

گروه‌بندی ژنوتیپ‌های نخود (*Cicer arietinum* L.) سفید در کشت انتظاری با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره

ابراهیم روحی^{۱*}، پیام بزشکپور^۲، شهریار فاتحی^۳

۱- بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان کردستان، سازمان

تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، سنندج، ایران

۲- مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی،

خرم‌آباد، ایران

۳- کارشناس مدیریت جهاد کشاورزی شهرستان کامیاران، ایران

چکیده

به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی در ژرم پلاسما نخود دریافتی از یکاردا تحت شرایط دیم در کشت انتظاری، آزمایشی در سال زراعی ۹۶-۱۳۹۵ در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار در پایگاه نوآوری پروژه امنیت غذایی ایران - یکاردا واقع در شهرستان کامیاران (استان کردستان)، اجرا شد. استفاده از روش تجزیه به عامل‌ها منجر به انتخاب چهار عامل شد که در مجموع ۸۵/۷ درصد از کل تغییرات داده‌ها را توجیه کردند. عامل اول ۲۹ درصد از تغییرات را توجیه کرد که شامل صفات ارتفاع بوته، ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین، ارتفاع آخرین غلاف از سطح زمین و وزن صد دانه بود و عامل دوم که حدود ۲۸/۵ درصد از تغییرات را توجیه کرد، شامل صفات تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در بوته و عملکرد دانه بود. ژنوتیپ‌های تحت شماره ۱۶، ۴، ۱۵، ۱۴ و ۳ که دارای عامل اول و دوم مثبت و بالاتری بودند به عنوان ژنوتیپ‌های برتر با عملکرد بالا تحت شرایط دیم به صورت کشت انتظاری شناسایی شدند. با توجه به نتایج تجزیه خوشه‌ای براساس صفات مورفولوژیکی، ژنوتیپ‌های مورد بررسی در سه گروه دسته بندی شدند. ژنوتیپ‌های گروه اول و سوم از نظر اکثر صفات زراعی مورد بررسی و عملکرد دانه، میانگین بالاتری را در میان سایر گروه‌ها و همچنین میانگین کل ژنوتیپ‌ها داشتند که اکثر ژنوتیپ‌های قرار گرفته در این دو گروه، ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر اساس تجزیه پراکنش بای پلات بودند.

واژه‌های کلیدی: نخود سفید، کشت انتظاری، تجزیه به عامل‌ها، تجزیه چند متغیره، تجزیه خوشه‌ای

مقدمه

خشکسالی و تنش ناشی از آن از مهم‌ترین و رایج‌ترین تنش‌های محیطی است که تولیدات کشاورزی را با محدودیت مواجه ساخته و بازده استفاده از اراضی مناطق خشک را کاهش داده است. براساس گزارش فائو، ۹۰ درصد از مساحت کشور ایران با متوسط بارندگی ۲۴۰ میلی‌متر در نواحی خشک و نیمه خشک قرار دارد (FAO, 2010). یک سوم اراضی قابل کشت در جهان آب کافی برای کشاورزی ندارند و با تغییرات آب و هوایی و افزایش جمعیت، این مشکل در آینده جدی‌تر خواهد شد (Houero, 1996).

در بین گیاهان زراعی، خانواده حبوبات از جمله نخود، نقش مهمی در تأمین نیازهای غذایی جوامع بشری، از لحاظ کمی و کیفی به ویژه در کشورهای در حال توسعه آسیایی، آفریقایی و آمریکای لاتین دارند. اگرچه تعدادی از این گیاهان به خوبی با شرایط دیم سازگاری پیدا کرده‌اند ولی ظرفیت تولید آن‌ها اغلب پایین است. ایران یکی از مراکز اصلی تنوع نخود است ولی با این وجود افزایش عملکرد نخود در ایران از پیشرفت ناچیزی برخوردار است. جدا از مسایل به‌زراعی مانند عدم کنترل علف‌های هرز، تاریخ کاشت و مکانیزاسیون که لازم است به‌طور اساسی به آن پرداخته شود کمبود تنوع ژنتیکی یکی دیگر از مشکلاتی است که موجب پایین بودن عملکرد نخود در کشور است. افزایش تنوع و انجام تلاقی‌های لازم، یکی از راه‌کارهای افزایش عملکرد گیاه نخود است (Van Rheenen, 2004).

(1993). برای اصلاح ژنوتیپ‌های نخود و نیز نگهداری و حفظ ذخایر توارثی آن، بررسی تنوع موجود بین ژنوتیپ‌های نخود از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است (Suzuki and Konno, 1982;). شناسایی تنوع ژنتیکی به‌نژادگران را در امر شناسایی والدین برای انجام تلاقی‌های مطلوب کمک می‌کند. روش‌های زیادی برای اندازه‌گیری تنوع ژنتیکی وجود دارد. در تجزیه تک متغیره هر صفت به‌طور جداگانه تجزیه می‌شود (Yeater et al., 2004) و این تجزیه‌ها همانند تجزیه واریانس، میزان تفاوت ارقام را زمانی که صفات اندازه‌گیری شده با یکدیگر ارتباط دارند، تفسیر نمی‌کند (Yeater et al., 2004).

روش‌های آماری چند متغیره به‌طور هم‌زمان ژنوتیپ‌ها را از نظر چندین خصوصیت مورد ارزیابی قرار می‌دهند که به‌طور گسترده در ارزیابی تنوع ژنتیکی، استفاده می‌شوند. از جمله مهمترین این روش‌ها، می‌توان به تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه تابع تشخیص و تجزیه علیت (Mohammadi and Prassanna, 2003) اشاره کرد. به‌طور کلی، استفاده از روش‌های آماری چند متغیره، برای شناسایی صفات مهم و مؤثر در عملکرد و تعیین میزان سهم نسبی هر یک از آن‌ها بر عملکرد، مفید و کارآمد است. تجزیه خوشه‌ای یکی از روش‌های آماری چند متغیره است که برای تعیین تنوع بین جوامع مختلف گیاهی و جانوری و دسته‌بندی آنها به گروه‌های مختلف بر اساس فاصله ژنتیکی و یا تشابه ژنتیکی به کار گرفته می‌شود (Romesburg, 2004).

ژنتیکی ۲۵ ژنوتیپ نخود، آنها را در شش گروه قرار داده و بیشترین فاصله را بین ژنوتیپ‌های گروه ۳ و ۴ مشاهده کردند. مردی و همکاران (۱۳۸۲) در بررسی تنوع ژنتیکی و شناسایی اجزای عملکرد ۴۱۸ ژنوتیپ نخود دسی نشان دادند که از لحاظ وزن دانه با غلاف و تعداد دانه در بوته، تنوع زیادی بین ژنوتیپ‌ها وجود دارد. توکر و جاگیرگان (۲۰۰۴) برای ارزیابی عملکرد نخود، ۱۷ ژنوتیپ نخود کابلی را با استفاده از همبستگی‌های فنوتیپی و تجزیه به عامل‌ها مورد مطالعه قرار داده و نشان دادند که عملکرد دانه همبستگی معنی‌داری با عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، ارتفاع بوته، تعداد شاخه و تعداد غلاف در بوته و رابطه منفی و معنی‌داری با وزن دانه دارد. یوسل و همکاران (۲۰۰۶) در بررسی ۱۵ ژنوتیپ نخود زراعی طی دو سال متوالی نشان دادند که عملکرد دانه در گیاه روابط مثبت و معنی‌داری با ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین، تعداد کل غلاف، تعداد غلاف‌های پر و تعداد دانه در گیاه دارد. فیاض و طالبی (۱۳۸۸) نیز اظهار نمودند که تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت، صفات اصلی در انتخاب برای افزایش عملکرد نخود می‌باشند. کانونی و مالهوترا (۱۳۸۲) و مینا و همکاران (۲۰۱۰) نشان دادند که عملکرد دانه با تعداد غلاف در بوته، تعداد شاخه‌های ثانویه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت، همبستگی مثبت و معنی‌دار و با صفات تعداد روز تا گلدهی و تعداد روز تا رسیدگی همبستگی منفی معنی‌دار دارد. بنابراین تلاش برای دستیابی به ژنوتیپ‌های برتر و سازگار

(2004). این روش حداقل در دو مورد می‌تواند به به‌نژادگر کمک کند: یکی پیدا کردن گروه‌های واقعی افراد بر اساس تشابه ژنتیکی بین آن‌ها و دیگر کاهش داده‌ها و انتخاب افراد محدودی از هر گروه یا دسته (Jobson, 2012). تجزیه‌هایی از این نوع، به دسته‌بندی افراد یکنواخت در داخل یک گروه و افراد متفاوت در گروه‌های مختلف کمک می‌نماید. تجزیه به عامل‌ها اهدافی مشابه با اهداف تجزیه به مولفه‌های اصلی را در بر دارد، هدف اساسی در این روش توصیف مجموعه‌ای از P متغیر برحسب تعداد کمتری از شاخص‌ها یا عامل‌ها و نیز درک بهتر رابطه بین این متغیرها است. در تجزیه تشخیص کانونی که یکی از روش‌های آماری چند متغیره است، همه صفات به طور هم‌زمان در تفاوت بین ارقام مورد توجه قرار می‌گیرند. این روش، مقایسه بسیار قوی از جمعیت‌ها را نسبت به آنچه از تجزیه تک متغیره به دست می‌آید، فراهم می‌سازد (Yeater et al., 2004). تجزیه تشخیص کانونیکی روشی مرکب از تجزیه مولفه‌های اصلی و تجزیه همبستگی کانونیک است (Vaylay and Van Santen, 2002).

نظامی و همکاران (۱۳۸۹) در بررسی خصوصیات فنولوژیک، مورفولوژیک و عملکردی ژنوتیپ‌های نخود تیپ دسی، ۷۰ ژنوتیپ را در ۹ گروه دسته‌بندی کردند که خوشه ۱ با ۲۹ ژنوتیپ و خوشه ۹ با یک ژنوتیپ، به ترتیب بزرگترین و کوچکترین خوشه‌ها بودند. دو-ودی و گابریل (۲۰۰۹) نیز در بررسی خصوصیات فنولوژیک، مورفولوژیک، عملکردی و تنوع

مورفولوژیکی با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره (تجزیه گروه، تجزیه به مولفه‌های اصلی و تجزیه کانونیکی) انجام شد.

مواد و روش‌ها

در راستای اجرای پروژه ارتقای امنیت غذایی ایران - ایکاردا و با هدف دسترسی به ارقام دانه درشت، پابلند و پر محصول، تعداد ۲۶ ژنوتیپ نخود سفید از مرکز تحقیقات بین‌المللی ایکاردا در سال زراعی ۹۵-۱۳۹۴ در تعدادی از ایستگاه‌های تحقیقاتی موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور کشور از جمله ایستگاه سارال کردستان ارزیابی شد. تعدادی از این ژنوتیپ‌ها واجد صفات مطلوب زراعی بوده که به همراه تعدادی از ارقام داخلی برای انجام آزمون‌های بعدی انتخاب شدند. در این تحقیق که در سال زراعی ۹۶-۱۳۹۵ انجام شد، ۲۲ ژنوتیپ و رقم نخود کابلی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار در منطقه معتدل سرد پایگاه نوآوری پروژه ایران - ایکاردا در شهرستان کامیاران استان کردستان با عرض جغرافیایی ۳۴ درجه و ۴۹ دقیقه شمالی و طول جغرافیایی ۴۶ درجه و ۵۲ دقیقه شرقی با ارتفاع ۱۵۴۵ متر از سطح دریا کشت شدند. بر اساس داده‌های هواشناسی سال زراعی، میانگین بارندگی محل اجرای آزمایش ۴۱۳ میلی‌متر بود. عملیات تهیه زمین با عمق شخم ۲۵ سانتی‌متر در پاییز ۱۳۹۵ آغاز و قبل از کشت، آماده‌سازی زمین با اجرای یک شخم بهاره و دیسک انجام شد. کاشت بذر به صورت دستی در آذر ماه انجام گرفت و هر کرت آزمایشی شامل پنج خط کاشت

به شرایط مختلف محیطی، بسیار حائز اهمیت است. ارزیابی تنوع ژنتیکی بر مبنای صفات مورفولوژیک، فیزیولوژیک و زراعی می‌تواند برای سازمان‌دهی ژرم‌پلاسم، گزینش والدین مناسب برای دورگ‌گیری و تولید جمعیت‌های در حال تفرق سودمند باشد (Foundra et al., 2000).

کشت انتظاری نخود در مناطق سرد ممکن است به دلیل افزایش طول دوره رشد و افزایش بهره‌وری آب مصرفی، در مقایسه با کشت بهاره سبب افزایش عملکرد شود. اما اساسی‌ترین مشکل کشت انتظاری نخود، خطر بروز مرگ و میر گیاه و کاهش عملکرد کمی و کیفی بر اثر تنش سرما است. در برنامه‌های اصلاحی، ایجاد ژنوتیپ‌های مقاوم به سرما از راهبردهای اساسی بوده و لازمه ایجاد چنین ژنوتیپ‌هایی، وجود تنوع ژنتیکی است.

اخیراً پروژه‌ای به نام ارتقای امنیت غذایی در سیستم‌های غلات محور دیم بین ایران و مرکز تحقیقات بین‌المللی کشاورزی برای مناطق خشک (ICARDA) منعقد شد که بر اساس آن مقرر شد طی پنج سال تولید دیم در سطحی معادل ۹۰۵ هزار هکتار در چهار استان کردستان، کرمانشاه، لرستان و آذربایجان شرقی به میزان ۲۵ درصد افزایش یابد. نخود یکی از محصولات هدف این پروژه است که در تناوب با گندم، به طور اساسی فعالیت‌های تحقیقاتی، ترویجی و اجرایی در مورد آن انجام می‌شود. این تحقیق به منظور بررسی تنوع الگوی ژنتیکی و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس عملکرد دانه و صفات

بوته‌های کرت‌ها رسیده بودند، پس از حذف اثرات حاشیه‌ای، نمونه برداری از سطح ۴ متر مربع از هر کرت آزمایشی انجام و عملکرد دانه بر اساس کیلوگرم در هکتار محاسبه شد.

به طول ۱۲ متر و با فاصله خطوط ۳۰ سانتی‌متری و فاصله بذور بر روی خطوط ۱۰ سانتی‌متر و عمق بذر حدود ۷ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. در مرحله داشت، برای مبارزه با علف‌های هرز، وجین دستی صورت گرفت. زمانی که حدود ۹۰ درصد

جدول ۱- اسامی ژنوتیپ‌های نخود سفید مورد بررسی

کد ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	منشاء	کد ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	منشاء
۱	FLIP 84-79C	ایکاردا	۱۲	FLIP 09-120C	ایکاردا
۲	FLIP 84-182C	ایکاردا	۱۳	FLIP 09-159C	ایکاردا
۳	FLIP 85-17C	ایکاردا	۱۴	FLIP 09-289C	ایکاردا
۴	FLIP 86-6C	ایکاردا	۱۵	FLIP 90-96C	ایکاردا
۵	FLIP 87-8C	ایکاردا	۱۶	FLIP 97-530C	ایکاردا
۶	FLIP 97-266C	ایکاردا	۱۷	ILC482	ترکیه
۷	FLIP 98-121C	ایکاردا	۱۸	Arman	ایکاردا
۸	FLIP 09-7C	ایکاردا	۱۹	Azad	ایکاردا
۹	FLIP 09-67C	ایکاردا	۲۰	Saral	ایکاردا
۱۰	FLIP 09-72C	ایکاردا	۲۱	Azkan	ترکیه
۱۱	FLIP 09-84C	ایکاردا	۲۲	Akso	ترکیه

نمودارهای دو بعدی از نرم افزارهای SPSS22 و Minitab16 استفاده شد. ضرایب عامل‌ها پس از چرخش وریماکس^۱ بر مبنای تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برآورد شدند. البته در ابتدا به منظور تشخیص مناسب بودن داده‌ها برای تحلیل عاملی از دو چرخش KMO (کایزر-میر-اولکین) و آزمون بارتلت استفاده شد. هم‌چنین برای تعیین اعتبار داده‌ها، آن‌ها به دو قسمت تصادفی تقسیم شدند و سپس تجزیه به عامل‌ها برای هر قسمت به طور جداگانه انجام شد. با توجه به این که نتایج در دو

صفات مورد بررسی شامل ارتفاع بوته، ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین، ارتفاع آخرین غلاف از سطح زمین، تعداد غلاف بارور در بوته، تعداد دانه در غلاف، تعداد دانه در بوته، تعداد شاخه‌های ثانویه، وزن صد دانه بود که پس از میانگین‌گیری مشاهدات برای صفات مورد بررسی، مورد تجزیه آماری قرار گرفتند.

برای آزمون نرمال بودن داده‌ها و یکنواختی واریانس از نرم افزار Minitab 16، برای تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و ترسیم

1- Varimax

بوته و تعداد دانه در بوته همبستگی مثبت و معنی دار دارد. بیشترین ضرایب همبستگی به ترتیب بین صفات تعداد غلاف در بوته و تعداد دانه در بوته با متوسط ۰/۹۴ و ارتفاع بوته و ارتفاع آخرین غلاف از سطح زمین با متوسط ۰/۹۲ مشاهده شد. سایر محققان (Malik et al., 2010; Meena et al., 2010; Toker, 2004) نیز همبستگی معنی داری بین صفات فوق و عملکرد دانه گزارش کردند.

تجزیه به عامل‌ها: از طریق تجزیه به عامل‌ها می‌توان به تاثیر شرایط محیطی بر اهمیت و گروه‌بندی صفات پی برد. ضرایب عامل‌ها پس از چرخش وریماکس بر مبنای تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برآورد شدند (جدول ۳). البته در ابتدا به منظور تشخیص مناسب بودن داده‌ها برای تحلیل عاملی از دو شاخص KMO (کایزر-میر-اولکین) و آزمون کرویت بارتلت استفاده شد. با توجه به این که مقدار KMO برابر ۰/۴۸۵ به دست آمد، لذا همبستگی‌های موجود بین داده‌ها برای تحلیل عاملی مناسب بودند. آزمون کرویت نیز معنی دار بود ($X^2=401/798$) که وجود همبستگی کافی بین متغیرها را نشان داد. بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که داده‌ها برای تحلیل عاملی مناسب می‌باشند.

برای تعیین اعتبار داده‌ها، آنها به دو گروه تصادفی تقسیم شدند و سپس تجزیه به عامل‌ها برای هر گروه به طور جداگانه انجام شد. با توجه به این که نتایج در دو گروه یکسان بود، تغییر افراد روی نتایج تأثیری نداشت و بنابراین تجزیه به عامل‌ها با استفاده از صفات مورد بررسی صورت گرفت. بر

گروه یکسان بود، تغییر افراد روی نتایج تأثیری نداشته و می‌توان یک جمع‌بندی کلی داشت. همچنین برای تأیید صحت گروه‌بندی انجام شده، از تجزیه واریانس چند متغیره، تجزیه تابع تشخیص استفاده شد. علاوه بر این، برای بررسی تفاوت گروه‌ها از لحاظ صفات مختلف، مقایسه میانگین گروه‌ها برای صفات مورد بررسی انجام شد.

پس از آزمون همگنی واریانس‌ها، تجزیه داده‌ها با استفاده از برنامه‌های SAS 9.1 و MSTATC انجام شد. تعیین ضرایب همبستگی ساده، تجزیه به عامل‌ها و تجزیه خوشه‌ای با استفاده از برنامه SPSS 19 و Minitab 16 صورت گرفت. برای تأیید صحت گروه‌بندی انجام شده از تجزیه واریانس چند متغیره، تجزیه تابع تشخیص، استفاده شد. همچنین برای بررسی تفاوت گروه‌ها از لحاظ صفات مختلف، مقایسه میانگین گروه‌ها برای صفات مورد بررسی انجام گرفته و بر اساس ژنوتیپ‌های هر گروه، میانگین هر تکرار در نظر گرفته شد و تجزیه واریانس یک طرفه انجام گرفت.

نتایج و بحث

تعیین ضرایب همبستگی ساده: شناخت رابطه بین عملکرد دانه و صفات مورفولوژیک در اجرای برنامه‌های گزینش، اهمیت زیادی دارد. بر اساس میانگین ژنوتیپ‌ها ضرایب همبستگی ساده بین صفات مورد بررسی محاسبه شد. نتایج حاصل از تحلیل همبستگی بین صفات (جدول ۲) نشان داد که عملکرد دانه به ترتیب با صفات تعداد غلاف در

1- Varimax
2- Data Validation

این اساس چهار عامل بر اساس مقادیر ویژه بزرگتر از ۱ انتخاب شدند که در مجموع ۸۵/۷۱ درصد از تغییرات موجود در کل داده‌ها را توجیه کردند (جدول ۳).

جدول ۲- ضرایب همبستگی بین صفات مورد بررسی در ژنوتیپ‌های نخود کابلی در شرایط دیم به صورت کشت انتظاری

ارتفاع بوته (۱)	ارتفاع اولین غلاف (۲)	ارتفاع آخرین غلاف (۳)	تعداد غلاف در بوته (۴)	تعداد دانه در غلاف (۵)	تعداد دانه در بوته (۶)	تعداد شاخه جانبی (۷)	وزن صد دانه (۸)	عملکرد دانه (۹)
۰/۷۵**	۱							
۰/۹۲**	۰/۵۸**	۱						
۰/۱۶	-۰/۰۸	۰/۱۹	۱					
-۰/۰۸	-۰/۰۴	-۰/۰۱	-۰/۴۵*	۱				
۰/۱۶	-۰/۰۹	۰/۲۱	۰/۹۴**	-۰/۱۲	۱			
۰/۲۲	۰/۲۶	۰/۱۶	۰/۶۰**	-۰/۵۲*	۰/۴۹*	۱		
۰/۳۶	۰/۱۷	۰/۳۳	-۰/۰۷	۰/۰۷	-۰/۰۵	۰/۴۹*	۱	
-۰/۱۶	-۰/۳۵	-۰/۰۶	۰/۴۹*	-۰/۰۷	۰/۵۱*	-۰/۰۵	-۰/۳۲	۱

* و ** به ترتیب معنی دار در سطح احتمال پنج و یک درصد

جدول ۳- تجزیه به عامل‌ها با چرخش و ریماکس برای ژنوتیپ‌های نخود تحت شرایط دیم به صورت کاشت انتظاری

میزان اشتراک	عامل چهارم	عامل سوم	عامل دوم	عامل اول	صفت
۰/۹۵۳	-۰/۲۰۴	-۰/۰۷۱	۰/۰۶۷	۰/۹۵۰	ارتفاع بوته
۰/۸۴۰	۰/۰۸۵	-۰/۱۳۵	-۰/۲۷۶	۰/۸۶۰	ارتفاع اولین غلاف
۰/۸۷۴	-۰/۲۰۹	۰/۰۳۶	۰/۱۸۲	۰/۸۹۲	ارتفاع آخرین غلاف
۰/۹۷۳	-۰/۰۵۲	-۰/۰۵۱	۰/۸۴۵	۰/۰۰۷۴	تعداد غلاف در بوته
۰/۷۶۰	۰/۰۶۱	۰/۸۶۶	-۰/۰۵۴	۰/۰۵۹	تعداد دانه در غلاف
۰/۹۰۲	-۰/۰۳۱	-۰/۲۴۳	۰/۹۱۰	۰/۱۲۰	تعداد دانه در بوته
۰/۸۴۶	۰/۲۷۰	-۰/۸۰۶	۰/۲۴۴	۰/۲۵۴	تعداد شاخه جانبی
۰/۹۶۰	-۰/۹۴۶	۰/۰۹۱	-۰/۰۹۶	۰/۲۱۶	وزن صد دانه
۰/۷۶۲	۰/۲۶۲	۰/۱۸۳	۰/۷۸۹	-۰/۱۹۵	عملکرد دانه
۷/۸۷۱	۱/۱۳۷	۱/۷۷۵	۲/۳۴۹	۲/۶۰۹	مقادیر ویژه
۰/۸۷۵	۰/۱۲۶	۰/۱۹۷	۰/۲۶۱	۰/۲۹۰	سهم انفرادی

عامل اول ۲۹ درصد از تغییرات را توجیه کرد که شامل صفات ارتفاع بوته، ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین، ارتفاع آخرین غلاف از سطح زمین و وزن صد دانه با بار مثبت بود. عامل دوم که حدود ۲۸/۵ درصد از تغییرات را توجیه کرد، شامل صفات تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در بوته و عملکرد دانه با بار مثبت بود که به همراه عامل اول، صفات مربوط به عملکرد و اجزاء عملکرد را شامل شدند. عامل اول، عامل ویژگی‌های ریخت‌شناسی نام گرفت و عامل دوم، عامل ویژگی‌های عملکرد دانه نام گرفت. با توجه به اهمیت این دو عامل، صفات مذکور به عنوان مهم‌ترین صفات برای انتخاب ژنوتیپ‌های نخود سفید بوده و ژنوتیپ‌های برگزیده، بیشترین میزان عملکرد دانه در بوته را نشان خواهند داد. این نتیجه با گزارش‌های سایر محققان دیگر نیز مطابقت دارد که در آن مجموع عوامل اول و دوم در تجزیه و تحلیل عامل از ۳۵ تا ۵۹ درصد گزارش شده است (مردی و همکاران، ۱۳۸۲، پوریامچی و همکاران، ۱۳۹۲، حسنی و همکاران، ۱۳۹۵).

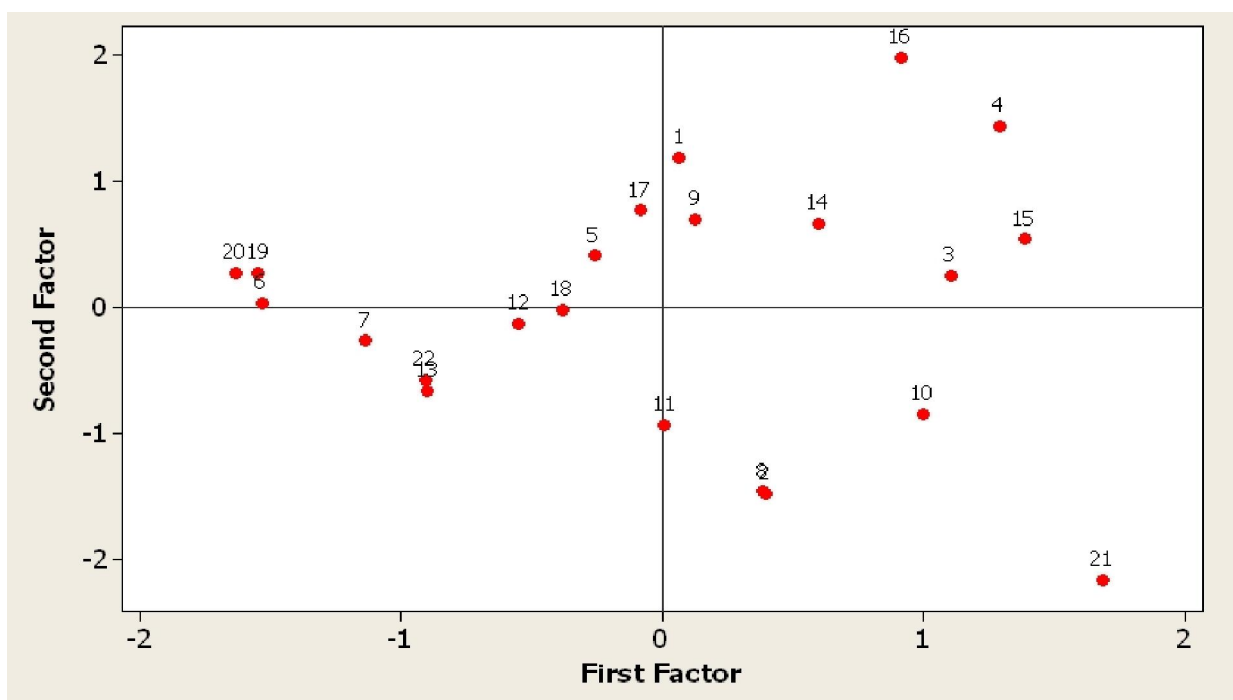
نتایج به دست آمده با توجه به توجیه بیش از ۸۵ درصد تغییرپذیری‌ها به واسطه چهار عامل و هم‌خوانی با نتایج دیگر بررسی‌ها معتبر بوده و عامل‌های عملکرد دانه و ویژگی‌های ریخت‌شناسی تعیین شدند. در نتایج پژوهشی دیگر برای تعیین صفات مؤثر بر عملکرد دانه در ۳۶ رگه (لاین) نخود، چهار عامل ۷۷/۲ درصد واریانس را توجیه کردند (Kamel et al., 2008). در بررسی دیگری مطابق با تحلیل عاملی، پنج عامل به دست آمدند که بیش از ۸۱ درصد تغییرپذیری‌ها

را توجیه کردند که عامل اول با توجیه ۲۲ درصد تغییر، به عنوان عامل تعیین‌کننده اندازه دانه، عامل دوم با توجیه ۲۰ درصد تغییرپذیری، به عنوان عامل عملکرد، عامل سوم با توجیه ۱۶ درصد تغییرپذیری، به عنوان عامل ریخت‌شناسی، عامل چهارم با توجیه ۱۴/۲ درصد تغییرپذیری به عنوان عامل شاخص برداشت و عامل پنجم با توجیه ۹ درصد از تغییرپذیری به عنوان درصد باروری نام گرفتند (Ghorbani et al., 2013).

به منظور یافتن ویژگی‌های تعیین‌کننده معیار برای گزینش عملکرد دانه نخود از روش تحلیل عاملی، سه عامل ۹۲/۹ درصد تغییرپذیری‌ها را توجیه کردند. عامل‌های یک، دو و سه به ترتیب ۵۱/۳، ۲۴/۸ و ۱۶/۸ درصد واریانس را توجیه کردند (Toker and Cagiran, 2004). عامل سوم که حدود ۱۹/۷ درصد تغییرات را توجیه کرد، شامل صفات تعداد دانه در غلاف با بار مثبت و تعداد شاخه جانبی با بار منفی می‌باشد. میزان اشتراک نیز بخشی از واریانس یک متغیر است که به عامل‌های مشترک مربوط می‌شود که هر چه بیشتر باشد، نشان دهنده دقت بیشتر در برآورد واریانس متغیر مربوطه می‌باشد (Jackson, 1991). همان‌طور که ملاحظه می‌شود، میزان اشتراک اکثر صفات بالا می‌باشد (جدول ۳). این امر، نشان می‌دهد که تعداد عامل مورد انتخاب، مناسب بوده و عامل‌های منتخب توانسته‌اند تغییرات صفات را به نحو مطلوبی توجیه نمایند. با توجه به میزان اشتراک، صفات تعداد غلاف در بوته (۰/۰۹۴۵) بیشترین اشتراک و بیشترین دقت و وزن صد دانه (۰/۴۲۱) کمترین اشتراک و کمترین دقت را

برای به دست آوردن پراکنش و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در دستگاه مختصات، استفاده شد (شکل ۱). ژنوتیپ‌های ۱۶، ۴، ۱۵، ۱۴ و ۳ از نظر عامل‌های اول و دوم، مثبت و بالاتر بودند، لذا این ژنوتیپ‌ها را می‌توان به عنوان ژنوتیپ‌های با عملکرد و اجزای عملکرد بالا معرفی کرد.

داشتند. نقوی و جهانسوز (۲۰۰۵) تعداد دانه در بوته، عملکرد دانه در بوته، تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف و وزن صد دانه را به عنوان عامل عملکرد معرفی کردند. با توجه به این که دو عامل اصلی اول و دوم بیشترین تغییرات واریانس‌ها را توجیه کردند و صفات عملکرد دانه و اجزای عملکرد در این عامل‌ها قرار داشتند از این دو عامل



شکل ۱- پراکنش ژنوتیپ‌های نخود کابلی بر اساس دو عامل اصلی اول و دوم تحت شرایط دیم به صورت کشت انتظاری

ناگهانی در اختلاف دو فاصله ادغام متوالی و ریشه دوم تعداد افراد استفاده گردید و صحت آن با تابع تشخیص مورد ارزیابی قرار گرفت و در نهایت تعداد کلاستر مناسب تعیین شد. بر این اساس، ژنوتیپ‌های مورد بررسی در سه گروه دسته‌بندی شدند که در گروه اول، نه ژنوتیپ، گروه دوم، هفت ژنوتیپ و در گروه سوم، شش ژنوتیپ قرار

تجزیه خوشه‌ای: به منظور تعیین قرابت ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی آنها بر مبنای صفات مورد بررسی، از تجزیه خوشه‌ای به روش وارد و معیار فاصله اقلیدوسی به منظور تعیین خویشاوندی ژنوتیپ‌های مورد بررسی و گروه‌بندی آنها بر اساس صفات مهم زراعی استفاده شد. برای تعیین تعداد کلاستر مناسب از روش بیشترین گسیختگی بر اساس تغییر

گرفتند (شکل ۲). به منظور تایید اختلاف بین گروه‌ها، تجزیه واریانس چند متغیره بر پایه طرح کاملاً تصادفی نامتعادل برای صفات مورد نظر انجام شد که در آن هر چهار آماره ویلکس لامبدا (۰/۰۰۰۱)، اثر پیلاری (۷/۶۶۷)، اثر هتلینگ (۷۲۲/۷۹) و بالاترین ریشه روی (۳۴۶/۲۱۱) در سطح احتمال یک درصد معنی دار شدند. بنابراین به طور قاطع می‌توان نتیجه گرفت، بین بردار میانگین‌ها اختلاف معنی داری وجود داشت. به این ترتیب، ژنوتیپ‌های قرار گرفته در درون گروه‌ها نسبت به ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه‌های متفاوت از نظر این صفات، شباهت بیشتری با هم داشته و گروه‌بندی، صحیح بوده است. از طرف دیگر، به منظور بررسی صحت گروه‌بندی‌های بدست آمده از روش تجزیه خوشه‌ای، از تابع تشخیص استفاده گردید که نتایج گروه‌بندی تابع تشخیص در جدول ۴ آمده است.

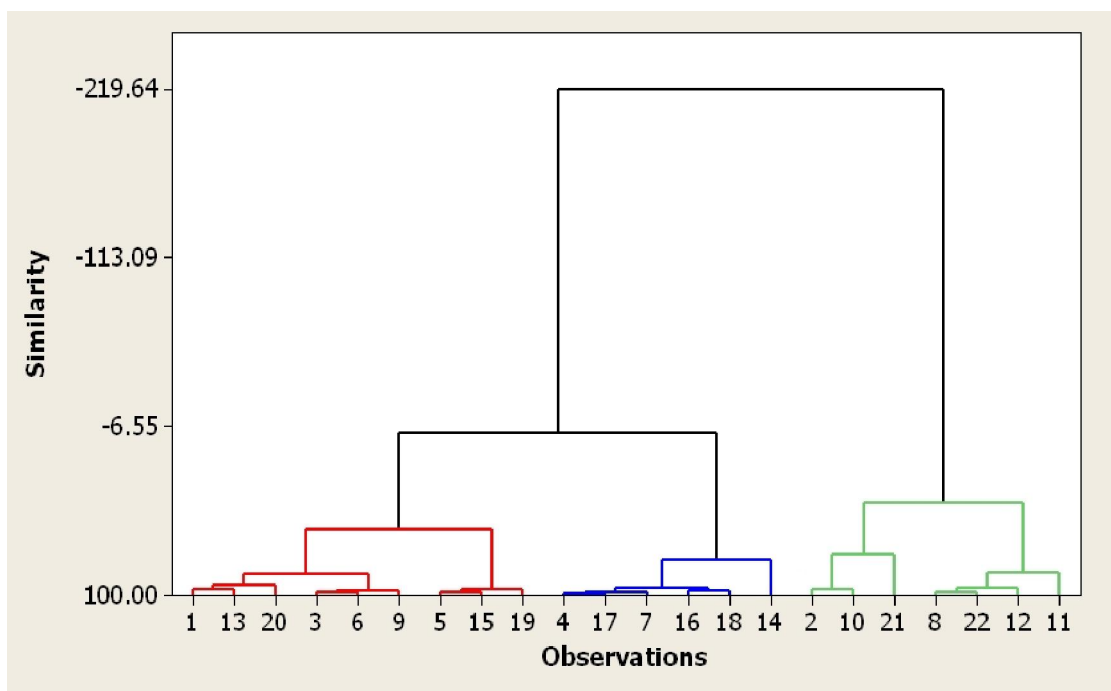
نتایج تجزیه تابع تشخیص نشان داد که تمامی ژنوتیپ‌ها به طور صحیح گروه‌بندی شده‌اند و میزان موفقیت تابع تشخیص برای تمام گروه‌ها ۱۰۰ درصد است که این مقدار را میزان موفقیت کل تابع تشخیص گویند. میزان موفقیت نشان می‌دهد که تابع تشخیص تا چه حد در گروه‌بندی یا تشخیص بین گروه‌ها موفق بوده است. در تجزیه تابع تشخیص کانونیک، دو متغیر کانونیک اول که مقادیر ویژه بالاتر از یک داشتند در مجموع ۹۹/۴ درصد واریانس موجود را تبیین کردند که می‌تواند به عنوان معیاری مطمئن برای انتساب ارقام جدید به گروه صحیح مورد استفاده قرار گیرد. هر متغیر کانونیک، ترکیب خطی مجموعه متغیرهای

پیش‌بینی کننده و متغیرهای مجموعه اندازه‌گیری شده را محاسبه می‌کند (Vaylay and Van, 2002).

همبستگی‌های کانونیک بسیار معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها با اولین متغیر کانونیک ($R_c=0/99$) و دومین متغیر کانونیک ($R_c=0/998$) نشان دهنده این است که متغیرهای کانونیک تفاوت بین ارقام را به خوبی توجیه می‌کنند (جدول ۴). ضرایب تشخیص استاندارد شده کانونیک همبستگی خطی ساده بین متغیرهای اصلی و متغیرهای کانونیک را محاسبه می‌کند، لذا ضرایب تشخیص استاندارد شده کانونیک، منعکس کننده واریانس مشترکی است که متغیرهای اندازه‌گیری شده با متغیرهای کانونیک دارند و می‌تواند در ارزیابی توجیه نسبی هر متغیر در هر مرحله کانونیک مورد تفسیر قرار گیرد (Cruz-Castillo et al., 1994).

رنشر (۲۰۰۲) نیز توصیه می‌کند که برای تفسیر توابع تشخیص، از ضرایب تشخیص استاندارد شده استفاده شود. این ضرایب، تاثیرات هر صفت را پس از حذف اثرات سایر صفات در توابع تشخیص به دست می‌دهد. در حقیقت، اثرات خاص هر صفت را در تابع تشخیص محاسبه می‌کند. بر اساس ضرایب استاندارد شده کانونیک صفت تعداد شاخه جانبی در اولین معادله تشخیص کانونیک، قابل توجه است (جدول ۴). هم‌چنین ضرایب صفات عملکرد دانه و ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین در دومین معادله تشخیص کانونیک زیاد است (جدول ۴). این نتایج حاکی از آن است که این صفات بیشترین تأثیر را در تنوع بین ژنوتیپ‌ها

دارند. سپس از متغیرهای کانونیکی معنی دار اول و دوم برای گروه بندی ارقام استفاده شد (شکل ۲).



شکل ۲- دندروگرام مربوط به گروه بندی ژنوتیپ های نخود کابلی با استفاده از صفات زراعی تحت شرایط دیم به صورت کشت انتظاری

جدول ۴: ضرایب استاندارد کانونیکی صفات اندازه گیری شده در ژنوتیپ های نخود کابلی تحت شرایط دیم در کشت انتظاری

متغیرهای کانونیکی		
۲	۱	
۰/۵۳۸	۰/۸۴۰*	عملکرد دانه a
-۰/۴۴۵	-۰/۷۳۶*	تعداد شاخه جانبی a
-۰/۳۴۶	۰/۳۷۳*	ارتفاع بوته
-۰/۲۰۰	۰/۲۳۳*	تعداد دانه در غلاف
۰/۹۷۰	۰/۲۲۰*	تعداد دانه در بوته a
۰/۹۳۲*	-۰/۱۱	ارتفاع آخرین غلاف a
۰/۸۲۵*	۰/۵۶۴	ارتفاع اولین غلاف a
-۰/۷۷۶*	۰/۱۰۰	وزن صد دانه a
۰/۳۵۸*	-۰/۲۴۲	تعداد غلاف در بوته a
۸۲/۶۰۰a	۲۵۹۰/۹	مقادیر ویژه
۱۰۰/۰	۹۶/۹	درصد سهم تجمعی
۰/۹۹۴	۰/۹۹	همبستگی کانونیکی

جدول ۵: تجزیه واریانس گروه‌ها بر اساس صفات مورد بررسی تحت شرایط دیم به صورت کشت انتظاری

صفات	واریانس بین گروهی	واریانس درون گروهی
درجه آزادی	۱	۲۱
ارتفاع بوته	۳۶/۶۱۳	۰/۶۴۰
ارتفاع اولین غلاف	۲۳/۵۳۳	۰/۶۳۲
ارتفاع آخرین غلاف	۳۲/۷۲۱	۰/۴۱۶
تعداد غلاف در بوته	۴۳/۵۳۹	۰/۴۸۴
تعداد دانه در غلاف	۰/۰۱۴	۰/۰۰۲
تعداد دانه در بوته	۴۵/۹۴۲	۰/۹۳۸
تعداد شاخه جانبی	۴/۳۶۵	۰/۳۲۴
وزن صد دانه	۲۸/۴۷۵	۰/۲۴۰
عملکرد دانه	۴۱۸۶۴۹/۲۶۸	۱۲۷۹۹۵/۷۷۳

منشاء کشور ترکیه در گروه‌های سوم و چهارم و در کنار هم دیگر قرار گرفتند.

بین گروه‌ها در کلیه صفات مورد بررسی اختلاف معنی‌داری مشاهده شد (جدول ۵). بدیهی است اگر میانگین یک صفت در یک خوشه، از میانگین آن صفت در سایر خوشه‌ها و همچنین میانگین کل بالاتر باشد، بدین مفهوم است که ژنوتیپ‌های آن گروه برای آن صفت، ارزش بیشتری دارند. بر اساس نتایج مقایسه میانگین صفات برای گروه‌ها (جدول ۶) ژنوتیپ‌های گروه اول به همراه ژنوتیپ‌های گروه سوم از نظر اکثر صفات زراعی مورد بررسی در مقایسه با گروه دوم و میانگین کل ژنوتیپ‌ها، از ارزش بالاتری برخوردار بودند. بنابراین ژنوتیپ‌های این گروه را می‌توان به عنوان ژنوتیپ‌های برتر در این تحقیق معرفی کرد.

با توجه به نتایج واکنش ژنوتیپ‌ها در فضای بای پلات (شکل ۱) نیز اکثر ژنوتیپ‌های گروه اول

بر این اساس، سه گروه کاملاً مجزا به دست آمد و در هر گروه، تنوع ژنتیکی درون گروهی فاصله کمی نسبت به تنوع ژنتیکی بین گروهی داشت. در حقیقت ارقام هر گروه فاصله ژنتیکی کمی با یکدیگر داشتند. بیشترین فاصله بین گروه‌های ۲ و ۱ و کمترین فاصله بین گروه‌های ۲ و ۳ مشاهده گردید (جدول ۶ و شکل ۲). همچنین ژنوتیپ‌های گروه دوم از نظر متغیر کانونیکی اول و ژنوتیپ‌های گروه ۳ از نظر متغیر کانونیکی دوم، بیشترین مقدار را به خود اختصاص دادند (شکل ۲). با توجه به گروه اول و سوم که دارای عملکرد و اجزای عملکرد خوبی بوده و در عین حال فاصله ژنتیکی بالایی با یکدیگر دارند در برنامه‌های به نژادی جهت ایجاد ژنوتیپ‌های جدید با عملکرد بالا، می‌توان از تلاقی بین این گروه‌ها استفاده کرد. به منظور بررسی بهتر گروه‌ها، برای تک تک صفات مورد بررسی به صورت جداگانه تجزیه واریانس یک طرفه انجام شد و ژنوتیپ‌های با

نشان دادند. بنابراین با توجه نتایج تجزیه خوشه‌ای می‌توان از تلاقی ژنوتیپ‌های گروه اول و سوم برای تولید ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا اقدام نمود.

و سوم از نظر عامل دوم که عملکرد و اجزای عملکرد را شامل بود، مقادیر بالاتری را داشتند. ژنوتیپ‌های گروه دوم از نظر اکثر صفات زراعی، مقادیر کمتری نسبت به میانگین کل ژنوتیپ‌ها

جدول ۶: تجزیه خوشه‌ای در ژنوتیپ‌های نخود کابلی در شرایط کشت انتظاری

صفات	گروه ۱	گروه ۲	گروه ۳	میانگین کل
ارتفاع بوته	۴/۰۸۶±۴۳/۲۱۷	۳/۵۹۶±۴۶/۵۵۷	۴/۳±۴۶/۸۲	۴۵/۷
ارتفاع اولین غلاف	۴/۴۶۳±۲۴/۷۴۴	۳/۹۸±۲۷/۳۳	۲/۰۴۵±۲۶	۲۶/۲
ارتفاع آخرین غلاف	۳/۹۰۵±۳۹/۸۱۷	۳/۶۴۸±۴۲/۴۷۹	۳/۷۵±۴۳/۴۵	۴۲/۲
تعداد غلاف در بوته	۳/۸۱۸±۲۲/۸۶۷	۲/۶۱۷±۱۷/۹	۵/۱۸±۲۴/۰۵	۲۰/۹
تعداد دانه در غلاف	۰/۱۰۱±۱/۱۷۷	۰/۰۷۶±۱/۱۶۵	۰/۰۷±۱/۱۱۶	۱/۲
تعداد دانه در بوته	۳/۷۳۲±۲۶/۷۱۱	۲/۷۵۹±۲۰/۷۷	۵/۳۴±۲۶/۷	۲۴/۱
تعداد شاخه جانبی	۱/۶۴۵±۸/۲۸۳	۱/۳۴۸±۷/۳۳۶	۱/۳۵۴±۷/۴	۷/۶
وزن صد دانه	۲/۸۲۱±۳۰/۸۱	۳/۸۹±۳۴/۸۳	۳/۵۹±۳۳/۰۳	۳۲/۹
عملکرد دانه	۱۶۰/۲±۲۰۰/۵	۲۲۰±۱۶۲۶/۷	۱۲۶/۹±۲۲۱۱/۱	۱۹۰۷/۸

نتیجه‌گیری

توجه به این که بیشترین تنوع برای این صفات در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی مشاهده شد، با انتخاب و اصلاح برای این صفات می‌توان عملکرد دانه را به نحو مطلوبی افزایش داد. علاوه بر این، استفاده از روش تجزیه خوشه‌ای در تمایز ژنوتیپ‌ها به زیرگروه‌های مشابه بر اساس صفات مورفولوژیک و زراعی، نتیجه مطلوب و قابل قبولی در برداشت.

تشکر و قدردانی

این پژوهش با حمایت مالی معاونت زراعت و با استفاده از اعتبارات پروژه ارتقای امنیت غذایی ایران - ایکاردا در سیستم‌های غلات محور، اجرا شد که بدین وسیله از معاون محترم وزیر در امور زراعت جناب آقای مهندس کشاورز، قائم مقام

به‌طور کلی نتایج نشان داد که بین ارقام مورد بررسی تنوع ژنتیکی معنی‌داری وجود دارد و برخی از ژنوتیپ‌ها با داشتن توان تولید بالا و یا صفات مطلوب دیگر می‌توانند در برنامه‌های به نژادی مورد استفاده قرار گیرند و منشاء تولید واریته‌های اصلاح شده باشند. تجزیه تابع تشخیص کانونیکی نیز در محاسبه میزان تنوع و شناسایی صفات بسیار موثر در تنوع ژنوتیپ‌های نخود سفید، موفق عمل کرد. صفات تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در بوته، وزن صد دانه و تعداد دانه در غلاف از جمله صفات مهم و تاثیر گذار بر عملکرد دانه بوده و می‌توان با گزینش برای این صفات عملکرد دانه را افزایش داد. هم‌چنین با

معاونت جناب آقای دکتر وفابخش، مدیر ملی
پروژه جناب آقای دکتر عزیزنیا، دفتر ایکاردا در
ایران جناب آقایان دکتر صادقیان و دکتر رضایی و
هم چنین جناب آقای مهندس سپری معاون محترم

بهبود تولیدات گیاهی سازمان جهاد کشاورزی
کردستان و همکاران ایشان در مدیریت جهاد
کشاورزی کامیاران تشکر و سپاسگزاری می شود.

منابع

حسینی حدیث، نباتی احمدی داریوش، پزشکیور پیام، سرخه کریم. ۱۳۹۵. ارزیابی تنوع ژنتیکی و وراثت پذیری صفات کمی در ژنوتیپ های نخود های تیب کابلی در شرایط دیم. نشریه پژوهشهای حبوبات ایران. جلد ۷ (۱). صفحات ۱۳۴-۱۲۱.

فیاض فرزاد، طالبی رضا. ۱۳۸۸. تعیین روابط میان عملکرد و برخی از اجزای عملکرد نخود زراعی (*Cicer arietinum L*) با استفاده از تجزیه علیت. پژوهش های زراعی ایران. جلد ۸ (۱). صفحات ۱۴۳-۱۳۷.

کانونی همایون، مالهوترا راجیندراسینگ. ۱۳۸۲. مطالعه تنوع ژنتیکی و روابط بین صفات زراعی در لاین های نخود در شرایط دیم (*Cicer arietinum L*). مجله علوم زراعی ایران. جلد ۵ (۳). صفحات ۱۹۳-۱۸۵.

مردی محسن، طالعی علی اشرف، امیدی منصور. ۱۳۸۲. بررسی تنوع ژنتیکی و شناسایی اجزاء عملکرد در نخود تیب دسی. مجله علوم کشاورزی ایران. جلد ۳۴ (۲). صفحات ۳۵۱-۳۴۵.

نظامی احمد، پورامیر فرزین، مومنی صیاد، پرسا حسن. ۱۳۸۹. ارزیابی صفات فنولوژیک، مورفولوژیک و عملکردی بخشی از مجموعه ژرم پلاسما نخود بانک بذر دانشگاه فردوسی مشهد. الف: نخودهای تیب دسی. نشریه پژوهش های حبوبات ایران. جلد ۱ (۲). صفحات ۳۶-۲۱.

پوریامچی هادی محمد علی، بی همتا محمد رضا، پیغمبری سید علی، نقوی محمد رضا، مجنون حسینی ناصر. ۱۳۹۲. گروه بندی تعدادی ژنوتیپ نخود کابلی با استفاده از روشهای آماری چندمتغیره. نشریه پژوهش های حبوبات ایران. جلد ۴ (۲). صفحات ۳۴-۲۱.

Cruz-Castillo JG, Ganeshanandam, S, MacKay BR, Lawes GS, Lawoko CRO, Woolley DJ. 1994. Applications of canonical discriminant analysis in horticultural research. Horticultural Science 29: 1115-1119.

Dwevedi KK, Gaibriyal. ML. 2009. Assessment of genetic diversity of cultivated chickpea (*Cicer arietinum L.*). Asian Journal of Agricultural Sciences 1: 7-8.

FAO. 2010. FAOSTAT. Available in <http://faostat.fao.org/>[28 May 2010].

Foundra MZ, Hernandez M, Lopez R., Fernandez L, Sanchez A, Lopez J. Ravelo I. 2000. Analysis of the variability in collected peanut (*Arachis hypogaea L.*) cultivars for the establishment of core collection. PGR Newsletter 137: 1540-1544.

Ghorbani T, Cheghamirza K, Bardideh K, Basiri Shoar P. 2013. Recognition and determination of related traits importance with seed yield in chickpea (*Cicer arietinum L.*). Journal of Plant Breeding Science 68: 15-24.

- Houerou L. 1996. Climate change, drought and desertification. *Journal of Arid Environments* 34: 133-185.
- Jobson J. 2012. *Applied multivariate data analysis: volume II: Categorical and Multivariate Methods*, Springer Science & Business Media, 732 pp.
- Jackson JE. 1991. *A user's guide to principal components*. Wiley Interscience. New York, USA 569 pp.
- Kamel M, Moradi P. 2008. Determination of traits effective on seed yield of 36 lines of Chickpea in Northwest provinces of Iran in Dryland conditions. *Seed and Plant Improvement Journal* 24: 347-357.
- Malik SR, Bakhsh A, Asif MA, Iqbal U, Iqbal SM. 2010. Assessment of genetic variability and interrelationship among some agronomic traits in chickpea. *International Journal of Agriculture and Biology* 12(1): 81-85.
- Meena HP, Kumar J, Upadhyaya HD, Bharadwaj C, Chauhan SK, Verma AK, Rizvi AH. 2010. Chickpea mini core germplasm sources of diversity for crop improvement. *SAT eJournal* 8: 1-5.
- Mohammadi SA, Prasanna B M. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants- Salient statistical tools and considerations. *Crop Science* 43: 1235-1248.
- Naghavi MR, Jahansouz MR. 2005. Variation in the agronomic and morphological traits of Iranian chickpea accessions. *Journal of Integrative Plant Biology* 47(3): 375-379.
- Romesburg C. 2004. *Cluster analysis for researchers*, Lulu. Com, 340 pp. Rencher AC. 2002. *Methods of Multivariate Analysis*. John Wiley and Sons, Inc.
- Suzuki F, Konno S. 1982. *Regional report on grain legumes production in Asia*. Tokyo, Japan: Asian Productivity Organization pp: 19-93.
- Tilman D, Wedin D. 1996. Productivity and sustainability influenced by biodiversity in grassland ecosystem. *Nature* 718-720.
- Toker C. 2004. Evaluation of yield criteria with phenotypic correlations and factor analysis in chickpea, *Plant and Soil Science* 54: 45-48.
- Toker G, Cagiran MI. 2004. The use of phenotypic correlation and factor analysis in determining characters for grain yield selection in chickpea (*Cicer arietinum L.*), *Hereditas* 140: 226-228.
- Van Rheenen HA. 1993. How to accelerate the genetic improvement of a recalcitrant crop species such as chickpea. *Crop Science* 65: 414-417.
- Vaylay R, Van Santen E. 2002. Application of canonical discriminant analysis for the assessment of genetic variation in tall fescue. *Crop Science* 42:534-539.
- Yeater KM, Bollero GA, Bullock DG, Rayburn AL, Rodriguez-Zas S. 2004. Assessment of genetic variation in hairy vetch using canonical discriminant analysis. *Crop Science* 44: 185-189.
- Yucel DÖ, Anlarsal AE, Yucel CC. 2006. Genetic variability, correlation and path analysis of yield, and yield components in chickpea (*Cicer arietinum L.*). *Turkish Journal of Agricultural and Forestry* 30: 183-188.

Grouping of Kabuli chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes in Entezary planting using multivariate statistical methods

E. Roohi^{1*}, P. Pezeshkpour², S. Fatehi³

1- Seed and Plant improvement Research Department, Kordestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Sanandaj, Iran

2- Seed and Plant improvement Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Khorramabad, Iran

3-Agronomy expert, Agriculture Jihad, Kamyaran, Iran

Abstract

To evaluate genetic diversity of Kabuli chickpea genotypes under rainfed conditions in Entezary planting, an experiment was carried out in a randomized complete block design with two replications, in innovation platform of Iran-ICARDA Food Security Project located in Kamyaran city (Kurdistan province) during the year of 2016-2017. Based on the factor analysis, four factors were selected which 85.7 percent of the total variation were explained. The first factor was explained 29 percent of variation which include plant height, the first pod height, the last pod height and 100 grain weight. The second factor was explained 28.5 percent of variation which include number of pod per plant, number of seed per plant and grain yield. Therefore these two factors used to identify genotypes with high yield and yield components and genotypes 3, 4, 14, 15 and 16 were selected as high yield and yield component genotypes in Entezari planting. According to the result of cluster analysis based on morphological traits, the genotypes were classified into three groups. The genotypes of the first and the third clusters in most of agronomic traits and grain yield per plant had high average, compared to other clusters and genotypes average. According to the results of cluster analysis, we can use from genotypes of the first and the third clusters for producing hybrids with early maturity and high grain yield.

Keywords: Kabuli chickpea, entezary planting, factor analysis, multivariate analysis, cluster analysis