

ارزیابی ژرم پلاسم یونجه (*Medicago Sativa L.*) با استفاده از تجزیه‌های آماری چندمتغیره

مهدی کاکایی^۱ و حجت‌اله مظاهری لقب^{۲*}

۱- دانشجوی دکتری، اصلاح نباتات (ژنتیک مولکولی)، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی‌سینا، همدان

۲- نویسنده مسئول مکاتبات، دانشیار، اصلاح نباتات، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی‌سینا، همدان

پست الکترونیک: Hojat.mazahery@yahoo.co.uk

تاریخ دریافت: ۱۳۹۲/۰۷/۱۵ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۲/۱۲/۱۸

چکیده

به منظور مطالعه تنوع ژنتیکی ژرم پلاسم یونجه زراعی و صفات تأثیرگذار بر عملکرد علوفه ۳۰ جمعیت یونجه زراعی چندساله در مزرعه آزمایشی دانشگاه بوعلی‌سینا در سال زراعی ۱۳۹۱-۱۳۹۰ مورد مطالعه قرار گرفتند. تجزیه خوشه‌ای براساس کلیه صفات به روش حداقل واریانس WARD، ۳۰ جمعیت را در سه گروه پیشنهادی قرار داد و بیشترین فاصله‌ی ژنتیکی در این مطالعه بین جمعیت‌های کرج ۲۱۲۲ و زابل ۱۵ مشاهده شد و پیش‌بینی می‌شود که تلاقی جمعیت‌های مذکور در نسل‌های در حال تفرق تنوع مطلوبی برای انتخاب جهت برنامه‌های به‌نژادی فراهم کند. محاسبه فاصله از مرکز خوشه نشان داد که کمترین فاصله مربوط به خوشه دوم و سوم بود. نتایج تجزیه عاملی، به روش واریانس نشان داد که سه عامل اول در مجموع ۷۰/۶۵ درصد تنوع کل داده‌ها را توجیه نمودند. سه عامل اول به ترتیب به نام‌های عامل عملکرد علوفه، مقاومت به سرخرطومی و عامل قامت گیاه نام‌گذاری گردیدند.

واژه‌های کلیدی: تنوع ژنتیکی، سرخرطومی برگ، جمعیت‌های یونجه، روش‌های آماری چند متغیره

مقدمه

به‌نژادگران گیاهی) بوده است، زیرا مطالعه دقیق تنوع ژرم پلاسم گیاهی اساس یک برنامه به‌نژادی موفق است. استفاده از روش‌های آماری چند متغیره در مطالعه تنوع ژنتیکی، مورد استفاده و کاربرد محققان این حوزه بوده است. روش‌های آماری چندمتغیره عبارت است از کاربرد روش‌هایی که به‌طور هم‌زمان با تعداد زیادی متغیر سروکار دارد، به‌طوری‌که در روش‌های مختلف تجزیه چندمتغیره در مورد روابط هم‌زمان متغیرهای مختلف بحث می‌گردد (Farshadfar, 1997). اهمیت تنوع ژنتیکی در گیاهان از دو دیدگاه مورد توجه می‌باشد؛ اول آن‌که تنوع ژنتیکی شرط لازم برای رسیدن به محصول و پایداری عملکرد است و از دیدگاه دیگر تنوع ژنتیکی، منابع ژنتیکی ارزنده‌ای برای برنامه‌های به‌نژادی را شناسایی کرده و از آنها حفاظت می‌کند (Gepts & Papa, 2003). متخصصان به‌نژادی جهت

یونجه (*Medicago Sativa L.*) از جمله نباتات علوفه‌ای در دنیا است که به‌علت داشتن مواد غذایی شامل پروتئین، مواد معدنی، انواع ویتامین‌ها، برخی متابولیت‌های ثانویه نظیر ساپونین با آگلی‌کن‌تری‌تریپنوتیید، و ... خوش‌خوراکی برتری خاصی نسبت به سایر گیاهان علوفه‌ای دارد که مطالعه راجع به جنبه‌های زیستی آن (به‌زراعی و به‌نژادی) در مناطق خواستگاه آن طبق مطالعات آمایش سرزمین مربوط به بخش کشاورزی ضروری و با اهمیت است (Mazaheri-Laghab., 2008). اجماع کلی وجود دارد که ایران ناحیه مرکزی خاستگاه جغرافیایی یونجه می‌باشد ولی اهمیت، فراوانی و پراکنش آن در منطقه غرب کشور از جمله استان همدان حائز اهمیت است. مطالعه تنوع ژنتیکی در علوم زیستی همواره مورد توجه دانشمندان علوم زیستی (از جمله

مواد و روش‌ها

آزمایش در سال زراعی ۱۳۹۱-۱۳۹۰ در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه بوعلی‌سینا واقع در روستای دستجرد استان همدان با طول جغرافیایی 48° و $28'$ عرض جغرافیایی 34° و $54'$ با ارتفاع 1810 متر از سطح دریا انجام شد. جمعیت‌های مورد مطالعه از بانک ژن گیاهی دانشگاه تهران تهیه شد (جدول ۱). کاشت در فصل بهار سال ۱۳۸۶ انجام شده بود. پس از طی بارندگی‌های بهاره آبیاری طبق عرف منطقه تحقیق به صورت دوره‌ای ۹ روزه با کمک روش بارانی انجام شد. یادداشت‌برداری صفات در طول مراحل رشدی انجام، و کنترل و وجین علف‌های هرز به صورت دستی انجام شد. با توجه به یکنواختی ماده آزمایشی و به علت محدودیت بذر برای بسیاری از جمعیت‌های یونجه، از طرح کاملاً تصادفی در دو تکرار استفاده گردید، هر واحد آزمایشی شامل یک ردیف کاشت به طول دو متر و با فواصل کاشت ۳۰ سانتی‌متر بود. لازم به تذکر این مطلب است که عملیات سم‌پاشی معمول در منطقه انجام نشد. به دلیل طغیان آفت سرخرطومی برگ یونجه در اوایل بهار آلودگی در مزرعه به صورت طبیعی ایجاد شد. در مجموع، در مدت خسارت آفت، سه مرتبه یادداشت‌برداری از وضعیت آلودگی و صدمه وارده به گیاهان انجام شد. میزان خسارت از طریق نمره‌دادن از صفر تا نه (صفر برای ۱ تا ۱۰٪ و نه برای ۹۱ تا ۱۰۰٪ خسارت) بر حسب درصد خسارت تعیین شد. برای اندازه‌گیری میزان سبزی‌نگی گیاه از دستگاه SPAD (Soil Plant Analytical Development) استفاده گردید. سایر صفات زراعی نظیر میزان عملکرد علوفه تر (گرم در هر خط یک‌متری)، عملکرد علوفه خشک (گرم)، ارتفاع بونه در زمان برداشت (سانتی‌متر) و درصد ماده خشک، در انتهای چین اول، با رعایت حاشیه از خطوط کشت وسط انجام شد. برای تجزیه داده‌های این پژوهش به کمک روش‌های آماری چندمتغیره (تجزیه خوشه‌ای و تابع تشخیص، تجزیه به‌عامل‌ها، آزمون KMO و بارتلت و تجزیه به‌مؤلفه‌های اصلی) از نرم‌افزارهای آماری MINITAB 14 و SPSS 16 استفاده گردید.

تعیین فاصله ژنوتیپ‌ها (دوری و نزدیکی)، خویشاوندی یا عدم خویشاوندی آنها و نیز تعیین وجود یا عدم وجود تشابه ژنتیکی ژنوتیپ‌ها در کلکسیون‌های مختلف گیاهی از تجزیه خوشه‌ای استفاده می‌کنند. استفاده از روش‌های آماری تک متغیره و به‌ویژه چندمتغیره برای مطالعه تنوع ژنوتیپی ضروری و مفید می‌باشد. تنوع ژنتیکی، به‌نژادگران گیاهی را قادر می‌سازد تا به واسطه انتخاب و اصلاح، گیاهانی جدید و با عملکرد بیشتر که به آفات و بیماری‌ها مقاوم و به تغییرات محیطی سازگارترند را تولید نمایند (Faraghei *et al.*, 2007). روش‌های آماری چندمتغیره ابزاری مفید برای درک روابط هم‌زمان بین صفات جهت تشخیص مطلوب، تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های گیاهی قابل استفاده می‌باشد. در مطالعه Kakaei و همکاران (۲۰۱۰) و (۲۰۱۲)، با استفاده از تجزیه تشخیص بر روی سه گروهی که از تجزیه خوشه‌ای با روش متوسط فاصله بین و درون گروه‌ها با معیار فاصله‌ی پیرسون حاصل شده بود، گزارش کردند که به‌طور ۱۰۰ درصد ژنوتیپ‌های صحیح در خوشه‌های مربوطه قرار گرفته بودند. در تکنیک تجزیه به مؤلفه‌های اصلی امکان کاهش تعداد متغیرهای اولیه وجود دارد، زیرا بیشتر این متغیرها موارد مشابهی را سنجش می‌کنند. در مطالعه‌ی ۴۹ جمعیت یونجه، Pourfarhad و همکاران (۲۰۰۹) گزارش کردند که $74/67$ درصد از تغییرات کل توسط دو مؤلفه اول توجیه گردید و مؤلفه اول منجر به گزینش جمعیت‌های پرمحصول و مؤلفه دوم به گزینش جمعیت‌های با کیفیت بالا منجر گردید. در تحقیق Jafari و همکاران (۲۰۰۷)، بر روی ۳۱ ژنوتیپ علف‌گندمی از طریق تجزیه به عامل‌ها مهم‌ترین متغیرهای مرتبط با عملکرد بذر و علوفه را به‌کمک این تجزیه شناسایی کردند. در مطالعه تنوع ژنتیکی می‌توان از روش‌های متنوع چندمتغیره (روش خوشه‌بندی، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و یا تنوعات کانونی) که به‌طور گسترده‌ای در محصولات مختلف به‌کار گرفته شده است، استفاده نمود (Alom *et al.*, 2003 Mohan & Seetharam, 2005; Naghavi & Amirian, 2005).

هدف از مطالعه حاضر بررسی تنوع ژنتیکی ۳۰ جمعیت یونجه زراعی و مطالعه صفات زراعی تأثیرگذار بر عملکرد علوفه و گروه‌بندی صحیح آنها به کمک روش‌های آماری چندمتغیره، در شرایط اکولوژیکی همدان بود.

جدول ۱- مشخصات و مبدأ جمعیت‌های یونجه‌ی زراعی مورد آزمایش

ردیف	نام جمعیت	محل دریافت	ردیف	نام جمعیت	محل دریافت
۱	کرج ۲۱۲۲	اصلاح بذر کرج	۱۶	تک بوته ۴۸	اصلاح بذر کرج
۲	کدی ۱۰۸	اصلاح بذر کرج	۱۷	فامنین همدان ۱۸	اصلاح بذر کرج
۳	بمی ۸۶	اصلاح بذر کرج	۱۸	Luxor	-
۴	بمی ۱۰۳	اصلاح بذر کرج	۱۹	زابل ۱۵	سیستان و بلوچستان
۵	بمی ۶	خاش	۲۰	توپوزآباد رضاییه ۹	رضاییه
۶	رنجر ۱۰۷	اصلاح بذر کرج	۲۱	محلات ۲۵	آذربایجان
۷	یزدی ۱۰۵	اصلاح بذر	۲۲	دهنور نهاوند ۱۳	همدان
۸	یزدی ۴۱	اصلاح بذر	۲۳	خوزستان ۱۲	محلی خوزستان
۹	یزدی ۳۷	شیراز	۲۴	فیض ۴۶	محلی خوزستان
۱۰	یزدی ۳۸	قم	۲۵	فیض ۴۳	محلی خوزستان
۱۱	یزدی ۹۱	دانشکده کرج	۲۶	خرم آباد ۱۰	همدان
۱۲	81 lutece	فرانسه	۲۷	فامنین همدان ۸۰	همدان
۱۳	کریساری ترکیه ۲۱۲۲	اصلاح بذر کرج	۲۸	کریم آباد رضاییه ۲۴	رضاییه
۱۴	تک بوته ۵۸	اصلاح بذر کرج	۲۹	کریساری	رضاییه
۱۵	تک بوته ۲	اصلاح بذر کرج	۳۰	متفرقه همدان ۲۷	تهران

نتایج

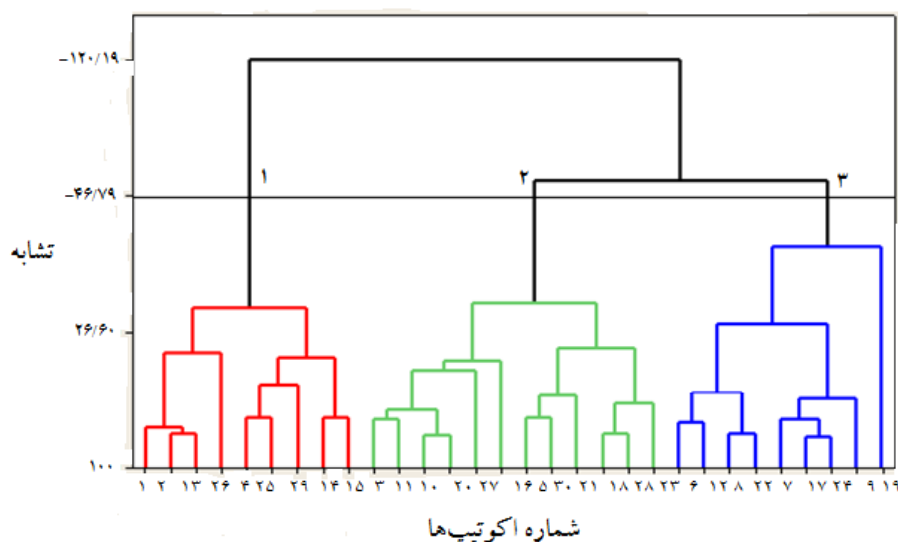
تجزیه خوشه‌ای و تابع تشخیص

جمعیت‌های مورد مطالعه براساس کلیه صفات با استفاده از روش WARD و فاصله پیرسون گروه‌بندی شدند (شکل ۱). خط برش‌دهنده خوشه‌ها در فاصله ۴۶/۷۹ گروه‌ها را مشخص و جمعیت‌های مورد مطالعه را در سه خوشه گروه‌بندی نمود. خوشه اول جمعیت‌های شماره (۱، ۲، ۱۳، ۲۶، ۴، ۲۵، ۲۹، ۱۴ و ۱۵) خوشه دوم شامل جمعیت‌های شماره (۳، ۱۱، ۱۰، ۲۰، ۲۷، ۱۶، ۵، ۳۰، ۲۱، ۱۸، ۲۸ و ۲۳) و در نهایت خوشه سوم نیز جمعیت‌های شماره (۶، ۱۲، ۸، ۲۲، ۷، ۱۷، ۲۴، ۹ و ۱۹) را شامل شدند. برای انتخاب گروهی ژنوتیپ‌ها می‌توان از اطلاعات و خصوصیات این خوشه‌ها استفاده کرد. نظر به فاصله مطلوب جمعیت کرج ۲۱۲۲ و زابل ۱۵ می‌توان از آنها در مطالعات اصلاحی توسط متخصصان به‌نژادی گیاهی سود برد. به‌عبارتی می‌توان از آنها به‌عنوان مواد اولیه برای اصلاح ارقام جدید استفاده نمود. فاصله از مرکز خوشه، متغیر جدیدی را ایجاد می‌کند که فاصله میان هر مشاهده و مرکز طبقه‌بندی آن را نشان می‌دهد. در مطالعه Rabiee و Rahimi (۲۰۰۹)، با گروه-

بندی ژنوتیپ‌های کلزا با کمک تجزیه تابع تشخیص نشان دادند که معیار فاصله اقلیدسی بهتر از سایر معیارها خوشه-بندی را انجام داده است. در مطالعه Basafa و Taheryan (۲۰۰۹)، بر روی بیست اکوتیپ یونجه، آنها را در چهار گروه دسته‌بندی نمودند و گزارش کردند که در بین اکوتیپ-های مورد مطالعه تنوعی جغرافیایی مناسبی وجود دارد که می‌تواند برای راهبردهای به‌نژادی مورد مطالعه قرار گیرد. در بررسی Tucak و همکاران (۲۰۱۱)، بر روی ۴۰ جمعیت یونجه آنها را در شش گروه خوشه‌بندی نمودند و تنوع قابل قبولی را در اکوتیپ‌ها گزارش کردند. آماره‌های پراکنندگی خوشه‌ها در جدول ۲ نمایش داده شده است. بر اساس این نتایج جمعیت‌های خوشه ۱ پر محصول و از لحاظ سایر صفات از جمله خسارت آفت در مرتبه متوسط قرار دارند و جمعیت‌های مربوط خوشه ۲ کم‌محصول و دارای مقاومت نسبی به آفت سرخرطومی می‌باشند؛ جمعیت‌های خوشه ۳ اکوتیپ‌های پا بلند و دارای سبزی‌نگی بیشتر و حساس به آفت سرخرطومی می‌باشند. برش دندروگرام براساس تجزیه تابع تشخیص انجام گردید، همان‌طور که از جدول ۴ مشخص است نتایج تابع تشخیص گروه‌بندی جمعیت‌های

را به کمک روش Ward در پنج گروه دسته‌بندی کردند که از تجزیه تابع تشخیص برای تعیین نقطه برش دندروگرام ۴۹ اکوتیپ بهره بردند.

مورد مطالعه را براساس سه گروه تأیید نموده است. مشابه این تحقیق Pourfarhad و همکاران (۲۰۰۹)، در مطالعه اکوتیپ‌های یونجه زراعی به کمک تجزیه خوشه‌ای اکوتیپ‌ها



شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۳۰ اکوتیپ یونجه براساس کلیه صفات مورد مطالعه با استفاده از روش Ward و فاصله پیرسون

جدول ۲- آماره‌های پراکنندگی (میانگین صفات) در خوشه‌ها

صفت	خوشه ۱	خوشه ۲	خوشه ۳
تعداد لارو روی بوته	۲۲/۵۲	۱۴/۹۵۸	۲۳/۱۳۰
میزان خسارت	۲۶/۱۱	۱۷/۶۶۶	۳۳/۷۰۴
ارتفاع بوته در زمان خسارت	۴۱/۱۳	۳۴/۹۴۳	۳۴/۹۶۱
میزان سبزی‌نگی	۵۱/۳۲	۵۰/۴۶۷	۵۳/۶۶۱
عملکرد تر علوفه	۱۰۳۳/۸۳	۵۹۱/۹۱۷	۶۵۹/۱۶۷
عملکرد خشک علوفه	۴۰۴/۸۷	۲۱۶/۰۸۸	۲۶۹/۴۹۲
ارتفاع بوته در زمان ۱۰ درصد گل‌دهی	۶۰/۰۲	۵۱/۷۴۹	۱۲۸/۱۶۴
درصد ماده خشک	۳۹/۵۰	۳۶/۹۴۶	۴۱/۰۴۷

جدول ۳- آماره تمایل به مرکز استاندارد شده عملکرد (میانگین مربوط به خوشه‌ها)

خوشه	تعداد اعضاء خوشه	مجموع مربعات درون گروهی	متوسط فاصله فرد از مرکز خوشه	حداکثر فاصله از مرکز خوشه
خوشه ۱	۹	۳۹۳۰۷۲	۱۸۰/۹۱۷	۳۹۲/۹۵۴
خوشه ۲	۱۲	۳۰۵۳۷۰	۱۲۲/۹۷۱	۳۴۴/۰۳۳
خوشه ۳	۹	۴۸۰۱۲۱	۱۷۱/۶۲۷	۶۰۲/۱۳۳

جدول ۴- تجزیه تابع تشخیص جهت شناسایی محل برش نمودار حاصل از تجزیه خوشه‌ای جمعیت‌های یونجه زراعی

کل	گروه‌های پیش‌بینی شده براساس تجزیه تابع تشخیص						گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای
	۳		۲		۱		
درصد	تعداد	درصد	تعداد	درصد	تعداد	درصد	تعداد
۱۰۰	۱۴	۰	۰	۰	۰	۱۰۰	۶
۱۰۰	۴	۰	۰	۱۰۰	۲۳	۰	۰
۱۰۰	۱	۱۰۰	۱	۰	۰	۰	۰

تجزیه به عامل‌ها، آزمون KMO و بارتلت

معنی‌دار شدن نتایج حاصل از آزمون KMO و بارتلت نشان داد که می‌توان تجزیه به عامل‌ها را انجام داد؛ به عبارتی با توجه به شاخص $KMO = ۰/۳۸۰$ ، تجزیه به عامل‌ها خوب است، با توجه به مقدار آماره بارتلت $X^2 = ۱۸۴$ و مقدار $P < 0.00$ ، می‌توان نتیجه گرفت که بین متغیرها یا گروه‌ها همبستگی وجود دارد. نتایج تجزیه به عامل‌ها برای درک روابط پیچیده صفات و شناسایی عوامل پنهانی در جدول ۵ نشان داده شده است. همان‌طوری که از جدول ۵ مشخص می‌شود، سه عامل اول ۷۰/۶ درصد از تنوع را توجیه می‌کنند. نظر به بالا بودن مقادیر بار عاملی برای صفات عملکرد علوفه تر (۰/۹۵۲) و علوفه خشک (۰/۹۵۹) در عامل اول می‌توان عامل اول را عامل عملکرد علوفه نامید، البته انتخاب جمعیت‌های این ناحیه منجر به گزینش جمعیت‌های با عملکرد بالا می‌شود. با توجه به بالا بودن صفات تعداد لارو روی بوته (۰/۸۴۶) و نمره‌دهی میزان خسارت (۰/۸۴۱) به روشنی می‌توان عامل دوم را عامل

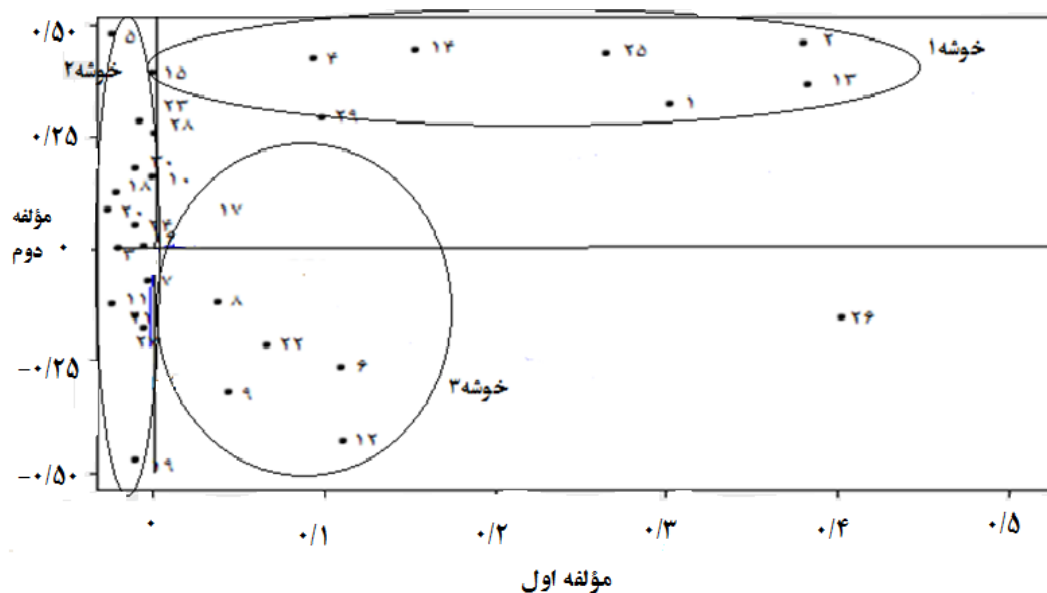
مرتبط با مقاومت به سرخرطومی نامید. عامل سوم صفات درصد ماده خشک (۰/۸۶۱) و ارتفاع بوته در زمان گل‌دهی (۰/۴۵۹) را مورد توجه قرار داد که می‌توان آن را عامل قامت گیاه نام‌گذاری نمود، زیرا افزایش ارتفاع با افزایش درصد ماده خشک همبستگی مثبت داشت. توسط تجزیه به عامل‌ها می‌توان همبستگی بین متغیرهای زیادی را در قالب تعداد کمتری از عوامل مستقل یا غیر همبسته شرح داد، با این فرض که هر یک از متغیرهای اندازه‌گیری شده با یکی از عوامل استخراج شده همبستگی دارد، اما خطاهای تصادفی هم وجود دارد. در مطالعه‌ای Basafa و Taheryan (۲۰۰۹)، روی جمعیت‌های یونجه، بیان کردند که شش عامل اول ۸۰/۴۵ درصد کل تنوع بین جمعیت‌ها را توجیه نمودند، به گونه‌ای که عامل اول دوره رویشی نام نهاده شد که ۲۰/۱۳ درصد تنوع و عامل دوم عملکرد علوفه نامیده شد که شامل ارتفاع گیاه، وزن تر و خشک ساقه، ۱۶/۶۴ درصد کل تنوع را توجیه نمودند.

جدول ۵- ماتریس عامل‌های چرخش یافته (چرخش واریماکس) برای صفات مورد بررسی جمعیت‌های یونجه مورد مطالعه

عامل سوم	عامل دوم	+	صفت
۰/۱۳۶	۰/۸۴۶	۰/۱۵۰	تعداد لارو روی بوته
۰/۲۴۵	۰/۸۴۱	۰/۰۸۸	میزان خسارت
۰/۳۶۲	۰/۲۶۴	۰/۶۳۴	ارتفاع بوته در زمان خسارت
۰/۱۹۸	۰/۷۰۹	۰/۰۲۱	میزان سبزیگی
-۰/۰۴۱	۰/۰۵۱	۰/۹۵۲	عملکرد تر علوفه
۰/۲۰۹	۰/۰۳۹	۰/۹۵۹	عملکرد خشک علوفه
۰/۴۵۹	۰/۲۶۵	-۰/۲۴۱	ارتفاع بوته در زمان ۱۰ درصد گل‌دهی
۰/۸۶۱	-۰/۰۳۳	۰/۱۴۵	درصد ماده خشک
۱۴/۹۵۱	۲۲/۷۸۷	۳۲/۹۱۹	واریانس توجیه شده
۷۰/۶۵۸	۵۵/۷۰۷	۳۲/۹۱۹	واریانس تجمعی
۱/۱۹۶	۱/۸۲۳	۲/۶۳۴	ریشه‌های مشخصه

چهارم فضای بای پلات را تشکیل دادند. پس می توان گفت که نتایج گروه بندی تجزیه خوشه ای با نتایج تجزیه به مؤلفه های اصلی در کمک به شناسایی تنوع همسو هستند. در مطالعه ی Pourfarhad و همکاران (۲۰۰۹)، روی جمعیت های یونجه زراعی با کمک روش آماری تجزیه به مؤلفه های اصلی نتیجه گرفتند که گزینش براساس مؤلفه ی اول و دوم به ترتیب منجر به گزینش جمعیت های با عملکرد بالا و کیفیت علوفه بالا خواهد گردید. در این مطالعه جمعیت هایی که از نظر مقدار مؤلفه اول و دوم بالا هستند در ناحیه اول بای پلات آرایش یافته اند.

نمایش دو بعدی جمعیت ها براساس تجزیه به مؤلفه های اصلی در شکل ۲ نشان داده شده است. همان طوری که از نواحی چهارگانه بای پلات معلوم است جمعیت ها با پراکنش مناسبی در فضای بای پلات قرار گرفته اند که نشان از تنوع مطلوب جمعیت ها می باشد. جمعیت هایی که در ناحیه یک بای پلات آرایش یافتند در خوشه شماره یک هم قرار گرفتند. در فضای بای پلات در قسمت چهارم جمعیت ها همان هایی هستند که خوشه سوم را ایجاد کردند و جمعیت های موجود در خوشه سوم هم جمعیت های ناحیه سوم و



شکل ۲- نتایج مربوط به تجزیه مؤلفه های اصلی و پراکنش جمعیت های یونجه مورد مطالعه در فضای بای پلات

بحث

به تعداد سه فاکتور اصلی تقلیل یافتند، این موضوع می تواند در کاهش حجم داده ها و نتیجه گیری راحت تر مؤثر واقع شود. نتایج تجزیه خوشه ای نتایج حاصل از تجزیه به مؤلفه های اصلی را مورد تأیید قرار داد، زیرا جمعیت هایی که در ناحیه اول بای پلات حاصل از تجزیه به مؤلفه های اصلی قرار دارند به شکل صحیحی در خوشه اول تجزیه خوشه ای را پوشش دادند و نیز جمعیت های موجود در ناحیه چهارم بای پلات در خوشه ۳، و جمعیت های موجود در خوشه ۲ در ناحیه دوم و سوم قرار گرفتند و این بیانگر تنوع مطلوب بین جمعیت ها است که متخصصان به نژادی را برای برنامه های

با کمک روش های آماری چندمتغیره می توان تنوع ژنتیکی و فنوتیپی بین جمعیت ها را مشخص و در برنامه های به نژادی از تنوع موجود استفاده نمود. انتخاب والدین مناسب برای دورگ گیری یکی از مهمترین و مؤثرترین عوامل در برنامه دورگ گیری است (Nematzadeh, 2010). مطالعه و اندازه گیری صفات زراعی روی جمعیت های مورد بررسی تنوع مطلوبی از نظر روش های آماری چندمتغیره را بروز داد. از نتایج تجزیه به عاملی چنین استنباط می گردد که هشت صفت مورد بررسی براساس روابط نهفته ای که دارند

- Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 15: 196-210.
- Farshadfar, A., 1997. The Application of Quantitative Genetics in Plant Breeding. Razi University Press, Kermanshah, Iran. Page 186.
 - Gepts, P. and Papa, R., 2003. Possible effects of (trans) gene flow from crops on the genetic diversity from landraces and wild relatives. Environmental Biosafety Research, 2: 89-103.
 - Jafari, A. A., Sayed Mohammadi, A. R., and Abdi, N. R., 2007. Variation in seed yield and yield components in 31 genotypes of wheat grass (*Agropyron desertorum*) through the analysis of operating. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 15: 221-211.
 - Kakaie, M., Zebarjadi, A.R., Mostafaie, A., and Rezaei-Zad, A., 2010. Determination of drought tolerant genotypes in *Brassica napus* L. based on drought tolerance indices. Electronic Journal of Crop Production, 3: 107-124.
 - Kakaie, M., Mazahery-Laghab, H., Zebarjadi, A.R., and Mahdavi Damqani, A.M., 2012. Evaluation of Tolerance to Drought Stress in Some Bread Wheat Genotypes. Iranian Journal of Plant Production Technology. 12: 1-13.
 - Mohan, G.S. and Seetharam, A., 2005. Genetic divergence in lines of sunflower derived from inter-specific hybridization. SABRAO Journal of Breeding and Genetics, 37: 77-84.
 - Naghavi, M.R. and Amirian, R., 2005. Morphological Characterization of Accessions of *Aegilops tauschii*. International Journal of Agriculture and Biology, 7: 392-394.
 - Nematzadeh, Gh., and Kiani, Gh., 2010. Plant Breeding (Classic Methods). The first volume. Mazandaran University Press, Sari, Iran, page 153.
 - Pourfarhad, A., Normandmoaed, F., Aharizad, S., and Jafari, A.A., 2009. Alfalfa ecotype classification groups using analysis of multivariate statistical. Journal of Scientific – Research, 9: 13-1.
 - Rabiee, R., and Rahimi, M., 2009. Evaluation of Cluster rapeseed groups using Fisher's linear discrimination function analysis. Science and Technology of Agriculture and Natural Resources, 13: 542-529.
 - Tucak, M., Popovic, S., Cupic, T., Spanic, V. and Jug, I., 2011. Phenotypic Diversity of Alfalfa (*Medicago sativa* L.) Germplasm. Poljoprivreda, 17: 36-41.

اصلاحی کمک می‌کند و لازم به تذکر این مطلب است که میزان پیشرفت در تولیدات گیاهی، به دامنه انتخاب به‌نژادگر بستگی دارد که اهمیت تنوع ژنتیکی را به تصویر می‌کشد. به‌طوری‌که با کمک جمعیت‌های کرج ۲۱۲۲ و زابل ۱۵، براساس کلیه صفات و جمعیت‌های کرج ۲۱۲۲ با همدان ۲۷ با در نظر گرفتن دو صفت مرتبط با مقاومت به سرخرطومی (صفت تعداد لارو روی بوته و صفت میزان خسارت) می‌توانند بهترین دورگ‌ها را ایجاد و در نسل‌های در حال تفرق تنوع مطلوبی برای انتخاب جهت برنامه‌های به‌نژادی فراهم کنند.

سپاسگزاری

از مدیریت و کارکنان محترم مزرعه تحقیقاتی دانشگاه بوعلی‌سینا، کارشناس بانک ژن گیاهی دانشگاه تهران (جناب آقای مهندس قدردان) به‌دلیل در اختیار قرار دادن جمعیت‌های این پژوهش، و سرکار خانم دکتر لیلا زارعی جهت بازبینی و مطالعه نوشته حاضر و همه عزیزانی که نویسندگان را برای به‌ثمر رسیدن این تحقیق همراهی کردند، ضمن آرزوی توفیق، بسیار سپاسگزاریم.

منابع مورد استفاده

- Alom, A.K.M.M., Masum, A.S.M.H., Nahar, N., Matin, M.A. and Pasha, A.K.M.J., 2003. Genetic divergence in maize (*Zea mays* L). Pakistan Journal of Biological Sciences, 6: 1910-1911.
- Basafa, M. and Taheryan, M., 2009. A study of agronomic and morphological variation in certain alfalfa (*Medicago sativa* L.) ecotypes of the cold region of Iran. Asian Journal of Plant Sciences, 8: 293-300.
- Faraghei, Sh., Farshadfar, M., and Farshadfar, E., 2007. Study of chemical composition and nutrition value of perennial Lucerne (*Medicago sativa* L.) and genetic diversity based on SDS- PAGE marker.

Evaluation of alfalfa (*Medicago Sativa* L.) germplasm using multivariate statistical analysis

M. Kakaei¹ and H. Mazahery-Laghab^{*2}

1- PhD. student, Faculty of Agriculture, Bu- Ali Sina University, Hamedan, I.R.Iran.

2^{*}- Corresponding author, Asso. Prof., Faculty of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan, I.R. Iran.

E-mail: Hojat.mazahery@yahoo.co.uk

Received: 07.10. 2013

Accepted: 09.03. 2014

Abstract

To study genetic diversity of alfalfa germplasm and traits affecting yield forage, 30 populations alfalfa were assessed in research field of Bu-Ali Sina University, Hamadan, Iran during 2012. Cluster analysis was used based on all of the recorded characters, using Ward method, by which the populations were grouped into three clusters, and the maximum genetic distance was obtained between populations Zabo15 and Karaj 2122 that could be used to create optimistic hybrids. Minimum distance related to the cluster center of the second and third clusters. Factor analysis with varimax rotation was performed for ten traits and reduced them down to three common factors which were accounted for 70.65 of total variation among the populations. The first three factors were named as forage yield, resistance to the weevil and plant height.

Key Word: Genetic variability, *Hypera postica*, Alfalfa, Multivariate analysis.