و طول دانه، می‌توان گفت که این عامل در تعیین ابعاد دانه برنج نقش دارد و از آنجایی که عرض و طول دانه را در جهت عکس یکدیگر تغییر می‌دهد، پس بزرگی و حجم دانه تغییر نخواهد کرد. از این رو این عامل، عاملی در ارتباط با «شکل دانه» نامگذاری شد. شناسایی این عامل و همچنین تأثیر متفاوت آن بر طول و عرض دانه بی ارتباط با این مطلب نیست که در طی

به ترتیب ۴۴، ۲۴، ۲۱ درصد است. در عامل اول صفات عرض برگ، تعداد دانه در خوشه، تعداد دانه پوک در خوشه و تعداد شاخه اولیه در خوشه همگی دارای بار عامل مثبت و بالایی نسبت به سایر صفات بودند. این عامل را می‌توان در ارتباط با «تعداد دانه» دانست. در عامل دوم صفات طول ساقه، طول برگ، طول خوشه و قطر ساقه دارای بار عامل مثبت و تعداد پنجه دارای بار عامل منفی معنی‌داری با عملکرد هستند در حالی که تعداد پنجه با عملکرد دارای هم‌بستگی مثبت و معنی‌دار است. بین طول برگ و زاویه برگ در برنج هم‌بستگی بالایی وجود دارد، یعنی برگ‌های بلند افقی‌تر و برگ‌های کوتاه، عمودی‌ترند و از آنجایی که آرایش و جهت برگ‌ها در فضا از طریق تأثیر بر میزان نفوذ نور خورشید به داخل کانوپی، روی فتوسنتز و در نهایت بر عملکرد گیاه مؤثر است، ارقام با برگ‌های بلندتر، عملکرد کمتری خواهند داشت (۴). هم‌چنین ساقه، برگ و

طرح کاملاً تصادفی نامتعادل (جدول ۶) گروه‌بندی انجام شده را تأیید نمود. به طوری که چهارگروه حاصل از تجزیه کلاستر، از نظر کلیه صفات (به جز عرض دانه و وزن صد دانه) تفاوت معنی‌داری نشان دادند که بیانگر تنوع زیاد ژنوتیپ‌ها در بین گروه‌ها نسبت به داخل گروه‌هاست. گروه‌های اول تا چهارم به ترتیب دارای ۳۶، ۴۴، ۷، ۱۳ ژنوتیپ بودند. گروه اول عمدتاً شامل ارقام بومی مناطق شمالی کشور هستند. دو رقم از ارقام بومی اصفهان و نیز دو رقم خارجی (دولار و نورین ۲۲) در این گروه دیده شدند.

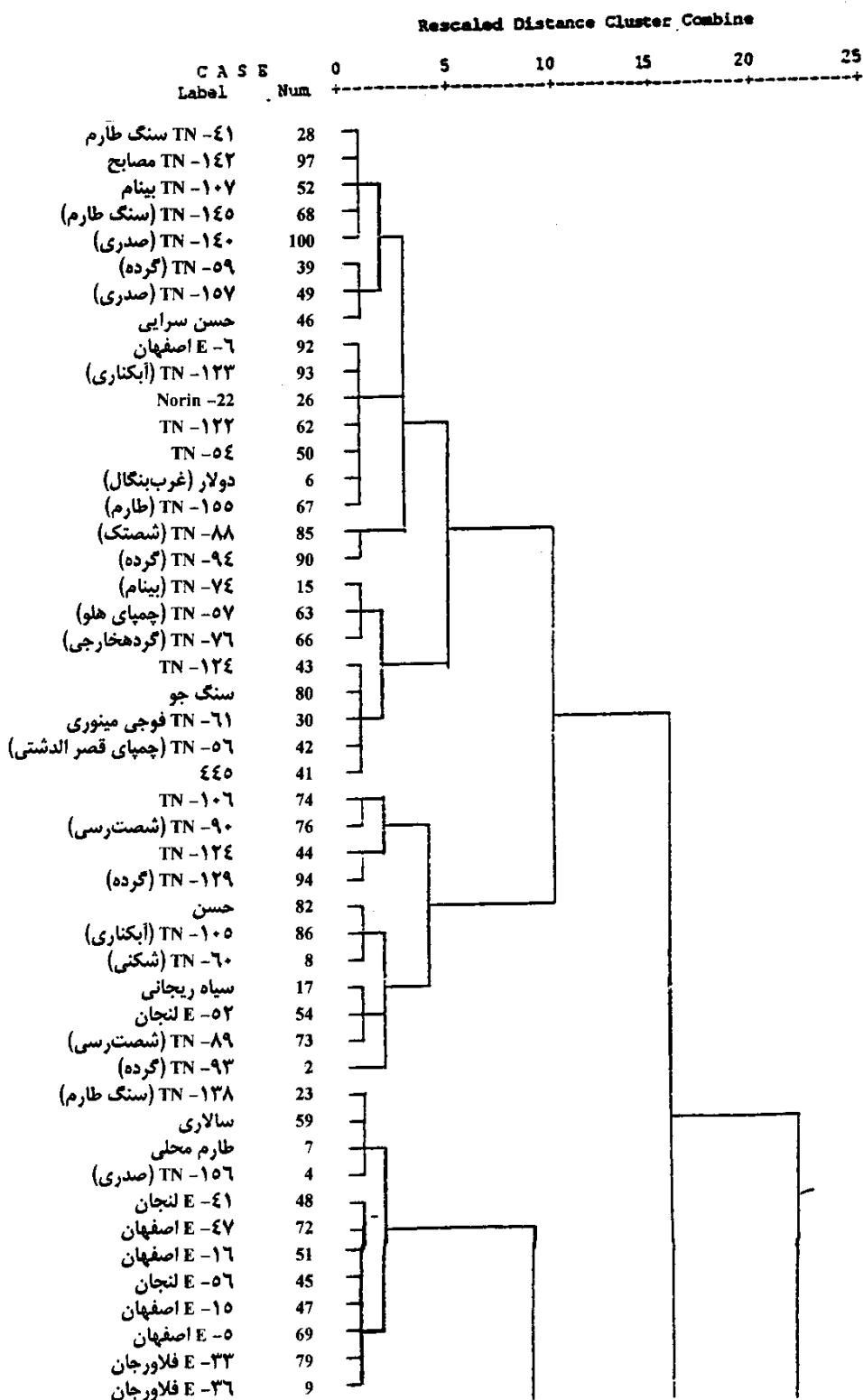
از ویژگی‌های این گروه می‌توان بر اساس جدول ۶، به زودرسی، تعداد کمتر شاخه اولیه در خوشه، قطر کم ساقه و برگ‌هایی با عرض کم و طول متوسط اشاره کرد. گروه دوم بیشتر شامل ارقام بومی مناطق شمالی و ارقام بومی منطقه اصفهان و ارقام اصلاح شده‌ای مانند خزر، دشت و بجار می‌باشد. از ویژگی‌های این گروه می‌توان به ساقه و خوشه بلند، پنجه کمتر، طول و عرض متوسط برگ اشاره نمود. گروه سوم شامل دو رقم خارجی (اوندا و NP-۱۲۵) و پنج رقم از مناطق شمالی کشور است که دارای صفات بارزی چون عرض و طول برگ بالا، قطر ساقه زیاد و تعداد بالای دانه در خوشه هستند. گروه چهارم شامل ارقام اصلاح شده ایرانی مانند نعمت، ندا، سپیدرود و چند لاین اصلاحی و نیز چهار رقم خارجی است. از ویژگی‌های این گروه می‌توان به عملکرد بالا، دیررسی، تعداد شاخه بندی اولیه بالا در خوشه، طول برگ کوتاه و عرض برگ متوسط و نیز تعداد پنجه بالا و طول ساقه و خوشه کوتاه اشاره نمود.

همان‌طور که در شکل ۱ نشان داده شده است درسه گروه اول ۸۷ ژنوتیپ قرار دارد که همگی به جز ۴ ژنوتیپ خارجی و سه ژنوتیپ اصلاح شده ایرانی، از ارقام بومی ایران می‌باشند و گروه چهارم که شامل ۱۳ ژنوتیپ است، همگی خارجی و یا ارقام اصلاح شده ایرانی هستند. این الگوی تفکیک ژنوتیپ‌ها تاحدودی بیانگر پیروی الگوی تفکیک ژنتیکی از الگوی تفکیک جغرافیایی است و اگر چه هم‌آهنگی کاملی در این زمینه دیده نشد، ولی گزارش‌های متفاوتی در این زمینه وجود دارد. برای

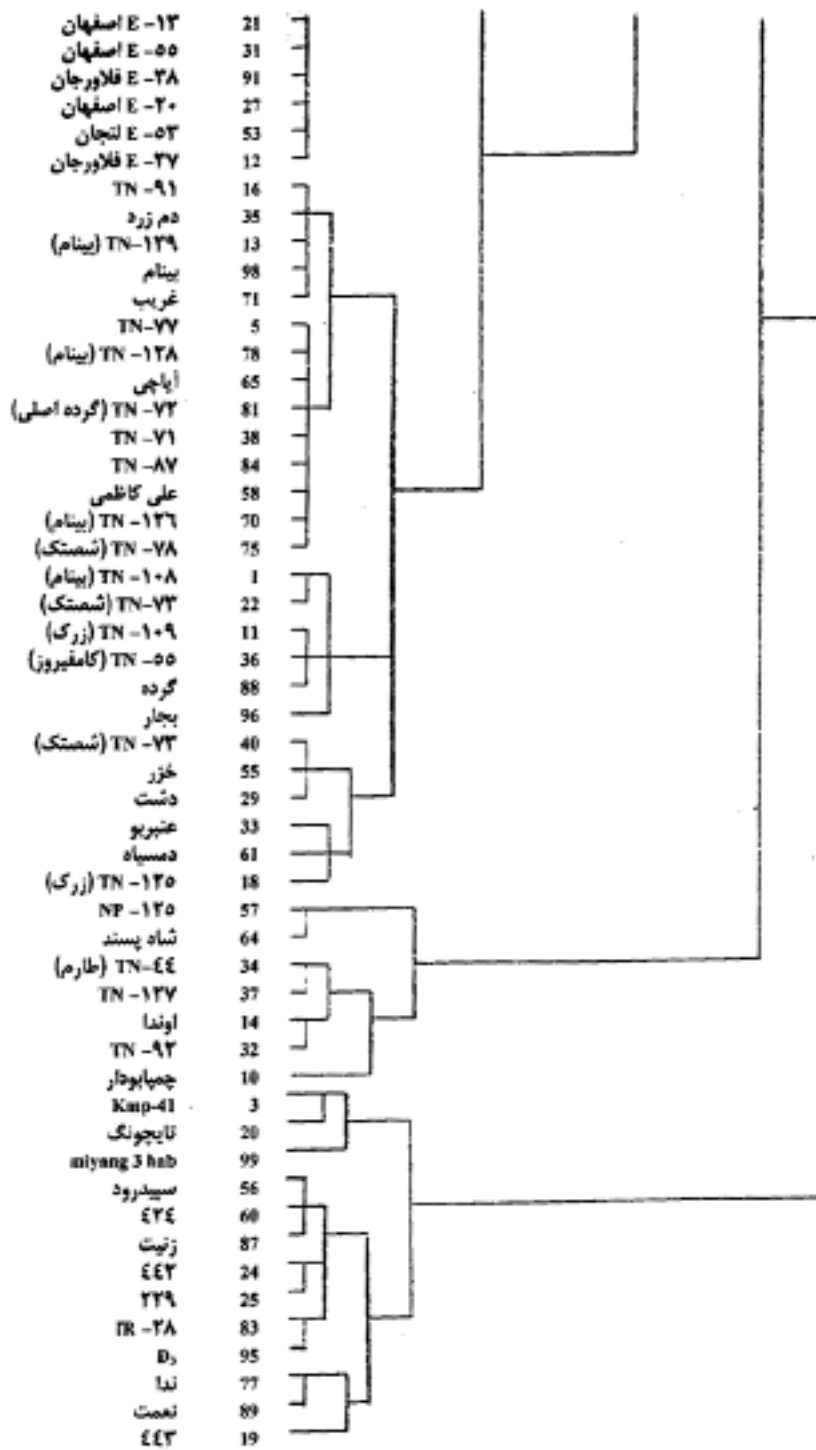
ظهور ارقام جدید برنج تغییری در وزن دانه‌ها رخ نداده است و ارقام پرمحصول برنج دانه‌هایی با وزن متوسط حدود ۲۵ میلی گرم دارند (۴).

بر اساس فرض‌های تجزیه عامل‌ها، عوامل پنهانی، مستقل از یکدیگرند، به عبارت دیگر تغییر یک عامل موجب تغییر در عوامل دیگر نخواهد شد در نتیجه می‌توان صفات مختلفی را که تحت تاثیر عوامل مختلف قرار دارد، به‌طور هم‌زمان بهبود بخشید و در این صورت می‌توان برای رسیدن به عملکرد بالا و تیپ ایدآل به تقویت یا تضعیف یکی یا هر سه عامل پنهانی پرداخت و امید داشت که صفات تحت تاثیر هر یک از عوامل پنهانی، با تغییرات عوامل دیگر دچار تردید نخواهند شد و یا حداقل این تغییرات زیاد نخواهد بود. بر اساس نتایج پژوهش حاضر با تقویت عامل اول، می‌توان تعداد دانه در خوشه و با تضعیف عامل دوم تعداد پنجه را افزایش داد و به بته‌ای با تعداد دانه در خوشه بیشتر و تعداد پنجه زیادتر رسید و هم‌زمان طول و یا عرض دانه را با تقویت و یا تضعیف عامل سوم تغییر داد و به تیپ ایدآل نزدیک شد. بدیهی است که رسیدن به تیپ ایدآل نیاز به آزمایش‌های جامع دارد و نتیجه تجزیه عامل‌های این تحقیق تنها ایده‌ای کلی را می‌تواند ارائه دهد.

تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها در شکل ۱ نشان داده شده است. بر اساس نتایج آزمون T^2 کاذب هوتلینگ و معیار توان سوم خوشه‌ها (C.C.C) که در جدول ۵ و شکل ۲ آمده است، ژنوتیپ‌ها در ۴ گروه قرار گرفتند. T^2 کاذب هوتلینگ (جدول ۵) برای پیوستن کلاسترهای ۸ و ۲۲ و تشکیل ۵ کلاستر برابر ۱۰/۵ و نیز برای پیوستن کلاسترهای ۱۱ و ۹ و تشکیل ۴ کلاستر برابر ۱۰/۶ است، درحالی‌که برای پیوستن کلاسترهای ۵ و ۴ و تشکیل ۳ کلاستر مقدار این آمار با ۱۵/۳ افزایش می‌یابد که بیانگر عدم پیوستن و اتصال کلاسترهای ۴ و ۵ و تشکیل ۳ کلاستر است، بنابراین ژنوتیپ‌ها در ۴ گروه باقی می‌مانند. بر اساس شکل ۲ که پلات مقادیر C.C.C در برابر تعداد کلاستر است، مشاهده شد که برای تعداد ۴ کلاستر نقطه اوج کوچکی وجود دارد که نشان دهنده تعداد مناسب گروه‌هاست. نتایج حاصل از تجزیه واریانس



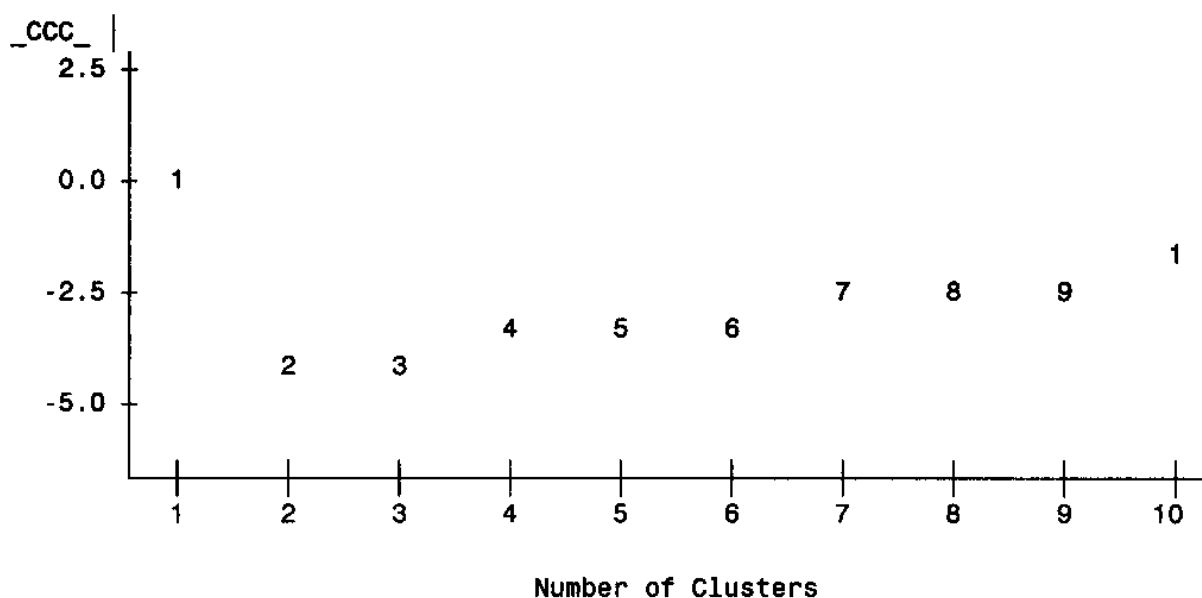
شکل ۱. گروه‌بندی افراد بر اساس صفات مورفولوژیک



ادامه شکل ۱

جدول ۵. تعداد خوشه و مقادیر مربوطه به T^2 کاذب هوتلینگ و C.C.C

T^2 کاذب هوتلینگ	C.C.C	اتصال خوشه‌ها	تعداد خوشه
۱۰/۵	-۳/۷۰۰۷	خوشه ۲۲	خوشه ۸
۱۰/۶	-۳/۶۰۲۰	خوشه ۹	خوشه ۱۱
۱۵/۳	-۴/۱۵۷۷	خوشه ۴	خوشه ۵
۱۷/۰	-۴/۱۳۵۶	خوشه ۶	خوشه ۳
۱۶/۱	۰/۰۰۰۰	خوشه ۷	خوشه ۲



شکل ۲. پلات مقادیر C.C.C در برابر تعداد کلاستر

نتیجه‌گیری

براساس نتایج حاصل از این پژوهش، تنوع ژنتیکی گسترده‌ای بین ارقام از نظر صفات مورد بررسی وجود دارد، که حاکی از ارزشمند بودن این ذخائر و لزوم توجه بیشتر در حفظ، نگهداری و ارزیابی آنهاست. سه عامل پنهانی شناسایی شده درک بهتری از روابط بین صفات مورد بررسی و ارتباط بین اجزای عملکرد و ساختار مورفولوژیک و فیزیولوژیک را نشان داد. بدین صورت که عوامل اول و سوم بیشتر در ارتباط با ظرفیت مخزن

مثال کوماری و همکاران (۱۵)، دی و همکاران (۱۰)، سینها و همکاران (۱۹) و بابائیان جلودار و همکاران (۳) در بررسی‌های خود روی برنج، عدم هم‌آهنگی بین تنوع ژنتیکی و تنوع جغرافیایی را اعلام داشتند. از آنجایی که گروه چهارم با سه گروه اول فاصله ژنتیکی زیادی دارد می‌توان به انتخاب ژنوتیپ‌هایی از این گروه و ژنوتیپ‌هایی از سه گروه اول بسته به صفت مورد نظر به‌عنوان والدین در برنامه‌های اصلاحی اقدام نمود و انتظار هتروزیس بالایی را داشت.

را حداکثر در ۴ گروه قرار داد و در صورت ارزیابی همه نمونه‌های موجود در بانک ژن برنج ایرانی، می‌توان بدون کاهش حجم نمونه‌ها، آنها را منظم کرد و یا این که نمونه‌ای از هر یک گروه‌ها گرفته و نسبت به ایجاد Core Collection اقدام نمود که هر یک زیرمجموعه‌ای از تنوع ژنتیکی برنج خواهد بود، که البته این کار نیاز به آزمایش‌های دقیق در چند سال و چند مکان دارد.

سپاسگزاری

بدین وسیله از کارشناسان و پرسنل مؤسسه تحقیقات برنج کشور به خاطر همکاری‌های همه جانبه تقدیر و تشکر می‌شود.

و عامل دوم در ارتباط با منبع و کارایی گیاه در استفاده از منابعی مثل نور و کود است. توجه به این سه عامل پنهانی، محقق را به سمت تیپ ایدال در برنج نزدیک می‌کند زیرا در عوامل اول و سوم به صفات خوشه و دانه و در عامل دوم به ساختار و تیپ گیاه توجه می‌شود. بنابراین، سه عامل پنهانی، افزایش عملکرد در برنج را منوط به توجه به تیپ ایدال و اصلاح صفات به آن سمت می‌داند. قرارگرفتن ژنوتیپ‌ها در ۴ گروه و نیز تفاوت گروه‌ها از نظر اکثر صفات، بیانگر آن است که برای رسیدن به حداکثر تنوع باید ژنوتیپ‌هایی از گروه‌های یک و چهار به‌عنوان والدین در برنامه‌های تلاقی در نظر گرفت. هم‌چنین برای سازماندهی و مدیریت این ژنوتیپ‌ها می‌توان برای هر صفت، این مجموعه از ژنوتیپ‌ها

منابع مورد استفاده

۱. ارزانی، ا. ۱۳۷۸. *اصلاح گیاهان زراعی* (ترجمه). انتشارات دانشگاه صنعتی اصفهان.
۲. اله قلی پور، م. ، ق. نعمت زاده و م. فتوکیان. ۱۳۷۷. تجزیه علیت صفات مهم زراعی روی عملکرد دانه در برنج. مجله دانشور، دانشگاه شاهد، تهران.
۳. بابائیان جلودار، ن.، ق. نعمت زاده، م. کربلایی و ع. تائب. ۱۳۷۷. بررسی تنوع ژنتیکی و جغرافیایی برنج‌های بومی مازندران و مطالعه روابط بین صفت زودرسی و برخی صفات مهم زراعی دیگر. چکیده مقالات پنجمین کنگره زراعت و اصلاح نباتات ایران، ۹-۱۳ شهریور ۱۳۷۷، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج.
۴. رحیمیان، ح. و م. بنایان. ۱۳۷۵. *مبانی فیزیولوژیکی اصلاح نباتات* (ترجمه). انتشارات جهاد دانشگاهی مشهد.
۵. قنادها، م. ، س. صادقی و م. صالحی. ۱۳۷۷. بررسی تنوع ژنتیکی برنج‌های بومی گیلان و تجزیه علیت عملکرد با اجزای آن. چکیده مقالات پنجمین کنگره زراعت و اصلاح نباتات ایران، ۹-۱۳ شهریور ۱۳۷۷، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج.
۶. مظاهری، د. و و. آقا علیخانی. ۱۳۷۷. *بوم‌شناسی گیاهان گرمسیری* (ترجمه). انتشارات دانشگاه تهران.
۷. نوریزدان، ح. ۱۳۷۶. بررسی تنوع ژنتیکی ارقام و توده‌های بومی برنج در اصفهان. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان.
۸. یزدی صمدی، ب.، ع. رضایی و م. ولی زاده. ۱۳۷۶. *طرح‌های آماری در پژوهش‌های کشاورزی*. انتشارات دانشگاه تهران.
9. Chaubey, P. K. and A. K. Richharia. 1993. Genetic variability correlations and path-coefficients in indica rices. *Indian J. Genet.* 53 (4) 356-360.
10. De, R. N. , J. N. Reddy, A. V. Rao and K. K. Mohaniy. 1992. Genetic divergence in early rice under two situations, *Indian J. Genet.* 52(3) 225-229.
11. Jackson, M. T. 1995. Protecting the heritage of rice biodiversity. *Geojournal* 53.3 : 267-274.
12. Johnson, D. E. 1998. *Applied Multivariate Methods for Data Analysis*. Duxbury press, New York, U.S.A.
13. Johnson, R. A. and D. W. Wichern. 1996. *Applied multivariate statistical analysis*. Sterling Book House, New Delhi.
14. Khush, G. S. 1995. Biotechnology approaches to rice improvement, proceedings of an international symposium on the use of induced mutations and molecular techniques for crop improvement. pp.455-475.

15. Kumari, R. U. and P. Fangasamy 1997. Studies on genetic diversity in international early rice geneotypes. Ann. Agric. Res. 18 (1) 29-33.
16. IRRI. 1996. Standard evaluation system for rice. International Rice Research Institute, Manila, Philippines.
17. Sharma, B. D., D. K. Hore. 1993. Multivariate analysis of divergence in upland rice (*Oryza sativa*). Indian J. Agric. Sci. 63 (8) 551 – 517.
18. Singh, A. K., S. B. Singh and S. M. Singh. 1996. Genetic divergence in scented and fine genotypes of rice (*Oryza sativa* L.). Ann. Agric. Res. 17 (2) 163-166.
19. Sinha, P. K., V. S. Chauhan, K. Prasad and J. S. Chauhan. 1991. Genetic divergence in indigenous upland rice varieties. Indian J. Genet. 51:47-50.
20. Suh, H. S., Y. I. Sato and H. Marishima. 1997. Genetic characterization of weedy rice (*Oryza sativa* L.) based on morpho-physiology, isozymes and RAPD markers. Theor. Appl. Genet. 94 (314) 316-321.