مجله علوم کشاورزی ایران
جلد ۳۲،شماره ۲، سال ۱۳۸۰ (۲۹۳-۲۸۵)

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

محمود دانایی[1] ، محمد رضا احمدی[2] و عباس گرامی[3]
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 دقیق‌تر 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 جمله‌عملکرد دانه، درصد روغن و پروتئین و سایر خصوصیات مورفولوژیکی و زراعی مورد یادداشت برداری قرارگرفت. تجزیه واریانس حاکی از وجود اختلاف معنی دار بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای تمامی‌صفات 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 گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از نظر طول‌دوره 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 تجزیه‌خوشه‌ای (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 درصدبود .توابع تشخیص همچنین برای گروههای بلوغ به دست آمدند. سه تابع بدست آمده ۱۰۰ درصدواریانس را تبیین می‌کردند، تابع اول به تنهایی ۹۳/۷ درصد را شامل می‌شد، در تمایز افراد به گروههای‌واقعی در حدود ۷۸ درصد بود .

واژه‌های کلیدی: ژرم‌پلاسم، تنوع‌ژنتیکی، تجزیه‌کلاستر، گروه‌بندی،هیبریداسیون،توابع‌تشخیص

مقدمه

از عمده محصولات غذایی که کشور همواره در تأمین نیاز داخلی آن با مشکل روبرو بوده است،روغن‌های خوراکی می‌باشند . سویا با نام علمی گلایسین ماکس عمده‌ترین گیاه پروتئینی - روغنی جهان‌محسوب می‌شود (۳). دانه سویا با داشتن حدود ۲۰ درصد روغن و ۴۰ درصد پروتئین موجب گردیده‌که سویا به عنوان گیاهی استراتژیک در جهان مطرح گردد .میزان جهانی تولید دانه روغنی سویا در سال‌زراعی ۱۳۷۸به ترتیب ۱۵۸ و۲۳ میلیون تن بوده و در بین دانه‌های روغنی مقام اول را به خود اختصاص داده‌است (۵). افزایش‌تولید با کیفیت مطلوب مستلزم اجرای

مکاتبه کننده: محمدرضا احمدی

فعـالیت‌هـای‌به نژادی بر پایه تنوع وسیع ژرم پلاسم‌می‌باشد .لذا ژرم پلاسـم گیاهی پایه و اساس تمامی تحقیقات ژنتیکی و به نژادی و به منزـله خونـی اسـت‌که در کالبد برنامه‌های اصلاح نباتات جریان دارد (۲). در فرآیـند ایجـاد یک کلکسیون گیاهی بعد از جمع‌آوری ارقام و اطلاعـات مـربوط بـه خصوصـیات اقـلیمی، زراعـی و ژنتیکی آنها، مهـم‌تـرین وظیفـه، طـبقه‌بندی ارقام جهت کاهش حجم کلکسیون اسـت بـه گونه‌ای که برترین افراد از هر طبقه وارد کلکسیون‌برگزیده شـوند .بـنابراین مـی‌توان گفت که دومین گام بعد از جمع آوری هر کلکسـیون گیـاهی، طـبقه بندی وگروه بندی آن می‌باشد چرا که در فرآیـندهای بعـدی مدیـریت مجموعـه کلکسـیون گیاهی را ساده‌تر کـرده وکـارآیی استفاده از ارقام را در برنامه‌های به نژادی با توجه به خصوصیات مورد نظر افزایش می‌دهد .

در طـی ده سـال گذشـته میـانگین عمـلکرد سـویا در هکتار در جهـان نسـبت بـه میـانگین سـالهای ۱۳۶۰-۱۳۵۸، ۱۳/۲ درصـد افـزایش یافـته اسـت .یکـی از عوامـل مهـم در ایـن پیشـرفت نگهـداری‌کلکسـیون‌ها و مبادله منابع ژنتیکی ارقام سویا می‌باشد که نـتیجه آن اصـلاح واریته‌های جدید با عملکردبالا، کیفیت مطلوب و مقاومت به بیماریها و ورس و ...می‌باشد (۹و۱۰).

تجـزیه خوشـه‌ای عموماً برای مطالعه تنوع ژنتیکی اکسیشن‌ها[1] در بـانک‌هـای ژن و بـرای فـرم دهـی به مجموعه‌های مذکور توسط گـروه بـندی آنهـا از طـریق صـفات مشـابه در گـروه‌هـای مشترک اسـتفاده مـی‌شـود. بـه طوریکه نمونه‌های هر گروه به عنوان نماینده آن گـروه مـی‌توانـند بـه کار روند (۶). از روش تجزیه‌خوشه‌ای برای تجـزیه الگـوی تـنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی مختلف استفاده شده اسـت (۸). هـدف‌عمده از تجزیه خوشه‌ای در به نژادی گیاهی علاوه بـر مـورد فـوق دسـته بندی ژنوتیپ‌ها و مشخص نمودن‌ژنوتیپ‌ها و نمونـه‌هـایی اسـت کـه با هم بیشترین فاصله را دارند تا با استفاده از آنهـا در بـرنامه‌های تلاقی‌بتوان حداکثر تنوع ژنتیکی را تولید نمود. چـرا که دراصلاح نباتات دوری ژنتیکی مواد والدی از همدیگریکی از معیارهـای انـتخاب والدیـن بـرای تلاقـی و ایجـاد تـنوع لازم جهت انـتخاب بهـترین ارقـام است .ازلحاظ کمی هر چه والدین از یکدیگر دورتـر باشـند و اصـطلاحاً فاصـله ژنـتیکی تـنوع بیشـتری در نتایج‌حاصل از آنها ایجادخواهد شد (۱).

مطالعـه ژرم پلاسـم و ارزیـابی خصوصیلات و صفات مهم آن در جهـت ایجاد ارقام پرمحصول ازاهمیت ویژه‌ای برخوردار می‌باشد .در ایـران تـا کـنون بـر روی ژرم پلاسـم بـرخی از گیاهـان مهم زراعی نظیرگـندم، لوبیـا، نخـود، جـو و ...مطالعـات مشابهی انجام پذیرفته است (۲).

پـری و همکاران (۱۹۹۱) ۲۲۳۶ اکسیشن سویا را مورد مطالعه قـرار دادنـد .در ایـن بررسـی گروه بندی‌نمونه‌های یاد شده بر اساس صـفات ظاهری از لحاظ جغرافیایی صورت پذیرفت .در این بررسی از روش‌سلسـله مراتـبیUPGMA بـرای گـروه بـندی روی میـانگین متعـلق به چهار متغیر کانونی اول استفاده شد. براساس نتایج حاصل از تجـزیه خوشـه‌ای اکسیشـن‌های مورد مطالعه از لحاظ جغرافیایی در شش گروه‌دسته بندی شدند (۷).

چیگالـه و همکـاران (۱۹۹۲) بیست و پنج ژنوتیپ سویا (که از لحـاظ جغـرافیایی متنوع بودند) را ازلحاظ هشت صفت مورد مطالعه قـرار دادنـد .بـر اسـاس تجزیهD2 ، ژنوتیپ‌های سویا در هشت گروه دسـته‌بـندی شـدند. تـنوع جغـرافیائی بـا تـنوع ژنتیکی همبستگی خاصـی را نشـان نداد. تجزیه کانونی بر این نکته‌دلالت داشت که وزن ۱۰۰ دانـه، ارتفاع گیاه، تعداد غلاف در گیاه و تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی‌بیشترین سهم را در تنوع ژنتیکی دارا بودند (۴).

اسـنلر (۱۹۹۴) در مطالعـه مشـابهی بـه بررسـی وضعیت تنوع ژنـتیکی در ارقـام سویای آمریکا پرداخت هدف وی مطالعه و بررسی انـدازه و الگـوی تـنوع در بیـن لائیـن‌های الیت بود .در این راستا از آنالیـز ضـرایب‌والدیـنی روی ۱۲۲ لایـن از مـناطق شمالی و جنوبی آمـریکا اسـتفاده گـردید. تجـزیه خوشه‌ای به طورواضحی لاین‌های شـمالی را از گروههای بلوغV و VII مجزا نمود و چهار گروه را در هر مـنطقه پیشـنهادنمود .وی دریـافت کـه تـنوع ژنـتیکی درون و بین مـناطق مـی‌توانـد بـاتلاقی جفـت والدینی که دارای ضرایب‌والدینی (CP)پائیـنی هسـتند بکارگرفـته شـود .تأثیر این روش با استفاده از الگوهـای تجـزیه خوشـه‌ای بـرای‌بدسـت آوردن نمونه‌های کاملی از تنوع ژنتیکی می‌تواند افزایش یابد (۸).

بـا توجـه بـه مطـالب فـوق اهمیت تحقیقات بنیادی بر روی این گیـاه بـا ارزش دو چـندان می‌شود .درراستای همین هدف به عنوان تحقیـق زیربـنایی جهـت آمـاده سـازی و دسترسـی ساده‌تر به ارقام موجـود درکلکسـیون سویای ایران (به عنوان یک منبع با ارزش ژنی

---

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

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

مواد و روشها

این تحقیق در سال زراعی ۱۳۷۵ در مزرعه تحقیقاتی مؤسسه اصلاح نهال و بذر واقع در شهرستان‌کرج اجرا شد .شهرستان کرج در عرض جغرافیایی ۳۵ درجه و ۴۸ دقیقه عرض شمالی و ۵۱ درجه و ۱۰ دقیقه طول شرقی از نصف‌النهارگرینویچ قرار گرفته و ارتفاع آن از سطح دریا در حدود ۱۳۲۱ مترمی‌باشد. ۴۰۰ ژنوتیپ مورد بررسی از بخش دانه‌های روغنی مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر تهیه‌شدند .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 دراین تحقیق مورد بررسی قرار گرفتند عبارت بودند از: تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تاغلافدهی (۵۰٪ غلافدهی و گلدهی در هر کرت معیار این دو صفت بودند) طول دوره رویش، ارتفاع‌بوته، فاصله اولین غلاف از سطح زمین، قطر ساقه اصلی، تعداد شاخه فرعی، تعداد گره در ساقه‌اصلی، تعداد غلاف در ساقه اصلی، تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی، تعداد دانه در غلاف‌های ساقه‌اصلی، تعداد دانه در غلاف‌های شاخه‌های فرعی، عملکرد دانه تک بوته (بر اساس توزین کلیه دانه‌های‌ساقه اصلی و شاخه‌های فرعی)، وزن صد دانه، درصد روغن و درصد پروتیئن .

در این تحقیق با توجه به موضوع و هدف که گروه بندی ارقام مورد مطالعه بود از روش‌های آماری‌چند متغیره شامل تجزیه خوشه‌ای (متدB-average) و تابع تشخیص (تابع خطی فیشر) استفاده‌گردید .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 کلیه‌صفات مورد مطالعه با یکدیگر تفاوت معنی دار دارند وبه همین دلیل در مراحل بعدی تجزیه و تحلیل‌آماری 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 جداگانه‌انجام شد .

الف: تجزیه خوشه‌ای روی تمامی صفات، تعداد ۱۰ گروه را بر اساس دندروگرام از هم متمایز نمود.گروه های اول و هفتم به ترتیب با ۱۵۳ و ۱۹۷ ژنوتیپ بیشترین تعداد را در خود جای دادند.گروه های ۹ و ۱۰ هر کدام فقط یک ژنوتیپ را در خود جای دادند که بیشترین فاصله را با گروه های دیگردارا بودند .برای روشن‌تر شدن مطلب تعداد ارقام قرار گرفته در گروه های مذکور به همراه دندروگرام‌مربوط به این ارقام در شکل ۱ ارائه شده است . جهت مشخص کردن اندازه هر یک از صفات موردبررسی در هر یک از گروه‌ها، میانگین هر گروه برای هر صفت و میزان انحراف آن از میانگین جامعه اصلی‌در همان صفات محاسبه شد. اختلاف بدست آمده استاندارد و به صورت نمودار رسم شدند .بدین‌ترتیب هر جا که قدر مطلق میانگین صفت در یک گروه از میانگین کل جامعه در آن صفت بالاتر باشد آن‌گروه ارزش بیشتری از نظر انتخاب والدین دارد و در نهایت دو گروهی که بیشترین فاصله را از هم دارند بعنوان‌والدین انتخاب می شوند. 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 بعدی‌بیشترین بحث بر روی سایر گروه‌ها متمرکز خواهد شد .جهت نمایان‌تر ساختن اختلاف گروه‌ها، این‌مقادیر صورت نمودار رسم شده‌اند .در مورد صفت عملکرد دانه

تک بوته (شکل ۱) بیشترین اختلاف‌را گروه‌های ۳ و ۷ با گروه ۴ دارا هستند. یعنی انتخاب والدین از این گروه‌ها در برنامه‌های تلاقی می‌توانددر ایجاد ارقام برتر مؤثر باشد .با توجه به نمودار ۲ می‌توان گفت که بیشترین اختلاف از میانگین کل برای‌صفت وزن صد دانه گیاه را گروه های ۶ و ۵ با ۲ دارا هستند و تلاقی‌بین این گروه ها که از هم بیشترین‌فاصله ژنتیکی را دارا هستند احتمالا در ایجاد هتروزیس و تفکیک متجاوز در نسل‌های تفرق مؤثرتر استو برتری بیشتری را نسبت به والدین ممکن است ایجاد کند .در مورد صفت مهم تعدادگره بارور در ساقه‌اصلی که با عملکرد همبستگی مثبت معنی داری داشت گروه‌های ۴ و ۸ با ۶ و ۷ دارای بیشترین اختلاف‌از 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 می شود (شکل ۳). در مورد صفات مربوط به کیفیت نظیر درصدروغن 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 مشاهده‌می‌شود 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 موردمطالعه بر اساس تجزیه کلاستر و دندروگرام بدست آمده در ۷ گروه دسته بندی شدند که دراین میان گروه۷ با یک ژنوتیپ، دارای کمترین ژنوتیپ می‌باشد و عملا ۶ گروه اصلی که تعداد ارقام بیشتری را در خودجای داده بودند مشخص شدند. دندروگرام بدست آمده و تعداد ارقام قرار گرفته در هر گروه در شکل ۲نشان 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 نسبت‌به گروه‌های ۱ و ۲ زودرس‌تر هستند که با توجه به این نتایجو در نظر گرفتن شرایط دیگر می‌توان ارقام‌دیررس‌تر را در مناطق با عرض جغرافیایی کمتر در کشور جهت کشت توصیه نمود و ارقام گروه ۶ و ۱ درمناطق با عرض جغرافیائی بالاتر کشت کرد .

تابع تشخیص

توابع تشخیص برای گروه‌هایی که در تجزیه خوشه ای 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 خوشه ای 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 می شود چهار تابع تشخیص اول، به میزان ۹۰/۴۳ درصد از واریانس کلی را توضیح می دهند و دو تابع اول نزدیک به ۷۳ درصد از واریانس را تبیین می کنند. لذا می توان 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 می توان 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 ، می توان ژنوتیپ مذکور را به گروهی منتسب نمود که کمترین فاصله را با آن داشته باشد.

با توجه به ضرایب صفات در هر تابع می توان 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 که‌بیشترین 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 پلات‌کردن مقادیر گروه ها 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 موقعیت‌گروه‌ها 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 نمودارفوق‌الذکر 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 جهت‌گروه‌های رسیدن که ۷ گروه می‌باشند نیز توابع تشخیص محاسبه گردیدند. صفات بکار رفته در این توابع‌عبارتند از تعداد روز تا گلدهی، تعداد

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 (سانتی‌متر)	۲۹/۸	۱۲۶/۵
فاصله اولین غلاف از سطح زمین (سانتی‌متر)	۴ /۳	۲۴/۳
تعداد شاخه	۰	۱۲/۲۵
قطر ساقه اصلی (میلی‌متر)	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

جدول۲- 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
تعدادروز 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	۰/۶۰
تعدادغلاف ساقه اصلی	۰/۱۷۰	-۰/۲۰	-۱/۱۴	۲/۲۶	۰/۳۳	-۰/۶۸	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	-۰/۸۶	۰/۲۸۷	-۰/۹۳	۰/۳۲	۰/۳۲۴	-۰/۶۲۸	-۱/۲۰۳

جدول۳- مقادیر ویژه و درصد تبیین واریانس هر کدام از توابع تشخیص

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

جدول۴- ضرایب استاندارد شده صفات در توابع تشخیص اول تا چهارم

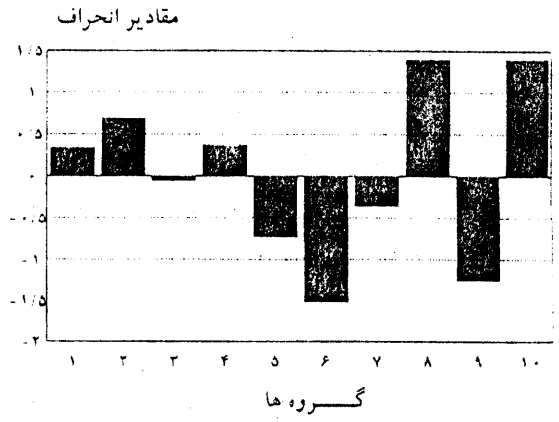
صفت گروه	تابع اول	تابع دوم	تابع سوم	تابع چهارم
عملکرد دانه تک بوته	۰/۵۰۷	۱/۷۵۸	-۲/۷۹۹	-۲/۵۹۵
وزن صد دانه	-۰/۷۰۱	-۰/۶۶۷	۱/۰۶۸	۱/۱۸۱
تعداد روز تا گلدهی	۰/۱۸۴	-۰/۱۹۵	۱/۰۳۵	۰/۱۳۹
تعداد روز تا غلافدهی	۰/۱۱۸	۰/۱۱۲	۰/۰۶۲۳	۰/۱۵۵
تعداد روز تا رسیدن	۰/۱۸۹	۰/۰۱۱۵	-۰/۰۲۵۶	۰/۲۵۸
ارتفاع گیاه	۰/۱۴۷	۰/۰۰۰۷	۰/۱۱۷	۰/۳۲۶
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 درصد تبیین واریانس هر کدام از توابع تشخیص

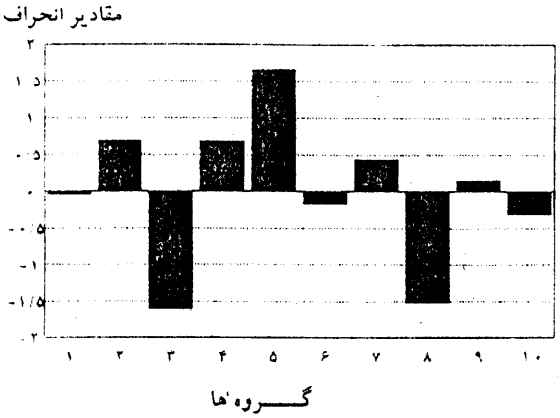
تابع	مقادیر ویژه	درصد واریانس	درصد تجمعی
۱	۹/۸۸۸	۹۳/۷۲	۹۳/۷۲
۲	۰/۵۴۵	۵/۱۷	۹۸/۸۹
۳	۰/۱۱۷۲	۱/۱۱	۱۰۰

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

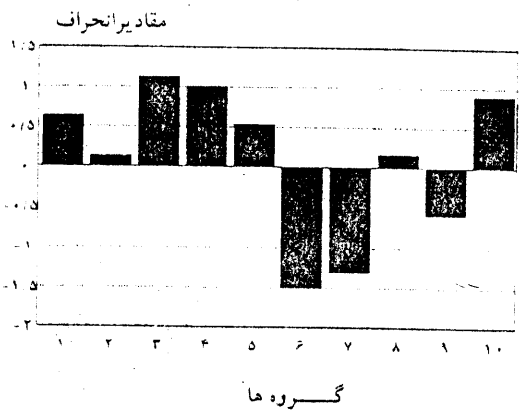
صفات	تابع اول	تابع دوم	تابع سوم
تعداد روز تا گلدهی	۰/۷۲۲	-۰/۶۰۶	-۱/۳۶۹
تعداد روز تاغلافدهی	۰/۱۹۳	۰/۰۱۰۸	۱/۶۱۶
تعداد روز تا رسیدن	۰/۲۵۶	۱/۰۳۱	-۰/۰۵۸۵



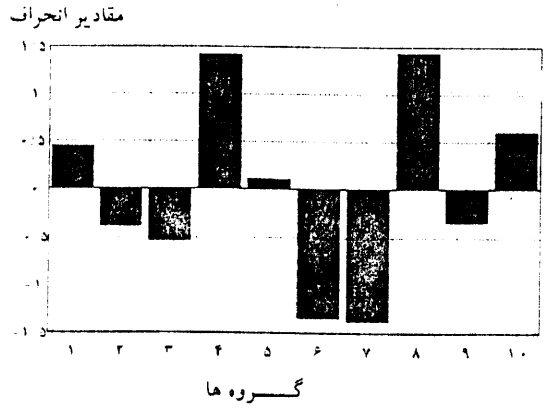
شکل ۱ – انحراف استاندارد شده میانگین هر کلاستر از میانگین کل برای صفت عملکرد تک بوته



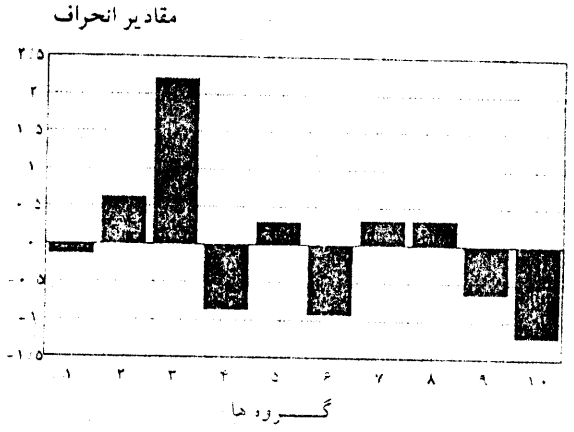
شکل ۲ – انحراف استاندارد شده میانگین هر کلاستر از میانگین کل برای صفت تعداد گره در ساقه اصلی



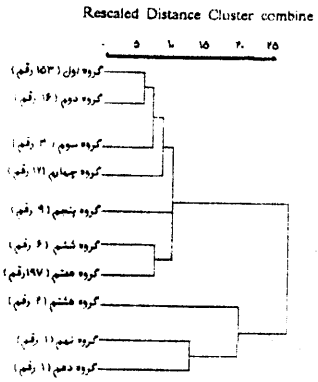
شکل ۲ – انحراف استاندارد شده میانگین هر کلاستر از میانگین کل برای صفت وزن صد دانه



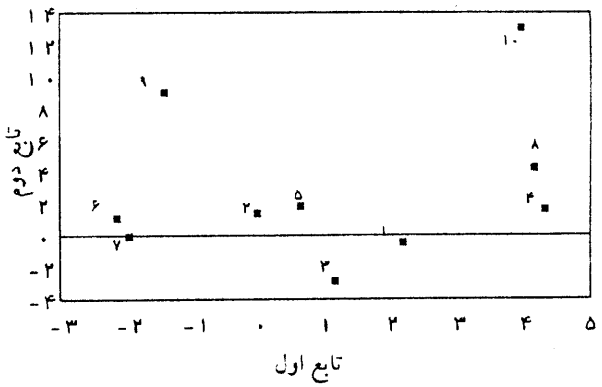
شکل ۴ – انحراف استاندارد شده میانگین هر کلاستر از میانگین کل برای صفت درصد روغن



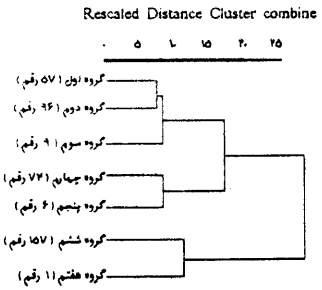
شکل ۵ – انحراف استاندارد شده میانگین هر کلاستر از میانگین کل برای صفت درصد پروتئین



شکل ۶ – دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای روی تمام صفات



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



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

روز تا غلافدهی و تعداد روز تا رسیدن. تعداد تابع تشخیص‌حاصله از تجزیه سه تابع تشخیص می‌باشد که ۱۰۰ درصد واریانس کلی را تبیین می‌نمایند. مقادیر ویژه درصدواریانس هر تابع در جدول ۵ آمده است .همان گونه که در جدول ۵ دیده می‌شود تابع اول به میزان ۹۳ درصد واریانس موجود را تبیین‌می‌نماید که می‌تواند 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 گلدهی‌مهم‌ترین عامل و تعداد روز تا رسیدن دومین عامل مهم در تمایز بین گروه‌ها است .صفت تعداد روز تاغلاف دهی ضعیف‌ترین عامل می‌باشد.

استفاده از ارقام اولیه (که بر اساس آنها گروه بندی و محاسبه‌توابع تشخیص صورت پذیرفت) در توابع تشخیص بدست آمده نشان داد که دقت این توابع در انتساب‌افراد به گروه‌های واقعی حدود ۸۷/۷۵ درصد می‌باشد .

سپاسگزاری

از پرسنل بخش تحقیقات دانه‌های روغنی و گروه اصلاح نباتات‌دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس به خاطر همکاری صمیمانه در مراحل اجرایی این تحقیق‌تشکر و قدردانی می‌شود .

مراجع مورد استفاده

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 اقالیم 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. Villasenor., 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 Science31: 1356-1360.
9. Voldeng, H. D., E. R. Cober., D. J. Huma., C. Gillard., M. J. Morrison. 1997.Fifty-eight years of genetic improvment of short-season soybean cultivars inCanada. Crop Science 37: 428-431.
10. Wang, L. 1994. Soybean: world -wide crop. World Soybean ResearcheConference V (Abstract). Thailand.

Iranian, J. Agric. Sci. Vol.32, No.2, 2001

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

M. DANAEE[1], M.R.AHMADI[2] AND A.GRAMI[3]

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 stemspod, 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 studing 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.