

## Using Multi-Variate Statistical Methods for Evaluation of Genetic Diversity in Tall Fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.)

Rahimi E.<sup>1</sup> MSc Pourmohammad A.<sup>\*1</sup> PhD, Mohammadi R.<sup>2</sup> PhD, Aliloo A.<sup>1</sup> PhD,

<sup>1</sup> Agronomy & Plant Breeding Department, Agriculture Faculty, University of Maragheh, Maragheh, East Azarbaijan, Iran

<sup>2</sup> Agricultural Biotechnology in Northwest & West Institute, Iranian Institute of Agricultural Biotechnology, Agricultural Research, Education & Extension Organization, Tabriz, Iran

### Abstract

The present study was conducted to assess genetic diversity among the 32 tall fescue half-sib families using a randomized complete block design (RCBD) experiment in the four replicates. Based on analysis of variance, significant differences were observed among studied genotypes at the probability of 1% for plant height, canopy diameter, days to heading, days to pollination, crown diameter, fresh forage yield, dry forage yield, number of stem and seed yield in first harvest and in canopy diameter, crown diameter, fresh forage yield and dry forage yield in second harvest. Based on the results of mean comparisons, the highest dry forage yield in the first harvest was obtained in genotype 32 by 758.5 grams. Principal component analysis by considering eigenvalues greater than one, caused to introduction of three components which determined 80.5% of the variation among the samples. In cluster analysis, the greatest distinction between the groups was achieved with three clusters, and by cutting the dendrogram genotypes in three groups. According to the results, the third cluster was superior to the other two clusters in terms of most traits. The genotypes of the third cluster, according to the value of this cluster in terms of forage yield and seed yield will be of particular importance in breeding programs. In the breeding of cross-pollinated forage crops, success in selection depends on creating diversity by genetic recombination and achievement of heterosis. Due to the distance between groups 1 and 3, probably the most successful crosses will be achieved among genotypes of these two groups.

### Keywords

Tall Fescue [Not in Mesh];  
Genetic Diversity [<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/mesh/?term=Genetic+Diversity>];  
Principal Components Analysis  
[<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/mesh/?term=Principal+Components+Analysis>];  
Cluster Analysis [<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/mesh/?term=Cluster+Analysis>]

---

\* Corresponding Author

Tel: +98 (41) 37276068

Fax: +98 (41) 37276060

Post Address: University of Maragheh, Daneshgah Boulevard, Madar Square, Maragheh, East Azerbaijan, Iran.

Postal Code: 5518183111.

[pourmohammad@ymail.com](mailto:pourmohammad@ymail.com)

Received: May 29, 2019

Accepted: October 13, 2019

ePublished: March 14, 2020

## استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره در ارزیابی تنوع ژنتیکی فسکیوی پابلند (*Festuca arundinacea* Schreb.)

احسان رحیمی MSc

گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مراغه، مراغه، آذربایجان شرقی، ایران

علیرضا پورمحمد\* PhD

گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مراغه، مراغه، آذربایجان شرقی، ایران

رضا محمدی PhD

پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی شمال غرب و غرب، پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تبریز، ایران

علی‌اصغر علیلو PhD

گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مراغه، مراغه، آذربایجان شرقی، ایران

### چکیده

مطالعه حاضر به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی بین ۳۲ خانواده ناتنی از گونه فسکیوی پابلند (*Festuca arundinacea*) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۴ تکرار انجام گرفت. براساس نتایج تجزیه واریانس تنوع معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی برای صفات ارتفاع بوته، قطر تاج‌پوش، روز تا خوشه‌دهی، روز تا گرده‌افشانی، قطر طوقه، عملکرد تر علوفه، عملکرد خشک علوفه، تعداد ساقه و عملکرد بذر در چین اول و در صفات قطر تاج‌پوش، قطر طوقه، عملکرد تر علوفه و عملکرد خشک علوفه در چین دوم و در سطح احتمال ۱٪ مشاهده شد. براساس نتایج به‌دست‌آمده از مقایسه میانگین‌ها، بیشترین عملکرد خشک علوفه در چین اول با ۷۵۸/۵ گرم در ژنوتیپ ۳۲ به دست آمد. تجزیه به مولفه‌های اصلی با در نظر گرفتن مقادیر ویژه بزرگتر از یک موجب معرفی سه مولفه شد که ۸۰/۵٪ از تغییرات بین نمونه‌ها را توجیه کردند. در تجزیه خوشه‌ای بیشترین تمایز بین گروه‌ها با سه خوشه حاصل شد و با برش دندروگرام ژنوتیپ‌ها در سه گروه قرار گرفتند. با توجه به نتایج، خوشه سوم از نظر اکثر صفات برتر از دو خوشه دیگر بود. ژنوتیپ‌های خوشه سوم با توجه به ارزش بیشتر این خوشه از نظر صفات مهم نظیر عملکرد علوفه و عملکرد بذر در برنامه‌های اصلاحی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار خواهند بود. در به‌نژادی گیاهان علوفه‌ای دگرگشن، موفقیت در گزینش، به تنوع ایجادشده از نوترکیبی ژنتیکی و دست‌یابی به هتروزیس بستگی دارد. با توجه به فاصله بین گروه‌های یک و سه، احتمالاً بیشترین موفقیت در تلاقی بین ژنوتیپ‌های این دو گروه به‌دست خواهد آمد.

**کلیدواژه‌ها:** فسکیوی پابلند، تنوع ژنتیکی، تجزیه به مولفه‌های اصلی، تجزیه خوشه‌ای

تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۳/۸

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۷/۲۱

\*نویسنده مسئول: pourmohammad@gmail.com

### مقدمه

گیاهان علوفه‌ای متداول در ایران عمدتاً شامل یونجه، اسپرس و شبدر است که از لحاظ پروتئین غنی هستند، ولی مصرف آنها به‌تنهایی انرژی مورد نیاز دام را تامین نمی‌کند. به همین دلیل توسعه و ترویج کشت گراس‌های علوفه‌ای به‌عنوان مکمل لگوم‌ها تاثیر قابل ملاحظه‌ای در افزایش تولید فرآورده‌های دامی خواهد

داشت. گراس‌های علوفه‌ای و چمنی علاوه بر نقش اساسی در تولید علوفه به‌ویژه در مراتع، خاک را در مقابل فرسایش آبی و بادی حفظ می‌کنند و موجب بهبود و تثبیت ساختمان خاک می‌شوند [1].

جنس فستوکا یکی از بزرگ‌ترین جنس‌ها در خانواده گراس‌ها است که به‌طور گسترده در مناطق معتدل و کوهستانی پخش شده است. اغلب گونه‌های فستوکا چندساله با سطوح پلوییدی متفاوت از دیپلوئید ( $2n=2x=14$ ) تا دکاپلوئید ( $2n=10x=70$ ) هستند. یکی از این گونه‌ها که از نظر اقتصادی نیز اهمیت دارد، فسکیوی پابلند (*F. arundinacea*) است که به‌عنوان علوفه کشت می‌شود [2]. *F. arundinacea* یک گیاه دگربارور و آلوهگزاپلوئید ( $2n=6x=42$ ) است که به‌عنوان گیاه علوفه‌ای استفاده می‌شود. این گیاه بومی اروپا، شمال آفریقا و بخشی از خاورمیانه است [3]. در ایران فسکیوی پابلند به‌طور طبیعی در مراتع شمالی، مرکزی و غربی رویش دارد و در تولید علوفه و حفاظت از خاک نقش ایفا می‌کند. کشت این گیاه به‌صورت زراعی متداول نشده، اما از ظرفیت بالایی برای تولید علوفه به‌صورت زراعی و مرتعی برخوردار است [4].

در اغلب گیاهان علفی چندساله، هدف به‌نژادی عمده بهبود ظرفیت تولید عملکرد توسط گیاه زراعی است [5]. برای تولید علوفه و افزایش آن در کشورهای مختلف دنیا و از جمله ایران راه‌های بسیاری وجود دارد. یکی از روش‌های تولید علوفه و افزایش آن شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب و پرمحصول و سپس اعمال گزینش است. آگاهی از میزان تنوع ژنتیکی درون و بین ژنوتیپ‌ها در گزینش و تلاقی ارقام از اهمیت خاصی برخوردار است.

تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی یکی از اساسی‌ترین مراحل در برنامه‌های به‌نژادی است. چون امکان طبقه‌بندی دقیق نمونه‌های تحت ارزیابی را فراهم و به‌نژادگر را در تشخیص مواد ژنتیکی مورد نیاز خود برای برنامه‌های بعدی و پیشبرد سریعتر اهداف به‌نژادی یاری می‌کند [6]. روش‌های مختلفی برای برآورد تنوع ژنتیکی وجود دارد که از مهمترین آنها، روش‌های آماری چندمتغیره است که به‌طور همزمان از اطلاعات چندین صفت در کلیه افراد استفاده و افراد را براساس فاصله گروه‌بندی می‌کند. از این روش‌ها خصوصاً تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مولفه‌های اصلی، برای بررسی تنوع ژنتیکی گیاهان مختلف مثل فستوکا [7]، چچم یک‌ساله [8]، *Agropyron tauri* [9]، علف باغ [10]، *Agropyron* [11] و *trichophorum* [12] استفاده شده است. هدف از مطالعه حاضر بررسی تنوع ژنتیکی ۳۲ خانواده ناتنی فسکیوی پابلند و گروه‌بندی صحیح آنها به کمک روش‌های آماری چندمتغیره در شرایط اکولوژیکی آذربایجان شرقی بود.

### مواد و روش‌ها

در این مطالعه ۳۲ خانواده ناتنی از گونه فسکیوی پابلند در سال زراعی ۱۳۹۳-۹۴ در شهرستان تبریز مورد بررسی قرار گرفتند. بذره‌های مورد بررسی از بانک بذر پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی شمال غرب و غرب ایران تهیه و در گلدان‌های پلاستیکی در خاک

تک‌بوته بود که ۴ بوته میانی اندازه‌گیری شدند. پس از کاشت گیاهان بلافاصله آبیاری انجام شد. در طول آزمایش با علف‌های هرز به‌صورت مکانیکی مبارزه شد، ولی آفت و یا بیماری خاصی در مزرعه مشاهده نشد. در سال دوم آبیاری اول در ۲۰ اردیبهشت ۱۳۹۴ و آبیاری‌های بعدی با فاصله ۲۰ روز انجام شد و تا برداشت چین دوم ادامه داشت. کوددهی یک بار قبل از آبیاری اول در سال دوم انجام شد که شامل کود اوره به مقدار ۸۰ کیلوگرم در هکتار بود.

با توجه به چندساله‌بودن فسکیوی پابلند و نیاز به بهاره‌سازی برای گل‌دهی، در سال اول به‌منظور استقرار کامل بوته‌ها در مزرعه و بهره‌سازی، داده‌برداری انجام نشد و داده‌برداری از اوایل فروردین سال دوم و با گذشت فصل زمستان و بهره‌سازی گیاهان کشت‌شده در مزرعه و برای صفات مختلف براساس جدول ۲ انجام شد. تجزیه واریانس صفات براساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی و مقایسه میانگین به روش LSD در سطح احتمال ۵٪ با استفاده از نرم‌افزار آماری SAS 9.1 و با توجه به نرمال‌بودن داده‌ها با استفاده از میانگین داده‌های اصلی انجام شد. ارزیابی و گروه‌بندی جمعیت‌های مورد مطالعه از طریق تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مولفه‌های اصلی با استفاده از میانگین داده‌های اصلی انجام شد. تجزیه خوشه‌ای، پس از استاندارد کردن داده‌ها با محاسبه فواصل اقلیدسی و روش وارد (Ward) با نرم‌افزار SPSS 17 و تجزیه به مولفه‌های اصلی از طریق ماتریس ضرایب همبستگی صفات با استفاده از نرم‌افزار Minitab 16 انجام گرفت.

جدول ۲) صفات مورد بررسی و نحوه اندازه‌گیری آنها

صفات مورد بررسی	نحوه اندازه‌گیری صفات
میانگین قطر کانوی ۴ بوته در هر تکرار قبل از قطر تاج‌پوش (سانتی‌متر) ساقه‌دهی	
تعداد روز تا خوشه‌دهی	تاریخ ظهور خوشه براساس تعداد روز از اول فروردین تا ظهور سه خوشه در هر بوته
تعداد روز تا گرده‌افشانی	تعداد روز از اول فروردین تا ظاهر شدن پرچم‌ها در سه خوشه از هر بوته
ارتفاع بوته (سانتی‌متر) گرده‌افشانی	ارتفاع بلندترین ساقه ۴ بوته در هر تکرار در زمان گرده‌افشانی
تعداد ساقه گرده‌افشانی	شمارش تعداد ساقه ۴ بوته در هر تکرار در زمان گرده‌افشانی
عملکرد علوفه تر، دو چین وزن تر علوفه ۴ بوته در هر تکرار بلافاصله پس از برداشت در سال (گرم)	
عملکرد علوفه خشک، دو چین در سال (گرم)	نمونه‌ها به مدت حداقل ۴۸ ساعت در دمای ۶۵°C خشک و توزین شدند.
قطر طوقه (سانتی‌متر)	قطر طوقه ۴ بوته در هر تکرار پس از برداشت
عملکرد بذر (گرم)	وزن بذر ۴ بوته در هر تکرار پس از استحصال

## یافته‌ها و بحث

### تجزیه واریانس و مقایسه میانگین

نتایج تجزیه واریانس نشان داد که ژنوتیپ‌ها در تمامی صفات ارتفاع بوته، قطر تاج‌پوش، روز تا خوشه‌دهی، روز تا گرده‌افشانی، قطر طوقه، عملکرد تر علوفه، عملکرد خشک علوفه، تعداد ساقه و عملکرد بذر

مخلوط (یک‌دوم خاک زراعی، یک‌چهارم ماسه و یک‌چهارم کود دامی) در شرایط گلخانه (شامل ۱۶ ساعت روشنایی، ۸ ساعت تاریکی، دمای ۲۰-۲۸°C و رطوبت ۵۰ تا ۶۵٪) کشت شدند (جدول ۱).

جدول ۱) منشا و محل جمع‌آوری ژنوتیپ‌های مورد مطالعه فسکیوی پابلند

شماره ژنوتیپ	شماره اکوتیپ یا رقم	کد ژنوتیپ	منشا و محل جمع‌آوری
۱		F.a-Kh1,2-A	ارقام خارجی
۲	۱	F.a-Kh1,2-B	
۳		F.a-Kh1,2-C	
۴	۲	F.a-83D+F2-A	فریمان خراسان
۵		F.a-83D+F2-B	
۶	۳	F.a-Cham20-F1-A	رقم REBEL
۷		F.a-Cham20-F1-B	
۸	۴	F.a-83B'Reb-F2-A	هیبرید REBEL با ژنوتیپ B فریمان خراسان
۹		F.a-83B'Reb-F2-B	
۱۰	۵	F.a-Ho sh-F1-A	رقم خارجی H
۱۱		F.a-Ho sh-F1-B	
۱۲	۶	F.a-83B'Reb-F2-C	هیبرید REBEL با ژنوتیپ B فریمان خراسان
۱۳		F.a-83B'Reb-F2-D	
۱۴	۷	F.a-43-Sh-A	رقم MINI MUSTANG
۱۵		F.a-43-Sh-B	
۱۶	۸	F.a-83A'Reb-1-F2	هیبرید REBEL با ژنوتیپ A فریمان خراسان
۱۷	۹	F.a-Po-Sh-A	رقم خارجی P
۱۸		F.a-Po-Sh-B	
۱۹		F.a-Po-Sh-C	
۲۰	۱۰	F.a-46-ShF1-A	رقم FIESTA2
۲۱		F.a-46-ShF1-B	
۲۲	۱۱	F.a-Abyane4+-A	ایبانه استان اصفهان
۲۳		F.a-Abyane4+-B	
۲۴	۱۲	F.a-30-Sh-F1-A	رقم BONSAI
۲۵		F.a-30-Sh-F1-B	
۲۶	۱۳	F.a-Honjan2+-A	هونجان اصفهان
۲۷		F.a-Honjan2+-B	
۲۸	۱۴	F.a-Ch-22-F1-A	رقم REBEL2
۲۹		F.a-Ch-22-F1-B	
۳۰	۱۵	F.a-83B+F2-A	فریمان خراسان ژنوتیپ B
۳۱		F.a-83B+F2-B	
۳۲	۱۶	F.a-30-Sh F1-C	رقم BONSAI

بعد از جوانه‌زنی و رشد اولیه، گلدان‌ها برای سازگاری به محیط بیرون، به خارج از گلخانه انتقال داده شدند. گیاهان در مرحله ۵ برگی و براساس طرح آزمایشی بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار در اوایل پاییز در مزرعه کشت شدند. فاصله بوته‌ها در روی ردیف و بین ردیف‌ها ۶۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد و هر تکرار شامل ۶

همکاران<sup>[14]</sup> نیز نتایج مشابهی را در فسکیوی پابلند مشاهده کردند. در بررسی دیگری *ابراهیمیان* و همکاران<sup>[15]</sup> اختلاف معنی‌داری را بین ۵۰ ژنوتیپ فسکیوی از نظر وزن خشک علوفه در چین اول به دست آوردند. مجیدی و همکاران<sup>[16]</sup> نیز با مطالعه ۳۸ اکتیپ داخلی و خارجی فسکیوی بلند تنوع ژنتیکی گسترده‌ای را در ژرم‌پلاسم این گیاه ملاحظه کردند.

ضرایب همبستگی بین صفات، محاسبه و در جدول ۵ ارایه شده است. بررسی ضرایب همبستگی بین صفات نشان داد که صفت عملکرد علوفه خشک در چین اول با بیشتر صفات به جز روز تا خوشه‌دهی و روز تا گرده‌افشانی همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت. بالاترین میزان همبستگی عملکرد علوفه خشک در چین اول به غیر از عملکرد علوفه تر در چین اول با صفات عملکرد بذر ( $0/873^{**}$ )، قطر تاج‌پوش چین اول ( $0/76^{**}$ )، ارتفاع بوته ( $0/718^{**}$ )، تعداد ساقه ( $0/582^{**}$ ) بود. عملکرد علوفه خشک در چین دوم نیز به غیر از صفات تعداد ساقه، روز تا خوشه‌دهی و روز تا گرده‌افشانی با سایر صفات همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت (جدول ۵). بالاترین میزان همبستگی عملکرد علوفه خشک در چین دوم با عملکرد علوفه تر در چین اول ( $0/74^{**}$ )، عملکرد علوفه خشک در چین اول ( $0/706^{**}$ )، قطر تاج‌پوش چین دوم ( $0/716^{**}$ ) و قطر یقه در چین اول ( $0/714^{**}$ ) مشاهده شد. مجیدی و همکاران و *ابراهیمیان* و همکاران نیز گزارش کردند که عملکرد علوفه، همبستگی مثبت و معنی‌داری با صفات ارتفاع بوته، تعداد ساقه و قطر یقه دارد، ولی همبستگی عملکرد علوفه با صفات روز تا ظهور خوشه و روز تا گرده‌افشانی منفی و معنی‌دار بود<sup>[15, 16]</sup> که در این مطالعه همبستگی عملکرد علوفه در چین اول با صفات روز تا ظهور خوشه و روز تا گرده‌افشانی منفی ولی غیرمعنی‌دار بود.

در چین اول و در صفات قطر تاج‌پوش، قطر طوقه، عملکرد تر علوفه و عملکرد خشک علوفه در چین دوم و در سطح احتمال ۱٪ اثر معنی‌داری داشتند (جدول ۳). بر همین اساس، مقایسه میانگین کلیه صفات بین ژنوتیپ‌های مختلف فسکیوی پابلند با استفاده از آزمون LSD در سطح احتمال ۵٪ انجام شد که نتایج آن در جدول ۴ ارایه شده است. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده از مقایسات میانگین، بیشترین عملکرد خشک علوفه در چین اول با ۷۵۸/۵ گرم در ژنوتیپ ۳۲ (F.a-30-Sh F1-C) به دست آمد. پس از این ژنوتیپ بیشترین عملکرد خشک علوفه به ترتیب با ۵۲۲/۷۵، ۵۰۲ و ۵۰۱/۷۵ گرم متعلق به ژنوتیپ‌های ۳۱ (F.a-83B+F2-B)، ۲۶ (F.a-Honjan2+-A) و ۳۰ (F.a-83B+F2-A) بود. کمترین عملکرد خشک علوفه در چین اول نیز با ۹۸ گرم در ژنوتیپ ۱۵ (F.a-43-Sh-B) به دست آمد. با توجه به این نتایج در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی اختلافی حدود ۶۶۰ گرم وجود داشت که اختلاف قابل ملاحظه‌ای به شمار می‌آید (جدول ۴). در چین دوم نیز ژنوتیپ‌های ۸ (F.a-83B\*Reb-F2-A) و ۲۷ (F.a-Honjan2+-B) بیشترین عملکرد علوفه تر و خشک را داشتند. ژنوتیپ ۳۲ همچنین زودرس‌ترین ژنوتیپ و با ۲۴۱/۳ ساقه بیشترین تعداد ساقه و ۹۰/۲۵ گرم بیشترین عملکرد بذر در بوته را داشت (جدول ۴). بررسی‌های انجام‌شده توسط سایر محققان نیز نشان داده است که از نظر وزن خشک بین ژنوتیپ‌های مختلف فسکیوی اختلاف وجود دارد. جعفری و رضایی‌فرد<sup>[13]</sup> در یک بررسی برای مطالعه اختلاف فنولوژیک و مورفولوژیک ژنوتیپ‌های مختلف فسکیوی مشاهده کردند که اختلاف زیادی بین ژنوتیپ‌ها از نظر وزن خشک وجود دارد. این محققین اختلافی ۱۶۱۷ کیلوگرمی در هکتار از نظر وزن خشک بوته بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی گزارش کردند. کاتوج و

جدول ۳) تجزیه واریانس و سطح معنی‌داری بودن میانگین مربعات تیمار برای صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های فسکیوی پابلند

صفات	میانگین مربعات		
	بلوک؛ df=۳	تیمار؛ df=۳۱	خطا؛ df=۹۳
ارتفاع بوته	۲/۹۷ ns	۱۰۹/۱۴ <sup>**</sup>	۷/۲۸
قطر تاج‌پوش چین اول	۱۹/۴۹ ns	۶۶/۱۵ <sup>**</sup>	۱۵/۶۰
تعداد روز تا خوشه‌دهی	۵/۷۸ ns	۱۲/۱۵ <sup>**</sup>	۲/۹۳
تعداد روز تا گرده‌افشانی	۳/۵۳ ns	۱۲/۶۷ <sup>**</sup>	۲/۸۱
قطر طوقه پس از برداشت چین اول	۱۸/۹۰ <sup>**</sup>	۱۷/۷۲ <sup>**</sup>	۳/۷۴
عملکرد علوفه تر چین اول	۷۹۰۰/۸۴ ns	۲۷۷۴۳۴/۹۶ <sup>**</sup>	۳۱۰۵۲/۰۱
عملکرد علوفه خشک چین اول	۳۱۶۳/۷۳ ns	۷۶۸۰۵/۵۳ <sup>**</sup>	۱۰۲۵۳/۶۶
تعداد ساقه	۸۳۶۵/۴۷ <sup>**</sup>	۵۸۴۳/۴۹ <sup>**</sup>	۱۳۰۹/۴۹
عملکرد بذر	۴۷۶/۹۰ <sup>**</sup>	۱۰۰۷/۷۳ <sup>**</sup>	۱۰۰/۴۶
قطر تاج‌پوش چین دوم	۲۰/۵۹ ns	۱۸۷/۳۱ <sup>**</sup>	۲۳/۳۱
قطر طوقه پس از برداشت چین دوم	۷/۶۱ ns	۲۸/۸۰ <sup>**</sup>	۳/۸۱
عملکرد علوفه تر چین دوم	۱۸۴۳۷/۳۹ ns	۲۶۷۹۱۰/۳۶ <sup>**</sup>	۲۷۰۷۳/۴۴
عملکرد علوفه خشک چین دوم	۱۱۲۸/۳۶ ns	۱۶۳۶۱/۰۰ <sup>**</sup>	۲۴۴۶/۰۸

<sup>\*\*</sup> و <sup>ns</sup> به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪ و غیرمعنی‌داری بودن را نشان می‌دهند.

جدول ۴) مقایسات میانگین برای صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های فسکیوی پابلند

شماره ژنوتیپ	کد ژنوتیپ	ارتفاع بوته	قطر تاج پوش چین اول	تعداد روز تا خوشه‌دهی	تعداد روز تا گرده‌افشانی	قطر طوقه پس از برداشت چین اول	عملکرد علوفه تر چین اول	عملکرد علوفه خشک چین اول	تعداد ساقه	عملکرد بذر
۱	F.a-Kh1,2-A	۸۵/۷۵	۴۶/۰۰	۵۲/۲۵	۶۴/۰۰	۲۲/۰۰	۳۸۶/۰	۲۴۰/۲۵	۱۲۷/۵۰	۲۳/۲۵
۲	F.a-Kh1,2-B	۹۰/۰۰	۴۰/۰۰	۵۷/۲۵	۶۸/۵۰	۲۰/۰۰	۳۲۲/۰	۲۰۳/۵۰	۱۱۰/۰۰	۲۰/۰۰
۳	F.a-Kh1,2-C	۹۷/۰۰	۴۱/۲۵	۵۴/۵۰	۶۵/۲۵	۱۹/۲۵	۳۴۳/۸	۲۱۷/۰۰	۱۰۸/۵۰	۱۹/۲۵
۴	F.a-83D+F2-A	۱۰۵/۷۵	۴۷/۰۰	۵۳/۵۰	۶۵/۲۵	۲۱/۲۵	۴۴۷/۰	۲۷۲/۷۵	۱۲۵/۵۰	۲۲/۰۰
۵	F.a-83D+F2-B	۱۰۴/۵۰	۴۵/۵۰	۵۳/۷۵	۶۶/۵۰	۲۰/۵۰	۵۵۵/۵	۳۱۱/۰۰	۱۴۴/۵۰	۲۸/۲۵
۶	F.a-Cham20-F1-A	۱۰۲/۷۵	۴۴/۰۰	۵۷/۵۰	۶۹/۲۵	۲۳/۵۰	۴۸۷/۳	۳۰۱/۰۰	۲۰۵/۲۵	۳۲/۷۵
۷	F.a-Cham20-F1-B	۱۰۳/۲۵	۴۱/۲۵	۵۷/۵۰	۶۹/۵۰	۲۰/۷۵	۵۲۰/۰	۲۵۸/۰۰	۲۳۷/۲۵	۳۳/۲۵
۸	F.a-83B*Reb-F2-A	۱۰۶/۷۵	۴۷/۵۰	۵۳/۰۰	۶۳/۷۵	۲۴/۰۰	۷۳۴/۸	۴۲۸/۷۵	۲۲۵/۵۰	۴۴/۵۰
۹	F.a-83B*Reb-F2-B	۱۰۳/۷۵	۴۹/۷۵	۵۴/۲۵	۶۵/۷۵	۲۲/۵۰	۵۷۴/۳	۳۴۵/۲۵	۲۱۸/۷۵	۴۴/۰۰
۱۰	F.a-Ho sh-F1-A	۱۰۲/۲۵	۴۴/۰۰	۵۳/۰۰	۶۴/۰۰	۱۹/۵۰	۳۵۱/۵	۲۳۸/۰۰	۲۰۳/۷۵	۳۸/۷۵
۱۱	F.a-Ho sh-F1-B	۹۷/۷۵	۴۳/۲۵	۵۱/۷۵	۶۳/۲۵	۱۸/۵۰	۲۴۱/۵	۱۹۰/۲۵	۱۷۲/۷۵	۳۷/۲۵
۱۲	F.a-83B*Reb-F2-C	۱۰۱/۲۵	۴۵/۲۵	۵۲/۰۰	۶۴/۷۵	۱۸/۰۰	۳۹۲/۳	۲۸۴/۵۰	۲۰۰/۷۵	۳۵/۰۰
۱۳	F.a-83B*Reb-F2-D	۱۰۱/۰۰	۴۶/۰۰	۵۲/۷۵	۶۳/۷۵	۱۹/۰۰	۲۹۴/۵	۲۳۲/۵۰	۲۰۰/۲۵	۳۱/۷۵
۱۴	F.a-43-Sh-A	۹۸/۲۵	۴۰/۰۰	۵۳/۵۰	۶۴/۵۰	۱۷/۲۵	۱۶۱/۸	۱۲۸/۲۵	۱۴۶/۰۰	۲۸/۰۰
۱۵	F.a-43-Sh-B	۹۶/۲۵	۳۳/۷۵	۵۳/۷۵	۶۵/۲۵	۱۵/۷۵	۱۴۰/۸	۹۸/۰۰	۱۳۲/۲۵	۲۰/۰۰
۱۶	F.a-83A*Reb-1-F2	۹۹/۵۰	۴۳/۵۰	۵۳/۷۵	۶۴/۲۵	۲۲/۲۵	۲۷۲/۵	۲۱۳/۷۵	۲۱۱/۰۰	۴۰/۰۰
۱۷	F.a-Po-Sh-A	۹۷/۵۰	۴۹/۵۰	۵۲/۰۰	۶۳/۷۵	۲۴/۲۵	۳۶۳/۰	۲۴۵/۵۰	۱۹۰/۵۰	۳۸/۰۰
۱۸	F.a-Po-Sh-B	۹۷/۷۵	۴۵/۵۰	۵۳/۵۰	۶۵/۰۰	۱۹/۲۵	۳۷۵/۰	۲۲۸/۵۰	۱۹۲/۰۰	۳۲/۷۵
۱۹	F.a-Po-Sh-C	۹۷/۲۵	۴۳/۵۰	۵۳/۰۰	۶۴/۰۰	۱۹/۷۵	۳۵۸/۳	۲۲۸/۷۵	۱۷۲/۷۵	۳۵/۰۰
۲۰	F.a-46-ShF1-A	۱۰۴/۲۵	۴۶/۵۰	۵۶/۵۰	۶۸/۰۰	۱۹/۲۵	۶۱۵/۸	۳۴۱/۰۰	۱۹۴/۲۵	۴۱/۷۵
۲۱	F.a-46-ShF1-B	۱۰۳/۰۰	۴۳/۰۰	۵۷/۵۰	۶۸/۷۵	۱۷/۵۰	۴۲۸/۳	۲۳۸/۷۵	۱۶۲/۷۵	۲۸/۷۵
۲۲	F.a-Abyane4+-A	۱۰۶/۷۵	۵۱/۲۵	۵۲/۵۰	۶۳/۲۵	۱۸/۷۵	۶۹۷/۳	۴۰۸/۵۰	۱۸۶/۵۰	۳۵/۵۰
۲۳	F.a-Abyane4+-B	۱۰۳/۵۰	۴۷/۷۵	۵۵/۵۰	۶۶/۲۵	۱۹/۲۵	۴۸۰/۳	۲۳۹/۷۵	۱۲۵/۷۵	۲۳/۷۵
۲۴	F.a-30-Sh-F1-A	۱۰۲/۷۵	۴۶/۲۵	۵۴/۰۰	۶۴/۷۵	۱۹/۷۵	۶۷۹/۸	۳۲۷/۲۵	۱۶۰/۵۰	۳۲/۰۰
۲۵	F.a-30-Sh-F1-B	۱۰۱/۲۵	۳۹/۲۵	۵۵/۰۰	۶۵/۲۵	۱۸/۷۵	۵۴۶/۸	۳۰۲/۵۰	۱۶۰/۵۰	۲۳/۲۵
۲۶	F.a-Honjan2+-A	۱۰۷/۷۵	۵۰/۵۰	۵۲/۷۵	۶۳/۷۵	۲۰/۷۵	۹۰۸/۳	۵۰۲/۰۰	۲۲۳/۲۵	۴۶/۷۵
۲۷	F.a-Honjan2+-B	۱۰۶/۰۰	۴۸/۷۵	۵۴/۲۵	۶۵/۰۰	۲۰/۲۵	۷۷۹/۸	۴۴۰/۲۵	۱۷۶/۰۰	۴۰/۷۵
۲۸	F.a-Ch-22-F1-A	۱۰۶/۲۵	۴۸/۷۵	۵۵/۰۰	۶۵/۲۵	۲۲/۲۵	۸۸۰/۸	۴۹۲/۰۰	۲۲۲/۲۵	۵۰/۲۵
۲۹	F.a-Ch-22-F1-B	۱۰۷/۷۵	۴۸/۵۰	۵۳/۲۵	۶۴/۷۵	۲۲/۷۵	۸۴۳/۸	۴۸۸/۵۰	۲۲۵/۵۰	۶۵/۷۵
۳۰	F.a-83B+F2-A	۱۰۶/۷۵	۴۸/۵۰	۲۵/۰۰	۶۶/۲۵	۲۲/۵۰	۸۸۶/۸	۵۰۷/۷۵	۱۷۲/۷۵	۶۹/۲۵
۳۱	F.a-83B+F2-B	۱۰۶/۵۰	۵۰/۵۰	۵۵/۲۵	۶۶/۲۵	۲۱/۷۵	۸۹۴/۰	۵۲۲/۷۵	۲۰۸/۷۵	۶۳/۵۰
۳۲	F.a-30-Sh F1-C	۱۰۹/۵۰	۵۲/۲۵	۵۷/۲۵	۶۳/۰۰	۲۳/۵۰	۱۳۱۷/۰	۷۵۸/۵۰	۲۴۱/۷۵	۹۰/۲۵
	LSD (۰/۰۵)	۳/۷۹	۵/۵۵	۲/۴۰	۲/۳۵	۲/۷۱	۲۴۷/۴۴	۱۴۲/۱۹	۵۰/۸۱	۱۴/۰۷

جدول ۵) ضرایب همبستگی ساده پیرسون بین صفات ارزیابی‌شده در فسکیوی پابلند

صفات	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱	۱۲	
ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	۱												
قطر تاج پوش چین اول (سانتی‌متر)	۰/۵۸۴**	۱											
تعداد روز تا خوشه‌دهی	-۰/۰۲۲ ns	-۰/۳۰۸ ns	۱										
تعداد روز تا گرده‌افشانی	۰/۰۰۹ ns	-۰/۳۰۲ ns	۰/۹۴۳**	۱									
قطر یقه پس از برداشت چین اول (سانتی‌متر)	۰/۲۷۹ ns	۰/۷۰۹**	-۰/۰۶۸ ns	-۰/۰۴۹ ns	۱								
عملکرد علوفه تر چین اول (گرم)	۰/۷۳۱**	۰/۷۲۹**	-۰/۰۴۵ ns	-۰/۰۷۹ ns	۰/۵۳۵**	۱							
عملکرد علوفه خشک چین اول (گرم)	۰/۷۱۸**	۰/۷۶۰**	-۰/۱۴۱ ns	-۰/۱۶۳ ns	۰/۵۷۱**	۰/۹۸۴**	۱						
تعداد ساقه	۰/۵۸۲**	۰/۵۰۰**	-۰/۱۴۸ ns	-۰/۱۴۳ ns	۰/۴۸۱**	۰/۵۲۷**	۰/۵۸۰**	۱					
عملکرد بذر (گرم)	۰/۷۱۵**	۰/۷۴۸**	-۰/۲۲۹ ns	-۰/۲۲۲ ns	۰/۵۵۶**	۰/۸۰۸**	۰/۸۱۳**	۰/۷۹۷**	۱				
قطر تاج پوش چین دوم (سانتی‌متر)	۰/۵۷۷**	۰/۴۷۵**	-۰/۱۰۵ ns	-۰/۰۷۸ ns	۰/۵۴۸**	۰/۵۹۸**	۰/۵۳۳**	۰/۳۱۰ ns	۰/۳۲۲ ns	۱			
قطر یقه پس از برداشت چین اول (سانتی‌متر)	۰/۷۰۳**	۰/۵۸۷**	۰/۰۶۶ ns	-۰/۰۲۹ ns	۰/۷۱۶**	۰/۵۸۹**	۰/۷۱۴**	۰/۴۵۰**	۰/۷۸۹**	۰/۵۰۵**	۱		
عملکرد علوفه تر چین دوم (گرم)	۰/۵۸۶**	۰/۵۱۴**	۰/۰۴۰ ns	-۰/۰۰۵ ns	۰/۷۱۸**	۰/۷۵۸**	۰/۷۲۹**	۰/۳۶۴*	۰/۵۱۸**	۰/۸۴۰**	۰/۷۸۳**	۱	
عملکرد علوفه خشک چین دوم (گرم)	۰/۳۶۶**	۰/۴۱۹**	۰/۰۴۱ ns	-۰/۰۲۰ ns	۰/۷۱۴**	۰/۷۴۰**	۰/۷۰۶**	۰/۲۲۱ ns	۰/۴۷۵**	۰/۷۱۶**	۰/۵۶۸**	۰/۹۳۳**	۱

\* و \*\* به ترتیب معنی‌دار در سطح ۵٪، ۱٪ و غیرمعنی‌دار بودن را نشان می‌دهند.

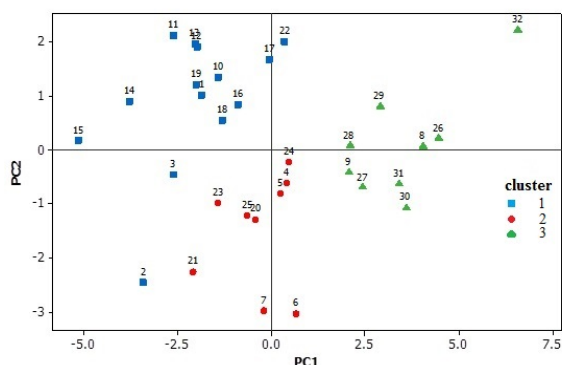
## تجزیه به مولفه‌های اصلی

به‌عنوان معیار فاصله انجام شد. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۳۲ خانواده ناتنی فسکیوی پابلند با استفاده از میانگین ۱۳ صفت زراعی در نمودار ۲ ارائه شده است.

براساس نتایج نمودار دوبعدی بر حسب مولفه‌های اصلی (نمودار ۱) و جدول میانگین گروه‌ها (جدول ۷)، بیشترین تمایز بین گروه‌ها با سه خوشه حاصل شد و با برش دندروگرام ژنوتیپ‌ها در سه گروه قرار گرفتند (نمودار ۲). در خوشه اول ژنوتیپ‌های ۱، ۲، ۳، ۱۰، ۱۱، ۱۲، ۱۳، ۱۴، ۱۵، ۱۶، ۱۷، ۱۸، ۱۹ و ۲۲ قرار گرفتند و خوشه دوم شامل ژنوتیپ‌های ۴، ۵، ۶، ۷، ۲۰، ۲۱، ۲۳، ۲۴ و ۲۵ و خوشه سوم شامل ژنوتیپ‌های ۸، ۹، ۲۶، ۲۷، ۲۸، ۲۹، ۳۰، ۳۱ و ۳۲ بود. برای مشخص کردن اهمیت گروه‌ها از نظر صفات مورد بررسی، میانگین خوشه‌ها و درصد انحراف از میانگین کل برای هر کدام از صفات برآورد شد (جدول ۷).

**جدول ۶** ضرایب تجزیه به مولفه‌های اصلی صفات کمی فسکیوی پابلند و درصد واریانس توجیهی توسط سه مولفه اول

صفات	مولفه اول	مولفه دوم	مولفه سوم
ارتفاع بوته	۰/۲۸۲	-۰/۰۴۰	۰/۳۵۱
قطر تاج‌پوش چین اول	۰/۲۹۷	۰/۱۸۶	۰/۰۴۷
تعداد روز تا خوشه‌دهی	-۰/۰۴۸	-۰/۰۶۳۳	۰/۲۴۸
تعداد روز تا گرده‌افشانی	-۰/۰۵۴	-۰/۰۶۲۰	۰/۲۷۷
قطر طوقه پس از برداشت چین اول	۰/۲۷۱	-۰/۰۲۹	-۰/۱۷۳
عملکرد علوفه تر چین اول	۰/۳۴۹	-۰/۰۲۱	۰/۰۹۹
عملکرد علوفه خشک چین اول	۰/۳۵۲	۰/۰۵۳	۰/۱۲۳
تعداد ساقه	۰/۲۴۰	۰/۱۴۱	۰/۴۶۶
عملکرد بذر	۰/۳۰۴	۰/۱۶۹	۰/۳۱۰
قطر تاج‌پوش چین دوم	۰/۲۷۸	-۰/۰۲۳۶	-۰/۳۰۱
قطر طوقه پس از برداشت چین دوم	۰/۳۰۵	-۰/۰۰۶۷	-۰/۰۵۵
عملکرد علوفه تر چین دوم	۰/۳۲۱	-۰/۱۸۳	-۰/۳۱۱
عملکرد علوفه خشک چین دوم	۰/۲۹۲	-۰/۱۷۶	-۰/۴۲۱
مقادیر ویژه	۷/۱۱۲	۲/۱۷۳	۱/۱۷۷
درصد واریانس توجیه‌شده	۵۴/۷	۱۶/۷	۹/۱
درصد واریانس جمعی	۵۴/۷	۷۱/۴	۸۰/۵



**نمودار ۱** پراکنش ژنوتیپ‌های مختلف فسکیوی پابلند براساس دو مولفه اول

خوشه اول با ۱۴ ژنوتیپ از نظر صفات مورد بررسی میانگین پایین‌تری از میانگین کل داشتند. خوشه دوم با ۹ ژنوتیپ، برای صفات ارتفاع بوته، تعداد روز تا خوشه‌دهی، تعداد روز تا گرده افشانی، قطر تاج‌پوش چین دوم، قطر طوقه پس از برداشت چین

برای توجیه تنوع موجود در جامعه، تعیین سهم هر صفت در تنوع و کاهش تعداد متغیرهای اصلی از تجزیه به مولفه‌های اصلی استفاده می‌شود [17]. از دیگر کاربردهای این روش، گروه‌بندی جمعیت‌ها براساس موقعیت تقریبی آنها در نمودار بای‌پلات حاصل از مولفه‌ها و یافتن جمعیت‌هایی است که دارای ویژگی‌های خاص هستند [18]. پارامترهای حاصل از تجزیه به مولفه‌های اصلی شامل مقادیر ویژه، درصد واریانس توجیه‌شده و درصد جمعی واریانس برای مولفه‌های ۱ تا ۳ در جدول ۶ ارائه شده است.

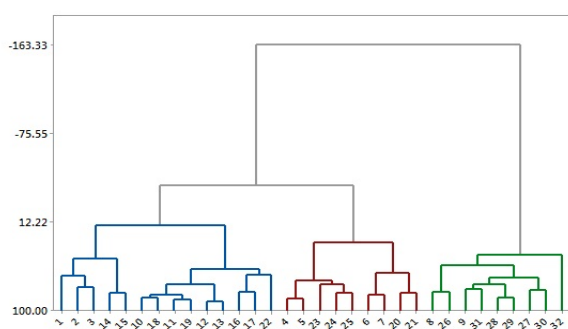
تجزیه به مولفه‌های اصلی صفات کمی مورد بررسی در ژنوتیپ‌های ۳۲ خانواده ناتنی فسکیوی پابلند با در نظر گرفتن مقادیر ویژه بزرگتر از یک موجب معرفی سه مولفه شد که در مجموع ۸۰/۵٪ از تغییرات بین نمونه‌ها را توجیه کردند. مولفه اول ۵۴/۷٪ تغییرات بین ژنوتیپ‌ها را توجیه کرد. در مولفه اول صفات عملکرد علوفه تر در چین اول، عملکرد علوفه خشک در چین اول و عملکرد علوفه تر در چین دوم عمده‌ترین نقش را در تشکیل این مولفه دارند (جدول ۶). مولفه دوم ۱۶/۷٪ تغییرات را توجیه کرد. در این مولفه صفات تعداد روز تا خوشه‌دهی و تعداد روز تا گرده‌افشانی بیشترین اهمیت را در تبیین این مولفه دارد. در مولفه سوم صفات تعداد ساقه و عملکرد علوفه خشک چین دوم ضرایب بردارهای ویژه بیشتری داشتند (جدول ۶). محمدی و همکاران [10] در مطالعه‌ای روی ژنوتیپ‌های انتخابی فسکیوی پابلند با استفاده از تجزیه به مولفه‌های اصلی سه مولفه را معرفی کردند که در مجموع ۸۳٪ کل واریانس متغیرها را توجیه کردند و در مولفه اول مشابه این مطالعه صفات عملکرد علوفه نقش بیشتری داشتند، ولی در مولفه دوم علاوه بر صفات تعداد روز تا خوشه‌دهی و تعداد روز تا گرده‌افشانی، ارتفاع بوته نیز نقش موثری در تبیین آن داشت. در تحقیق شاه‌نظری و همکاران [19] نیز سه مولفه را که در مجموع ۷۸/۸٪ کل تنوع را توجیه می‌کنند معرفی کردند که باز در مولفه اول مشابه این مطالعه صفت عملکرد علوفه نقش بیشتر و ارتفاع بوته نقش موثری در تبیین مولفه سوم داشت.

وقتی که دو مولفه اصلی اولیه علت بیشتر واریانس موجود در داده‌ها هستند، تهیه نمودار داده‌ها در مقابل این دو مولفه اصلی روش خوبی برای مطالعه پیرامون تجزیه خوشه‌ای است [6]. در این تجزیه دو مولفه اول دارای ریشه مشخصه بزرگتر از دو بودند و جمعاً ۷۱/۴٪ کل تنوع را توجیه کردند (جدول ۵). بنابراین نمودار دوبعدی پراکنش نمونه‌ها براساس دو مولفه اول ترسیم شد (نمودار ۱). رسم نمودار دوبعدی براساس دو مولفه اول نوعی دسته‌بندی برای این نمونه‌ها فراهم آورد. نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی توانست با دو مولفه اول ژنوتیپ‌ها را در پلات دوبعدی به ۳ گروه متمایز تقسیم کند (نمودار ۱). همان‌طور که در پلات دوبعدی مشخص است خوشه‌های اول و دوم فاصله و تمایز کمتری دارند.

## تجزیه خوشه‌ای

تجزیه خوشه‌ای به روش وارد و با استفاده از فاصله اقلیدسی

هتروزیس را بروز دهند مفید واقع می‌شوند. به همین علت محققین برای انتخاب بهترین والدین در هر تلاقی در پی ارقام یا ژنوتیپ‌هایی هستند که از نظر ژنتیکی از هم دور باشند که این امر مهم می‌تواند از طریق بررسی فاصله موجود بین ژنوتیپ‌ها براساس صفات مورفولوژیک با استفاده از روش تجزیه خوشه‌ای به دست آید. ارقامی که در نتیجه دسته‌بندی در دسته‌های دورتر از هم قرار می‌گیرند در پروژهای به‌نژادی به‌عنوان والدین در انجام تلاقی‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرند تا مولد تنوع ژنتیکی بیشتری باشند [7]. برای تعیین اختلاف بین گروه‌ها فاصله آنها به روش اقلیدسی محاسبه شد (جدول ۸). این اطلاعات برای تعیین والدین مناسب در برنامه‌های دورگ‌گیری مفید است. با توجه به فاصله بین گروه‌های ۱ و ۳ احتمالاً بیشترین موفقیت در تلاقی بین ژنوتیپ‌های این دو گروه به دست خواهد آمد. کمترین هتروزیس بین ژنوتیپ‌های گروه‌های ۱ و ۲ حاصل خواهد شد (جدول ۸).



نمودار ۲) دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های فسکیوی پابلند براساس میانگین کلیه صفات به روش وارد

دوم و عملکرد علوفه تر چین دوم میانگین بیشتر از میانگین کل داشت، در حالی که میانگین این خوشه برای سایر صفات پایین‌تر از میانگین کل بود (جدول ۷). خوشه سوم نیز شامل ۹ ژنوتیپ بود که میانگین این خوشه برای دو صفت تعداد روز تا خوشه‌دهی و تعداد روز تا گرده افشانی پایین‌تر از میانگین کل بود و بقیه صفات میانگین بالاتری از میانگین کل داشتند (جدول ۷).

با توجه به جدول ۷، خوشه سوم از نظر اکثر صفات برتر از دو خوشه دیگر بود. ژنوتیپ‌های این خوشه با توجه به ارزش بیشتر این خوشه از نظر صفات مهم نظیر عملکرد علوفه و عملکرد بذر در برنامه‌های اصلاحی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار خواهند بود. در هر یک از گروه‌های موجود ژنوتیپ‌ها براساس میزان تشابه صفات مختلف دسته‌بندی شده‌اند. بنابراین با توجه به اهداف اصلاحی مورد نظر در برنامه‌های به‌نژادی می‌توان از تنوع بین گروه‌ها و ژنوتیپ‌های موجود در این گروه‌ها استفاده کرد و با انجام تلاقی بین آنها امکان دستیابی به ژنوتیپ‌های مطلوب‌تر را فراهم کرد. در مطالعه ابراهیمیان و همکاران [15]، برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس تجزیه خوشه‌ای در ۵ ژنوتیپ فسکیوی پابلند آنها را در ۵ گروه مجزا طبقه‌بندی کردند که بر مبنای آنها ژنوتیپ‌های دارای فواصل ژنتیکی بیشتر به‌منظور استفاده در مطالعات بعدی شناسایی شدند. محمدی و همکاران [10] گزارش کردند که براساس تجزیه خوشه‌ای ۵ ژنوتیپ فسکیوی پابلند در ۳ گروه ژنوتیپی مختلف قرار گرفتند. در بررسی این محققین دسته‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از دو مولفه اصلی اول، گروه‌بندی براساس تجزیه خوشه‌ای را تایید کرد و سه گروه در دسته‌های جدا از هم قرار گرفتند.

دسترسی به جوامع متنوعی که بتوانند بعد از تلاقی حداکثر

جدول ۷) میانگین آماری گروه‌ها و درصد انحراف آنها از میانگین کل ژنوتیپ‌های فسکیوی پابلند

صفات	خوشه ۱	خوشه ۲	خوشه ۳	کل
ارتفاع بوته	۹۷/۷۳±۵/۰۷	۱۰۳/۴۴±۱/۲۸	۱۰۶/۷۸±۱/۵۶	۱۰۱/۸۸±۵/۲۲
قطر تاج‌پوش چین اول	۴۳/۷۷±۴/۲۹	۴۴/۵۰±۲/۸۶	۴۹/۴۴±۱/۴۵	۴۵/۵۷±۴/۰۷
تعداد روز تا خوشه‌دهی	۵۳/۲۵±۱/۴۰	۵۵/۶۴±۱/۶۷	۵۳/۷۸±۱/۳۲	۵۴/۰۷±۱/۷۴
تعداد روز تا گرده افشانی	۶۴/۵۴±۱/۳۲	۶۷/۰۶±۱/۸۵	۶۴/۸۶±۱/۱۶	۶۵/۳۴±۱/۷۸
قطر طوقه پس از برداشت چین اول	۱۹/۵۴±۲/۱۵	۲۰/۰۶±۱/۷۲	۲۲/۲۵±۱/۲۰	۲۰/۴۵±۲/۱۰
عملکرد علوفه تر چین اول	۳۳۵/۷۱±۱۳۰/۸۵	۵۲۸/۹۴±۸۰/۸۹	۸۶۸/۸۱±۱۹۹/۰۱	۵۳۹/۹۹±۲۶۳/۳۶
عملکرد علوفه خشک چین اول	۲۲۵/۵۲±۷۰/۹۶	۲۸۸/۰۰±۳۷/۳۲	۴۹۷/۷۵±۱۱۱/۸۵	۳۱۹/۶۶±۱۱۳/۵۷
تعداد ساقه	۱۶۸/۱۵±۳۶/۱۸	۱۶۷/۵۸±۳۶/۱۵	۲۱۳/۲۸±۲۳/۷۷	۱۸۰/۷۰±۳۸/۲۲
عملکرد بذر	۳۱/۰۴±۷/۵۱	۲۹/۵۳±۶/۲۴	۵۷/۲۲±۱۶/۲۶	۳۷/۹۸±۱۵/۸۷
قطر تاج‌پوش چین دوم	۳۶/۸۸±۳/۶۵	۴۵/۸۱±۴/۷۲	۴۸/۵۶±۵/۳۵	۴۲/۶۷±۶/۸۴
قطر طوقه پس از برداشت چین دوم	۱۵/۱۶±۱/۵۱	۱۷/۱۷±۲/۱۴	۱۹/۳۱±۲/۷۸	۱۶/۸۹±۲/۶۸
عملکرد علوفه تر چین دوم	۲۸۵/۳۸±۸۴/۸۳	۵۱۳/۰۸±۱۳۸/۸۷	۸۱۹/۱۱±۱۸۲/۱۹	۴۹۹/۵۴±۲۵۸/۸۰
عملکرد علوفه خشک چین دوم	۱۵۶/۳۴±۴۵/۹۱	۱۹۵/۶۱±۳۲/۰۴	۲۷۴/۱۷±۴۲/۹۵	۲۰۰/۵۲±۶۳/۹۶

### نتیجه‌گیری

به‌طور کلی تنوع ژنتیکی وسیعی در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه حاصل از خانواده‌های ناتنی فسکیوی پابلند در شرایط آب و هوایی آذربایجان شرقی وجود دارد که می‌تواند برای بهبود ژنتیکی عملکرد این گیاه در این منطقه به کار گرفته شود. نتایج حاصل از کاربرد

جدول ۸) فواصل ژنتیکی مراکز خوشه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای صفات کمی اندازه‌گیری شده

خوشه ۱	خوشه ۲
۳/۰۵۵	۰/۰۰
۵/۶۳۴	۴/۲۱۵

considerations. *Crop Sci.* 2003;43(4):1235-48.

7- Afkar S, Karimzadeh G, Jafari AA. A study of morphological variation in some genotypes of *Festuca arundinacea* using multivariate analysis. *Iran J Field Crop Sci.* 2010;40(3):151-60. [Persian]

8- Jafari AA. Study of genetic diversity and genetic distance in 20 genotypes of *Lolium multiflorum* using multivariate statistical methods. *Anim Sci J.* 2004;17(3):78-83. [Persian]

9- Karimzadeh J, Monirifar H, Abdi Ghazijahani A, Razban Haghghi A. Grouping of *Agropyron tauri* populations based on morphological traits. *Iran J Range Desert Res.* 2012;19(4):693-702. [Persian]

10- Mohammadi R, Khayam Nekooei SM, Mirlohi A. Genetic variation and heritability of several quantitative traits in selected genotypes of tall fescue. *Iran J Rangel For Plant Breed Genet Res.* 2009;16(2):254-72. [Persian]

11- Shirvani H, Etmnan AR, Safari H. Evaluation of variability and genetic parameters in morphological traits *Agropyron trichophorum* using multivariate statistical analysis. *Int J Biosci.* 2014;4(2):125-32.

12- Kakaei M, Mazaheri Laghab H. Evaluation of alfalfa germplasm (*Medicago Sativa L.*) using multivariate statistical analysis. *Iran J Rangel For Plant Breed Genet Res.* 2014;22(1):125-32. [Persian]

13- Jafari AA, Rezaeifard M. Effects of maturity on yield and quality traits in tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb). *Am Eurasian J Agric Environ Sci.* 2010;9(1):98-104.

14- Katoch R, Thakur M, Kumar N. Effect of morphological stage and clipping intervals of Tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.) and *Setaria* (*Setaria anceps* Stapf.) on biochemical composition and in vitro dry matter digestibility in mid hill Himalayan region. *Afr J Agric Res.* 2013;8(19):2183-8.

15- Ebrahimian M, Majidi MM, Mirlohi AF. Clonal evaluation and estimation of genetic similarity of tall fescue

genotypes (*Festuca arundinacea* Schreb). *J Plant Product.* 2012;19(3):91-108. [Persian]

16- Majidi MM, Mirlohi AF, Mohammadi R. An assessment of variation, correlation and genetic distance in tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb) accessions. *Iran J Field Crop Sci.* 2009;40(1):89-98. [Persian]

17- Farahani E, Arzani E. Evaluation of genetic variation of durum wheat genotypes using multivariate analyses. *Electron J Crop Product.* 2009;1(4):51-64. [Persian]

18- Narouei Rad MR, Farzanehjoo M, Fanaei HR, Arjmandinejad A, Ghasemi A, Paul Sheken Pahlavani MR. Genetic diversity and factor analysis for morphological traits of Sistan and Baluchestan indigenous wheat populations. *J Anim Sci.* 2007;19(4):50-7. [Persian]

19- Shah Nazari M, Siasar B, Khayam Nekoei SM, Mohammadi R. Evaluation of genetic parameters and general combining ability of tall fescue genotypes. *Iran J Rangel For Plant Breed Genet Res.* 2010;18(2):249-66. [Persian]

20- Hopkins AA, Saha MC, Wang. ZY. Breeding, genetics, and cultivars. In: Fribourg HA, Hanaway DB, West CP, editors. *Tall fescue for the twenty-first century.* Madison: American Society of Agronomy; 2009. pp. 339-6.

تحلیل چندمتغیره (تجزیه به مولفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای) در این مطالعه و انطباق آن با نتایج سایر محققان نشان داد که از این روش‌ها می‌توان به‌عنوان ابزارهای آماری کارآمد برای تفسیر تنوع موجود در ژرم‌پلاسِم فسکیوی پابلند استفاده کرد. در به‌نژادی گیاهان علوفه‌ای، موفقیت در گزینش به تنوع ایجادشده از نوترکیبی ژنتیکی و دستیابی به هتروزیس بستگی دارد. گزارش‌های متعددی در دست است که با افزایش فاصله ژنتیکی میان جمعیت‌های یک گونه، احتمال هتروزیس در برنامه‌های تلاقی افزایش می‌یابد [20]. برای موفقیت برنامه‌های اصلاحی دانستن میزان قرابت ژنتیکی والدین اهمیت بسیار زیادی دارد. تجزیه کلاستر کمک خواهد کرد تا به جای صرف وقت و هزینه زیاد، برای رسیدن به ژنوتیپ‌های مطلوب به جای انجام تلاقی‌های تصادفی از تلاقی‌های کلاسترهای دور استفاده کرد. در مطالعه حاضر با توجه به فاصله بین گروه‌های ۱ و ۳ احتمالاً بیشترین موفقیت در تلاقی بین ژنوتیپ‌های این دو گروه به دست خواهد آمد.

**تشکر و قدردانی:** موردی توسط نویسندگان گزارش نشده است.

**تأییدیه اخلاقی:** موردی توسط نویسندگان گزارش نشده است.

**تعارض منافع:** موردی توسط نویسندگان گزارش نشده است.

**سهم نویسندگان:** موردی توسط نویسندگان گزارش نشده است.

**منابع مالی:** موردی توسط نویسندگان گزارش نشده است.

## منابع

- 1- Piranjmeddin F. Evaluation of the relationship between root and physiological characteristics with drought stress tolerance in tall fescue types [Dissertation]. Isfahan: Isfahan University of Technology; 2015. [Persian]
- 2- Gaut BS, Tredway LP, Kubik C, Gaut RL, Meyer W. Phylogenetic relationships and genetic diversity among members of the *Festuca-Lolium* complex (Poaceae) based on ITS sequence data. *Plant Syst Evol.* 2000;224(1-2):33-53.
- 3- Amini F. Identification of potential salt tolerant in tall fescue (*Lolium arundinaceum* (Schreb) S.J. Darbysh.). The 2<sup>nd</sup> International and 14<sup>th</sup> International Iranian Genetic Congress, 2016 May 21-23, Tehran, Iran. Tehran: The Iranian Genetics Society; 2016. [Persian]
- 4- Sharifi Tehrani M, Mardi M, Sahebi J, Catalán P, Díaz-Pérez A. Genetic diversity and structure among Iranian tall fescue populations based on genomic-SSR and EST-SSR marker analysis. *Plant Syst Evolu.* 2009;282(1-2):57-70.
- 5- Ebrahimiyan M, Majidi MM, Mirlohi A. Genotypic variation and selection of traits related to forage yield in tall fescue under irrigated and drought stress environments. *Grass Forage Sci.* 2013;68(1):59-71.
- 6- Mohammadi SA, Prasanna BM. Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and