



فصلنامه بوم‌شناسی گیاهان زراعی
جلد ۱۳، شماره ۲، صفحات ۲۱-۳۳
(تابستان ۱۳۹۶)

تنوع فنوتیپی خانواده‌های جو حاصل از تلاقی ارقام

بادیا و کومینو

عاطفه کاویانی چراتی

گروه بیوتکنولوژی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران atefe_kaviani@yahoo.com (مسئول مکاتبات)

حسین صبوری

گروه تولیدات گیاهی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران

حسین علی فلاحی

بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی مازندران، ساری، ایران

عیسی جرجانی

گروه زیست‌شناسی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران

شناسه مقاله

نوع مقاله: پژوهشی

تاریخ پژوهش: ۱۳۹۴-۱۳۹۳

تاریخ دریافت: ۹۶/۰۲/۱۵

تاریخ پذیرش: ۹۶/۰۵/۰۲

واژه‌های کلیدی

- ♦ تجزیه علیت
- ♦ تجزیه کلاستر
- ♦ تنوع زیستی
- ♦ تنوع ژنتیکی
- ♦ رگرسیون گام به گام
- ♦ همبستگی

چکیده به منظور بررسی تنوع و روابط موجود بین صفات زراعی جو، آزمایشی با ۱۰۰ خانواده از نسل سوم جو حاصل تلاقی دو رقم بادیا و کومینو در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه پژوهشی دانشگاه گنبد کاووس در سال زراعی ۱۳۹۴-۱۳۹۳ اجرا شد. خانواده‌های جو از لحاظ طول ریشک، تعداد سنبلچه در سنبله به‌طور معنی‌داری متنوع بودند. عملکرد دانه با وزن کل سنبله، تعداد بذر جوانه زده، ارتفاع گیاه، طول ریشک و عملکرد بیولوژیک هم‌بستگی مثبت و معنی‌دار داشت و بیشترین میزان هم‌بستگی بین عملکرد دانه با وزن کل سنبله مشاهده شد. در تجزیه رگرسیون گام به گام صفات تعداد بذرهای جوانه‌زده، روز تا سنبله‌دهی، قطر دانه، تعداد دانه در سنبله و طول ریشک سهم بالا و مؤثری در عملکرد دانه داشتند. در تجزیه علیت عاملی، صفتی که بیشترین اثر مستقیم را روی عملکرد داشت تعداد بذرهای جوانه‌زده بود. با تجزیه خوشه‌ای به روش وارد خانواده‌های مورد مطالعه در سه گروه طبقه‌بندی شدند و گروه سوم به عنوان گروه مطلوب برگزیده شد. در مجموع، مهم‌ترین عوامل مؤثر بر افزایش عملکرد خانواده‌های جو، تعداد بذر جوانه زده و روز تا سنبله‌دهی بود و با تکیه بر این صفات می‌توان گزینش مناسبی در جهت بهبود عملکرد دانه جو انجام داد.

مختلف را به منظور پی بردن به تشابه یا فاصله ژنتیکی بین آن‌ها و استفاده از تنوع موجود در آن‌ها در برنامه‌های به‌نژادی دسته‌بندی می‌کنند.^[۸۱۵]

شفال‌الدین (۲۰۰۲) تنوع ژنتیکی و جغرافیایی ۴۲۴ نمونه جو متعلق به استان‌های شمال کشور را بر اساس صفات زراعی و مورفولوژی بررسی و نتیجه گرفت که عملکرد دانه با صفات طول سنبله و تعداد سنبلچه در سنبله همبستگی مثبت و معنی‌دار دارد. هم‌چنین نمونه‌های مذکور در پنج گروه طبقه‌بندی شدند.^[۱۸] نتایج پژوهش کرمی و همکاران (۲۰۰۵) نشان داد که عملکرد دانه جو با صفاتی نظیر ارتفاع ساقه، طول پدانکل، متوسط تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و شاخص برداشت همبستگی مثبت و معنی‌داری دارد. صفات تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و تعداد روز تا گلدهی متغیرهای مدل عملکرد بودند و سهم به‌سزایی در توجیه آن داشتند.^[۱۰]

باقری و همکاران (۲۰۱۵) در پژوهشی در جو نشان دادند که در تجزیه رگرسیون گام به گام صفات تعداد روز تا رسیدگی، طول آخرین میانگره، وزن هزار دانه، ارتفاع بوته، تعداد سنبله در متر مربع و تعداد دانه در سنبله ۹۸/۸٪ از تغییرات کل را توجیه کردند.^[۳]

مقدمه جو گیاهی تک‌لپه از تیره گندمیان بوده و دو گونه زراعی آن در ایران جو شش‌ردیفه^۱ و جو دوردیفه^۲ کشت می‌شود.^[۱۶] این محصول از قدیمی‌ترین و مهم‌ترین غلات مناطق معتدله جهان به شمار می‌رود که دارای دوره رویشی کوتاه و عملکرد بالقوه بالایی بوده و در محیط‌های متنوع و وسیعی از زمین‌های کشاورزی قابل کشت است.^[۲] جو از نظر اقتصادی مهم و دارای مصارف انسانی، دامی و حتی درمانی می‌باشد.^[۱]

عملکرد دانه صفت پیچیده‌ای است که توسط صفات فنولوژیکی، مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی مختلفی کنترل می‌شود.^[۲۰] کنترل ژنتیکی عملکرد به طور غیرمستقیم تحت تأثیر صفاتی است که با عملکرد هم‌بستگی دارند و در واقع شناخت هم‌بستگی بین عملکرد و اجزای آن و یافتن نوع روابط بین آن‌ها می‌تواند به خلق راهکارهایی برای افزایش عملکرد کمک کند.^[۲۲]

آگاهی از سطح تنوع ژنتیکی و برآورد میزان آن در ژرم‌پلاسم گیاهان و تعیین روابط ژنتیکی مواد اصلاحی، پایه و اساس بسیاری از برنامه‌های اصلاح نباتات به‌شمار می‌رود.^[۲۵] از آن جا که ایران به طور سنتی یکی از مراکز تنوع جو در خاورمیانه است از این رو این محصول در این منطقه اهمیت خاصی برای به‌نژادگران دارد.^[۱۹] تشخیص مقدار تغییرپذیری درون‌گونه‌ای جو، برای برنامه‌های اصلاح جو و حفاظت منابع ژنتیکی به عنوان یک امر اساسی و پایه‌ای اهمیت ویژه‌ای در انتخاب والدین برای ایجاد دورگ‌ها دارد.^[۲۴]

فهم تنوع ژنتیکی در ژرم‌پلاسم به ویژه با افزایش تعداد متغیرها و اندازه نمونه، نیازمند استفاده از روش‌های آماری پیش‌رفته می‌باشد. بهره‌گیری از این گونه ابزارها امکان طبقه‌بندی دقیق نمونه‌های تحت ارزیابی را فراهم می‌نماید و اصلاحگر را در تشخیص مواد ژنتیکی مورد نیاز خود جهت برنامه‌های بعدی و پیشبرد سریع‌تر اهداف اصلاحی یاری می‌کند.^[۱۴] از آن جایی که روش‌های آماری چند متغیره به طور هم‌زمان چندین صفت را مد نظر قرار می‌دهند، در تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی بر پایه داده‌های مورفولوژیک، بیوشیمیایی و مولکولی کاربرد وسیعی دارند. متخصصین اصلاح نباتات ارقام و ژنوتیپ‌های

^۱ *Hordeum vulgare*

^۲ *Hordeum distichum*

مفن پایر دی اتیل^۵ که از سموم دفع آفات نباتی هستند استفاده شد. برداشت در تاریخ ۴ خرداد ۱۳۹۴ با کف‌بر کردن محصول هر ردیف به صورت دستی انجام شد. برای اندازه‌گیری صفات مورفولوژیک ۲۰ بوته از هر کرت به طور تصادفی انتخاب و از میانگین صفات اندازه‌گیری شده در محاسبات استفاده شد. صفات طول پدانکل، سنبله، ریشک و برگ پرچم با خط‌کش میلی‌متری، قطر پدانکل، قطر و طول دانه با کولیس با دقت ۰/۰۱ میلی‌متر، وزن برگ پرچم، دانه، سنبله، وزن هزار دانه و وزن کل دانه با استفاده از ترازوی دیجیتالی با دقت ۰/۰۰۱ گرم اندازه‌گیری شد. تعداد سنبلچه، عملکرد اقتصادی، عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، تعداد سنبله، تعداد بذره‌های جوانه زده، ارتفاع بوته، تعداد روز تا سبز شدن، سنبله‌دهی و رسیدگی فیزیولوژیکی، تعداد دانه در سنبله، طول دوره پر شدن دانه، وزن کاه، تعداد سنبله در متر مربع و تعداد پنجه در هر بوته نیز اندازه‌گیری، محاسبه و ثبت شدند. برای بررسی روابط بین صفات عملکردی و اجزای آن از روش‌های آماری چند متغیره شامل تجزیه واریانس، مقایسه میانگین با آزمون دانکن از نرم افزار SAS ver. 9.4 استفاده شد. جهت گروه‌بندی آماری صفات از آزمون *t* در مقایسه میانگین استفاده شد.

باتا و همکاران (۲۰۰۵) همبستگی عملکرد دانه جو با وزن هزار دانه و تعداد سنبلچه در سنبله را مثبت و معنی‌دار ولی همبستگی آن با تعداد روز تا سنبله‌دهی منفی گزارش نمودند.^[۵] خزائی و همکاران (۲۰۰۲) توده‌های بومی جو پاییزه غرب کشور را با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به سه گروه تقسیم نمودند. نتایج آنها حاکی از الگوپذیری نسبی مناطق غرب کشور از یکدیگر بود و ناهماهنگی‌های موجود هم به تبادل ژرم‌پلاسم و مشخص نبودن مبدأ دقیق توده‌ها نسبت داده شد.^[۱۱]

این پژوهش با هدف تعیین تنوع ژنتیکی و گروه‌بندی خانواده‌های جو با استفاده از صفات زراعی و شناخت همبستگی موجود بین عملکرد دانه و صفات مرتبط با آن و همچنین مطالعه اثرات مستقیم و غیرمستقیم این اجزاء با عملکرد دانه انجام شد.

مواد و روش‌ها در این پژوهش ۱۰۰ خانواده نسل سوم جو حاصل از تلاقی دو رقم بادیا^۱ × کومینو^۲ در سال زراعی ۱۳۹۴-۱۳۹۳ در مزرعه پژوهشی دانشگاه گنبد کاووس واقع در ۱۰۰ کیلومتری شمال شرق گرگان و در ۵۵ درجه و ۱۲ دقیقه طول شرقی و ۳۷ درجه و ۱۶ دقیقه عرض شمالی اجرا شد. خانواده‌های مورد مطالعه بعد از تلاقی بین ارقام بادیا و کومینو که در مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال بذر کرج انجام شد به دست آمد. به این صورت که کل بذره‌های نسل اول در سال بعد (نسل دوم) در شش خط ۱۰ متری کشت و بوته‌های آن به عنوان خانواده از هم تفکیک شدند. از آنجایی که هر بوته در فاصله چند سانتی‌متری از هم قرار گرفتند، هر بوته جداگانه انتخاب، برداشت و به عنوان یک شماره برای کاشت در سال بعد (نسل سوم) در نظر گرفته شد. این آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار انجام شد. هر تکرار شامل ۱۰۲ ردیف (۱۰۰ خانواده نسل سه و دو والد) به طول ۱ متر و فاصله بین ردیف ۲۰ سانتی‌متر بود. کاشت بذور در تاریخ ۱۹ آذر ۱۳۹۳ در شرایط دیم انجام شد. مبارزه با علف‌های هرز در طول دوران داشت هم به صورت وجین دستی و هم سم‌پاشی با استفاده از سموم تری بنورون متیل^۳ و فتوکسپروب پی اتیل کاوش^۴ به همراه ایمن‌کننده

¹ Badia

² Komino

³ trienuron-methyl

⁴ fenxaprap-p-ethyl

⁵ mfn payrdy-ethyl

بوته، طول پدانکل، عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک جزء ۵٪ خانواده‌های دارای ارزش پایین بودند. با توجه به آزمون t همه صفات به جز شاخص برداشت و وزن برگ پرچم در سطح احتمال ۱٪ معنی‌دار شدند. ضرایب همبستگی ساده صفات نشان داد که همبستگی بین عملکرد با صفات تعداد بذر جوانه‌زده، ارتفاع بوته، طول ریشک، وزن کل سنبله، عملکرد بیولوژیک مثبت و معنی‌دار و با صفات قطر دانه و تعداد روز تا سنبله‌دهی منفی و معنی‌دار بود (جدول ۳). بنابراین می‌توان چنین استنباط نمود که با افزایش تعداد بذر جوانه‌زده، ارتفاع بوته، طول ریشک، وزن کل سنبله و عملکرد بیولوژیک و کاهش تعداد روز تا سنبله‌دهی و قطر دانه، عملکرد دانه افزایش می‌یابد. یکی از دلایل وجود همبستگی بین صفات می‌تواند به علت قرار گرفتن ژن‌های کنترل‌کننده صفات روی یک کروموزوم باشد. در خصوص صفات کیفی همبستگی بین صفات منحصرأً به مکان ژنی کنترل‌کننده آن صفات و ارتباط آن‌ها روی کروموزوم بستگی دارد که این امر می‌تواند به صورت لینکاژ ژن^۳ یا اپیستازی^۴ یا ترکیبی از این حالت جلوه کند، ولی در مورد صفات کمی علاوه بر ژن‌های کنترل‌کننده صفات،

برای رگرسیون، همبستگی و تجزیه کلاستر از نرم‌افزار SPSS ver. 23 استفاده شد. در تجزیه رگرسیون گام به گام عملکرد دانه به عنوان متغیر وابسته و سایر صفات به عنوان متغیر مستقل در نظر گرفته شد. همبستگی فنوتیپی برای صفات اندازه‌گیری شده با استفاده از ضریب همبستگی پیرسون^۱ انجام گرفت. در این تحقیق از ضرایب همبستگی عملکرد دانه با صفاتی که وارد مدل رگرسیون گام به گام شده بودند استفاده شد. تجزیه خوشه‌ای به روش وارد^۲ و با استفاده از فاصله اقلیدسی به عنوان معیار فاصله انجام گرفت. برای مشخص شدن اهمیت گروه‌ها از نظر صفات مورد بررسی، میانگین هر گروه برای هر صفت و مقدار اختلاف آن از میانگین جامعه اصلی در همان صفت محاسبه شد.

نتایج و بحث

صفات تعداد بذرهای جوانه زده، ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول سنبله، طول برگ پرچم، وزن برگ پرچم، قطر پدانکل، قطر دانه، طول دانه، وزن هزار دانه، وزن کل سنبله، تعداد دانه در یک سنبله، تعداد کل پنجه، تعداد کل سنبله، تعداد روز تا سنبله‌دهی، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، طول دوره پرشدن دانه، در ارقام مختلف در سطح احتمال ۱٪ اختلاف معنی‌داری داشتند (جدول ۱) که نشان‌دهنده تنوع در خانواده‌های مورد بررسی جو می‌باشد. تفاوت صفات طول ریشک، تعداد سنبلچه در سنبله معنی‌دار نبود.

رقم بادیا در صفات تعداد بذر جوانه‌زده، ارتفاع بوته، قطر دانه، وزن هزار دانه، طول پدانکل، خانواده ۱۱ در صفات طول پدانکل، طول ریشک، طول برگ پرچم، وزن برگ پرچم، قطر پدانکل، قطر دانه، خانواده‌های ۷۷، ۹۵ در صفت وزن کل سنبله، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، خانواده ۱۷ در صفات طول سنبله، طول برگ پرچم، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در یک سنبله جزء ۵٪ خانواده‌های دارای ارزش بالا بودند (جدول ۲). خانواده ۲۴ در صفات تعداد بذر جوانه‌زده، ارتفاع بوته، طول پدانکل، قطر پدانکل، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن کل سنبله، تعداد دانه در یک سنبله، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک و طول دوره پرشدن دانه، خانواده ۵۰ در صفات تعداد بذر جوانه زده، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن کل سنبله، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، خانواده ۵۹ در صفات ارتفاع

³ gene linkage

⁴ epistasis

¹ Pearson coefficient

² Ward

جدول ۱) تجزیه واریانس صفات زراعی در خانواده‌های نسل سوم جو حاصل از تلاقی بادیا × کومینو

Table 1) Variance analysis of agronomic traits in F₃ families of barley derived from Badia × Komino cross

Source of variation	df	seedling no.	plant height	peduncle length	spike length	awn length	leaf length	leaf weigh	peduncle diameter	spikelet no./spike	grain diameter	grain length
Barley family	101	8484.60 **	125.29 **	11.29 **	0.74 **	1.11 ns	4.14 **	0.0001 **	0.05 **	0.98 ns	0.07 **	0.38 **
Error	204	607.04	64.58	4.41	0.28	0.89	2.75	0.00001	0.03	0.88	0.003	0.24
CV (%)	-	11.51	8.07	7.78	9.71	5.81	13.93	12.48	7.77	11.46	2.51	4.65

** and ns significant at 1% probability level and non-significant, respectively.

** و ns به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪ و غیر معنی‌دار

Table 1) Continued

ادامه جدول ۱

Source of variation	df	1000 grain weight	spike total weight	grains/spike	awn no.	spike no.	days to heading	days to maturity	grain yield	biological yield	harvest index	grain filling period
Barley family	101	6.37 **	80137.96 **	91.02 **	31851.71 **	33212.72 **	9.24 **	5.48 **	5533911 **	28886186 **	29.99 **	6.90 **
Error	204	4.17	37807.59	24.70	3615.19	3068.42	3.49	2.65	2712912	17924716	10.20	3.61
CV (%)	-	5.80	22.61	12.31	14.73	9.05	1.60	1.08	22.50	23.67	7.70	5.56

** : significant at 1% probability level

** : معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪

جدول ۳) ضرایب همبستگی صفات زراعی و مورفولوژیک خانواده‌های نسل سوم جو حاصل از تلاقی بادیا × کومینو

Table 3) Correlation coefficients of agronomic and morphological traits in F₃ barley families derived from Badia × Komino cross

traits	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1 Seedlings number	1										
2 Plant height (cm)	0.27**	1									
3 Peduncle length (cm)	0.01	0.18	1								
4 Spike length (cm)	0.01	0.11	0.32*	1							
5 Awn length (cm)	0.01	0.10	0.28**	0.13	1						
6 Leaf length (cm)	-0.11	0.13	0.24*	0.16	0.59**	1					
7 Leaf weight (gr)	-0.001	0.24*	0.33**	0.33**	-0.02	0.21*	1				
8 Peduncle diameter(mm)	0.02	-0.06	0.31*	0.08	0.11	0.08	0.25**	1			
9 Spikelet no./spike	0.06	0.09	-0.02	-0.08	0.43	0.18	-0.12	0.14	1		
10 Grain diameter (mm)	-0.07	-0.23*	0.19*	-0.13	0.05	0.06	0.12	0.31**	-0.03	1	
11 Grain length (cm)	0.04	0.14	0.33**	0.33**	-0.26**	0.14	0.20*	0.08	0.08	0.17	1

Table 3) Continued

ادامه جدول ۳

traits	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
12 1000 grain weight (g)	-0.10	0.34**	-0.16	-0.05	-0.05	-0.05	-0.12	-0.32*	-0.03	-0.26**	0.05
13 Total spike weight (m ²)	0.05	0.21*	0.12	0.19*	0.21*	0.03	0.19*	0.16	0.10	0.27**	0.47**
14 Grains/spike	0.26**	-0.03	-0.09	0.14	0.07	-0.07	0.10	0.38**	0.23*	0.16	0.03
15 Total awn (m2)	-0.08	-0.08	-0.07	-0.02	-0.02	0.04	-0.20*	0.04	-0.09	-0.11	-0.18
16 Total spike (m2)	-0.16	-0.14	-0.08	-0.06	0.009	-0.02	-0.21*	-0.03	-0.17	0.02	0.20*
17 Days to heading	-0.12	-0.09	-0.09	-0.25**	-0.15	-0.09	-0.05	0.24*	-0.32**	-0.26**	-0.24*
18 Days to maturity	-0.01	0.06	-0.07	-0.01	-0.12	-0.07	0.05	0.26**	-0.07	0.43**	-0.22*
19 Grain yield (kg/ha)	0.06	-0.24*	0.11	0.14	0.15	0.02	0.21*	0.16	0.09	0.27**	0.44**
20 Harvest index	0.20*	0.10	-0.01	-0.01	-0.05	-0.05	0.01	0.13	0.10	-0.25*	-0.19*
21 Grain filling period	0.11	0.15	0.02	0.26**	0.04	0.02	0.11	0.005	0.26**	-0.13	0.04
22 Biological yield(kg/ha)	0.01	-0.27**	0.11	0.16	0.22*	0.06	0.20*	0.13	0.06	0.37**	0.52**

** and * significant at 1 and 5% probability levels, respectively

*** و * به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ۱ و ۵٪

Table 3) Continued

ادامه جدول ۳

traits	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
12 1000 grain weight (g)	1										
13 Total weight of spike	-0.04	1									
14 Grains/spike	-0.03	0.18	1								
15 Total awn (m ²)	0.03	-0.17	-0.15	1							
16 Total spike (m ²)	0.09	0.04	-0.19	0.77	1						
17 Days to heading	0.05	-0.35	0.22	0.13	-0.007	1					
18 Days to maturity	0.17	-0.14	0.27**	0.10	-0.10	0.52**	1				
19 Grain yield (kg/ha)	-0.04	0.96**	0.19	-0.13	0.05	-0.34**	-0.18	1			
20 Harvest index	0.12	0.16	0.25	0.07	-0.08	0.01	0.28**	0.17	1		
21 Grain filling period	0.11	0.24**	0.02	-0.04	-0.09	-0.55	0.41	0.19	0.25**	1	
22 Biological yield (kg/ha)	-0.09	0.92**	0.09	-0.15	0.08	-0.34	-0.27	0.92**	-0.12	-0.10	1

** : significant at 1% probability level

***: معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪

پدانکل، قطر دانه، کل پنجه، تعداد روز تا سنبله‌دهی، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و شاخص برداشت دارای ارزش میانگین بیشتری از میانگین کل جمعیت بود در حالی که میانگین این گروه از نظر صفات تعداد بذر جوانه‌زده، ارتفاع بوته، طول ریشک، طول برگ پرچم، تعداد سنبلچه در سنبله، طول دانه، وزن کل سنبله، تعداد دانه در یک سنبله، تعداد کل سنبله، عملکرد دانه، طول دوره پر شدن دانه و عملکرد بیولوژیک نسبت به میانگین کل پایین‌تر بود. گروه دوم برای صفات طول دانه، وزن هزار دانه، تعداد کل سنبله و شاخص برداشت، میانگینی بیشتر از میانگین کل داشت و از لحاظ صفات طول پدانکل و طول سنبله، پایین‌تر از میانگین کل بود. گروه سوم از لحاظ میانگین صفات تعداد بذر جوانه‌زده، ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک، طول برگ پرچم، تعداد سنبلچه در سنبله، طول دانه، وزن کل سنبله، تعداد دانه در یک سنبله، عملکرد دانه، پر شدن دانه، شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیک بیشترین مقدار را نسبت به میانگین کل داشت، در حالی که برای سایر صفات میانگینی پایین‌تر از میانگین کل داشت. گروه سوم به دلیل عملکرد بالا و زودرسی بهترین گروه معرفی می‌شود و

تجزیه علیت مشخص می‌کند که همبستگی صفات با عملکرد به علت اثر مستقیم آن‌ها روی عملکرد و یا در نتیجه اثر غیرمستقیم از طریق صفات دیگر است.^[۹] براساس جدول ۵ صفت تعداد بذر جوانه‌زده بیشترین اثر مستقیم و مثبت را بر عملکرد دانه داشت. هم‌چنین این صفت از طریق صفت روز تا سنبله‌دهی بیشترین اثر غیرمستقیم مثبت بر روی عملکرد دانه برجای گذاشت. صفت روز تا سنبله‌دهی بعد از صفت تعداد بذر جوانه‌زده، بیشترین اثر مستقیم منفی را بر عملکرد دانه داشت. هم‌چنین این صفت بیشترین اثر غیرمستقیم منفی را بر عملکرد بوته از طریق افزایش تعداد بذر جوانه‌زده داشت. کمترین اثر مستقیم مثبت بر روی عملکرد دانه متعلق به طول ریشک بود و این صفت از طریق تعداد دانه در سنبله بیشترین اثر غیرمستقیم مثبت بر روی عملکرد دانه داشت. ولی زاده و کاظمی اربط (۲۰۰۶) در بررسی ژنوتیپ جو لخت اظهار داشتند که صفات تعداد دانه در سنبله و تعداد پنجه بارور بیشترین اثر مثبت و مستقیم را بر عملکرد دانه داشت که با نتایج این پژوهش هم‌خوانی نداشت. هم‌چنین صفت تعداد روز تا ظهور سنبله، بالاترین اثر مستقیم و منفی را بر عملکرد دانه داشت که با نتایج این پژوهش مطابقت دارد.^[۳۳] جباری و همکاران (۲۰۱۱) طول سنبله را جزء تأثیرگذارترین صفات بر عملکرد دانه جو معرفی کردند که با نتایج این پژوهش مطابقت ندارد.^[۹]

تجزیه خوشه‌ای جهت بررسی رابطه خویشاوندی مواد گیاهی مورد استفاده قرار می‌گیرد. این روش برای گروه‌بندی ارقام مورد مطالعه یک گیاه از نظر ژنتیکی و جغرافیایی و تعیین والدین در هیبریداسیون مفید می‌باشد.^[۱۷] دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای براساس ۲۲ صفات زراعی در شکل ۱ آمده است. میانگین بین گروه‌ها از نظر صفات تعداد بذر جوانه‌زده، ارتفاع بوته، طول سنبله، قطر دانه، وزن کل سنبله، روز تا سنبله‌دهی، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک معنی‌دار شد (جدول ۶). بر اساس این گروه‌بندی ارقام مورد مطالعه در محلی که اختلاف بین گروه‌های تشکیل شده معنی‌دار بود، تشکیل سه گروه را دادند. گروه اول به‌عنوان کوچک‌ترین گروه، دارای ۲۵ خانواده بود که به دو زیر گروه تقسیم شد. گروه دوم که بزرگ‌ترین گروه بود، دارای ۴۴ خانواده است که به یک زیرگروه تقسیم شد و گروه سوم ۳۳ خانواده را در خود جای داده و به دو زیرگروه تقسیم شد (شکل ۱). گروه اول از لحاظ صفات طول

جدول ۴) تجزیه رگرسیون مرحله‌ای خانواده‌های نسل سوم جو حاصل از تلاقی بادیا × کومینو

Table 4) Stepwise regression analysis in F₃ families of barley derived from Badia × Komino cross

Variables into the model	constant	regression coefficients					coefficient of determination
		b ₁	b ₂	b ₃	b ₄	b ₅	
Number of seedlings	4407.302**	13.477 **					0.199
Days to heading	29922.284 **	11.660 **	-215.578 **				0.256
Grain diameter	39074.712 **	10.885 **	-239.972 **	-2663.253 **			0.317
Grains/spike	42642.821 **	10.223 **	-292.211 **	-2640.270 **	64.710 **		0.375
Awn length	35235.962 **	10.229 **	-27.782 **	-2735.547 **	59.086 **	393.612 *	0.407

** and * significant at 1 and 5% probability levels, respectively

** و * به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ۱ و ۵٪

جدول ۵) ضرایب همبستگی به اثرات مستقیم و غیرمستقیم برای عملکرد دانه خانواده‌های نسل سوم جو حاصل از تلاقی بادیا × کومینو

Table 5) Correlation coefficient to direct and indirect effects for grain yield in F₃ families of barley derived from Badia × Komino cross

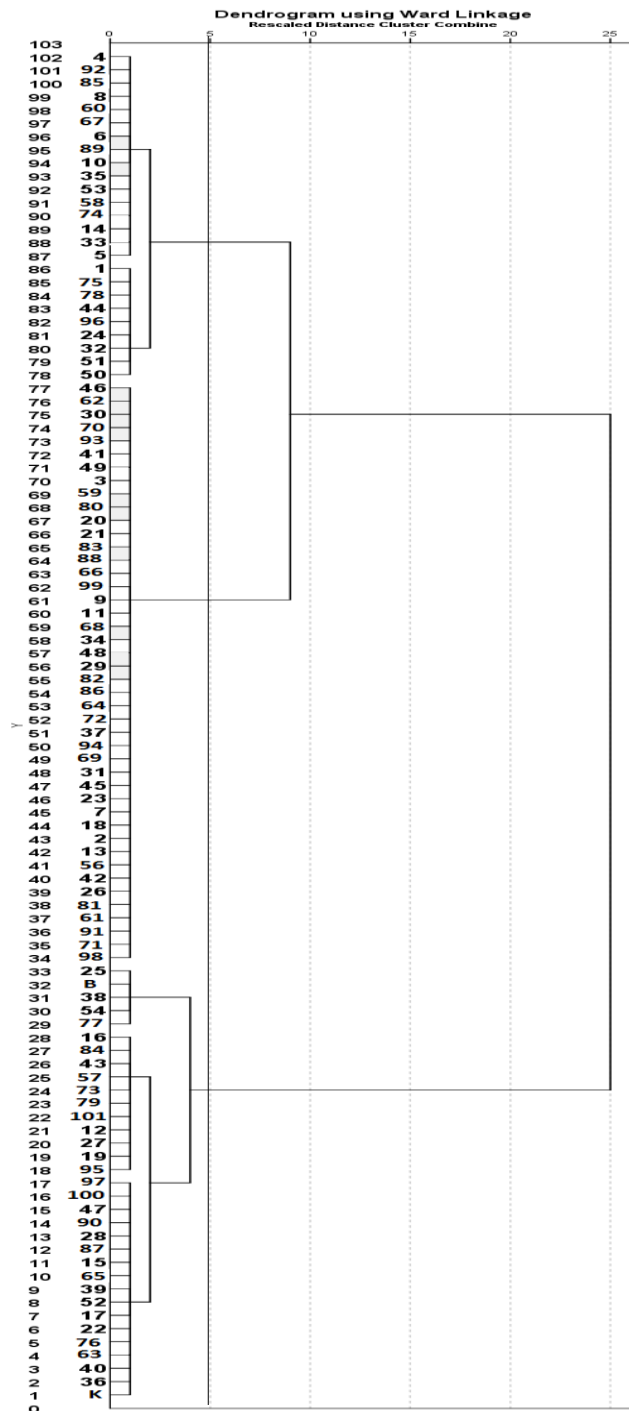
Traits	direct effect	indirect effects					correlation coefficient with grain yield
		number of seedlings	days to heading	grain diameter	grains/spike	awn length	
Number of seedlings	0.339	-	0.077	0.019	0.006	0.003	0.446 **
Days to heading	-0.320	-0.082	-	0.023	0.049	-0.010	-0.341 **
Grain diameter	-0.254	-0.025	0.029	-	-0.008	0.009	-0.249 *
Grains/spike	0.227	0.010	-0.070	0.009	-	0.018	0.194 ns
Awn length	0.181	0.005	0.017	-0.012	0.022	-	0.215 *
Residual=0.405							

عملکرد و سایر صفات مؤثر بر عملکرد دانه که در تجزیه هم‌بستگی ساده صفات آشکارا منعکس نمی‌باشد بسیار کارآمد است. علاوه بر این شناسایی و دسته‌بندی خانواده‌های مورد بررسی می‌تواند در برنامه اصلاحی به ویژه در برنامه‌های دورگ‌گیری و تهیه هیبریدها مناسب باشد.

سپاسگزاری بدین وسیله از ایستگاه تحقیقات کشاورزی شهرستان گنبد کاووس به جهت همکاری در اجرای این طرح سپاسگزاری می‌گردد.

خانواده‌های این گروه در برنامه‌های به‌نژادی مورد استفاده قرار می‌گیرند. ابراهیمی و همکاران (۲۰۱۳) در بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ جو بومی بر اساس تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد بررسی را در سه طبقه گروه‌بندی کردند.^[۷] آقامیری و همکاران (۲۰۱۲) به منظور بررسی ارتباط صفات مختلف با عملکرد دانه ۲۸ ژنوتیپ جو زراعی، ژنوتیپ‌های مورد بررسی را با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به روش وارد به سه گروه تقسیم‌بندی کردند که با نتایج این پژوهش مطابقت دارد.^[۲۱]

نتیجه‌گیری کلی تنوع ژنتیکی بالایی از لحاظ صفات مورد ارزیابی بین خانواده‌های جو حاصل از تلاقی دو رقم بادیا و کومینو وجود داشت که می‌تواند پاسخ‌گوی اهداف اصلاحی پژوهش باشد. صفات تعداد بذر جوانه‌زده، روز تا سنبله‌دهی، قطر دانه، تعداد دانه در سنبله و طول ریشک از معیارهای مهم مرتبط با عملکرد دانه معرفی شدند که در انتخاب خانواده‌های پرمحصول جو کاربرد خواهد داشت. همچنین مشخص شد که تجزیه علیت در تبیین اثرات اجزای



شکل ۱) دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۱۰۰ خانواده نسل سوم جو حاصل از تلاقی بادیا × کومینو
Figure 1) Cluster analysis dendrogram of 100 F₃ barley families derived from Badia × Komino cross

جدول ۶) انحراف استاندارد شده میانگین هر گروه از میانگین کل برای صفات مورد بررسی

Table 6) Average standard deviation for each group of average total for the traits

Traits	Group						Total Mean
	1		2		3		
	Mean	Standard deviation	Mean	Standard deviation	Mean	Standard deviation	
Number of seedling	191.67 c	23.44	211.67 b	3.44	237.45 a	-22.34	215.11
Plant height (cm)	95.37 c	2.65	97.67 b	0.35	100.49 a	-2.47	98.02
Peduncle length (cm)	26.82 ns	-0.04	26.72 ns	0.06	26.82 ns	-0.04	26.78
Spike length (cm)	5.47 b	0.03	5.39 c	0.11	5.67 a	-0.017	5.50
Awn length (cm)	16.10 ns	0.16	16.25 ns	0.02	16.42 ns	-0.15	16.27
Leaf length (cm)	11.82 ns	0.11	11.89 ns	0.05	12.09 ns	-0.15	11.94
Peduncle diameter (mm)	2.42 ns	0.04	2.46 ns	-0.01	2.47 ns	-0.01	2.45
Spikelet no./ spike	7.97 ns	0.25	8.27 ns	-0.05	8.35 ns	-0.13	8.22
Grain diameter (mm)	2.34 a	-0.04	2.32 b	-0.02	2.26 c	0.05	2.31
Grain length (cm)	10.60 ns	0.06	10.68 ns	-0.02	10.68 ns	-0.02	10.66
1000 grain weight (g)	34.98 ns	0.08	35.35 ns	-0.30	34.72 ns	0.34	35.06
Total weight of spike (m ²)	690.71 c	170.89	840.41 b	21.20	1019.34 a	-157.73	861.61
Grains/spike	39.87 ns	0.46	40.25 ns	0.07	40.77 ns	-0.45	40.33
Total awn (m ²)	418.03 ns	-7.67	413.73 ns	-3.37	400.05 ns	10.31	410.36
Total spike (m ²)	589.57 ns	19.79	616.34 ns	-6.99	615.03 ns	-5.67	609.35
Days to heading	117.32 a	-0.78	116.40 b	0.14	116.14 c	0.40	116.54
Days to maturity	151.25 a	-0.50	150.68 b	0.07	150.45 c	0.29	150.75
Grain yield (kg/ha)	5891.05 c	1415.34	7164.63 b	141.76	8567.62 a	-1261.23	7306.39
Harvest index	41.95 ns	-0.46	41.64 ns	-0.15	41.72 ns	-0.23	41.49
Grain filling period	33.93 ns	0.27	34.28 ns	-0.07	34.31 ns	-0.11	34.21
Biological yield (kg/ha)	14102.95 c	3504.78	17234.98 b	372.74	20759.85 a	-3152.13	17607.72

References

1. Alam MZ, Haider SA, Paul NK (2007) Yield and yield components of barley (*Hordeum vulgare* L.) cultivars in relation to nitrogen fertilizer. Journal of Applied Sciences Research 3(10): 1022-1026.
2. Anonymous (2005) Features of barley cultivation in Iran. Ministry of Jihad-e-Agriculture Publications: Tehran. [in Persian]
3. Bagheri H, Jamshidi S, Andalibi B (2015) Comparison of agronomic characteristics of promising dryland barley genotypes with a conventional cultivar in miyaneh region. Journal of crop production and processing 4(14): 63-76. [in Persian]
4. Bayat F, Vaezi B (2016) Evaluation of Grain yield and yield components in some barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes. Journal of Crop Breeding 8(20): 220-227. [in Persian with English abstract]
5. Bhutta WM, Barley T, Ibrahim M (2005) Path-coefficient analysis of some quantitative characters in husked barley. Caderno de Pesquisa Serie Biologia 17(1): 65-70.
6. Dadashi MR, Noorinia A, Askar M, Azizi Sh (2010) Evaluation of Correlation between Physiological and morphological traits with yield in hull-less barley lines. Journal of Crop Ecophysiology (Agriculture Science) 4(15): 29-40. [in Persian with English abstract]
7. Ebrahimi A, Naghavi MR, Sabokdast M, Moradi Sarabshellli A, Ghaderdan K (2013) Evaluation of genetic diversity of Iranian wild barley (*Hordeum sp.*) and landraces using morphological characters. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research 21(1): 56-67. [in Persian with English abstract]
8. Farahani E, Arzani A (2008) Evaluation of genetic variation of durum wheat genotypes using multivariate analysis. Electronic Journal of Crop Production 1(4): 51-64. [in Persian with English abstract]
9. Jabbari M, Siahshar BA, Ramroodi M, Koohkan ShA, Zolfaghari F (2011) Correlation and path analysis of morphological traits associated with grain yield in drought stress and non-stress conditions in barley Agronomy Journal 24(4): 112-119. [in Persian with English abstract]
10. Karami E, Ghannadha MR, Naghavi MR, Mardi M (2005) An evaluation of drought resistance in barley. Iranian Journal of Agricultural Science 36(3): 547-560. [in Persian with English abstract]

11. Khazaei A, Moghaddam M, Nourmohammadi S, Shafaeddin S (2002). Study of genetic variation in winter barley landraces related to west part of Iran. Proceedings of the 7th Iranian Crop Science Congress. Karaj, Iran. [in Persian]
12. Mirzaie Nadushan H (1997) Evaluation of genetic diversity and geographical the collection of Iranian and foreign beans. Master Thesis, Tarbiat Modarres University, Faculty of Agriculture: Tehran, Iran. [in Persian with English abstract]
13. Mobasser S, Nourmohammadi Gh, Kashani A, Moghaddam M (2002) Kernel yield path analysis in barley (*Hordeum vulgare* L.). Journal of Crop Science 2(1): 15-22. [in Persian with English abstract]
14. Mohammadi SA, Prasanna BM (2003) Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations. Crop Science 43(4): 1235-1248.
15. Nei M, Li WH (1979) Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proceedings of the National Academy of Sciences of America 76(10): 5269-5273.
16. Rashed Mohassel MH, Hosseini M, Abdi M, Molafylaby AA (2001) Cultivation of Crops. Ferdowsi University of Mashhad Publication: Mashhad. [in Persian]
17. Romesborg CH (1990) Cluster Analysis for Researchers. Lulu Press: Raleigh.
18. Shafaeddine S (2002) Genetic and Geographical Diversity of Barley Landraces from Northern Parts of Iran, According to the Agronomic and Morphological Characters. Iranian Journal of Agricultural Sciences 3(33): 569-581. [in Persian with English abstract]
19. Shahmoradi Sh, Shafaoddin S, Yoosefi A (2011) Phenotypic diversity in barley ecotypes of arid-zone of Iran. Seed and Plant Improvement Journal 27-1(4): 495-515. [In Persian with English abstract].
20. Sinebo W (2002) Determination of grain protein concentration in barley: Yield relationships of barleys grown in a tropical highland environment. Crop Science Journal 24(2): 428-437.
21. Syed Aghamiri SMM, Mostafavi Kh, Mohammadi A (2012) Investigation of the relationship between grain yield and yield components in barley varieties and new hybrids using multivariate statistical methods. Iranian Journal of Field Crops Research 10(2): 421-427. [in Persian]
22. Torres VR, Davila JH, Mendoza AB, Godina FR, Maiti RK (2004) Importance of agronomic characteristics in the grain yield of maize under irrigated and rainfed conditions. Journal of Crop Research 27(2&3): 169-176.
23. Valizadeh K, Kazemi Arbat H (2006) Correlation and path analysis of grain yield and its components in naked barley. Proceedings of the 9th Iranian Crop Science Congress. Tehran, Iran. [in Persian with English abstract]
24. Zaheer A, Salfullah A, Muhammad M, Muhammad Z, Muhammad-Shahid M (2008) Genetic diversity for morpho-genetic traits in barley germplasm. Pakistan Journal of Botany 40(3): 1217-1224.
25. Zhang DX, Hewitt GM (2003) Nuclear DNA analyses in genetic studies of populations: practice, problems and prospects. Molecular Ecology 12(3): 563-584.

Phenotypic diversity in families derived from cross between Badia and Komino barley cultivars



Agroecology Journal

Vol. 13, No. 2, Pages 21-33

(summer 2017)

Atefeh Kaviani Charati

Agricultural Biotechnology Department, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Iran
✉ atefe_kaviani@yahoo.com (**corresponding author**)

Hossein Sabouri

Department of Plant Production, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Iran

Hossein Ali Fallahi

Agronomic and Horticultural Research Department, Research and Education Center of Agriculture and Natural Resources of Mazandaran, Agricultural Extension and Education Research Organization, Sari, Iran

Eisa Jorjani

Department of Biology, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Iran

Received: 5 May 2017

Accepted: 24 July 2017

Abstract To study phenotypic diversity and relationship among agronomical traits of 100 barley F_3 generation families derived from cross between Badia \times Komino barely cultivars, an experiment was conducted based on randomized complete block design with three replications at research field of Gonbad Kavous University during 2014-2015. Barley families had significantly high diversity in terms of awn length, spikelet no/spike. Grain yield was positive significantly correlated with total spike weight, seedlings number, plant height, awn length and biological yield and the highest correlation was observed between grain yield and total spike weight. In stepwise regression analysis, traits of seedlings number, days to heading, grain diameter, grains per spike, awn length had high contributed to grain yield. In path analysis the trait that had the most direct effect on yield was seedlings number. Barely families were classified into three groups regarding cluster analysis using Ward method and the third group was chosen as desirable one. On the whole, The most important factors influencing on yield increment of barley families was seedlings number and days to heading and these traits could be suitable choices to be used in barley breeding improvement programs.

Keywords

- ◆ biodiversity
- ◆ cluster analysis
- ◆ correlation
- ◆ genetic diversity
- ◆ path analysis
- ◆ stepwise regression