

بررسی تنوع ژنتیکی و برآورد وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی با استفاده از روش REML برای صفات مختلف در ژنوتیپ‌های خلر (*Lathyrus sativus* L.)

علی دولتشاه^۱، احمد اسماعیلی^{۲*}، هادی احمدی^۳، کریم خادمی^۴ و داریوش گودرزی^۵

۱- دانش‌آموخته ی کارشناسی ارشد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد

۲- استاد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد

۳- دانشیار، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد

۴- مربی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد

۵- مربی، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۰۸/۰۵ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۱۲/۲۰)

چکیده

اساس تحقیقات به‌نژادی گیاهان بر پایه تنوع ژنتیکی وسیع استوار است و ارزیابی تنوع ژنتیکی یکی از مهم‌ترین گام‌ها در معرفی ارقام جدید است. در این تحقیق تنوع ژنتیکی ۲۵ ژنوتیپ خلر برای صفات مختلف در شهرستان خرم‌آباد در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار مورد بررسی قرار گرفت. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها از لحاظ اغلب صفات مورد مطالعه اختلاف معنی‌داری وجود دارد. نتایج مقایسه میانگین نشان داد که ژنوتیپ IF1312 با بیشترین عملکرد دانه و ژنوتیپ‌های IF1332 و IF471 با بیشترین عملکرد علوفه خشک و تر، بهترین عملکرد را دارند. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که سه مؤلفه اول ۶۲/۶۴ درصد از تغییرات کل را توجیه می‌نمایند. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های IF1307، IF1872 و IF471 که دارای عملکرد دانه و علوفه بیشتری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها بودند، در یک گروه قرار گرفتند. جهت برآورد همبستگی ژنتیکی و وراثت‌پذیری صفات مختلف در ژنوتیپ‌های خلر از روش REML استفاده شد. بیشترین وراثت‌پذیری (۰/۸۷) برای صفت تعداد دانه نارس و کمترین وراثت‌پذیری (۰/۱۰) برای صفت وزن خشک کل برآورد گردید. عملکرد دانه با عملکرد علوفه‌تر همبستگی ژنتیکی مثبت و بالایی داشت و صفات بیوماس، درصد برگ و عملکرد علوفه‌خشک نیز همبستگی ژنتیکی مثبت و بالایی با عملکرد علوفه‌تر نشان دادند. درمجموع، ژنوتیپ IF1307 از نظر بیشتر صفات دارای تظاهر بهتری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها بود و از نظر عملکرد علوفه‌تر بین ژنوتیپ‌ها عملکرد قابل قبولی داشت.

واژگان کلیدی: خلر، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، وراثت‌پذیری

* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: ismaili.a@lu.ac.ir

مقدمه

با توجه به نیاز روزافزون به تأمین منابع پروتئینی از طریق پرورش دام و اهمیت حفظ ساختمان و منابع غنی موجود در خاک با ایجاد تناوب زراعی صحیح برای دیم‌زارهای کشور، لزوم دستیابی به ارقام با پتانسیل تولید بالا و سازگار به شرایط محیطی اجتناب‌ناپذیر است (Fakhre Vaezi, 2003). زراعت علوفه در ایران عمدتاً مبتنی بر ارقام بومی و کم‌بازده بوده و دستیابی به ارقام سازگار با شرایط دیم و جایگزین نمودن آن‌ها با ارقام بومی و کم‌بازده از اهمیت بالایی برخوردار است (Karimi, 1989). تنوع گیاهان علوفه‌ای ایران قابل توجه می‌باشد و استفاده مناسب از این تنوع نیازمند برنامه‌ریزی دقیق است تا ضمن استفاده از این تنوع کم‌نظیر، ارقام مطلوب و سازگار به شرایط محیطی مختلف تولید شود (Mohamadi et al., 2011). اولین مرحله در هر برنامه اصلاحی، جمع‌آوری و ارزیابی ژرم-پلاسم گیاهان است که منجر به تشخیص و شناسایی استعدادهای ذاتی و تنوع مورد علاقه متخصصین اصلاحی می‌گردد. فقدان تنوع ژنتیکی، آسیب‌پذیری ژنتیکی ارقام و گونه‌های گیاهی را در مقابل عوامل نامساعد محیطی افزایش می‌دهد (Farsi and Bagheri, 1998).

خلر (*Lathyrus sativus* L.) گیاهی خزنده، یک‌ساله و متعلق به خانواده حبوبات است. جنس *Lathyrus* دارای ۱۳ گونه از گیاهان یک‌ساله و چندساله است که غالباً به‌صورت خوابیده و گاهی بالارونده می‌رویند و دارای مقداری دگرگشتی (۲۷/۸-۹/۸ درصد) هستند (Rahman et al., 1995). بیشتر گونه‌های خلر دیپلوئید با $2n = 14$ کروموزوم هستند (Khawaja et al., 1998) و سایر گونه‌های آلپلوئید و یا اتوپلوئید هستند (Gutierrez et al., 1994). خلر نقش مهمی در تناوب محصولات، اصلاح ساختمان خاک، کاهش جمعیت علف-های هرز و بیماری‌ها دارد (VazPatto et al., 2006). بیشترین اهمیت خلر مربوط به مقاومت فوق‌العاده این گیاه نسبت به شرایط سخت محیطی از جمله خشک‌سالی، غرقابی، حاصلخیزی کم خاک و مقاومت به آفات و بیماری‌های گیاهی می‌باشد که سبب شده است تا تولید و کشت آن از نظر

اقتصادی به‌صرفه باشد (Choudhary et al., 2016; Boukecha et al., 2018; Nandini Devi et al., 2018). منشأ واقعی خلر نامشخص است، اما عقیده بر این است که این گیاه بومی جنوب اروپا و جنوب غرب آسیا است (Cocks et al., 1986; Ducke, 1981). مراکز اصلی تنوع خلر نواحی مدیترانه، آسیای صغیر، شمال آمریکا، نواحی معتدل جنوب آمریکا و شرق آفریقا است. کاربردهای مختلفی از گیاه خلر وجود دارد؛ به‌عنوان مثال *palustris* L. و *Hirsutus* L. برای تغذیه حیوانات، *L. sativa* برای غذای انسان و *L. odoratus* (به‌واسطه گل‌های زیبا) جهت تزئین و برخی خلرها به‌عنوان کود سبز استفاده می‌شوند (Muehlbauer and Tullu, 1997). این گیاه با داشتن رشد رویشی سریع، اندام‌های آبدار، نسبت کربن به نیتروژن (C/N) پایین، نیاز آبی کم، تحمل سرما، پرشاخ و برگ بودن از امتیازات ویژه‌ای به‌عنوان کود سبز برخوردار است (Lazanyi, 2000). وجود نام‌های مختلف این گیاه مانند سنگینک و خلر (فارسی)، گینه (کردی)، پلیک (آذری) خود بیانگر کشت و زرع و استفاده از آن در سطح کشور می‌باشد. در مدل‌های مختلط، اثرات تصادفی برای توصیف ساختار همبستگی داده‌ها بکار می‌رود و پاسخ داده‌ها به‌طور معمول از اثرات تصادفی مستقل فرض می‌شوند (Verbeke and Molenberghs, 2000). نکته اصلی در مدل‌های مختلط وجود پارامترهای خیلی تصادفی همراه با زیر واحدها می‌باشد. مدل‌های مختلط به‌صورت انعطاف‌پذیری ساختارهای کوواریانس داده‌ها را نشان می‌دهند. مؤلفه‌های واریانس به‌طور معمول در ژنتیک آماری برای میزان وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی استفاده می‌شوند. برآوردکننده‌های سستی اغلب از برآوردکننده‌های ANOVA استفاده می‌کنند، که از طریق مقایسه کردن میانگین مربعات مورد مشاهده و مورد انتظار و حل نمودن نتایج معادلات به‌دست می‌آید. اگر داده‌ها متعادل باشند، برآوردکننده‌ها دارای ویژگی‌های خوبی هستند. در شرایط نامتعادل این ویژگی‌ها به‌ندرت در رسیدن به تصمیم درست، کمک‌کننده هستند. در شرایط نامتعادل از برآوردکننده‌های حداکثر

درصد گلدهی تنوع قابل توجهی وجود داد. در بررسی تنوع میان ۳۶۸ توده خلر قابل دسترسی از منابع گوناگون برای صفات مختلف زراعی نتایج نشان داده شد که طیف گسترده‌ای از تنوع برای بسیاری از صفات مورد مطالعه وجود دارد (Parihar *et al.*, 2013). ارزیابی تنوع و وراثت‌پذیری در ۲۶ توده محلی خلر نشان داد که بیشترین تنوع ژنتیکی برای عملکرد دانه توسط صفت تعداد غلاف در دانه توجیه می‌شود؛ و همچنین تفاوت کمی بین تنوع ژنوتیپی و فنوتیپی برای اکثر صفات به جز چند صفت وجود داشت؛ که این تفاوت کم نشان دهنده تأثیر کم محیط بر این صفات بوده به‌طوری که بیشترین وراثت‌پذیری عمومی برای عملکرد دانه مشاهده شد (Kamdi *et al.*, 2015).

افزایش عملکرد اقتصادی از جمله عملکرد دانه و عملکرد علوفه از اهداف مهم اصلاحی گیاهان علوفه‌ای به‌ویژه گیاه خلر می‌باشد. برای دستیابی به این هدف، لازم است همبستگی صفات مرتبط را که در بهبود عملکرد نقش مهم-تری ایفا می‌کنند، بررسی نمود و از آن‌ها در برنامه‌های انتخاب استفاده کرد (Bhatt, 1973). وهابی و همکاران (Vahabi *et al.*, 2005) در بررسی ۱۴ توده بومی خلر در ایران بر اساس ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی گزارش کردند که همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری بین ارتفاع بوته با صفات عملکرد دانه در بوته و عملکرد دانه در واحد سطح وجود دارد و در بین اجزای عملکرد دانه نیز تعداد دانه در غلاف بیشترین ضریب همبستگی ژنتیکی را با عملکرد دانه در بوته داشت. دانش گیلوایی و همکاران (Danesh Gylvaie *et al.*, 2011) در بررسی ۲۵ ژنوتیپ خلر گزارش کردند که عملکرد دانه بیشترین همبستگی فنوتیپی مثبت و معنی‌دار را به ترتیب با صفات وزن کل غلاف، وزن بوته هنگام برداشت و تعداد غلاف در کپه داشت و عملکرد زیست‌توده بیشترین ضرایب همبستگی فنوتیپی مثبت و معنی‌دار را به ترتیب با صفات وزن بوته هنگام برداشت، وزن کل غلاف، وزن پوسته غلاف و تعداد کل غلاف در کپه داشت.

درست‌نمایی (ML: Maximum Likelihood) و حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML: Restricted Maximum Likelihood) استفاده می‌شود (Rasch and Masata, 2006). حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) آن قسمت از درست‌نمایی را که به اثرات ثابت بستگی ندارد را حداکثر می-نماید. حذف اریب به‌وسیله REML شبیه حذف اریب ناشی از برآورد مؤلفه‌های واریانس است که میانگین مربعات انحرافات بر درجه آزادی به‌جای تعداد نمونه تقسیم می‌شود. روش REML همیشه نمی‌تواند میزان اریبی پارامترها را حذف نماید. از این‌رو در برخی موارد روش REML برآورد منفی مؤلفه‌های واریانس را بر نمی‌گرداند. اگرچه این منشأ اریبی همراه با روش ML نیز هست اما روش REML به‌طور واضح برای تجزیه داده‌های بزرگ با ساختار پیچیده ترجیح داده می‌شود. در حالت متعادل برآوردهای روش REML مشابه روش‌های ANOVA می-باشد (Lynch and Walsh, 1998).

در پژوهشی چهل و نه گونه از خلر برای تنوع مورفولوژیکی مورد مطالعه قرار گرفتند. داده‌ها با استفاده از تحلیل مؤلفه‌های اصلی و تجزیه و تحلیل خوشه مورد بررسی قرار گرفت که تنوع در ۱۴ گونه از جنس خلر مشاهده شد (Jackson and Yunus, 1984). بررسی تنوع ژنتیکی بر اساس صفات مورفولوژیک توسط دانش گیلوایی و همکاران (Danesh Gylvaie *et al.*, 2011) نشان دادند که در بین ژنوتیپ‌های خلر بر اساس نتایج تجزیه واریانس و مقایسه میانگین اختلاف بسیار معنی‌داری از نظر صفات مورد مطالعه وجود دارد. تادیس و بیکل (Tadesse and Bekele, 2003) در بررسی تنوع فنوتیپی در رابطه با مناطق جغرافیایی و محدوده‌ی ارتفاعی در خلر نشان دادند که در بین ژنوتیپ‌های خلر از لحاظ صفات مورد مطالعه اختلاف معنی‌داری وجود دارد. رحمان و همکاران (Rahman *et al.*, 2010) در بررسی تنوع ژنتیکی بین ۲۵ ژنوتیپ خلر از طریق تجزیه واریانس و تجزیه و تحلیل چندمتغیره نشان دادند که برای تمام صفات مورد مطالعه به‌جز روز تا ۵۰

در مطالعات متعدد از وراثت‌پذیری برای بررسی سهم نسبی ژن‌ها در تنوع موجود در یک صفت استفاده شده است (Valizadeh et al., 2020; Salavati Meybodi et al., 2015; Ebrahimi et al., 2017). صفات با وراثت‌پذیری بالا بیشتر تحت کنترل اثرات ژنتیکی افزایشی ژن‌ها می‌باشد و از طرف دیگر مقدار کم وراثت‌پذیری در برخی صفات بیانگر نقش کم تنوع ژنتیکی افزایشی و یا انعطاف‌پذیری فنوتیپی آن صفت می‌باشد (Farsi and Bagheri, 1998).

به‌طور کلی، روش‌های تجزیه و تحلیل چندمتغیره از جمله تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و برآورد وراثت‌پذیری نقش مهمی در بررسی تنوع ژنتیکی دارند. از این‌رو، هدف از این تحقیق برآورد تنوع ژنتیکی صفات اندازه‌گیری شده و گروه‌بندی ژنوتیپ‌های خلر مورد مطالعه بود تا نتایج این پژوهش در راستای اجرای برنامه‌های اصلاحی این ژنوتیپ‌ها مورد استفاده قرار گیرد.

مواد و روش‌ها

بذور از مرکز تحقیقات بین‌المللی مناطق خشک و نیمه-خشک در سوریه (ایکاردا) و ژنوتیپ شاهد از ایران توسط مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان تهیه گردید (جدول ۱). این تحقیق در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار در مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان (شهرستان خرم‌آباد) اجرا شد. برای این منظور بذور ژنوتیپ‌های خلر مورد مطالعه به‌صورت دیم کشت شده و مورد ارزیابی قرار گرفتند. به‌منظور آماده-سازی زمین برای کشت بهاره، عملیات لازم شامل شخم نیمه‌عمیق، دیسک، تسطیح و کرت‌بندی صورت گرفت و بذریاشی به‌صورت خشکه‌کاری انجام شد. هر کرت آزمایشی متشکل از ۴ ردیف کاشت به فاصله ۲۵ سانتی‌متر از یکدیگر و با تراکم ۱۵۰ دانه در مترمربع و ابعاد کرت‌ها ۴×۱ مترمربع، فاصله بین کرت‌ها ۱ متر، فاصله بین بلوک‌ها ۲ متر و عمق بذریکشی ۴ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. در طول دوره رشد عملیات داشت (شامل واکاری و وجین علف‌های هرز) انجام گردید. اولین نمونه‌برداری مصادف با

۵۰ درصد غلاف‌دهی و به‌منظور تعیین عملکرد علوفه و محاسبه وزن‌تر و خشک علوفه کامل خلر در واحد سطح انجام گرفت و دومین نمونه‌برداری مصادف با مرحله رسیدگی دانه و برای برآورد عملکرد دانه و اجزای عملکرد دانه انجام گردید. در هر نوبت برداشت، سطحی معادل ۳/۶ مترمربع از هر واحد آزمایشی با رعایت اثر حاشیه‌ای کف‌بر شده و اندازه‌گیری‌های لازم انجام شد. صفات ارزیابی شده شامل: وزن غلاف، وزن دانه در غلاف، وزن پوست غلاف، شاخص سطح برگ، قطر ساقه، کلروفیل، ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین، تعداد دانه در غلاف، تعداد دانه نارس، تعداد غلاف در بوته، تراکم ساقه‌های اصلی در واحد سطح، وزن صد دانه، عملکرد دانه، عملکرد علوفه‌تر، عملکرد زیست‌توده، عملکرد علوفه‌خشک، درصد برگ و شاخص برداشت، وزن‌تر برگ، وزن‌تر ساقه، وزن‌تر کل، وزن خشک برگ، وزن خشک ساقه، وزن خشک کل، درصد ساقه و ارتفاع گیاه بودند.

تجزیه و تحلیل آماری با استفاده از نرم‌افزار SAS (نسخه ۹/۱) و MINITAB15 انجام شد. مقایسه میانگین‌ها با استفاده از آزمون LSD در سطح احتمال ۵ درصد انجام گرفت. به‌منظور گروه‌بندی جمعیت‌های مورد بررسی، تجزیه کلاستر به روش Ward و مقایسه فاصله ژنتیکی ژنوتیپ‌ها با استفاده از متغیرهای استاندارد شده انجام شد و دندروگرام مربوط به آن رسم گردید. مربع فاصله اقلیدسی برای دو بردار X_i و X_j و با K متغیر از رابطه زیر تعیین شد (Rencher, 2003):

$$D = \sqrt{\sum_{i=1}^k (X_{i1} - X_{j1})^2} \quad \text{رابطه (۱)}$$

به‌منظور تعیین سهم هر صفت در تنوع کل، کاهش حجم داده‌ها و تفسیر بهتر روابط از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با استفاده از میانگین صفات استفاده شد.

با استفاده از نرم‌افزار SAS همبستگی‌های ژنتیکی صفات بر اساس روش REML محاسبه شدند. همبستگی ژنتیکی بین

را که به اثرات ثابت بستگی ندارد را حداکثر می‌نماید. (Lynch and Walsh, 1998). برای محاسبه وراثت‌پذیری از روابط زیر استفاده گردید (Holland, 2002):

$$\hat{H}_{\text{Plot-basis}} = \frac{\hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}_G^2 + \hat{\sigma}_{GE}^2 + \hat{\sigma}_g^2} \quad \text{رابطه (۳)}$$

خطای استاندارد برای وراثت‌پذیری بر اساس رابطه زیر محاسبه شد:

$$\hat{H}_{\text{bulk-sample-basis}} = \frac{\hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}_G^2 + \hat{\sigma}_{GE}^2} \quad \text{رابطه (۴)}$$

صفات i و j با استفاده از واریانس ژنوتیپی و اجزاء واریانس برآورد شده بر اساس روش REML به شرح زیر است:

$$\hat{f}_{gij} = \frac{\hat{\sigma}_{Gij}}{\hat{\sigma}_{Gi}\hat{\sigma}_{Gj}} \quad \text{رابطه (۲)}$$

$\hat{\sigma}_{Gij}$ = کوواریانس ژنوتیپی بین صفات i و j ؛ $\hat{\sigma}_{Gi}$ = انحراف معیار ژنوتیپی برای صفت i ؛ $\hat{\sigma}_{Gj}$ = انحراف معیار ژنوتیپی برای صفت j است.

در شرایط نامتعادل داده‌ها برای محاسبه وراثت‌پذیری از برآوردکننده حداکثر درست‌نمایی محدودشده (REML) استفاده می‌شود. روش REML آن قسمت از درست‌نمایی

جدول ۱- اسامی ژنوتیپ‌های خلر مورد بررسی در تحقیق حاضر

Table 1. The names of evaluated grass pea genotypes in present study

نام ژنوتیپ Genotype name	منشأ	Origin	نام ژنوتیپ Genotype name	منشأ	Origin
IF3	ترکیه	Turkey	IF1327	ایکارد	ICARDA
IF225	اسلواکی	Slovakia	IF1332	ایکارد	ICARDA
IF463	اتیوپی	Ethiopia	IF1341	ایکارد	ICARDA
IF471	اتیوپی	Ethiopia	IF1344	ایکارد	ICARDA
IF478	اتیوپی	Ethiopia	IF1346	ایکارد	ICARDA
IF587	سوریه	Syria	IF1347	ایکارد	ICARDA
IF1304	ایکارد	ICARDA	IF1872	بنگلادش	Bangladesh
IF1306	ایکارد	ICARDA	IF1928	نپال	Nepal
IF1307	ایکارد	ICARDA	IF2156	بنگلادش	Bangladesh
IF1309	ایکارد	ICARDA	IF2177	بنگلادش	Bangladesh
IF1312	ایکارد	ICARDA	IF2329	بنگلادش	Bangladesh
IF1316	ایکارد	ICARDA	شاهد (Control)	ایران	Iran
IF1322	ایکارد	ICARDA			

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس صفات مختلف در جدول ۲ آمده است. تجزیه واریانس صفات اندازه‌گیری شده نشان داد که ژنوتیپ‌های مختلف برای اکثر صفات به جز صفات وزن تر برگ، وزن تر ساقه، وزن تر کل، وزن خشک برگ، وزن خشک ساقه، وزن خشک کل، درصد برگ، عملکرد زیست‌توده، عملکرد دانه، درصد ساقه و ارتفاع گیاه اختلاف معنی‌داری از خود نشان دادند (جدول ۲). نیستانی و همکاران (Neyestani and Rabbani Nasab, 2014) در بررسی تاریخ کاشت خلر، نتایج حاصل از تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد که لاین‌ها از لحاظ تمام صفات اندازه‌گیری شده دارای اختلاف معنی‌دار می‌باشند. نتایج مقایسه میانگین صفات با استفاده از آزمون LSD در جدول ۳ آورده شده است. برای صفت وزن غلاف، ژنوتیپ شاهد با میانگین ۸/۰۹ و ژنوتیپ IF1306 با میانگین ۷/۲۴ به ترتیب دارای بیشترین وزن برحسب گرم و ژنوتیپ IF2177 با میانگین ۳/۱۲ و ژنوتیپ IF1309 با میانگین ۳/۵۱ به ترتیب دارای کمترین وزن برحسب گرم بودند. در مورد صفت وزن دانه در غلاف، ژنوتیپ شاهد با میانگین ۶/۴۶ و ژنوتیپ IF1306 با میانگین ۵/۶۴ به ترتیب دارای بیشترین وزن برحسب گرم و ژنوتیپ IF2177 با میانگین ۲/۴۸ و ژنوتیپ IF1309 با میانگین ۲/۶۸ به ترتیب دارای کمترین وزن برحسب گرم در غلاف بودند. برای صفت ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین، ژنوتیپ IF225 با میانگین ۲۶۷۱ سانتی‌متر دارای بیشترین ارتفاع و ژنوتیپ IF1872 با میانگین ۱۴/۵ سانتی‌متر دارای کمترین ارتفاع بود. در مورد صفت وزن تر کل، ژنوتیپ IF225 با میانگین ۱۰۶۷۵ و ژنوتیپ IF1307 با میانگین ۱۰۰/۵۴ به ترتیب دارای بیشترین وزن برحسب گرم و ژنوتیپ IF2156 با میانگین ۴۳/۸۶ دارای کمترین وزن برحسب گرم بود. برای صفت وزن خشک کل، ژنوتیپ IF1307 با میانگین ۲۰/۳۹ دارای بیشترین وزن برحسب گرم و ژنوتیپ IF2156 با میانگین ۱۱/۱۶، ژنوتیپ شاهد با میانگین ۱۱/۱۹ و ژنوتیپ IF1316 با میانگین ۱۱/۷۷ به ترتیب دارای کمترین وزن برحسب گرم بودند. برای صفت تعداد دانه در غلاف، ژنوتیپ‌های IF1306، IF2177 و IF225 با میانگین ۳/۷ دارای

بیشترین تعداد و ژنوتیپ‌های IF1872 و IF478 با میانگین ۲/۸ دارای کمترین تعداد در صفت تعداد دانه در غلاف بودند. در صفت تعداد غلاف در بوته، ژنوتیپ‌های شاهد و IF1306 با میانگین ۱۹/۱ دارای بیشترین تعداد و ژنوتیپ IF2177 با میانگین ۹/۵ دارای کمترین تعداد در صفت تعداد غلاف در بوته بود. در صفت وزن صد دانه، ژنوتیپ IF471 با میانگین ۱۱/۰۸ دارای بیشترین وزن برحسب گرم و ژنوتیپ IF2329 با میانگین ۷/۶۶ دارای کمترین وزن برحسب گرم بود. برای صفت عملکرد دانه، ژنوتیپ IF1312 با میانگین ۱۱۳۰/۴ و ژنوتیپ IF1307 با میانگین ۱۰۸۴/۳ به ترتیب دارای بیشترین عملکرد برحسب کیلوگرم در هکتار و ژنوتیپ IF1306 با میانگین ۶۴۱/۲ دارای کمترین عملکرد برحسب کیلوگرم در هکتار در صفت عملکرد دانه بود. مقایسه میانگین صفت عملکرد علوفه تر نشان داد که ژنوتیپ IF471 با میانگین ۱۰۲۳۳ و ژنوتیپ IF1307 با میانگین ۹۴۴۲ به ترتیب دارای بیشترین وزن برحسب کیلوگرم در هکتار و ژنوتیپ IF2177 با میانگین ۴۲۱۷ دارای کمترین وزن برحسب کیلوگرم در هکتار در صفت عملکرد علوفه تر بود. در مورد عملکرد علوفه خشک ژنوتیپ IF1332 با میانگین ۲۲۲۰/۱۲ دارای بیشترین وزن برحسب کیلوگرم در هکتار و ژنوتیپ IF2177 با میانگین ۸۷۴/۵ دارای کمترین وزن برحسب کیلوگرم در هکتار در صفت عملکرد علوفه خشک بود. برای صفت عملکرد زیست‌توده، ژنوتیپ IF1307 با میانگین ۳۰۶۵/۹ و ژنوتیپ IF1332 با میانگین ۳۰۰۸ به ترتیب دارای بیشترین عملکرد برحسب کیلوگرم در هکتار و ژنوتیپ IF2177 با میانگین ۱۶۹۲/۶ دارای کمترین عملکرد برحسب کیلوگرم در هکتار در صفت عملکرد زیست‌توده بود. شاخص برداشت حاصل نسبت عملکرد دانه به عملکرد بیولوژیک است و توانایی گیاه را برای انتقال و اختصاص مواد فتوسنتزی به دانه‌ها (اندام اقتصادی) را نشان می‌دهد. ژنوتیپ شاهد با میانگین ۵۰/۷۴ و ژنوتیپ IF1316 با میانگین ۴۳/۴۴ به ترتیب دارای بیشترین درصد شاخص برداشت و ژنوتیپ IF1332 با میانگین ۲۷/۵۵ و IF1309 با میانگین ۲۷/۸۳ به ترتیب دارای کمترین درصد شاخص برداشت بودند. در مورد ارتفاع گیاه،

ژنوتیپ IF3 با میانگین ۴۹/۸۳ دارای بیشترین ارتفاع برحسب سانتی‌متر و ژنوتیپ شاهد با میانگین ۳۵/۲۶ دارای کمترین ارتفاع برحسب سانتی‌متر برای صفت ارتفاع گیاه بود.

برآورد همبستگی ژنوتیپی به روش REML: برآورد ضرایب همبستگی ژنتیکی بین صفات مختلف در جدول ۴ آورده شده است. از بین صفات مورد بررسی عملکرد علوفه‌تر همبستگی ژنتیکی مثبت و معنی‌داری را با عملکرد دانه خلر از خود نشان داد و صفات عملکرد علوفه‌خشک، بیوماس و درصد برگ همبستگی ژنتیکی مثبت و معنی‌داری را با عملکرد علوفه‌تر خلر از خود نشان دادند. همچنین صفت بیوماس همبستگی ژنتیکی مثبت و معنی‌داری را با عملکرد علوفه‌خشک خلر از خود نشان داد. در تحقیق حاضر، وزن صد دانه بیشترین ضرایب همبستگی ژنتیکی را با صفات وزن غلاف، وزن دانه در غلاف، ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین، عملکرد علوفه‌تر و همبستگی منفی با صفات ارتفاع گیاه و وزن خشک برگ نشان داد. عوامل متعددی (از جمله پیوستگی ژنی و پلوتروپی) می‌تواند وجود همبستگی بین صفات را توجیه کنند. وهایی و همکاران (Vahabi et al., 2005) در بررسی ۱۴ توده بومی خلر در ایران براساس ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی گزارش کردند که ارتباط مثبت و بسیار معنی‌داری بین ارتفاع بوته با صفات عملکرد دانه در بوته و عملکرد دانه در واحد سطح وجود دارد. ساروارا و همکاران (Sarwara et al., 1995) در بررسی لاین‌های جمع‌آوری شده از هند، پاکستان و بنگلادش (که بذور ریز داشتند) در مقایسه با لاین‌های با بذور درشت از اروپا و خاورمیانه به این نتیجه رسیدند که همبستگی فنوتیپی مثبت و معنی‌داری بین اندازه بذور، تعداد غلاف در گیاه، ارتفاع گیاه، زمان بلوغ و وزن بیوماس وجود داشت؛ یعنی هرچه اندازه بذور درشت‌تر باشد تعداد غلاف در گیاه بیشتر، گیاه بلندتر و دیرس‌تر و وزن بیوماس بیشتر می‌شود. کم‌دی و همکاران (Kamdi et al., 2015) در بررسی ۲۶ توده محلی خلر به این نتایج دست یافتند که همبستگی فنوتیپی مثبت و بسیار معنی‌داری بین عملکرد دانه با ارتفاع بوته، تعداد شاخه در بوته، تعداد غلاف در بوته و وزن ۱۰۰ دانه وجود داشت.

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی: برای تعیین خصوصیات ژنوتیپ‌ها و تفکیک آن‌ها براساس صفات، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی استفاده گردید که نتایج آن در جدول ۵ آورده شده است. با انجام این تجزیه، ۷ مؤلفه اول با مقادیر ویژه بالاتر از یک، ۸۵/۳۳ درصد از کل تغییرات مربوط به صفات را توجیه نمودند. دو مؤلفه اول و دوم در مجموع با توجیه ۴۹/۲ درصد از تغییرات داده‌ها، جهت رسم نمودار پراکندگی ژنوتیپ‌ها (شکل ۱) استفاده شدند که در پلات حاصل ژنوتیپ‌ها در شش گروه متفاوت گروه‌بندی شدند. ژنوتیپ‌های IF1341، IF1316، IF1347، IF2177 و IF1928 در یک گروه، ژنوتیپ‌های IF1344، IF1304، IF3، IF1306، IF463 و IF587 در یک گروه، ژنوتیپ‌های IF1322، IF1872، IF478، IF1309، IF1332، IF1327 و IF1329 در یک گروه، ژنوتیپ‌های IF1307، IF225 و IF471 در یک گروه، ژنوتیپ‌های IF1346 و IF2156 در یک گروه و ژنوتیپ شاهد به‌تنهایی در یک گروه جداگانه قرار گرفتند.

تجزیه خوشه‌ای: نمودار درختی تجزیه خوشه‌ای (شکل ۲) تنوع قابل‌توجهی را بین ژنوتیپ‌ها نشان داد. ژنوتیپ‌ها در فاصله ۰/۳ به دو گروه اصلی (خوشه) تقسیم شدند. ژنوتیپ‌های شاهد، IF1347، IF1316، IF1928، IF2177، IF1304، IF1341، IF1344، IF1346، IF3 و IF463 در خوشه یک و ژنوتیپ‌های IF1306، IF587، IF1309، IF1327، IF2329، IF2156، IF1312، IF1322، IF478، IF1332، IF225، IF1307، IF1872 و IF471 در خوشه دوم قرار گرفتند. خوشه یک به دو زیرخوشه (زیرگروه) متشکل از ژنوتیپ‌های شاهد، IF1347، IF1316، IF1928، IF2177 و ژنوتیپ‌های IF1341، IF1304، IF1344، IF1346، IF3 و IF463 تقسیم شد. همچنین خوشه دو نیز به سه زیرخوشه (زیرگروه) شامل ژنوتیپ‌های IF1306، IF587، IF1309، IF1327، IF2329، IF2156 و ژنوتیپ‌های IF1312، IF1322، IF478، IF1332، IF225 و ژنوتیپ‌های IF1307، IF1872 و IF471 تقسیم شد.

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات مورد بررسی ژنوتیپ‌های مختلف خنجر

Table 2. Analysis of variance for studied traits of different grass pea genotypes

میانگین مربعات صفات Mean square of traits													
منابع تغییرات S.O.V	درجه آزادی df	وزن غلایف Pod weight	وزن دانه در غلایف Kernel weight per pod	وزن پوست غلایف Cortex pod weight	شاخص سطح برگ Leaf area index	قطر ساقه Stem diameter	محتوای کلروفیل Chlorophyll content	تعداد دانه از سطح زمین First pod height from earth	تعداد دانه خام Number of kernel raw	تعداد غلایف در بوته Number of pods per plant	تراکم ساقه‌های اصلی در واحد سطح Main stem density per unit area	وزن صد دانه Hundred kernel weights	وزن تر برگ Leaf fresh weight
تکرار Replication	2	12.27**	8**	0.45**	1156.88 ^{ns}	0.07 ^{ns}	129.86*	17.64*	0.01 ^{ns}	56.86**	1.24 ^{ns}	0.24 ^{ns}	231.18**
ژنوتیپ Genotype	24	4.03**	2.64**	0.17**	73937.18**	0.09**	112.53**	19**	0.21**	20.44**	119.63**	1.78**	43.69 ^{ns}
خطای Error	48	0.76	0.47	0.04	26434.83	0.02	33.84	4.31	0.04	5.19	31.03	0.64	38.68

^{ns}، * و **: Non-significant, significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

ادامه جدول ۲

Table 2. Continued

میانگین مربعات صفات Mean square of traits													
منابع تغییرات S.O.V	درجه آزادی df	وزن تر ساقه Stem fresh weight	وزن کل گل Fresh weight total	وزن خشک ساقه Stem dry weight	وزن خشک برگ Leaf dry weight	وزن خشک کل Dry weight total	عملکرد دانه Grain yield	عملکرد تر غلایف Fresh forage yield	خشک غلایف Dry forage yield	عملکرد خشک Biomass	درصد برگ Percentage of leaf	درصد ساقه Percentage of stem	ارتفاع گیاه Plant height
تکرار Replication	2	157.50 ^{ns}	308.98 ^{ns}	41.91**	4.62 ^{ns}	16.99 ^{ns}	125457.64*	2572816 ^{ns}	163264.48 ^{ns}	579943.17 ^{ns}	427.59**	1126.57**	12.78 ^{ns}
ژنوتیپ Genotype	24	403.11 ^{ns}	681.35 ^{ns}	4.97 ^{ns}	11.63 ^{ns}	21.60 ^{ns}	48748.33 ^{ns}	5493177.7*	367650.51*	481305.54 ^{ns}	58.41 ^{ns}	150.73 ^{ns}	25.04 ^{ns}
خطای Error	48	269.43	580.15	5.20	10.36	19.40	36104	3188854.9	200973.87	288126.35	41.63	96.98	27.51

^{ns}، * و **: Non-significant, significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

جدول ۳- نتایج مقایسه میانگین مهم ترین صفات مورد بررسی با استفاده از آزمون LSD

Table 3. Mean comparison of the most important studied traits by LSD test

ژنوتیپ Genotype	وزن	ارتفاع اولین غلاف	وزن تر	وزن خشک	تعداد	تعداد	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن	وزن</
--------------------	-----	-------------------	--------	---------	-------	-------	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-------

در هر ستون میانگین های دارای حروف مشابه در سطح احتمال ۵ درصد دارای اختلاف معنی دار نمی باشند.

The columns with common letter(s) have not significantly differences at 5% probability level.

جدول ۴- ماتریس ضرایب همبستگی ژنوتیپی به همراه خطای استاندارد برآورد شده آن‌ها

Table 6. Matrix of genetic correlation coefficients with their estimated standard errors

(Traits)	PW	KWP	CPW	LAI	SDI	CPC	FPH	KP	NKR	NPP	MSD	HKW
PW	1											
KWP	0.997±0	1										
CPW	0.957±0.02	0.934±0.03	1									
LAI	0.211±0.27	0.154±0.27	0.432±0.26	1								
SDI	0.314±0.2	0.316±0.26	0.282±0.28	0.32±0.29	1							
CPC	0.357±0.25	0.305±0.26	0.547±0.24	0.642±0	-0.05±0.3	1						
FPH	0.029±0.26	0.028±0.25	0.032±0.27	0.834±0.99	0.27±0.27	-0.16±0.27	1					
KP	0.046±0.25	0±0.25	0.059±0.26	0.016±0.28	-0.05±0.27	0.4±0.25	0.441±0.22	1				
NKR	-0.32±0.22	-0.31±0.22	-0.34±0.23	-0.18±0.27	0.204±0.25	-0.1±0.25	-0.11±0.24	-0.4±0.2	1			
NPP	0.83±0.07	0.82±0.07	0.798±0.09	0.015±0.3	0.343±0.27	0.161±0.28	0.065±0.2	0.118±0.26	-0.34±0.23	1		
MSD	0.208±0.25	0.207±0.25	0.201±0.26	0.061±0.3	-0.27±0.28	0.332±0.28	0±0.27	-0.03±0.11	0.023±0.25	-0.11±0.28	1	
HKW	0.764±0.2	0.76±0.2	0.726±0.23	0.991±0.18	0.05±0.31	0.335±0.28	0.485±0.24	0.258±0.27	-0.4±0.24	0.347±0.2	0.657±0.24	1
LF	-0.38±0.86	-0.4±0.87	-0.3±0.83	0.557±0.87	0.97±1.42	0.388±1	0.77±1.11	-0.21±0	0.471±0.87	-1±1.51	0.624±0.97	0.052±0.8
SF	0.54±0.36	0.509±0.36	0.635±0.37	0.83±0	0.384±0.45	0.884±0.46	0.563±0.38	0.357±0.3	-0.69±1.77	0.347±0.39	-0.23±0.45	1±0.36
FW	0.818±0.88	0.715±0.81	0.771±0.43	1±1.2	1±1.15	1±1.54	1±1.38	0.58±0.73	-0.82±0.96	0.36±0.6	-0.24±0.73	1±1.14
LD	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	1±59.42	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0
SD	0.366±0.7	0.318±0.73	0.537±0.89	1±1.51	0.868±1.35	1±1.95	1±1.73	0.157±0.72	-0.77±0.45	0.225±0.74	-0.5±1.24	1±1.88
DW	0.411±0.87	0.277±0.77	0.934±1.47	1±2.08	1±2.19	1±2.6	1±2.64	0.089±0	-0.53±1.05	0.02±0.78	-0.39±1.1	1±1.59
GY	0.182±0.44	0.223±0.43	0±0.48	-0.71±0.61	-0.01±0.51	0.32±0.5	-0.43±0.48	-0.36±0.5	0.122±0.43	0.3±0.45	0.183±0	0.288±0.55
FF	0.162±0.3	0.163±0.34	0.1±0	0.875±0.28	0.613±0.39	0.061±0.39	0.565±0.33	-0.13±0.36	-0.02±0.34	-0.07±0.38	0.649±0.29	0.67±0.29
DF	-0.35±0.35	-0.34±0	-0.39±2.75	0.531±0.35	0.64±0.34	-0.11±0.37	0.534±0.32	-0.26±0.34	0.467±0.31	-0.4±0.37	0.412±0.31	0.104±0.39
BM	-0.28±0.38	-0.25±0.38	-0.36±0.4	0.313±0.4	0.59±0.37	-0.01±0.4	0.388±0.36	-0.33±0.3	0.466±0.34	-0.38±0.41	0.427±0.33	0.175±0.41
PL	-0.32±0.43	-0.37±0.42	-0.1±0.4	0.041±0.5	0.271±0.5	-0.2±0.45	-0.08±0.45	-0.91±0.51	0.755±19.5	-0.58±0.43	0.346±0.47	-0.41±0.51
PS	-0.21±0.4	-0.18±0.39	-0.36±0.44	-0.06±0.45	-0.22±0.43	-0.07±0.42	-0.13±0.4	0.366±0.3	-0.35±0.37	0.069±0.4	-0.36±0.42	0.198±0.45
HI	0.64±0.28	0.651±0.27	0.566±0.32	-0.78±0.3	-0.43±0.34	0.2±0.35	-0.66±0.26	-0.14±0.32	-0.22±0.3	0.69±0.28	-0.16±0.33	0.187±0.37
PLH	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	1±43.06	-1±0	0.15±0	-1±0	-1±0	-1±0

وزن غلاف؛ PW: وزن غلاف؛ KWP: وزن دانه در غلاف؛ CPW: وزن پوست غلاف؛ LAI: شاخص سطح برگ؛ SDI: قطر ساقه؛ CPC: قطر ساقه؛ FPH: ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین؛ KP: تعداد دانه در غلاف؛ NKR: تعداد دانه نارس؛ NPP: تعداد غلاف در بوته؛ MSD: تراکم ساقه‌های اصلی در واحد سطح؛ HKW: وزن ۱۰۰ دانه؛ LF: وزن تر برگ؛ SF: وزن تر ساقه؛ FW: وزن تر کله؛ LD: وزن خشک برگ؛ SD: وزن خشک ساقه؛ DW: وزن خشک کله؛

حاصل‌دهنده؛ FF: حاصل‌دهنده؛ DF: حاصل‌دهنده؛ GY: حاصل‌دهنده؛ BM: حاصل‌دهنده؛ PL: درصد برگ؛ PS: درصد ساقه؛ HI: شاخص برداشت؛ PLH: ارتفاع گیاه

PW: Pod weight; KWP: Kernel weight per pod; CPW: Cortex pod weight; LAI: Leaf area index; SDI: Stem diameter; CPC: Chlorophyll content; FPH: First pod height from earth; KP: Kernel per pod; NKR: Number of kernel raw; NPP: Number of pod per plant; MSD: Main stem density per unit area; HKW: Hundred kernel weight; LF: Leaf fresh weight; SF: Stem fresh weight; FW: Total fresh weight; LD: Leaf dry weight; SD: Stem dry weight; DW: Total dry weight; GY: Grain yield; FF: Fresh forage yield; DF: Dry forage yield; BM: Biomass; PL: Percentage of leaf; PS: Percentage of stem; HI: Harvest index; PLH: Plant height

Dry forage yield; BM: Biomass; PL: Percentage of leaf; PS: Percentage of stem; HI: Harvest index; PLH: Plant height

ادامه جدول ۴

Continued Table 4

(Traits)	LF	SF	FW	LD	SD	DW	GY	FF	DF	BM	PL	PS	HI	PLH
LF	1													
SF	-1±3.99	1												
FW	-1±6.94	1±0.38	1											
LD	-1±0	-1±0	-1±0	1										
SD	-1±5.76	1±0.73	1±2.28	-1±0	1									
DW	-1±6.42	0.556±0.67	0.846±0.43	-1±0	1±0.7	1								
GY	1±1.89	0.392±0.84	0.394±1.33	-1±0	0.793±2.03	0.358±1.67	1							
FF	1±2.1	0.591±0.47	1±1.03	-1±0	1±1.89	0.675±0.19	0.46±0	1						
DF	1±3.21	0.071±0.56	0.8±0.99	-1±0	0.65±1.08	1±1.95	0.158±0.62	0.916±0.13	1					
BM	1±3.38	0.172±0.6	0.854±1.12	1±38.82	0.82±1.35	1±2.09	0.4±0.55	0.97±0.13	0.968±0.04	1				
PL	1±2.59	-1±0.59	-1±1.94	-1±0	-1±1.87	-0.98±2	0.17±0.85	0.706±0.6	1±0.65	1±0.7	1			
PS	-1±2.85	0.763±0.42	0.721±1.13	-1±0	0.132±1.1	-0.23±1.31	0.46±0.84	-0.21±0.56	-0.73±0.49	-0.56±0.52	-1±0.42	1		
HI	-1±1.78	-0.04±0.53	-0.75±0.86	-1±0	-0.6±0.95	-1±1.9	0.41±0.5	-0.5±0.35	-0.79±0.2	-0.63±0.34	-0.5±0.54	0.583±0.52	1	
PLH	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	-1±0	1

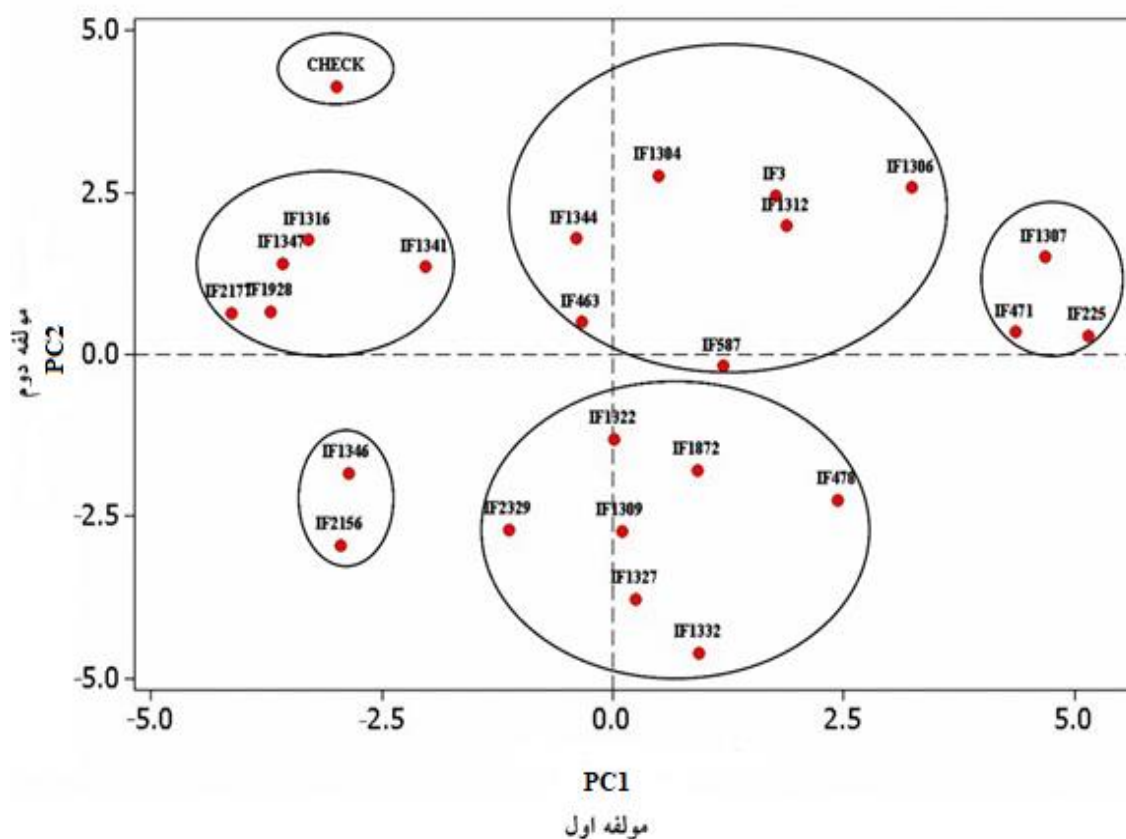
وزن غلاف؛ KWP: وزن دانه در غلاف؛ CPW: وزن پوست غلاف؛ LAI: شاخص سطح برگ؛ SDI: قطر ساقه؛ CPC: کلروفیل؛ ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین؛ KP: تعداد دانه در غلاف؛ NKR: تعداد دانه تارسی؛
 تعداد غلاف در بوته؛ MSD: تراکم ساقه‌های اصلی در واحد سطح؛ HKW: وزن ۱۰۰ دانه؛ LF: وزن تر برگ؛ SF: وزن تر ساقه؛ FW: وزن تر کل؛ LD: وزن خشک برگ؛ SD: وزن خشک ساقه؛ DW: وزن خشک کل؛
 عملکرد دانه؛ FF: عملکرد علوفه تر؛ DF: عملکرد علوفه خشک؛ BM: عملکرد زیست‌توده؛ PL: درصد برگ؛ PS: درصد ساقه؛ HI: شاخص برداشت؛ PLH: ارتفاع گیاه

PW: Pod weight; KWP: Kernel weight per pod; CPW: Cortex pod weigh; LAI: Leaf area index; SDI: Stem diameter ; CPC: Chlorophyll content; FPH: First pod height from
 earth; KP: Kernel per pod; NKR: Number of kernel raw; NPP: Number of pod per plant; MSD: Main stem density per unit area; HKW: Hundred kernel weight; LF: Leaf fresh
 weight ; SF: Stem fresh weight; FW: Total fresh weight; LD: Leaf dry weight; SD: Stem dry weight; DW: Total dry weight; GY: Grain yield ; FF: Fresh forage yield; DF:
 Dry forage yield; BM: Biomass; PL: Percentage of leaf; PS: Percentage of stem; HI: Harvest index; PLH: Plant height

جدول ۵- تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای صفات مورد بررسی ژنوتیپ‌های مختلف خلر

Table 5. Principal component analysis for studied traits of different grass pea genotypes

مؤلفه‌ها Components	مقادیر ویژه Eigen values	واریانس نسبی Relative variance	درصد واریانس تجمعی % of cumulative variance
1	7.5054	0.2887	28.87
2	5.2857	0.2033	49.20
3	3.4939	0.1344	62.64
4	1.9601	0.0754	70.17
5	1.5983	0.0615	76.32
6	1.2326	0.0474	81.06
7	1.1100	0.0427	85.33



شکل ۱- بای پلات ژنوتیپ‌های خلر براساس دو مؤلفه اول و دوم تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

Figure 1. Biplot analysis of grass pea genotypes based on the first and the second components obtained from principal component analysis

غللاف، وزن دانه در غلاف، وزن پوست غلاف، شاخص سطح برگ، قطر ساقه، کلروفیل، ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین،

برآورد وراثت پذیری: نتایج حاصل از محاسبه وراثت پذیری به روش REML در جدول ۶ آورده شده است. صفات وزن

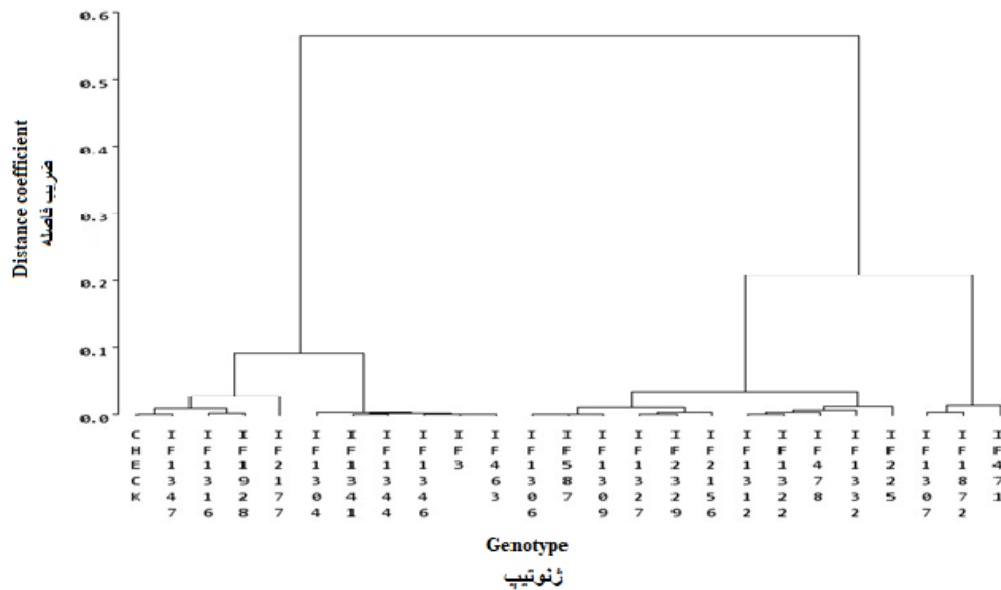
و همکاران (Rahman et al., 2010) در بررسی ۲۵ ژنوتیپ خلر برای سبزه صفت ژنوتیپ‌ها را از طریق تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به پنج خوشه گروه‌بندی کردند که در مجموع ۸۴/۵۸ درصد از تنوع موجود بین ژنوتیپ‌ها را توجیه کردند.

براساس نتایج تجزیه خوشه‌ای دیده می‌شود که ژنوتیپ‌های IF1307، IF1872 و IF471 به‌تنهایی در یک گروه قرار گرفتند و این گروه دارای عملکرد دانه و علوفه بیشتری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها بود. انتظار می‌رود که ژنوتیپ‌هایی که در خوشه‌ها (زیرگروه‌های) یکسانی هستند از لحاظ ژنتیکی بیشتر به هم شبیه باشند و با تلاقی بین ژنوتیپ‌های خوشه با فاصله ژنتیکی دورتر می‌توان به هتروزیس قابل ملاحظه‌ای دست یافت. از آنجایی که ژنوتیپ‌های IF1307، IF1872 و IF471 دارای بیشترین عملکرد دانه و علوفه بودند، در نتیجه انتظار می‌رود تلاقی آن‌ها با سایر ژنوتیپ‌ها می‌تواند مفید باشد. تجزیه و تحلیل خوشه‌ای توسط پریهر و همکاران (Parihar et al., 2013) ۳۶۸ ژنوتیپ خلر را به ۱۹ گروه (خوشه) مجزا گروه‌بندی کرد. تعداد زیادی از ژنوتیپ‌ها در خوشه دوم و خوشه سوم (هرکدام با حدود ۳۶ ژنوتیپ) قرار داده شدند و حداکثر فاصله (درون خوشه) در خوشه ۷ نشان دهنده احتمال وجود آثار هتروزیس بین ژنوتیپ‌های این خوشه بود. همچنین در پژوهش آن‌ها تجزیه به مؤلفه‌های اصلی ۴۹/۷۷ درصد از تنوع کل در دو مؤلفه اول وجود داشت و صفات عملکرد بوته، تعداد غلاف در بوته، عملکرد دانه و بیولوژیک و تعداد دانه در غلاف ۳۸/۱۱ درصد از کل واریانس با بیشترین مقادیر در مؤلفه اول تبیین شدند. دانش گیلوایی و همکاران (Danesh Gylvaie et al., 2011) پس از بررسی ۲۰ ژنوتیپ خلر از نظر ۲۵ صفت مورفولوژیک، فنولوژیک و زراعی، این ژنوتیپ‌ها را در سه گروه خوشه‌بندی نمودند و توسط این تجزیه توانستند ژنوتیپ‌های مختلف را از نظر دست‌یابی به حداکثر هتروزیس و انتخاب بهترین والدین از هم متمایز سازند.

شاخص برداشت، تعداد دانه در غلاف، تعداد دانه نارس، تعداد غلاف در بوته، تراکم ساقه‌های اصلی در واحد سطح و وزن صد دانه وراثت‌پذیری بالایی را از خود نشان دادند. بیشترین وراثت‌پذیری برای صفت تعداد دانه نارس برابر ۰/۸۷ و کمترین وراثت‌پذیری برای صفات وزن خشک کل ۰/۱۰ برآورد گردید.

تجزیه واریانس و مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها برای صفات مورد مطالعه نشان داد که تنوع زیادی بین ژنوتیپ‌ها برای صفات مورد مطالعه وجود دارد که می‌توان از این تنوع در تولید ارقام اصلاح شده بهره برد (جدول‌های ۲ و ۳). پریهر و همکاران (Parihar et al., 2013) در بررسی ۳۶۸ توده خلر نشان دادند که تفاوت معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی وجود داشت و ارتباط عملکرد دانه با بسیاری از صفات مورد مطالعه مثبت و معنی‌دار بود. یادو (Yadov, 1995) با بررسی ۷۲ ژنوتیپ محلی در نپال گزارش کرد که تعداد غلاف در بوته بین ۵۹-۱۳ عدد متغیر است و کم بودن وزن صد دانه به دیررس بودن و کمی مواد فتوسنتزی برای پر شدن دانه در آخر فصل رشد مربوط است؛ بنابراین در ژنوتیپ IF2329 که دیررس‌تر است، دانه‌ها در هنگام برداشت سبز و چروکیده بوده و وزن صد دانه آن از همه کمتر است.

با در نظر گرفتن مقادیر ویژه صفات مختلف با عملکرد و ویژگی‌های هر یک از مؤلفه‌ها در برنامه‌های اصلاحی جهت افزایش عملکرد لازم است مؤلفه اول بالا باشد. در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی ضرایب ویژه در ۷ مؤلفه نشان داد که با گزینش ترکیبات متفاوتی از این صفات امکان بهبود عملکرد دانه و علوفه در ژنوتیپ‌های خلر وجود دارد. ژنوتیپ‌های IF1307، IF225 و IF471 بیشترین مقادیر را برای مؤلفه اول داشتند و ژنوتیپ IF1306 در رتبه بعدی قرار داشت، در حالی که در تشکیل مؤلفه دوم ژنوتیپ شاهد بیشترین مقادیر را از این لحاظ داشت و در رتبه بعدی ژنوتیپ IF1304 بود. بر این اساس این ژنوتیپ‌ها بیشترین عملکرد دانه و علوفه را در بین ژنوتیپ‌ها داشتند. رحمان



شکل ۲- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای به روش Ward برای ژنوتیپ‌های مختلف خلر

Figure 1. Constructed dendrogram based on Ward method for different grass pea genotypes

جدول ۶- مقادیر وراثت‌پذیری محاسبه شده برای مهم‌ترین صفات مورد بررسی بر اساس روش REML

Table 6. Heritability values calculated for the most important studied traits based on REML method

صفات	Traits	وراثت‌پذیری Heritability	خطای استاندارد Standard error
وزن غلاف	Pod weight	0.80	0.06
وزن دانه درغلاف	Kernel weight per pod	0.81	0.06
وزن پوست غلاف	Cortex pod weigh	0.73	0.09
شاخص سطح برگ	Leaf area index	0.64	0.12
قطر ساقه	Stem diameter	0.67	0.11
کلروفیل	Chlorophyll content	0.69	0.10
ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین	First pod height from earth	0.76	0.08
تعداد دانه در غلاف	Kernel per pod	0.80	0.06
تعداد دانه نارس	Number of kernel raw	0.87	0.04
تعداد غلاف در بوته	Number of pods per plant	0.73	0.09
تراکم ساقه‌های اصلی در واحد سطح	Main stem density per unit area	0.74	0.08
وزن ۱۰۰ دانه	Hundred kernel weights	0.64	0.12
وزن تربرگ	Leaf fresh weight	0.11	0.30
وزن ترساقه	Stem fresh weight	0.33	0.22
وزن ترکل	Total fresh weight	0.15	0.28
وزن خشک ساقه	Stem dry weight	0.12	0.29
وزن خشک کل	Total dry weight	0.10	0.30
عملکرد دانه	Grain yield	0.25	0.25
عملکرد علوفه‌تر	Fresh forage yield	0.41	0.20
عملکرد علوفه‌خشک	Dry forage yield	0.44	0.18
عملکرد زیست‌توده	Biomass	0.39	0.21
درصد برگ	Percentage of leaf	0.28	0.24
درصد ساقه	Percentage of stem	0.34	0.22
شاخص برداشت	Harvest Index	0.52	0.16

پذیری در برخی صفات بیانگر نقش کم تنوع ژنتیکی افزایشی و یا انعطاف‌پذیری فنوتیپی آن صفت می‌باشد (Farsi and Bagheri, 1998). لذا از صفاتی که قابلیت انتقال بالایی به نسل بعد از خود نشان می‌دهند می‌توان در برنامه‌های اصلاحی مبتنی بر گزینش استفاده کرد. کمدی و همکاران (Kamdi et al., 2015) بیشترین وراثت‌پذیری عمومی برای صفت عملکرد دانه را ۷۱/۹۸ درصد گزارش کردند و همچنین حد متوسط از وراثت‌پذیری عمومی برای صفت تعداد غلاف در بوته را ۳۹/۲۲ درصد و وزن صد دانه را ۴۲/۸۸ درصد گزارش نمودند. آباته و همکاران (Abate et al., 2018) در تحقیقی نشان دادند که وراثت‌پذیری بالا همراه با پیشرفت ژنتیکی بالا برای بسیاری از صفات مهم زراعی مشاهده شد که نشان می‌دهد وراثت‌پذیری زیاد به دلیل اثرات افزایشی ژن است و بنابراین، انتخاب می‌تواند برای بهبود خلر از طریق صفات مؤثر باشد.

در مجموع تجزیه و تحلیل‌های تحقیق حاضر، ژنوتیپ IF1307 از نظر بیشتر صفات دارای بهترین مقادیر نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها بود و از نظر عملکرد علوفه‌تر بین ژنوتیپ‌ها عملکرد قابل قبولی داشت. لذا به‌عنوان ژنوتیپ مناسب برای علوفه‌کاری در منطقه خرم‌آباد پیشنهاد و معرفی می‌شود.

در تحقیق حاضر از مقایسه‌ی نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای با تجزیه به مؤلفه‌های اصلی مشاهده شد که ژنوتیپ‌های IF1307 و IF471 (که دارای مقادیر بیشتری از نظر عملکرد دانه و علوفه بودند) دارای بیشترین مقادیر برای مؤلفه‌ی اول در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بودند و از طرف دیگر همین ژنوتیپ‌ها در تجزیه خوشه‌ای در یک گروه قرار گرفتند. لذا نتایج حاصل از این دو تجزیه تا حدودی با هم مطابقت داشت و در کمک به شناسایی تنوع همسو می‌باشند.

نتایج حاصل از وراثت‌پذیری نشان داد که صفات وزن غلاف، وزن دانه در غلاف، وزن پوست غلاف، شاخص سطح برگ، قطر ساقه، کلروفیل، ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین، شاخص برداشت، تعداد دانه در غلاف، تعداد دانه نارس، تعداد غلاف در بوته، تراکم ساقه‌های اصلی در واحد سطح و وزن صد دانه وراثت‌پذیری بالایی از خود نشان دادند. اصلاح برای صفاتی که وراثت‌پذیری آن‌ها پایین است از طریق گزینش مستقیم دشوار و بی‌نتیجه است و برعکس گزینش برای صفاتی که دارای وراثت‌پذیری بالایی هستند مفید می‌باشد. لذا مقدار وراثت‌پذیری می‌تواند زمینه‌ای از نتایج مورد انتظار از گزینش را ارائه دهد. صفات با وراثت‌پذیری بالا بیشتر تحت کنترل اثرات ژنتیکی افزایشی ژن‌ها می‌باشد و از طرف دیگر مقدار کم وراثت-

References

- Abate, A., Mekbib, F., Fikre, A. and Seid, A. (2018). Genetic variability and heritability in ethiopian grasspea (*Lathyrus sativus* L.) accessions. *Crop Science*, **6(2)**: 63-103 (In Persian).
- Bhatt, G.M. (1973). Significance of path coefficient analysis determining the nature of character association. *Euphytica*, **22**: 338-343.
- Boukecha, D., Laouare, M., Mekliche Hanif, L. and Harek, D. (2018). Drought tolerance in some population of grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *Legume Research-An International Journal*, **41(1)**: 12-19.
- Choudhary, A.K., Pandey, P. and Sendi Kumar, M. (2016). Tailored response to simultaneous drought stress and pathogen infection in plants. *Drought Stress Tolerance in Plants*, **1(10)**: 427-438.
- Cocks, P., Siddique, K. and Hambury, C. (1986). *Lathyrus A New Grain Legume. A Report For The Rural Industries Research And Development Corporation*. Rural Industries Research & Development Corporation, Wagga Wagga, AU.
- Danesh Gylvaie, M., Karimzadeh, Q. and Aghakhani, M. (2011). Evaluation of genetic diversity and principal components analysis for variant traits in genotypes grass pea. *Journal of Plant Science*, **2**: 254-243.
- Ducke, J.A. (1981). *Handbook of Legumes of World Economic Importance*. Plenum Press, New York, USA.

- Ebrahimi, S., Rezaei Nejad, A., Ismaili, A. and Karami, F.** (2015). Physiological and phenological variability and heritability of some apricot (*Prunus armeniaca* L.) cultivars and genotypes. *Plant Genetic Researches*, **1(2)**: 55-70 (In Persian).
- Fakhre Vaezi, A.** (2003). Final report checks compatibility international varieties of grass pea (*Lathyrus sativa*) under dry land conditions, 80: 554 (In Persian).
- Farsi, M. and Bagheri, A.** (1998). *Principles of Plant Breeding*. Publications University of Ferdowsi, Mashhad, IR (In Persian).
- Gutierrez, J.F., Vaquero, F. and Vences, F.J.** (1994). Allopolyploid vs. autotetraploid origins in the genus *Lathyrus* (Leguminosae). *Heredity*, **73**: 29-40.
- Holland, J.B.** (2002). *Estimating Genotypic Correlations and Their Standard Errors Using Multivariate Restricted Maximum Likelihood Estimation with SAS Proc MIXED. Reproduced from Crop Science*. Published by Crop Science Society of America, New York, USA.
- Jackson, M.T. and Yunus, A.G.** (1984). Variation in the grasspea (*Lathyrus sativus* L.) and wild specie. *Euphytica*, **33**: 549-559.
- Kamdi, S.R., Bhasme, S.P., Neharkar, P.S., Bhagat, G.J., Kadu, P.R. and Karhale, S.S.** (2015). Correlation, genetic variability and heritability studies in selected local collections of grass pea (*Lathyrus sativus* L.). *International Journal of Tropical Agriculture*, **2**: 1445-1448.
- Karimi, E.** (1989). *Breeding Forage Plants*. Tehran University Press, Tehran, IR (in Persian).
- Khawaja, H.I.T., Sybenga, J. and Ellis, J.R.** (1998). Meiosis in aneuploid of tetraploid *Lathyrus odoratus* and *L. pratensis*. *Heredity*, **129**: 53-57.
- Lazanyi, J.** (2000). Grass pea and green manure effects in the great hungarian plain. *Lathyrus Lathyrism Newsletter*, **1**: 28-30.
- Lynch, M. and Walsh, B.** (1998). *Genetics and Analysis of Quantitative Traits*. Sinauer, Sunderland, MA.
- Muehlbauer, F.J. and Tullu, A.** (1997). NewCROP Fact SHEET-*Lathyrus sativus* L. Available on: <http://www.hort.purdue.edu/newcrop/cropfactsheets/grasspea.html>. Last access 27 April 2010.
- Nandini Devi, K., Athokpam H.S., Lhungdim, J., Lenin Singh, K. and Dorendro Singh, A.** (2018). Response of grasspea (*Lathyrus sativus* L.) to row spacing and phosphorus levels under rainfed conditions of Manipur, India. *Indian Journal of Agriculture Research Communication Center*, **38(2)**: 131-134.
- Neyestani, E. and Rabbani Nasab, H.** (2014). Comparison of planting dates *Lathyrus Cicera*. *1st International and 13th Iranian Crop Science Congress And 3rd Seed Science and Technology Conference*. Tehran, Iran (In Persian).
- Parihar, A.K., Dixit, G.P. and Singh, D.** (2013). Multivariate analysis of various agronomic traits in grass pea (*Lathyrus spp*) germplasm. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, **83(5)**: 570-575.
- Rahman, M.M., Kumar, J., Rahaman, M. A. and Ali Afzal, M.** (1995). Natural out crossings *Lathyrus sativus* L. *Indian Journal of Genetics*, **55**: 204-207.
- Rahman, S., Molla, M.R., Nozim-ud-Dowla, M.A.N., Rasul, M.G. and Main, M.A.K.** (2010). Assessment of genetic diversity in grass pea (*Lathyrus sativus* L.) genotype using morphological markers. *Academic Journal of Plant Sciences*, **55**: 85-91.
- Rencher, A.C.** (2003). *Methods of Multivariate Analysis*. John Wiley & Sons, Hoboken, New Jersey, USA.
- Salavati Meybodi, M.R., Ranjbar, G.A., Kazemitabar, S.K. and Najafi Zarrini, H.** (2017). Investigation of heritability and genetic diversity among tobacco genotypes using ISSR markers and morpho-physiological traits. *Plant Genetic Researches*, **4(1)**: 75-88 (In Persian).
- Sarwara, C.D.M., Sarhar, A., Murshed, A.N.M.M. and Malik, M.A.** (1995). Variation in natural population of grass pea. In: Yusuf, H.K.M. and Lambein, F., Eds., *Lathyrus Sativus and Human Lathyrism: Progress and Prospects*, pp. 161-164. The Proceeding 2th Int. colloq. Lathyrus/Lathyrism, University of Dhaka, Dhaka, BD.
- Tadesse, W. and Bekele, E.** (2003). Variation and association of morphological and biochemical characters in grass pea (*Lathyrus sativus* L.). *Euphytica*, **130**: 315-324.
- Vahabi, A.A., Arzani, A. and Solouki M.** (2005). Evaluation of phenotypic and genetic correlations and path coefficient analysis for seed and forage yield of grass pea. *The 1st Iranian Pulse Crops Conferenc*, University of Ferdowsi, Mashhad, Iran (In Persian).

- Valizadeh, S., Ismaili, A., Ahmadi, H., Akbarpour, O.A., Bajalan, B. and Amini, A.** (2020). Use of restricted maximum likelihood approach for estimation of genotypic correlation and heritability in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) under water deficit stress. *Plant Genetic Researches*, **6(2)**:183-200 (In Persian).
- VazPatto, M.C., Skiba, B., Pang, E.C.K., Ochatt, S.J., Lambein, F. and Rubiales, D.** (2006). *Lathyrus* improvement for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical breeding to marker assisted selection. *Euphytica*, **147**: 133-147.
- Verbeke, G. and Molenberghs, G.** (2000). *Linear Mixed Models for Longitudinal Data*. Springer Series in Statistics, Springer-Verlag, New York, USA.
- Yadov, C.R.** (1995). Genetic Evaluation and Varietal Improvement of Grasspea in Nepal. In: Arora, R.K., Mathur, P.N., Riley, K.W. and Adham, Y. Eds., *Lathyrus Genetic Resources in Asia. Proceedings of a Regional Workshop*, pp. 21-27. Indira Gandhi Agricultural University, Raipur, IPGRI Office for South Asia, New Delhi, IND.

Evaluation of Genetic Diversity and Estimation of Heritability and Genetic Correlation Using REML for Different Traits in Grass Pea (*Lathyrus sativus* L.) Genotypes

Ali Dowlatshah¹, Ahmad Ismaili^{2,*}, Hadi Ahmadi³, Karim Khademi⁴ and Daryoush Goodarzi⁵

1- Former M.Sc. Student, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agriculture, Lorestan University, Khorramabad, Iran

2- Professor, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agriculture, Lorestan University, Khorramabad, Iran

3 Associate Professor, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agriculture, Lorestan University, Khorramabad, Iran

4 M.Sc., Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Khorramabad, Iran

5- M.Sc., Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agriculture, Lorestan, Khorramabad, Iran

(Received: October 26, 2020 – Accepted: March 10, 2021)

Abstract

Plant breeding researches is based on genetic diversity and evaluation of genetic diversity is also one of the most important steps in introduction of new cultivars. In this study, genetic diversity of 25 grass pea genotypes was studied based on randomized complete block design with three replicates in Khorramabad (Iran). Analysis of variance showed significant differences among genotypes for most of traits. Mean comparison showed that genotype IF1312 with the highest grain yield and genotypes IF1332 and IF471 with the highest dry and fresh forage yield had the best yield. Principal component analysis showed that the first 3 factors explained 62.64% of total variance. Based on cluster analysis, genotypes IF1307, IF1872 and IF471 with the highest grain and forage yield are belonged to one cluster. REML method was used to estimate genetic correlation and heritability of different traits. The highest amount of heritability (0.87) was estimated for number of immature grains and the least heritability (0.10) was estimated for total dry weight. Grain yield had a high and positive genetic correlation with forage yield, and biomass, percentage of leaf and dry forage yield also had a high and positive genetic correlation with fresh forage yield. Totally, genotype IF1307 had the best performance for most of traits compared to the other genotypes and had an acceptable forage yield among genotypes.

Keywords: Grass pea, Cluster analysis, Principal components analysis, Heritability

* Corresponding Author, E-mail: ismaili.a@lu.ac.ir