

تجزیه کلاستر ارقام کلکسیون سویای ایران و به دست آوردن توابع محیطی مربوط به آنها

محمود دانایی^۱، محمد رضا احمدی^۲ و عباس گرامی^۳
۱ - دانشجوی سابق کارشناسی ارشد دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس
۲ - عضو هیات علمی (استاد پژوهش) موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر
۳ - محقق اداره کل آمار و اطلاعات وزارت جهاد کشاورزی
تاریخ پذیرش مقاله ۷۹/۷/۱۳

خلاصه

جهت ارزیابی و شناخت بهتر و دقیق تر منابع ژنتیکی موجود در کلکسیون سویای ایران تعداد ۴۰۰ ژنوتیپ در قالب طرح لاتیس ۲۰×۲۰ با دو تکرار در منطقه کرج کشت شدند. ۱۶ صفت از جمله عملکرد دانه، درصد روغن و پروتئین و سایر خصوصیات مورفولوژیکی و زراعی مورد یادداشت برداری قرار گرفت. تجزیه واریانس حاکی از وجود اختلاف معنی دار بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای تمامی صفات بود. تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش UPGMA برای گروه بندی ارقام از حیث کلیه صفات انجام شد و ده گروه براساس خصوصیات مذکور انتخاب شدند. همچنین گروه بندی ژنوتیپ‌ها از نظر طول دوره رشد با استفاده از صفات مربوطه انجام شد که نهایتاً ۷ گروه بر اساس نتایج بدست آمده انتخاب شدند. برای تداوم استفاده از گروه بندی بدست آمده، توابع تشخیص برای ۱۰ گروه حاصل از تجزیه خوشه‌ای (برای کل صفات) بدست آمدند. دو تابع اول و دوم بیشترین اهمیت را در تمایز گروه‌ها، عملکرد و وزن صد دانه را دارا بودند. دقت توابع حاصله در انتساب افراد به گروه‌های واقعی ۹۳/۵ درصد بود. توابع تشخیص همچنین برای گروه‌های بلوغ به دست آمدند. سه تابع بدست آمده ۱۰۰ درصد واریانس را تبیین می‌کردند، تابع اول به تنهایی ۹۳/۷ درصد را شامل می‌شد، در تمایز افراد به گروه‌های واقعی در حدود ۷۸ درصد بود.

واژه‌های کلیدی: ژرم پلاسما، تنوع ژنتیکی، تجزیه کلاستر، گروه بندی، هیبریداسیون، توابع تشخیص

مقدمه

۲۰ درصد روغن و ۴۰ درصد پروتئین موجب گردیده که سویا به عنوان گیاهی استراتژیک در جهان مطرح گردد. میزان جهانی تولید دانه روغنی سویا در سال زراعی ۱۳۷۸ به ترتیب ۱۵۸ و ۲۳ میلیون تن بوده و در بین دانه‌های روغنی مقام اول را به خود اختصاص داده است (۵). افزایش تولید با کیفیت مطلوب مستلزم اجرای

از عمده محصولات غذایی که کشور همواره در تأمین نیاز داخلی آن با مشکل روبرو بوده است، روغن‌های خوراکی می‌باشند. سویا با نام علمی گلیسین ماکس عمده‌ترین گیاه پروتئینی - روغنی جهان محسوب می‌شود (۳). دانه سویا با داشتن حدود

مطالعه ژرم پلاسما و ارزیابی خصوصیات و صفات مهم آن در جهت ایجاد ارقام پرمحصول از اهمیت ویژه‌ای برخوردار می‌باشد. در ایران تا کنون بر روی ژرم پلاسما برخی از گیاهان مهم زراعی نظیر گندم، لوبیا، نخود، جو و... مطالعات مشابهی انجام پذیرفته است (۲).

پری و همکاران (۱۹۹۱) ۲۲۳۶ اکسیشن سویا را مورد مطالعه قرار دادند. در این بررسی گروه بندی نمونه‌های یاد شده بر اساس صفات ظاهری از لحاظ جغرافیایی صورت پذیرفت. در این بررسی از روش سلسله مراتبی UPGMA برای گروه بندی روی میانگین متعلق به چهار متغیر کانونی اول استفاده شد. بر اساس نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای اکسیشن‌های مورد مطالعه از لحاظ جغرافیایی در شش گروه دسته بندی شدند (۷).

چیگاله و همکاران (۱۹۹۲) بیست و پنج ژنوتیپ سویا (که از لحاظ جغرافیایی متنوع بودند) را از لحاظ هشت صفت مورد مطالعه قرار دادند. بر اساس تجزیه D2، ژنوتیپ‌های سویا در هشت گروه دسته بندی شدند. تنوع جغرافیایی با تنوع ژنتیکی همبستگی خاصی را نشان نداد. تجزیه کانونی بر این نکته دلالت داشت که وزن ۱۰۰ دانه، ارتفاع گیاه، تعداد غلاف در گیاه و تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی بیشترین سهم را در تنوع ژنتیکی دارا بودند (۴).

اسنلر (۱۹۹۴) در مطالعه مشابهی به بررسی وضعیت تنوع ژنتیکی در ارقام سویای آمریکا پرداخت هدف وی مطالعه و بررسی اندازه و الگوی تنوع در بین لائین‌های الیت بود. در این راستا از آنالیز ضرایب والدینی روی ۱۲۲ لاین از مناطق شمالی و جنوبی آمریکا استفاده گردید. تجزیه خوشه‌ای به طور واضحی لاین‌های شمالی را از گروه‌های بلوغ V و VII مجزا نمود و چهار گروه را در هر منطقه پیشنهاد نمود. وی دریافت که تنوع ژنتیکی درون و بین مناطق می‌تواند باتلاقی جفت والدینی که دارای ضرایب والدینی (CP) پائینی هستند بکار گرفته شود. تأثیر این روش با استفاده از الگوهای تجزیه خوشه‌ای برای بدست آوردن نمونه‌های کاملی از تنوع ژنتیکی می‌تواند افزایش یابد (۸).

با توجه به مطالب فوق اهمیت تحقیقات بنیادی بر روی این گیاه با ارزش دو چندان می‌شود. در راستای همین هدف به عنوان تحقیق زیربنایی جهت آماده سازی و دسترسی ساده تر به ارقام موجود در کلکسیون سویای ایران (به عنوان یک منبع با ارزش ژنی

فعالیت‌های به نژادی بر پایه تنوع وسیع ژرم پلاسما می‌باشد. لذا ژرم پلاسما گیاهی پایه و اساس تمامی تحقیقات ژنتیکی و به نژادی و به منزله خونی است که در کالبد برنامه‌های اصلاح نباتات جریان دارد (۲). در فرآیند ایجاد یک کلکسیون گیاهی بعد از جمع آوری ارقام و اطلاعات مربوط به خصوصیات اقلیمی، زراعی و ژنتیکی آنها، مهم‌ترین وظیفه، طبقه بندی ارقام جهت کاهش حجم کلکسیون است به گونه‌ای که برترین افراد از هر طبقه وارد کلکسیون برگزیده شوند. بنابراین می‌توان گفت که دومین گام بعد از جمع آوری هر کلکسیون گیاهی، طبقه بندی و گروه بندی آن می‌باشد چرا که در فرآیندهای بعدی مدیریت مجموعه کلکسیون گیاهی را ساده تر کرده و کارآیی استفاده از ارقام را در برنامه‌های به نژادی با توجه به خصوصیات مورد نظر افزایش می‌دهد.

در طی ده سال گذشته میانگین عملکرد سویا در هکتار در جهان نسبت به میانگین سالهای ۱۳۶۰-۱۳۵۸، ۱۳/۲ درصد افزایش یافته است. یکی از عوامل مهم در این پیشرفت نگهداری کلکسیون‌ها و مبادله منابع ژنتیکی ارقام سویا می‌باشد که نتیجه آن اصلاح و اریته‌های جدید با عملکرد بالا، کیفیت مطلوب و مقاومت به بیماریها و ورس و... می‌باشد (۹ و ۱۰).

تجزیه خوشه‌ای عموماً برای مطالعه تنوع ژنتیکی اکسیشن‌ها در بانک‌های ژن و برای فرم دهی به مجموعه‌های مذکور توسط گروه بندی آنها از طریق صفات مشابه در گروه‌های مشترک استفاده می‌شود. به طوریکه نمونه‌های هر گروه به عنوان نماینده آن گروه می‌توانند به کار روند (۶). از روش تجزیه خوشه‌ای برای تجزیه الگوی تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی مختلف استفاده شده است (۸). هدف عمده از تجزیه خوشه‌ای در به نژادی گیاهی علاوه بر مورد فوق دسته بندی ژنوتیپ‌ها و مشخص نمودن ژنوتیپ‌ها و نمونه‌هایی است که با هم بیشترین فاصله را دارند تا با استفاده از آنها در برنامه‌های تلاقی بتوان حداکثر تنوع ژنتیکی را تولید نمود. چرا که در اصلاح نباتات دوری ژنتیکی مواد والدی از همدیگریکی از معیارهای انتخاب والدین برای تلاقی و ایجاد تنوع لازم جهت انتخاب بهترین ارقام است. از لحاظ کمی هر چه والدین از یکدیگر دورتر باشند و اصطلاحاً فاصله ژنتیکی تنوع بیشتری در نتایج حاصل از آنها ایجاد خواهد شد (۱).

۱. اکسیشن (Accession): به نمونه ای از یک ژنوتیپ خاص اطلاق می‌شود که در بانک‌های ژن گیاهی نگهداری می‌شود.

استفاده گردید. تجزیه واریانس نیز پس از آزمون نرمال بودن داده‌ها در قالب طرح لاتیس ساده انجام پذیرفت.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس

نتایج تجزیه واریانس مشخص ساخت که ژنوتیپ‌های مورد بررسی از حیث کلیه صفات مورد مطالعه با یکدیگر تفاوت معنی دار دارند و به همین دلیل در مراحل بعدی تجزیه و تحلیل آماری از همه آنها استفاده گردید. دامنه تغییر صفات مختلف در جدول ۱ آمده است.

تجزیه کلاستر

تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات و صفات مربوط به دوره رشدی گیاه به طور جداگانه انجام شد.

الف: تجزیه خوشه‌ای روی تمامی صفات، تعداد ۱۰ گروه را بر اساس دندروگرام از هم متمایز نمود. گروه‌های اول و هفتم به ترتیب با ۱۵۳ و ۱۹۷ ژنوتیپ بیشترین تعداد را در خود جای دادند. گروه‌های ۹ و ۱۰ هر کدام فقط یک ژنوتیپ را در خود جای دادند که بیشترین فاصله را با گروه‌های دیگر دارا بودند. برای روشن‌تر شدن مطلب تعداد ارقام قرار گرفته در گروه‌های مذکور به همراه دندروگرام مربوط به این ارقام در شکل ۱ ارائه شده است. جهت مشخص کردن اندازه هر یک از صفات مورد بررسی در هر یک از گروه‌ها، میانگین هر گروه برای هر صفت و میزان انحراف آن از میانگین جامعه اصلی در همان صفات محاسبه شد. اختلاف بدست آمده استاندارد و به صورت نمودار رسم شدند. بدین ترتیب هر جا که قدر مطلق میانگین صفت در یک گروه از میانگین کل جامعه در آن صفت بالاتر باشد آن گروه ارزش بیشتری از نظر انتخاب والدین دارد و در نهایت دو گروهی که بیشترین فاصله را از هم دارند بعنوان والدین انتخاب می‌شوند. مقادیر مذکور در جدول ۲ ارائه شده است.

با توجه به اینکه گروه‌های ۳، ۸، ۹ و ۱۰ کمترین تعداد ارقام را در خود جای داده‌اند در مراحل بعدی بیشترین بحث بر روی سایر گروه‌ها متمرکز خواهد شد. جهت نمایان‌تر ساختن اختلاف گروه‌ها، این مقادیر صورت نمودار رسم شده‌اند. در مورد صفت عملکرد دانه

در برنامه‌های به نژادی) ضرورت ارزیابی ژرم پلاسما و گروه بندی آن احساس می‌شد تا بتوان با شناسایی کامل از ذخایر موجود و استفاده مناسب آنها در برنامه‌های به زراعی و به نژادی موجب افزایش تولید و در نهایت قطع وابستگی از ورود روغن‌های خوراکی از خارج شد.

مواد و روشها

این تحقیق در سال زراعی ۱۳۷۵ در مزرعه تحقیقاتی مؤسسه اصلاح نهال و بذر واقع در شهرستان کرج اجرا شد. شهرستان کرج در عرض جغرافیایی ۳۵ درجه و ۴۸ دقیقه عرض شمالی و ۵۱ درجه و ۱۰ دقیقه طول شرقی از نصف‌النهار گرینویچ قرار گرفته و ارتفاع آن از سطح دریا در حدود ۱۳۲۱ متری باشد. ۴۰۰ ژنوتیپ مورد بررسی از بخش دانه‌های روغنی مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر تهیه شدند. در این تحقیق از طرح آماری لاتیس ساده ۲۰×۲۰ با دو تکرار استفاده شد هر ژنوتیپ در دو خط یک متری با فاصله ردیف ۳۵ سانتی متر کشت گردید. مساحت هر کرت آزمایشی ۰/۷ متر مربع بود. ژنوتیپ‌ها قبل از کاشت با باکتری ریزوبیوم آلوده شده و سپس عملیات کاشت انجام پذیرفت. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه شامل ژنوتیپ‌های وارداتی از خارج و ارقام حاصله از برنامه‌های به نژادی در داخل کشور بودند.

صفاتی که در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفتند عبارت بودند از: تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا غلافدهی (۵۰٪ غلافدهی و گلدهی در هر کرت معیار این دو صفت بودند) طول دوره رویش، ارتفاع بوته، فاصله اولین غلاف از سطح زمین، قطر ساقه اصلی، تعداد شاخه فرعی، تعداد گره در ساقه اصلی، تعداد غلاف در غلاف‌های اصلی، تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی، تعداد دانه در غلاف‌های ساقه اصلی، تعداد دانه در غلاف‌های شاخه‌های فرعی، عملکرد دانه تک بوته (بر اساس توزین کلیه دانه‌های ساقه اصلی و شاخه‌های فرعی)، وزن صد دانه، درصد روغن و درصد پروتئین.

در این تحقیق با توجه به موضوع و هدف که گروه بندی ارقام مورد مطالعه بود از روش‌های آماری چند متغیره شامل تجزیه خوشه‌ای (متد average-B) و تابع تشخیص (تابع خطی فیشر)

تابع تشخیص

توابع تشخیص برای گروه‌هایی که در تجزیه خوشه‌ای بدست آمده بود (بر پایه تمامی صفات و همچنین صفات مربوط به دوره رشدی) محاسبه گردیدند. تابع مذکور از نوع تابع خطی فیشر بود. توابع تشخیص بدست آمده (حاصل از تجزیه خوشه‌ای بر اساس تمام صفات مورد مطالعه) به همراه، درصد تبیین واریانس کلی و مقادیر ویژه آن در جدول ۳ ارائه شده است.

همانگونه که در جدول ۳ مشاهده می‌شود چهار تابع تشخیص اول، به میزان ۹۰/۴۳ درصد از واریانس کلی را توضیح می‌دهند و دو تابع اول نزدیک به ۷۳ درصد از واریانس را تبیین می‌کنند. لذا می‌توان با استفاده از دو تابع اول ارقام جدید را به گروه‌های مربوطه منتسب نمود. ضرایب استاندارد شده صفات در توابع تشخیص اول تا چهارم در جدول ۴ آمده است. با استفاده از ضرایب ارائه شده در جدول ۴ می‌توان مقدار عددی را برای هر ژنوتیپ با توجه به صفات مربوطه بدست آورد. از مقایسه این مقدار با مقادیر ارائه شده برای هر گروه و تابع تشخیص، می‌توان ژنوتیپ مذکور را به گروهی منتسب نمود که کمترین فاصله را با آن داشته باشد.

با توجه به ضرایب صفات در هر تابع می‌توان به اهمیت نسبی هر صفت در تمایز بین گروه‌ها پی برد. بعنوان مثال عملکرد تک بوته در کلیه توابع اول تا چهارم بیشترین تاثیر را دارد. صفاتی نظیر وزن صد دانه در توابع سوم و چهارم و تعداد دانه در غلاف‌های ساقه اصلی در تابع چهارم از جمله صفاتی هستند که بیشترین سهم را در تمایز بین گروه‌ها دارند.

البته برای بالا بردن دقت اختصاص فرد به گروه مربوطه می‌توان از دو تابع نیز استفاده کرد. با پلات کردن مقادیر گروه‌ها برای دو تابع تشخیص در یک نمودار نقاطی به دست خواهد آمد که نشان دهنده موقعیت گروه‌ها و فواصل آنها از هم بر اساس توابع تشخیص مربوطه خواهد بود. نمودار ۶ موقعیت گروه‌ها را بر اساس دو تابع تشخیص اول و دوم نشان می‌دهد. در این حالت برای هر فرد جدید با توجه به توابع تشخیص اول و دوم نیز دو مقدار به دست خواهد آمد. با قرار دادن این اطلاعات در نمودار فوق‌الذکر می‌توان با دقت بیشتری فرد مذکور را به گروه نزدیک‌تر منتسب نمود.

توابع تشخیص بر اساس صفات مربوط به دوره رشد گیاه

با توجه به نتایج تجزیه خوشه‌ای جهت گروه‌های رسیدن که ۷ گروه می‌باشند نیز توابع تشخیص محاسبه گردیدند. صفات بکار رفته در این توابع عبارتند از تعداد روز تا گلدهی، تعداد

تک بوته (شکل ۱) بیشترین اختلاف را گروه‌های ۳ و ۷ با گروه ۴ دارا هستند. یعنی انتخاب والدین از این گروه‌ها در برنامه‌های تلاقی می‌تواند در ایجاد ارقام برتر مؤثر باشد. با توجه به نمودار ۲ می‌توان گفت که بیشترین اختلاف از میانگین کل برای صفت وزن صد دانه گیاه را گروه‌های ۶ و ۵ با ۲ دارا هستند و تلاقی بین این گروه‌ها که از هم بیشترین فاصله ژنتیکی را دارا هستند احتمالاً در ایجاد هتروزیس و تفکیک متجاوز در نسل‌های تفرق مؤثرتر است و برتری بیشتری را نسبت به والدین ممکن است ایجاد کند. در مورد صفت مهم تعداد گره بارور در ساقه اصلی که با عملکرد همبستگی مثبت معنی داری داشت گروه‌های ۴ و ۸ با ۶ و ۷ دارای بیشترین اختلاف از هم هستند. به طوری که برای بهبود این صفت تلاقی بین افراد گروه ۶ و ۴ جهت بدست آوردن تنوع بیشتر در نسل‌های تفرق‌پذیر پیشنهاد می‌شود (شکل ۳). در مورد صفات مربوط به کیفیت نظیر درصد روغن بیشترین اختلاف را گروه‌های ۵ و ۳ دارا هستند که می‌توانند به عنوان والدین مناسب جهت تلاقی انتخاب شوند، (نمودار ۴). در مورد پروتئین هم بیشترین اختلاف بین گروه‌های ۳ با ۶ و ۴ مشاهده می‌شود که می‌توانند به عنوان والدین استفاده شوند.

ب: تجزیه کلاستر جهت گروه بندی از حیث صفات مربوط به دوره رشدی شامل تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا غلاف دهی، و تعداد روز تا رسیدن نیز با استفاده از روش UPGMA انجام شد. ارقام مورد مطالعه بر اساس تجزیه کلاستر و دندروگرام بدست آمده در ۷ گروه دسته بندی شدند که در این میان گروه ۷ با یک ژنوتیپ، دارای کمترین ژنوتیپ می‌باشد و عملاً ۶ گروه اصلی که تعداد ارقام بیشتری را در خود جای داده بودند مشخص شدند. دندروگرام بدست آمده و تعداد ارقام قرار گرفته در هر گروه در شکل ۲ نشان داده شده است.

گروه‌های عمده و اصلی که در این تجزیه مشخص شده‌اند، گروه‌های ۱، ۲، ۳، ۴، ۵ و ۶ هستند. براساس میانگین گروه‌ها از حیث این صفات گروه زودرس‌ترین گروه و گروه‌های ۳، ۴ و ۵ نسبت به گروه ۶ دیررس‌تر و نسبت به گروه‌های ۱ و ۲ زودرس‌تر هستند که با توجه به این نتایج و در نظر گرفتن شرایط دیگر می‌توان ارقام دیررس‌تر را در مناطق با عرض جغرافیایی کمتر در کشور جهت کشت توصیه نمود و ارقام گروه ۶ و ۱ در مناطق با عرض جغرافیایی بالاتر کشت کرد.

جدول ۱- دامنه تغییر صفات مورد مطالعه در کلکسیون سویا

صفت	حداقل	حداکثر
عملکرد تک بوته (گرم)	۳/۸۲۸	۴۳/۹۲
وزن صد دانه (گرم)	۸/۴	۱۹/۵
ارتفاع (سانتی متر)	۲۹/۸	۱۲۶/۵
فاصله اولین غلاف از سطح زمین (سانتی متر)	۴/۳	۲۴/۳
تعداد شاخه	۰	۱۲/۲۵
قطر ساقه اصلی (میلی متر)	۳۸/۵	۹۷/۵
تعداد گره	۸	۲۲/۱۵
تعداد غلاف در ساقه اصلی	۱۰/۸	۶۸/۱۵
تعداد غلاف در شاخه های فرعی	۰	۵۵/۱۵
تعداد بذر در غلاف های ساقه اصلی	۲۰/۳	۱۸۰/۶
تعداد بذر در غلاف های شاخه های فرعی	۰	۱۴۴/۹۵
میزان روغن (درصد)	۱۹/۹	۲۵/۷
میزان پروتئین (درصد)	۳۰/۶	۳۸/۵۵

جدول ۲- انحراف استاندارد شده میانگین هر گروه از میانگین کل برای برخی صفات مهم

صفت گروه	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰
عملکرد دانه	-۰/۳۰۹	-۰/۲۵۳	-۱/۱۲۹	۰/۷۵۱	۰/۱۸۵	-۰/۶۳۴	-۰/۹۸۴	۱/۳۲۶	-۰/۷۴۶	۱/۲۵۴
وزن صد دانه	۰/۳۳۸	۰/۶۸۱	-۰/۰۵۵	۰/۳۶۰	-۰/۷۳۶	-۱/۵۱۶	-۰/۳۵۳	۱/۳۹۰	-۱/۲۴۹	۱/۳۹۰
تعداد روز تا گلدهی	۰/۵۹	-۰/۹۳	۰/۹۶	۰/۸۸۶	۰/۴۸۲	-۱/۴۰۵	-۱/۲۲۹	۰/۳۴۵	-۰/۸۸۹	۱/۱۹۵
تعداد روز تا غلافدهی	۰/۶۲۷	۰/۱۱۹	۱/۱۲۴	۱/۰۰۱	۰/۵۳۳	-۱/۵	-۱/۳۰۷	۰/۱۵۶	-۰/۵۹	-۰/۹۰۳
تعداد روز تا رسیدن	۰/۵۶۶	-۰/۳۲۵	۰/۷۷۴	۰/۸۸۸	۰/۰۰۴۱	-۱/۱۴۸	-۱/۱۴۸	۰/۸۹۱	-۱/۵۹۷	۱/۰۹۴
ارتفاع گیاه	۰/۹۱۲	-۰/۰۳۲	۰/۵۷	۱/۷۶	۰/۳۱	-۱/۶۷	-۱/۳۲	-۰/۴۰۵	۰/۰۵	۰/۱۱
تعداد گره ساقه اصلی	۰/۴۴	-۰/۳۹	-۰/۵۴	۱/۴۲	۰/۱۰۴	-۱/۳۵	-۱/۳۸	۱/۴۴	-۰/۳۵	۰/۱۶۰
تعداد غلاف ساقه اصلی	۰/۱۷۰	-۰/۲۰	-۱/۱۴	۲/۲۶	۰/۳۳	-۰/۱۶۸	۰/۸۷	۰/۵۴۹	-۰/۷۶	۰/۴۵
تعداد دانه غلاف ساقه اصلی	۰/۲۳	-۰/۴۴۵	-۰/۸۰	۲/۱۰۲	۰/۱۲	-۰/۸۹۴	-۰/۸۷۲	۰/۷۹	-۰/۹۶	۰/۷۴
درصد روغن	-۰/۰۳۳	۰/۶۹	-۱/۶۱	۰/۶۸	۱/۶۶	-۰/۱۶۱	۰/۴۳۸	-۱/۵۲	۰/۱۵۱	-۰/۳۰۳
درصد پروتئین	-۰/۱۳۹	۰/۶۲	۲/۲۰	-۰/۱۸۶	۰/۲۸۷	-۰/۹۳	۰/۳۲	۰/۳۲۴	-۰/۶۲۸	-۱/۲۰۳

جدول ۳- مقادیر ویژه و درصد تبیین واریانس هر کدام از توابع تشخیصی

توابع	مقادیر ویژه	درصد واریانس	درصد تجمعی
اول	۴/۵۹۱	۵۸/۱۳	۵۸/۱۳
دوم	۱/۱۷۴	۱۴/۸۶	۷۲/۹۹
سوم	۰/۸۳۶	۱۰/۵۸	۸۳/۵۷
چهارم	۰/۵۴۱	۶/۸۶	۹۰/۴۳
پنجم	۰/۳۷۵	۴/۷۵	۹۵/۱۸
ششم	۰/۲۲۲	۲/۸۲	۹۸
هفتم	۰/۰۷۹	۱/۰۱	۹۹/۰۱
هشتم	۰/۰۵۲	۰/۶۶	۹۹/۶۷
نهم	۰/۰۲۶	۰/۳۳	۱۰۰

جدول ۴- ضرایب استاندارد بنده صفات در توابع تشخیصی اول تا چهارم

صفت گروه	تابع اول	تابع دوم	تابع سوم	تابع چهارم
عملکرد دانه تک بوته	۰/۵۰۷	۱/۷۵۸	-۲/۷۹۹	-۲/۵۹۵
وزن صد دانه	-۰/۷۰۱	-۰/۶۶۷	۱/۰۶۸	۱/۱۸۱
تعداد روز تا گلدهی	۰/۱۸۴	-۰/۱۹۵	۱/۰۳۵	۰/۱۳۹
تعداد روز تا غلافدهی	۰/۱۱۸	۰/۱۱۲	۰/۰۶۲۳	۰/۱۵۵
تعداد روز تا رسیدن	۰/۱۸۹	۰/۰۱۱۵	-۰/۰۲۵۶	۰/۲۵۸
ارتفاع گیاه	۰/۱۴۷	۰/۰۰۰۷	۰/۱۱۷	۰/۳۲۶
فاصله اولین غلاف	۰/۲۳۴	-۰/۱۱۷	-۰/۰۹۶	-۰/۱۴۱
تعداد شاخه	۰/۰۳۵۷	۰/۹۸۳	-۰/۷۳۴	۰/۵۱۷
قطر ساقه	۰/۲۰۷	۰/۰۵۴۹	۰/۰۵۰۸	-۰/۱۳۰
تعداد گره ساقه	۰/۲۱۸	-۰/۴۰۴	۰/۰۹۸	-۰/۰۳۷۷
تعداد غلاف ساقه اصلی	-۰/۰۸۹	۰/۳۶۷	۰/۰۴۰۵	-۰/۲۱۴
تعداد دانه غلاف شاخه فرعی	-۰/۲۳۷	۰/۱۱۸	۰/۸۷۳	-۱/۲۶۷
تعداد دانه غلافهای ساقه	۰/۰۰۱۶	-۰/۹۰۵	۱/۳۹	۰/۹۲۸
تعداد دانه غلاف شاخه فرعی	-۰/۰۹۵	-۱/۱۴۴	۱/۹۸۶	۲/۶۷
درصد روغن	-۰/۱۳۷	۰/۲۱۹	۰/۱۷۵	-۰/۰۷۳
درصد پروتئین	-۰/۱۳۸	-۰/۰۴۳	-۰/۱۱۶	۰/۱۷۰

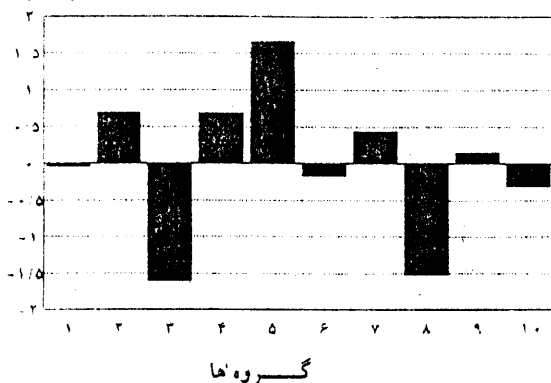
جدول ۵- مقادیر ویژه و درصد تبیین واریانس هر کدام از توابع تشخیصی

تابع	مقادیر ویژه	درصد واریانس	درصد تجمعی
۱	۹/۸۸۸	۹۳/۷۲	۹۳/۷۲
۲	۰/۵۴۵	۵/۱۷	۹۸/۸۹
۳	۰/۱۱۷۲	۱/۱۱	۱۰۰

جدول ۶- ضرایب استاندارد شده صفات (دوره رشدی) در توابع تشخیصی اول تا سوم

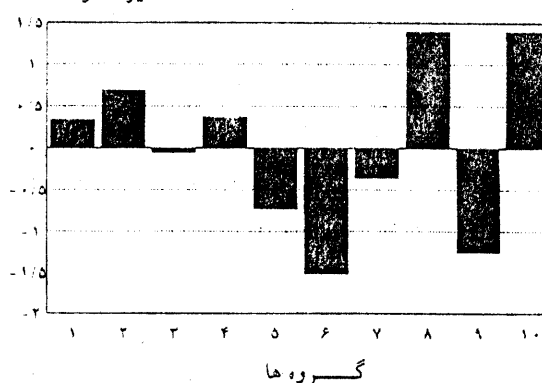
صفات	تابع اول	تابع دوم	تابع سوم
تعداد روز تا گلدهی	۰/۷۲۲	-۰/۶۰۶	-۱/۳۶۹
تعداد روز تا غلافدهی	۰/۱۹۳	۰/۰۱۰۸	۱/۶۱۶
تعداد روز تا رسیدن	۰/۲۵۶	۱/۰۳۱	-۰/۰۵۸۵

مقادیر انحراف



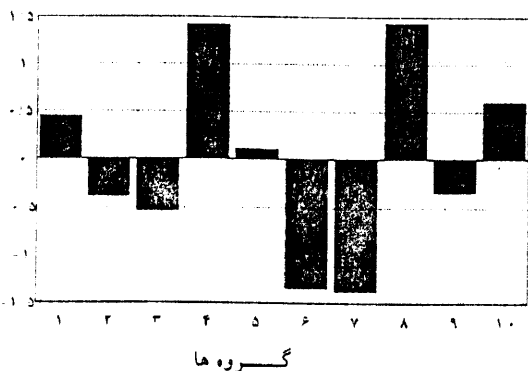
شکل ۲- انحراف استاندارد شده میانگین هر کلاستر از میانگین کل برای صفت تعداد گره در ساقه اصلی

مقادیر انحراف



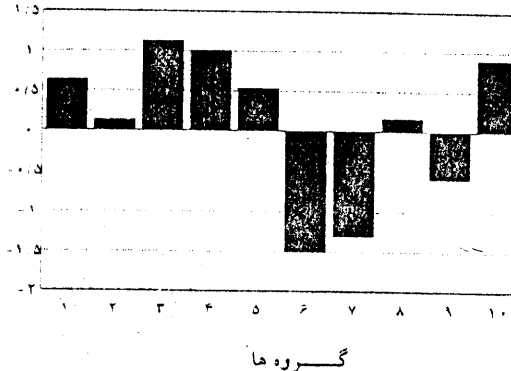
شکل ۱- انحراف استاندارد شده میانگین هر کلاستر از میانگین کل برای صفت عملکرد تک بوته

مقادیر انحراف



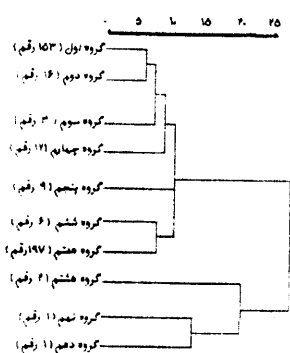
شکل ۴- انحراف استاندارد شده میانگین هر کلاستر از میانگین کل برای صفت درصد روغن

مقادیر انحراف



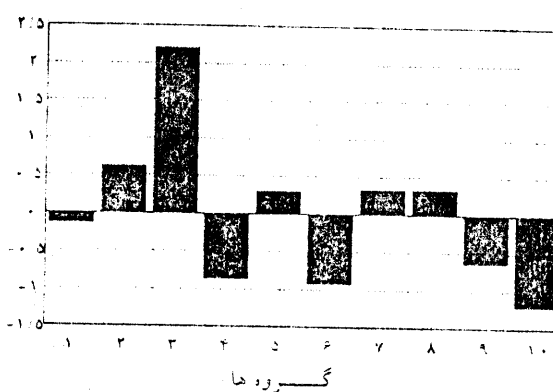
شکل ۲- انحراف استاندارد شده میانگین هر کلاستر از میانگین کل برای صفت وزن صد دانه

Rescaled Distance Cluster combine

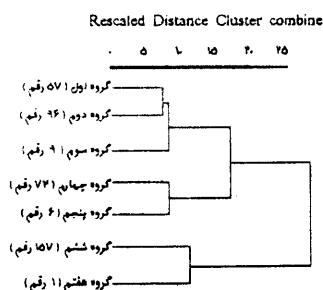


شکل ۶- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای روی تمام صفات

مقادیر انحراف



شکل ۵- انحراف استاندارد شده میانگین هر کلاستر از میانگین کل برای صفت درصد پروتئین



شکل ۸ - دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه ای بر روی صفات مربوط به دوره بلوغ

عامل می باشد.

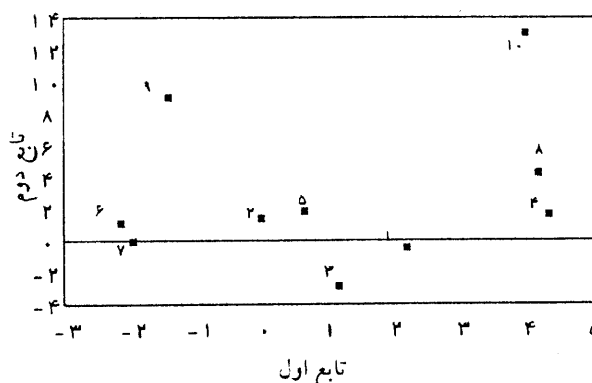
استفاده از ارقام اولیه (که بر اساس آنها گروه بندی و محاسبه توابع تشخیص صورت پذیرفت) در توابع تشخیص بدست آمده نشان داد که دقت این توابع در انتساب افراد به گروه های واقعی حدود ۸۷/۷۵ درصد می باشد.

سپاسگزاری

از پرسنل بخش تحقیقات دانه های روغنی و گروه اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس به خاطر همکاری صمیمانه در مراحل اجرایی این تحقیق تشکر و قدردانی می شود.

REFERENCES

۱. اصغری، ع. ۱۳۷۳. بررسی تنوع ژنتیکی کلکسیون لوبیای ایران. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشگاه تربیت مدرس.
۲. گروسی، ق. ۱۳۶۹. بررسی تنوع ژنتیکی و جغرافیای نخود در رابطه با اقلیم مختلف ایران. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشگاه تربیت مدرس.
۳. لطیفی، ن. ۱۳۷۲. زراعت سویا (ترجمه). انتشارات جهاد دانشگاهی مشهد.
4. Chikale, N. J., D. B. dhumale., and D. T. Deshmukh. 1992. Genetic divergence in soybean. Plant Breeding Abstract Vol: 64 NO:10 P1450.
5. Food outlook statistical Supplement. Jun 1997. FAO. Rome
6. Franco, J., J. Crossa., J. Villaseñor., S. Taba., and A. Eberhart. 1997. Classifying Mexicana maize accession using hierarchical and density search methods. Crop Science 37: 972-980.
7. Perry. M. C., M. S. Mc Intosh., and A. K. Stoner. 1991. Geographical patterns of variation in the USDA soybean germplasm collection: II. Allozyme frequencies. crop Science 34: 1515-1522.
8. Sneller, C. H. 1994. Pedigree analysis of elite soybean lines. Crop Science 31: 1356-1360.
9. Voldeng, H. D., E. R. Cober., D. J. Huma., C. Gillard., M. J. Morrison. 1997. Fifty-eight years of genetic improvement of short-season soybean cultivars in Canada. Crop Science 37: 428-431.
10. Wang, L. 1994. Soybean: world -wide crop. World Soybean Research Conference V (Abstract). Thailand.



شکل ۷ - موقعیت گروه ها بر اساس مقادیر حاصله از توابع تشخیص اول و دوم

روز تا غلافدهی و تعداد روز تا رسیدن. تعداد تابع تشخیص حاصله از تجزیه سه تابع تشخیص می باشد که ۱۰۰ درصد واریانس کلی را تبیین می نمایند. مقادیر ویژه درصد واریانس هر تابع در جدول ۵ آمده است. همان گونه که در جدول ۵ دیده می شود تابع اول به میزان ۹۳ درصد واریانس موجود را تبیین می نماید که می تواند به عنوان معیاری مطمئن جهت انتساب ارقام جدید به گروه صحیح مورد استفاده قرار گیرد. با توجه به ضرایب صفات در توابع اول تا سوم (جدول ۶)، صفت تعداد روز تا گلدهی مهم ترین عامل و تعداد روز تا رسیدن دومین عامل مهم در تمایز بین گروه ها است. صفت تعداد روز تاغلاف دهی ضعیف ترین

مراجع مورد استفاده

Cluster Analysis of Varieties Iranian Soybean Collection and Computing The Relative Discriminate Functions

M. DANAEE¹, M.R.AHMADI² AND A.GRAMI³

1-Former Graduate Student of Tarbiat Modarres University 2- Member of scientific Board Professor Seed and Plant Improvement Institute 3- The Head of Statistics & Information Dept.of Ministry of Agriculture

Accepted Oct.4,2000

SUMMARY

In order to genetically evaluate Iranian Soybean Collection (conserved in the seed and Plant Improvement Institute) 400 soybean genotypes (*Glycin max*) were studied in a simple lattice design using two replications. Sixteen traits including seed yield, 100-seed weight, days to podding, days to maturity, plant height, first pod height, number of branches per plant, number of nodes in main stem, diameter of main stem, number of pods in main stem, number of pods in branches, number of seed in main stem, number of seeds in branches pod, percent of oil and protein on 400 genotypes in replications were recorded. Analysis of variance showed highly significant differences between the studied genotypes in all traits. Applying UPGMA method of cluster analysis for grouping and studying the pattern of genetic diversity, on the studied traits, ten groups or clusters were obtained (groups 9 and 10 contained 1 genotype). To determine the maturity groups of these genotypes, cluster analysis was held for traits such as days to flowering, podding and maturity. Finally seven groups were obtained (group 7 contained 1 genotype). The discriminate functions for 10 groups (obtained by cluster analysis) were also formulated. Nine functions described 100% of variance between genotypes. First and second functions explained about 73% of variations. The most important characters in distinguishing these groups were yield, and 100 seed weight. Also, discriminate functions for maturity groups were obtained. Three functions explained 100% of variance. The first function described about 93.7% of variation and traits such as days to flowering and days to maturity were the most important ones in their related functions.

Key words: Germplasm, Genetic variability, Cluster analysis grouping, Hybridization, Discriminate functions.