



"مقاله پژوهشی"

بررسی تنوع مورفولوژیکی و فنولوژیکی برخی از ارقام وارداتی سویا با استفاده از روش تجزیه به عامل‌ها

پرستو مجیدیان^۱، سید علیرضا دلیلی^۲، بهرام مسعودی^۳ و حمید صادقی گرمارودی^۴

^۱- استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران، (نویسنده مسouول: parastoomajidian63@gmail.com)

^۲- استادیار، بخش تحقیقات گیاهپزشکی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران

^۳- استادیار، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

^۴- استادیار، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

تاریخ دریافت: ۹۹/۱۲/۹

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۲/۱۰

صفحه: ۵۹ تا ۴۶

چکیده

این پژوهش به منظور گروه‌بندی و ارزیابی ۱۲۴ ژنتیپ مختلف سویا با گروه رسیدگی متفاوت از نظر صفات ریخت‌شناسی و فنولوژیکی به صورت طرح آگمنت با ۴ رقم شاهد تلا، ساری، ویلایمز و سحر در ۶ بلوك در ایستگاه تحقیقات کشاورزی پاییع کلا-مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران اجرا شد. هر ژنتیپ در یک خط ۳ متری با فاصله ردیف ۶۰ سانتی‌متر و فاصله بین دو بوته ۵-۳ سانتی‌متر کاشته شد. نتایج تجزیه به مؤلفه‌ها نشان داد که ۴ مولفه مجموعاً ۷۰/۰۸۰ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه کردند. نتایج حاصل از بای پلات نشان داد که اکثر صفات مربوط به عملکرد، اجزای عملکرد و صفات فنولوژیکی به جز درصد پروتئین در دو ناحیه قرار گرفتند که از این طریق می‌توان به منظور اصلاح ژنتیپ‌ها از طریق صفات مد نظر اقدام کرد. به علاوه بر اساس نتایج تجزیه کلاستر حاصل از صفات مرتبط با مولفه‌های اول و دوم، ژنتیپ‌های سویا مورد مطالعه در ۲ گروه دسته‌بندی شدند که گروه اول و دوم شامل ژنتیپ‌هایی با گروه رسیدگی زودرس، میزان روغن بالا و اجزای عملکرد و میزان پروتئین پایین و گروه ۳ با تیپ رسیدگی دیررس، میزان روغن پایین و اجزای عملکرد و میزان پروتئین بالا بود. به طور کلی بر اساس تنوع صفات موجود در کلکسیون مورد مطالعه و با توجه به هدف تحقیق، می‌توان از ارقام سویا مورد مطالعه در برنامه‌های اصلاحی استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: روش وارد، صفات زراعی، گروه‌بندی

دهند، برای پژوهشگران با ارزش هستند (۶). در این خصوص استفاده از همبستگی میان صفات متدالو ا است، ولی همبستگی‌ها رابطه علت و معلولی بین صفات را بیان نمی‌کنند، زیرا در حقیقت این ارتباطات را تعدادی عامل ناشناخته پدید می‌آورند (۲۱). زمانی که در نظر است متغیر پاسخ با توجه به گروهی از متغیرهای دیگر پیشگویی شود، از رگرسیون چندگانه استفاده می‌گردد. در این راستا، عملکرد دانه به عنوان متغیر پاسخ و دیگر صفات زراعی به عنوان پیشگویی کننده در نظر گرفته می‌شوند (۱۳). کارایی رگرسیون چندگانه به علت مواجه شدن با مسئله هم راستایی بین صفات و محدودیت در بیان روابط علت و معلولی بین تعداد زیادی از صفات مورد تردید است. برای فائق آمدن بر مشکلات رگرسیون و همبستگی چندگانه از تجزیه عامل‌ها استفاده می‌گردد. تجزیه عامل‌ها روش چند متغیره قدرتمندی است که برای برآورد اجزای عملکرد، استخراج زیر مجموعه‌ای از متغیرهای همسان، شناخت مفاهیم اساسی داده‌های چند متغیره، شناخت ارتباطات زیستی و کاربردی موجود بین صفات، کاهش تعداد زیادی از صفات همبسته به تعداد کمی از عامل‌ها و تشریح همبستگی‌های بین متغیرها به کار برده می‌شود. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی حالت خاصی از تجزیه به عامل‌ها است که در این حالت، تجزیه بدون چرخش فاکتورها انجام می‌گیرد. هدف از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی یافتن ترکیباتی از p متغیر جهت ایجاد شاخص‌های مستقل

مقدمه

سویا با نام علمی (*Glycine max L.*) گیاهی روز کوتاه، خودگشن و از خانواده بقولات می‌باشد. این گیاه غنی از روغن (~۱۸٪) و پروتئین گیاهی (~۴۴٪) محسوب می‌شود (۱۸). در میان سایر محصولات زراعی اصلی، بیشترین افزایش سالانه سطح تولید جهانی را در طی ۴۰ سال گذشته داشته است. مهم‌ترین مناطق کشت سویا در ایران شامل استان‌های گلستان، مازندران و اردبیل می‌باشند که در میان استان‌های مذکور استان مازندران با سطح زیر کشت ۳۹۹۰ هکتار رتبه سوم را بعد از استان گلستان در سال ۹۷ به خود اختصاص داده است (آمارنامه جهاد کشاورزی مازندران، ۹۷).

در برنامه‌های اصلاح نباتات، وارد کردن ارقام تجاری مناسب از خارج یکی از سریع‌ترین روش‌های اصلاح گیاهان خودگشن محسوب می‌شود که این ارقام در طی مراحل ارزیابی در صورت سازگار بودن با محیط و مناطق کشت و برتری آن‌ها از نظر میزان عملکرد نسبت به ارقام شاهد می‌توانند بعد از تکثیر مورد کشت قرار گیرند (۱۷). در این راستا، صفات زراعی متعددی مورد برسی قرار می‌گیرد که شناخت روابط بین این صفات و برهم‌کنش بین آن‌ها برای اصلاح گران اهمیت بسیاری دارد. از آنجایی که عملکرد دانه سویا از نظر اقتصادی بسیار حائز اهمیت می‌باشد، استفاده از روش‌های تجزیه و تحلیلی که بدون از بین بدن مقدار زیادی از اطلاعات مفید، تعداد صفات موثر در عملکرد را کاهش

در مطالعه دیگر، تنوع ژنتیکی و روابط صفات زراعی در ژنوتیپ‌های سویا تحت شرایط آبیاری نرمال و تنش کم آبی ارزیابی شد (۲۳). بر اساس نتایج نمودار بای‌پلاس، ژنوتیپ‌های D42×Will82، L6-P79، Charleston×Mustang/12، D42.I9، D42.I9 از نظر عامل‌های مربوط به عملکرد تحت شرایط آبیاری نرمال و تنش کم آبی مقادیر بالایی نشان دادند که می‌توان از آن‌ها به عنوان ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا تحت شرایط آبیاری نرمال و تنش کم آبی یاد کرد. تجهیزه به مؤلفه‌ها به عنوان یک روش آماری چند متغیره می‌تواند برای گروه‌بندی و رتبه‌بندی تعداد کثیری از صفات، ارتباط دادن آن‌ها به تعداد کمی از مؤلفه‌ها، تعیین ارتباطات بین اجزای عملکرد و ساختارهای مورفولوژیک معین، شناخت مفاهیم غیرقابل اندازه‌گیری یا صفات پنهانی موثر بر عملکرد، ساخته‌های موثر و مفید را در اهداف بهنژادی شناسایی نماید (۲۳). در تحقیقی، سازگاری و پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های سویا از طریق تجهیزه AMMI و GGE با پلاس بررسی شد. بر اساس معیار بای‌پلاس ژنوتیپ‌های Williams/L4 (Williams×Steel/L4) و G20 (Williams×Steel/L4) بهترین ژنوتیپ با عملکرد ۲۸۶۵ و ۲۹۲۷ کیلوگرم در هکتار به عنوان مطلوب ترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند (۳). در مطالعه دیگر، روابط بین عملکرد و اجزای آن در ژنوتیپ‌های مختلف سویا (Glycine max L.) با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره بررسی شد. در نتایج تجهیزه به عامل‌ها نیز چهار عامل مستقل از هم، مجموعاً ۹۹/۹۲ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه نمود و به عنوان عامل عملکرد نام‌گذاری شد (۱۰).

هدف از این تحقیق بررسی روابط فنولوژیکی و مورفولوژیکی موثر در ساختار ارقام وارداتی سویا از نظر عملکرد و دیگر صفات با استفاده تجهیزه به مؤلفه‌های اصلی به منظور استفاده از آن‌ها در برنامه‌های بهنژادی آتی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

این آزمایش در سال ۱۳۹۸-۱۳۹۹ در ایستگاه تحقیقات کشاورزی بایع کلا واقع در مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی مازندران انجام گرفت. آزمایش به صورت طرح آگمنت با ۱۲۴ ژنوتیپ سویا متعلق به بانک ژن گیاهی کشور استرالیا و آلمان در قالب طرح آگمنت با چهار رقم شاهد (ساری، سحر، ویلیامز و تلار) در ۶ بلوک اجرا شد. بذور پس از آغشته شدن با باکتری ثبت‌کننده ازت کاشته شدند. این ژنوتیپ‌ها شامل ارقام وارداتی و ارقام حاصل از برنامه‌های اصلاحی داخل کشور بودند. هر ژنوتیپ روی یک خط ۳ متری با فاصله ردیف ۶۰ سانتی‌متر و فاصله بین دو بوته ۵-۳ سانتی‌متر کاشته شد. در طی دوره رشد، اقدام به سه بار و جین دستی شد. عملیات کوددهی، مبارزه با آفات و بیماری‌ها بر اساس عرف منطقه انجام شد. اندازه‌گیری صفات با استفاده از ۵ بوته تصادفی از وسط هر کرت انجام پذیرفت. صفاتی که در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفتند عبارت بودند از تعداد روز تا گلدهی، روز تا غلاف‌دهی، روز تا شروع پر شدن دانه، روز تا پر شدن دانه، روز تا شروع رسیدگی، روز

(غیرهمبسته) می‌باشد. عدم همبستگی بین این شاخص‌ها یک ویژگی مفید است، زیرا عدم همبستگی به این معنی است که شاخص‌ها جنبه‌های متفاوتی از داده‌ها را اندازه‌گیری می‌نمایند (۲۸).

قبل از انجام تحلیل مؤلفه‌های اصلی الزام است دو موضوع بررسی گردد: ۱) کفايت نمونه برداری: برای اطمینان از مناسب بودن داده‌ها برای تحلیل مؤلفه‌های اصلی، از ضریب KMO استفاده می‌گردد (۱۴)، ۲) رابطه قوی بین متغیرها که توسط آزمون مربع کای بارتلت (همان آزمون کرویت بارتلت) بررسی می‌شود (۴). از اساسی‌ترین اقدامات در تحلیل مؤلفه‌های اصلی، انتخاب مؤلفه‌ها است. مؤلفه‌هایی که دارای ارزش ویژه یا بزرگتر از آن باشند، به عنوان مؤلفه اصلی انتخاب و تفسیر ویژگی‌های مهم و کنترل‌کننده بیشترین تغییرات در هر مؤلفه استفاده می‌گردد.

فاضلی و همکاران (۹) با بررسی ارتباط صفات مورفولوژیک با عملکرد دانه و تنوع آنها در لاین‌های موتانت نسل چهارم سویا با استفاده از روش تجهیزه به عامل‌ها نشان دادند که چهار عامل مستقل از هم، مجموعاً ۸۸/۱۴ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه نمودند که عامل اول ۳۸/۸۹ درصد از درصد از واریانس کل را توجیه نمود و به عنوان عامل عملکرد نام‌گذاری شد. در مطالعه دیگر، مجددیان و همکاران (۱۵) ارقام و لاین‌های خالص وارداتی سویا از نظر برخی خصوصیات زراعی و مقاومت به بیماری فیتوفترای بصورت مقاماتی مورد ارزیابی قرار گرفتند که نتایج بیانگر وجود چهار عامل مستقل از هم مجموعاً ۸۸/۱۴ درصد از تغییرات کل داده‌ها که عامل اول ۳۸/۸۹ درصد از واریانس کل را توجیه نمود و به عنوان عامل عملکرد نام‌گذاری شد. در تحقیق دیگر، روابط بین عملکرد و اجزاء آن در لاین‌های امید بخش سویا ارزیابی شد (۱۲). نتایج تجهیزه علیت مشخص کرد که عملکرد دانه در بوته، شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیکی دارای بیشترین اثرات مستقیم مثبت و صفات تعداد دانه در بوته و وزن صد دانه دارای اثرات غیر مستقیم مثبت بالایی بر عملکرد سویا بودند. در مطالعه‌ای، مسعودی و همکاران (۲۰) تجهیزه به عامل‌های صفات مورفولوژیک و فنولوژیک در سویا را مورد ارزیابی قرار دادند (۲۰). نتایج تجهیزه به عامل‌ها نشان داد ۸۴ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کنند. این عامل‌ها با توجه به صفاتی که شامل شدن، تحت عنوان خصوصیات فنولوژیکی، عملکرد و اجزای آن، عامل ارتفاع، خصوصیات مغز بذر یا کیفیت، و عامل قدرت باروری نام‌گذاری شدند. تجهیزه به عامل‌ها تعداد زیادی از متغیرهای همبسته را به تعداد کمتری عامل کاهش داد. تجهیزه خوش‌های جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها کلیه ژنوتیپ‌ها را به سه گروه طبقه‌بندی کرد. به طور کلی نتیجه‌گیری شد که ارقام گروه یک شامل ارقام زودرس و با ارتفاع و عملکرد و اجزای عملکرد پایین، ارقام گروه دوم شامل ارقام متوسط رس و ارقام گروه سوم شامل ارقام دیر رس و با ارتفاع و عملکرد و اجزای عملکرد بالا می‌باشد (۲۰).

استفاده شد. در هر عامل اصلی و مستقل ضرایب عاملی $0/3$ به بالا معنی دار در نظر گرفته شدند. بزرگترین ضریب عاملی در هر عامل یا مجموعه ای از صفات معنی دار که در یک عامل از نظر مورفولوژیکی و یا فنولوژیکی متمایز و مهم بودند، برای نامگذاری عاملها مورد استفاده قرار گرفت. برای تهیه ماتریس ضرایب عاملی، آن تعداد از عاملها که ریشه مشخصه بزرگتر از یک بود انتخاب شدند. نمودار بای پلات و تجزیه کلستر با استفاده نرم افزار Stat Graphics بر اساس روش وارد (Ward's) و فاصله متریک مربع اقلیدسی (Squared Euclidean) ترسیم شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس شاهدها نشان داد که اختلاف معنی داری بین صفات مرتبط با عملکرد و اجزای آن در بین بلوكها وجود ندارد و لذا هیچگونه تصحیحی روی صفات برای اثر بلوك ضروری به نظر نمی رسد (جدول ۱).

تا رسیدگی، زیست توده، ارتفاع بوته، تعداد گره ریشه، تعداد شاخه فرعی، تعداد غلاف در شاخه فرعی، تعداد کل غلاف، تعداد غلاف بدون بذر، تعداد بذر در غلاف، وزن بذرها هر بوته، وزن صدادنه، درصد روغن و پروتئین بودند. اندازه گیری میزان روغن و پروتئین با استفاده از دستگاه مدل Lumex Infralum FT-12 NIR ساخت شرکت سازنده Spectron انجام شد.

به منظور تعیین وضعیت یکنواختی زمین آزمایشی، تجزیه واریانس یک طرفه شاهدها برای کلیه صفات عملکرد و اجزای آن در قالب طرح بلوک های کامل تصادفی با استفاده از نرم افزار SPSS نسخه ۱۶ انجام شد. جهت بررسی کفايت نمونه و کافی بودن حجم نمونه ها در تجزیه و تحلیل آماری عاملی از آزمون KMO و بارتلت با استفاده از نرم افزار SPSS نسخه ۱۶ استفاده شد که شاخص بالای $0/7$ مورد تایید بود. برای انجام تجزیه عاملها از نرم افزار Stat Graphics نسخه ۱۸-۱۸ و با استفاده از تکنیک تجزیه به مؤلفه های اصلی

جدول ۱- تجزیه واریانس شاهدها برای تمامی صفات مورد مطالعه

Table 1. The analysis of variance of control samples for all studied traits

متغیر	ضریب تغییرات (%)	درجه آزادی	میانگین مربوط	Pr>F
تکرار	۵		۴۹۵/۳۰۸۷	.۰۰۹۸
تیمار	۳		۱۴۹۹/۶۰۴۰	.۰۰۱۷
خطا	۱۵		۱۸۱/۰۶۸۵	۴۰/۴۴۲۸۲

***: معنی داری در سطح احتمال یک درصد

۷/۹۵۰ درصد از تغییرات دادهها بزرگترین ضرایب را در صفات تعداد غلاف های پوج، وزن بذر هر بوته و تعداد روز تا گلهی نشان داد (جدول ۲). در پژوهشی، تنوع صفات زراعی در ترتیپ های رشدی متفاوت سویا با استفاده از تجزیه به مؤلفه های اصلی بررسی شد. نتایج تجزیه به مؤلفه های نشان داد که در ژنتیک های با تیپ رشدی محدود، نیمه محدود و نامحدود به ترتیب $6/5$ و $4/4$ مؤلفه مجموعاً به ترتیب $7/75$ $8/9/75$ و $8/2/95$ درصد از تغییرات دادهها را توجیه کردند. از لحاظ عملکرد در بین ژنتیک های رشد محدود، نیمه محدود و نامحدود به ترتیب ژنتیک های A2 Dorekswie و B-121 Alianka بالاترین عملکرد دانه در بین ژنتیک های مورد بررسی در بای پلات حاصل از مؤلفه اول و دوم بودند (۱۳). در پژوهش دیگر، نتایج تجزیه همبستگی $5/6$ ژنتیک سویا نشان دادند که عملکرد دانه دارای همبستگی های مثبت و معنی دار با تعداد روز تا گلهی و رسیدگی، ارتفاع گیاه، تعداد غلاف در گیاه می باشد. تجزیه به مؤلفه های اصلی نشان داد که صفات تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع گیاه، تعداد غلاف در گیاه بیشترین تنوع بین ژنتیک های روز تا رسیدگی و میزان روغن بود. در صفات تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع گیاه و تعداد غلاف در گیاه دارای بیشترین ضرایب بودند (۵). تجزیه به مؤلفه های اصلی سهم مهم ترین صفات را در تنوع ژنتیکی کل توصیف می کند. تجزیه به مؤلفه های اصلی کاربردهای مختلفی دارد، برای مثال، مطالعه تنوع ژنتیکی بین ژنتیک های منجر به شناسایی و انتخاب امیدبخش ترین

در این مطالعه، قلی از اقدام به تحلیل آماری عاملی، کافی بودن حجم نمونه ها با استفاده از آزمون KMO و بارتلت ارزیابی شد و نتایج بیانگر بالاتر بودن شاخص KMO برابر با $0/796$ بود. به علاوه، مقدار آماره بارتلت ($1/973E^3$) در سطح احتمال یک درصد معنی دار بود. این نتایج نشان داد که تحلیل مؤلفه های اصلی می تواند برای کاهش تعداد داده و متغیرهای مورد مطالعه سودمند باشد. نتایج تجزیه به عاملها نشان داد که در ژنتیک های مورد مطالعه تعداد ۴ مؤلفه که دارای ریشه مشخصه بزرگتر از یک بودند مجموعاً $70/0/80$ درصد از کل واریانس متغیرها را توجیه کردند (جدول ۲). عامل اول $32/835$ درصد از تغییرات متغیرها نشان داد و بزرگترین ضرایب عاملی آن متعلق به تعداد روز تا غلاف دهنی، تعداد روز تا شروع پر شدن دانه، تعداد روز تا پر شدن دانه، تعداد روز تا شروع رسیدگی، تعداد روز تا رسیدگی و میزان روغن بود. در این جداول میزان واریانس هر عامل که نشان دهنده اهمیت آن عامل در نشان دادن بخشی از واریانس کل صفات مورد بررسی به صورت درصد بیان شده است. با توجه به ضرایب بزرگی که این عامل برای صفات فوق الذکر نشان داد، نام این مؤلفه عامل فنولوژیکی بوته نامگذاری شد. عامل دوم $16/792$ درصد از تغییرات دادهها را نشان داد که بزرگترین ضرایب آن شامل صفات تعداد شاخه های فرعی، تعداد غلاف در شاخه های فرعی، تعداد کل غلاف ها و تعداد بذر در غلاف بود. در عامل سوم، $12/502$ درصد از تغییرات دادهها مشاهده شد که بزرگترین ضرایب آن در تعداد غلاف های پوج، وزن بذر هر بوته و تعداد روز تا گلهی مشاهده شد. عامل چهارم با

ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین باعث بیشترین نوع در بین ژنوتیپ‌ها بوده است (۲). تجزیه همبستگی صفات مورد بررسی در تحقیق ایشان نشان داد که عملکرد دانه بیشترین همبستگی مثبت را با صفت تعداد غلاف در گیاه داشته است و بیشترین همبستگی منفی را با ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین داشت. تجزیه علیت نیز نشان داد که ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین بیشترین اثر مستقیم منفی را روی عملکرد دارد (۲).

ژنوتیپ‌ها برای کشت و توسعه می‌گردد. به علاوه، از این طریق می‌توان اهمیت نسبی ویژگی‌های تنوع کل در دسترس در میان ژنوتیپ‌ها را ارزیابی کرد. همچنین، تجزیه به مولفه‌های اصلی در مطالعات سازگاری و پایداری می‌تواند مدنظر قرار گیرد، از این جهت که ژنوتیپ‌هایی با پتانسیل کاشت تحت شرایط رشدی اختصاصی می‌توانند شناسایی شوند (۷). اندورو و همکاران (۲۰۱۳) با بررسی ۱۷ ژنوتیپ سویا، بوسیله تجزیه به مولفه‌های اصلی نتیجه‌گیری کردند که صفات تعداد غلاف در گیاه، عملکرد دانه، ارتفاع گیاه و

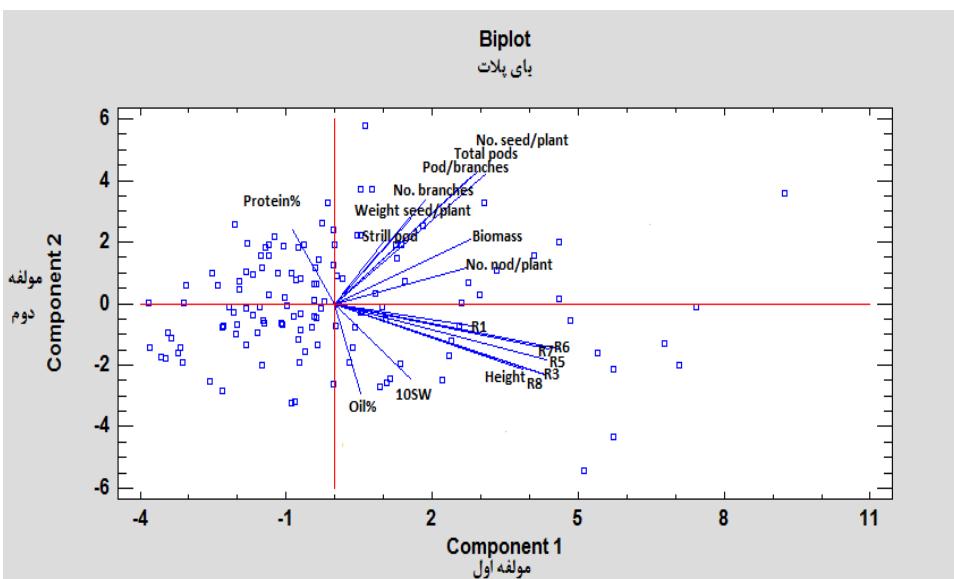
جدول ۲- نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های سویا

Table 2. The principle component analysis for all studied traits in soybean genotypes

صفات	مولفه اول	مولفه دوم	مولفه سوم	مولفه چهارم
تعداد روز تا گلدهی	-۰/۳۳۲۹۷	-۰/۱۳۱۴۷	-۰/۰۲۶۶۳۵۲	-۰/۱۰۷۱۴۷
تعداد روز تا غلافدهی	-۰/۳۵۷۱۳۶	-۰/۱۹۳۶۵۶	-۰/۰۰۴۶۱۸۶۵	-۰/۰۳۶۵۶۴
تعداد روز تا شروع پر شدن دانه	-۰/۳۴۸۸۳۸	-۰/۲۳۱۵۲۹	-۰/۰۰۷۳۶۰۵۴	-۰/۰۶۲۶۸۹
تعداد روز تا پر شدن دانه	-۰/۲۵۴۹۴۸	-۰/۲۰۶۶۱۸	-۰/۰۰۸۹۲۸۷۹	-۰/۰۲۸۹۶۶
تعداد روز تا شروع رسیدگی	-۰/۳۳۶۴۵۵	-۰/۲۲۵۱۴۹	-۰/۰۰۰۱۲۶۶۲۲	-۰/۱۷۶۹۸۸
تعداد روز تا رسیدگی	-۰/۲۱۱۵۴۹	-۰/۱۷۸۲۳۹	-۰/۰۰۱۹۷۸۵	-۰/۲۲۲۵۰۹
ارتفاع	-۰/۱۸۹۹۸۷	-۰/۳۳۲۱۰۴	-۰/۰۳۳۱۰۴	-۰/۲۷۵۵۴۹
تعداد گره بوته	-۰/۱۸۱۶۹	-۰/۱۱۴۰۵۶	-۰/۱۱۴۹۱۵	-۰/۴۲۱۴۰۷
تعداد شاخهای فرعی	-۰/۱۴۴۷۷	-۰/۳۴۸۰۸۰	-۰/۵۷۹۹۳۹	-۰/۰۶۹۱۴۶۷
تعداد غلاف در شاخهای فرعی	-۰/۲۲۷۵۷۵	-۰/۴۱۴۰۰۳	-۰/۰۶۵۸۸۰۰۳	-۰/۰۶۵۸۸۰۰۳
تعداد کل غلافها	-۰/۲۴۱۰۴۸	-۰/۴۱۲۴۱۸	-۰/۱۳۱۸۱۳	-۰/۰۲۷۳۴۷۳
تعداد غلافهای بدون بذر	-۰/۰۷۱۱۱۸۳	-۰/۲۲۲۸۱۸	-۰/۲۷۸۱۷۴	-۰/۱۰۷۰۵۲
تعداد بذر در بوته	-۰/۲۱۰۶۰۵	-۰/۴۴۴۷۷۱	-۰/۱۷۰۳۵۴	-۰/۰۰۴۸۴۶۷۷
وزن بذر هر بوته	-۰/۱۱۵۸۱۲	-۰/۱۲۰۴۶	-۰/۰۵۰۶۱	-۰/۱۳۹۰۰۸۶
زیست‌توده	-۰/۱۶۳۳۷۶	-۰/۱۱۵۲۱۱	-۰/۰۴۸۸۱۶	-۰/۲۶۸۰۰۲۲
درصد روغن	-۰/۰۰۴۱۵۵۵۶	-۰/۱۷۴۱۶۱	-۰/۰۳۰۰۱۷۲	-۰/۰۳۰۰۱۷۲
درصد پروتئین	-۰/۰۹۰۶۸۶	-۰/۰۵۲۴۸۸۴	-۰/۰۶۹۰۰۵۹	-۰/۰۵۰۸۳۴
وزن ۱۰۰ دانه	-۰/۰۷۹۳۲۸۳	-۰/۱۵۷۱۸	-۰/۰۲۸۲۸۶۹	-۰/۰۳۹۳۱۹۴
مقدار ویژه	۵/۹۱۰۹۹	۳/۰۲۲۶۱	۲/۲۵۰۴	۱/۴۳۱۰۸
درصد واریاسن	۳۲/۸۳۵	۱۶/۷۹۲	۱۲/۵۰۲	۷/۹۵۰
درصد تجمعی واریاسن	۳۲/۸۳۵	۴۹/۶۲۷	۶۲/۱۲۹	۷۰/۰۸۰

ارزیابی شد و نتایج نمودار بای‌پلات اولین و دومین مؤلفه نشان داد که ژنوتیپ‌های Spry × Savoy3, D42 × Will82 و Chaleston × Mustang/12 به عنوان ژنوتیپ‌های متحمل در برابر تنفس آبی با عملکرد بالا و ژنوتیپ‌هایی که در مطالعه دیگر، صفات گیاه‌شناسی و زراعی برخی از ژنوتیپ‌های سویا با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره بررسی شد. نتایج نمودار بای‌پلات صفات فنولوژیکی (PC1) و اجزای عملکرد (PC2) نشان داد که الگوی توزیع ژنوتیپ‌ها با نتایج کلاستریندی همسو بود و ژنوتیپ‌های GN1130، GN1028 و GN1029 نیز به عملکرد عملکرد بالا و تعداد بالا در بالا و تعداد بالا بذر در گیاه و تیپ رشدی نامحدود به عنوان ژنوتیپ‌های پر پتانسیل جهت اجرای برنامه‌های اصلاحی بعدی مورد مطالعه قرار گیرند (۸).

به منظور نمایش جهت و اهمیت هر متغیر از بای‌پلات استفاده شد که نتیجه آن به همراه بعضی از ژنوتیپ‌ها در شکل ۱ آورده شده است. بیشتر صفات مربوط به عملکرد و اجزای آن و صفات مربوط به دوره رویشی در دو ناحیه قرار گرفته‌اند، و تنها صفتی که به صورت جداگانه قرار گرفته است درصد پروتئین می‌باشد (شکل ۱). با استفاده از این شکل می‌توان ژنوتیپ مطلوب از نظر دو عامل اول و دوم را شناسایی نمود. با توجه به نتایج می‌توان نتیجه‌گیری کرد که در اصلاح برای هر مؤلفه باید به صفات مرتبط با آن مؤلفه توجه شود به این دلیل که زن یا زن‌هایی که صفت تعداد دانه در بوته را کنترل می‌کنند، وزن بوته، وزن دانه در بوته و صفات دیگر معنی‌دار در این مؤلفه را نیز به احتمال خیلی زیاد کنترل می‌کنند و مؤلفه یا زنی که این صفات را کنترل می‌کند، مؤلفه یا زن مشترک می‌باشد و بدین ترتیب از نتایج این قسمت می‌توان در اصلاح نباتات بمویزه در انتخاب غیرمستقیم استفاده نمود. در مطالعه‌ای، تحمل به تنفس آبی ژنوتیپ‌های مختلف سویا



شکل ۱- بای پلات عامل اول و دوم حاصل از تجزیه به مولفه های ژنتیکی سویا

Figure 1. Biplot of first and second component obtained from principle component analysis for soybean genotypes

فرعی، تعداد کل غلافها و تعداد بذر در بوته در خوشة اول به ترتیب برابر با $30/19$, $26/12$, $53/47$, $80/82$, $44/39$, $3/65$, $78/31$, $121/100$, $96/101$, $44/17$, $51/26$, $59/87$, $46/97$, $116/41$, $16/32$, $2/58$, $55/12$, $38/14$, $109/62$ بود (جدول ۳). ژنتیکی های خوشه اول از نظر میانگین صفات تعداد روز تا شروع پر شدن دانه، تعداد روز تا پر شدن دانه، تعداد روز تا شروع رسیدگی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع، تعداد شاخه های فرعی، تعداد غلاف در شاخه های فرعی، تعداد کل غلافها و تعداد بذر در بوته نسبت به خوشه دیگر بیشترین مقدار را به خود اختصاص دادند. بنابراین می توان انتظار داشت که ژنتیکی های گروه اول سبب افزایش عملکرد دانه گردد. بر اساس نتایج حاصل از دندروگرام، ارقام گروه یک شامل ارقام زودرس با میزان پرتوئین، تعداد بذر در بوته، تعداد غلاف در بوته پائین و میزان روغن بالا بودند. ارقام گروه دو که شامل ارقام دیررس از جمله ارقام شاهد تلار، ساری، سحر و ولیامز بودند، بیشترین میزان پرتوئین، تعداد بذر در بوته، تعداد کل غلاف و میزان روغن پائین تر را نشان دادند (شکل ۲). بیشترین میزان پرتوئین و کمترین میزان روغن به ترتیب برابر با $39/94$ درصد و $20/05$ درصد در ژنتیک Forrest نسبت به شاهد متعلق به گروه دوم مشاهده شد. بیشترین میزان روغن ($22/90$) و کمترین میزان پرتوئین ($28/65$) به ترتیب در ژنتیکی های Crawford و Mandurska2 نسبت به شاهد متعلق به گروه ۱ مشاهده شد. تجزیه خوشه ای یا کالاسترنندی افراد را به گروه های مختلف تقسیم می کند تا شباهتشان در درون یک گروه و تفاوت شان در میان گروه ها را نشان دهد. روش سلسه مراتبی نمونه ها را از طریق ارتباطشان با تولید یک دندروگرام که نمونه های مشابه در گروه مشابهی قرار می گیرند به هم متصل می کند. از این رو، از تجزیه کالاستر می توان به طور کارآمد

جدول ۳ میانگین ژنتیکی های مورد مطالعه را نشان می دهد. بیشترین تعداد شاخه های فرعی و تعداد غلاف در شاخه های فرعی به ترتیب در رقم تلار با میانگین $6/28$ عدد و کمترین تعداد در رقم Hack (REP2) مشاهده شد. بیشترین تعداد غلاف در کل گیاه برابر با 120 عدد در رقم تلار و کمترین تعداد بذر در رقم Noir des frères dippe مشاهده شد. بیشترین تعداد بذر در گیاه در رقم Nikogri برابر با 312 عدد و کمترین تعداد Noir des frères dippe حاصل شد. بالاترین تعداد روز تا شروع پر شدن دانه در رقم Osage و پایین ترین آن در رقم Heimkraft I (Samenfarbe) دیده شد. بالاترین و پایین ترین تعداد روز تا پر شدن دانه به ترتیب متعلق به ارقام 95 (روز) و Smith super (Cayuga) (41 روز) و 61 (روز) Heimkraft I (Samenfarbe) Juhomoravská drobnozrna, Vilnensis, samenfarbe Ruska Zlta و Zlta شروع رسیدگی متعلق به رقم Forrest و کمترین تعداد روز تا شروع رسیدگی در رقم Locala11 بود. بالاترین تعداد روز تا رسیدگی در رقم Osage (135 روز) و کمترین آن در رقم 41 (روز) مشاهده شد (جدول ۳).

تجزیه خوشه ای جهت گروه بندی ژنتیکی ها با استفاده از روش وارد بر صفات معنی دار در دو عامل اول و دوم انجام گرفت و نهایتاً 2 گروه بر اساس دندروگرام حاصله انتخاب شدند (جدول ۴). گروه اول با داشتن 83 ژنتیک بیشترین ژنتیکی ها را در خود جای داد و گروه دو شامل 41 ژنتیک بود. مقایسه میانگین برای صفات موردنظر نیز در هر گروه انجام شد (جدول ۴). میانگین صفات تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا غلاف دهی، تعداد روز تا شروع پر شدن دانه، تعداد روز تا پر شدن دانه، تعداد روز تا شروع رسیدگی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع، تعداد شاخه های فرعی، تعداد غلاف در شاخه های

دسته‌بندی شدند. به علاوه، صفت تعداد روز تا گلدهی کارآمدترین صفت جهت توصیف تفاوت‌ها در میان ژنتیک‌های سویا بود و یکی از صفات اصلی جهت شناخت انتخاب ارقام و ژنتیک‌های سویا در برنامه‌های اصلاحی در نظر گرفته شد (۲۲). در پژوهشی تنوع ژنتیکی ۵۰ رقم سویا بر اساس ۱۲ ویژگی زراعی مختلف ارزیابی شد. نتایج گروه‌بندی نشان داد که ارتباطی از نظر تنوع جغرافیایی و ژنتیکی در ارقام سویا مورد مطالعه وجود نداشت. گروه‌های ۹ و ۱۰ گروه‌های دور از هم و گروه‌های ۳ و ۸ نزدیک‌ترین گروه‌ها به یکدیگر بودند (۲۶).

یکی از شناخت‌های ارزیابی میزان و درجه ارتباط بین صفات، تعیین ضرایب همبستگی می‌باشد. نتایج همبستگی ساده فنوتیپی بین صفات مورد مطالعه در (جدول ۵) نشان می‌دهد که بیشترین ضرایب متعلق به همبستگی مثبت و معنی‌دار بین تعداد کل غلافها و تعداد بذر در بوته (0.940^{***})، تعداد روز تا شروع پر شدن دانه و تعداد روز تا شدن دانه (0.918^{***} ، 0.903^{***} ، 0.892^{***} ، 0.840^{***} ، 0.824^{***})، تعداد روز تا شروع رسیدگی و تعداد روز تا رسیدگی (0.875^{***} ، 0.825^{***} ، 0.80^{***})، تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی و تعداد کل غلافها (0.870^{***} ، 0.807^{***})، تعداد روز تا غلاف‌دهی و تعداد روز تا پر شدن دانه (0.857^{***} ، 0.807^{***})، تعداد روز تا گلدهی و تعداد روز تا غلاف‌دهی (0.840^{***} ، 0.824^{***})، تعداد روز تا شروع پر شدن دانه و تعداد روز تا شروع رسیدگی (0.832^{***} ، 0.823^{***}) و تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی و تعداد بذر در بوته (0.824^{***}) بود (جدول ۵). به علاوه، سایر صفات به جز تعداد شاخه‌های فرعی همبستگی مثبت و معنی‌دار را با سایر صفات نشان دادند که این امر می‌تواند بیانگر صحت کلاستریندی ژنتیک‌های مورد مطالعه سویا بر مبنای صفات مورد مطالعه باشد. به طور کلی بر اساس نتایج به دست آمده از این تحقیق می‌توان نتیجه گرفت که از صفات مورفو‌لوزیکی و تولید ارقام زودرس، افزایش عملکرد روغن، پروتئین و دانه استفاده کرد.

جهت انتخاب ژنتیک استفاده کرد و مکمل روش PCA می‌باشد. تحقیقات گذشته نشان داده‌اند که روش‌های تجزیه کلaster و تجزیه به مولفه‌های اصلی به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی عملکرد بذر در سویا بسیار موثر و کارآمد می‌باشد (۱۱، ۱۵، ۱۶، ۲۴). در پژوهشی مشابه، تنوع ژنتیکی ۴۸ ژنتیپ سویا با استفاده از نشانگرهای ISSR و صفات مورفو‌لوزیکی مطالعه شد. نتایج حاصل از تجزیه خوشای ژنتیپ‌ها را در چهار گروه دسته‌بندی کرد و بر اساس صفات مورفو‌لوزیک در سه گروه مجزا قرار گرفتند (۱۸). در مطالعه دیگر، ارزیابی مقدماتی ارقام و لاین‌های خالص وارداتی سویا از نظر برخی خصوصیات زراعی و مقاومت به بیماری فیتوفترازی انجام شد. ژنتیک‌های مورد نظر به چهار گروه بر اساس تجزیه کلaster برای کلیه صفات زراعی تقسیم شدند. به علاوه ارزیابی واکنش ارقام و لاین‌های خالص وارداتی سویا به بیماری پوسیدگی فیتوفترازی نشان داد که از بین ۵۴ ژنتیپ تعداد ۲۲ ژنتیپ دارای واکنش نیمه‌ مقاوم و مقاوم بودند. به علاوه، نتایج کلاستریندی ارقام بر اساس مقاومت به بیماری، آن‌ها را در دو گروه اصلی و چهار زیرگروه قرار داد (۱۷). در آزمایش دیگر، روابط بین صفات زراعی و فیزو‌لوزیکی سویا و گروه‌بندی ژنتیک‌های سویا تحت تأثیر کاربرد گوگرد ارزیابی شد. تجزیه خوشای ژنتیک‌های مورد بررسی را در دو خوشه مجزا گروه‌بندی کرد. ژنتیک‌های مورد بررسی اول به علت داشتن مقادیر بالای صفات مورد بررسی دارای ارزش بیشتری می‌باشند و می‌توان از این ژنتیک‌ها برای گزینش ژنتیک‌های پر محصول و صفات زراعی مطلوب در برنامه‌های اصلاحی استفاده کرد (۱). در مطالعه‌ای، ۴۶ ژنتیپ سویا از نظر صفات زراعی مورد ارزیابی قرار گرفتند که نتایج تجزیه واریانس دادها نشان داد که ژنتیک‌های مورد بررسی از نظر کلیه صفات مورد ارزیابی بجز صفت تعداد غلاف در گیاه تفاوت معنی‌داری با یکدیگر داشتند. ضرایب همبستگی نشان داد که عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی‌داری با صفت تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی داشت (۲۵). در مطالعه دیگر، تنوع ژنتیکی ارقام سویا با استفاده از متغیرهای تکی و چندتایی بررسی شد. بر اساس نتایج به دست آمده از روش‌های توچر و UPGMA، نمونه‌های سویا به ترتیب در ۸ و ۷ گروه

جدول ۳- مشخصات ژنوتیپ‌های مورد مطالعه

سیمین معنی، فوتوژرکی و فوتوژرکی بخشی از اقسام اراثتی سیمیا با استفاده از روش پهنایی به دامنه

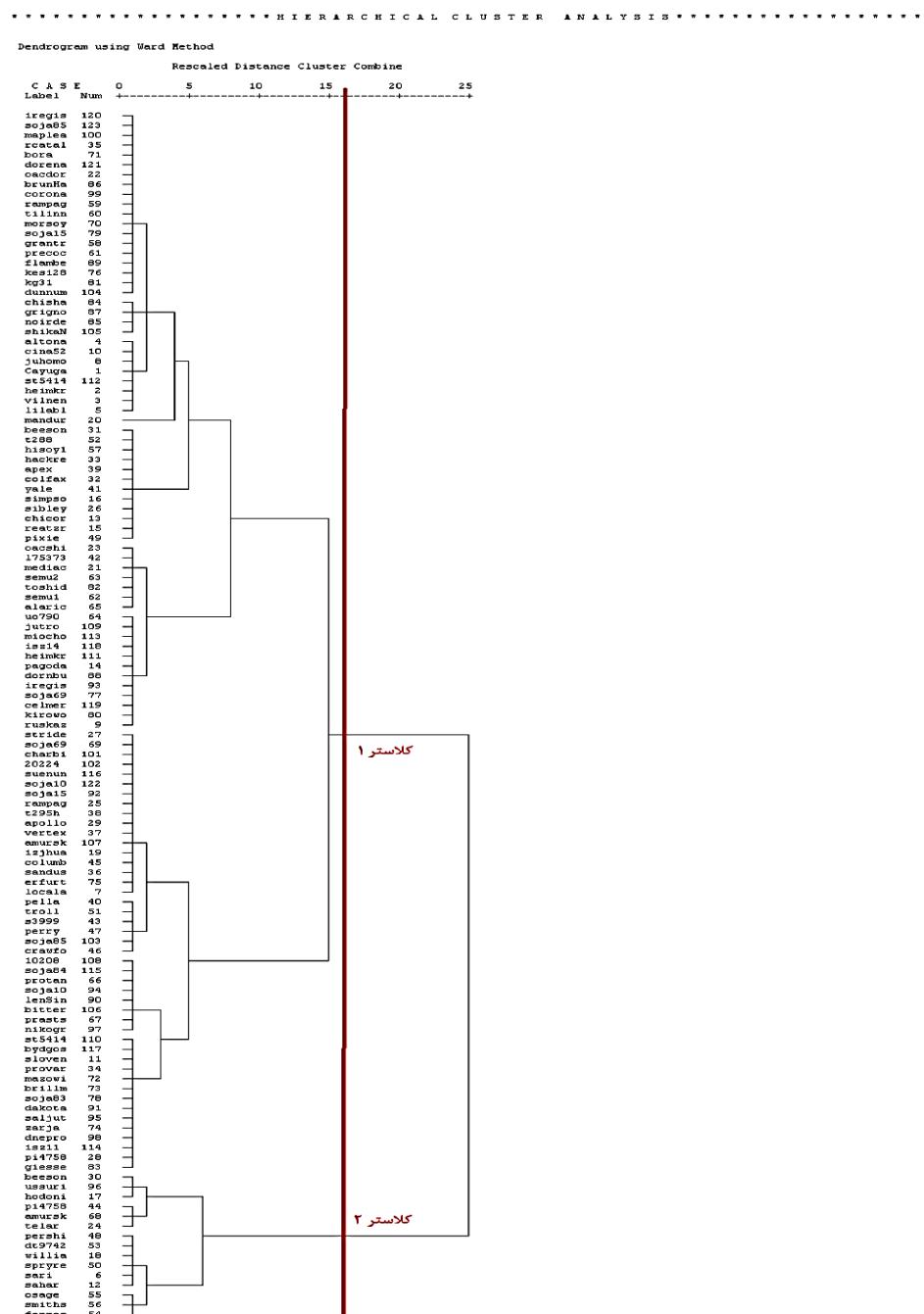
Table 3. The characteristics of the genotypes studied

ردیف	نام ژنوتیپ	تعداد شاخهای فرعی	تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی	تعداد غلاف در	تعداد کل غلاف	تعداد بذر در بونه	تعداد روز تا شروع پر شدن دانه	تعداد روز تا شروع	دوز تا رسیدگی رسیدگی	محتوای روغن	محتوای پروتئین (درصد)
۱	cayuga	۰/۲۳	۰/۲۳	۰/۲۳	۰/۲۳	۱۰/۴۷	۳۶/۳۳	۸۴/۸۸	۴۱/۰۰	۶۷/۰۰	۲۲/۰۲
۲	heimkraftIsamenfarbe	۲/۰۰	۲/۰۰	۲/۰۰	۲/۰۰	۲۰/۶۷	۳۱/۰۰	۸۴/۸۸	۴۱/۰۰	۶۱/۰۰	۲۲/۰۵
۳	vilnensis	۱/۲۳	۱/۲۳	۱/۲۳	۱/۲۳	۲۵/۰۰	۳۵/۰۰	۱۲۶/۴۷	۴۱/۰۰	۸۰/۰۰	۲۲/۴۳
۴	altonagaarden	۵/۲۳	۵/۲۳	۵/۲۳	۵/۲۳	۱۰/۰۰	۳۰/۰۰	۸۰/۰۰	۵۰/۰۰	۹۳/۰۰	۲۲/۰۳
۵	lilablüte	۱/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۰/۰۰	۱۳/۳۳	۴۶/۷۸	۸۷/۱۷	۱۱۴/۲۳	۲۱/۵۸
۶	sari	۲/۹۴	۲/۹۴	۲/۹۴	۲/۹۴	۴۶/۷۸	۲۷/۰۰	۸۴/۸۸	۸۹/۱۷	۱۱۰/۰۰	۲۲/۳۱
۷	local11	۲/۶۷	۲/۶۷	۲/۶۷	۲/۶۷	۲۰/۰۰	۳۷/۰۰	۱۲۷/۰۰	۴۲/۳۳	۷۹/۰۰	۱۱۰/۰۰
۸	juhomoravskadrobnozrnazlta	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۱۸/۲۳	۲۸/۰۰	۱۲۷/۰۰	۴۲/۳۳	۹۷/۰۰	۲۲/۱۱
۹	ruskazlta	۳/۶۷	۳/۶۷	۳/۶۷	۳/۶۷	۹/۶۷	۳۶/۰۰	۱۰/۰۰	۴۱/۰۰	۸۰/۰۰	۲۲/۰۴
۱۰	cina5202	۳/۶۷	۳/۶۷	۳/۶۷	۳/۶۷	۸/۰۰	۲۴/۳۳	۷۳/۰۰	۷۵/۰۰	۹۲/۰۰	۲۲/۳۸
۱۱	slovenskadrobnozruna	۴/۹۳	۴/۹۳	۴/۹۳	۴/۹۳	۲۶/۶۷	۴۸/۰۰	۱۴۴/۰۰	۴۱/۰۰	۶۳/۰۰	۲۱/۷۸
۱۲	sahar	۷/۷۷	۷/۷۷	۷/۷۷	۷/۷۷	۷۶/۱۷	۵۵/۳۳	۱۶۵/۰۰	۷۲/۰۰	۹۷/۰۰	۲۲/۰۵
۱۳	chicorep	۲/۶۷	۲/۶۷	۲/۶۷	۲/۶۷	۱۶/۰۰	۳۵/۶۷	۸۳/۲۲	۵۱/۰۰	۸۱/۰۰	۲۱/۶۵
۱۴	pagodarep	۳/۶۷	۳/۶۷	۳/۶۷	۳/۶۷	۱۵/۲۳	۳۴/۳۳	۱۳۷/۰۰	۴۳/۰۰	۷۱/۰۰	۲۱/۸۸
۱۵	reatzrep2	۰/۶۷	۰/۶۷	۰/۶۷	۰/۶۷	۶/۰۰	۲۱/۰۰	۵۳/۰۰	۵۲/۰۰	۱۱۴/۰۰	۲۲/۳۱
۱۶	simpsonrep	۴/۶۷	۴/۶۷	۴/۶۷	۴/۶۷	۱۸/۶۷	۳۰/۳۳	۹۱/۰۰	۵۳/۰۰	۱۰۳/۰۰	۲۲/۳۶
۱۷	hodoninskazluta	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۲۲/۶۷	۱۰۴/۰۰	۳۱۲/۰۰	۵۸/۰۰	۷۵/۰۰	۲۱/۸۹
۱۸	williams	۳/۵۶	۳/۵۶	۳/۵۶	۳/۵۶	۶۰/۷۲	۱۸۲/۱۷	۵۷/۶۷	۸۳/۶۷	۹۴/۰۰	۱۲۲/۰۰
۱۹	izjhua	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۴۱/۳۳	۱۷۷/۰۰	۵۸/۰۰	۶۶/۰۰	۷۰/۰۰	۲۱/۹۹
۲۰	mandurska2	۱/۶۷	۱/۶۷	۱/۶۷	۱/۶۷	۱۹/۶۷	۳۰/۰۰	۱۴۴/۰۰	۵۷/۰۰	۸۰/۰۰	۲۲/۱۸
۲۱	mediachev	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۶/۰۰	۲۶/۳۳	۷۸/۰۰	۴۳/۰۰	۷۴/۰۰	۲۰/۳۶
۲۲	oacdorado	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۳/۶۷	۳۷/۰۰	۱۱۱/۰۰	۵۲/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۱/۷۷
۲۳	oacshirep	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۳/۶۷	۴۰/۳۳	۱۰۷/۵۶	۵۱/۰۰	۷۷/۰۰	۲۰/۴۷
۲۴	telar	۶/۲۸	۶/۲۸	۶/۲۸	۶/۲۸	۷۷/۰۰	۳۰/۰۰	۱۲۰/۰۰	۷۸/۰۰	۹۹/۰۰	۲۲/۰۱
۲۵	rampagerep	۷/۷۷	۷/۷۷	۷/۷۷	۷/۷۷	۱۶/۳۳	۵۷/۰۰	۱۵۵/۰۰	۵۱/۰۰	۶۶/۰۰	۲۱/۸۰
۲۶	sibley	۳/۶۷	۳/۶۷	۳/۶۷	۳/۶۷	۱۴/۳۳	۳۵/۶۷	۹۵/۱۱	۴۴/۰۰	۱۱۱/۰۰	۲۲/۲۹
۲۷	stride	۰/۶۷	۰/۶۷	۰/۶۷	۰/۶۷	۳/۶۷	۵۳/۳۳	۱۱۱/۰۰	۴۳/۰۰	۷۷/۰۰	۲۲/۷۳
۲۸	pi475822a	۰/۶۷	۰/۶۷	۰/۶۷	۰/۶۷	۲۵/۶۷	۵۶/۳۳	۱۱۱/۰۰	۴۴/۰۰	۹۷/۰۰	۲۱/۰۱
۲۹	apollo	۴/۶۷	۴/۶۷	۴/۶۷	۴/۶۷	۳۹/۶۷	۵۶/۰۰	۱۳۰/۶۷	۴۴/۰۰	۶۶/۰۰	۲۱/۶۵
۳۰	beeson	۳/۶۷	۳/۶۷	۳/۶۷	۳/۶۷	۳۷/۰۰	۲۶/۲۰	۱۰۵/۰۰	۵۰/۰۰	۱۱۰/۰۰	۲۱/۹۲
۳۱	beeson80	۰/۶۷	۰/۶۷	۰/۶۷	۰/۶۷	۳/۶۷	۳۰/۰۰	۹۵/۱۱	۵۰/۰۰	۱۱۰/۰۰	۲۲/۲۷
۳۲	colfax	۰/۶۷	۰/۶۷	۰/۶۷	۰/۶۷	۹/۶۷	۹/۰۰	۱۱۱/۰۰	۵۲/۰۰	۶۶/۰۰	۲۲/۲۰
۳۳	hackrep2	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۲/۰۰	۱۱۱/۰۰	۵۰/۰۰	۶۶/۰۰	۲۲/۰۷
۳۴	provar	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۱۰/۶۷	۴۰/۰۰	۱۰۷/۵۶	۵۱/۰۰	۷۱/۰۰	۲۱/۴۵
۳۵	rcatalliancerep	۴/۶۷	۴/۶۷	۴/۶۷	۴/۶۷	۱۰/۶۷	۴۲/۰۰	۱۰۰/۰۰	۵۲/۰۰	۹۷/۰۰	۲۱/۹۵
۳۶	sandusky	۴/۶۷	۴/۶۷	۴/۶۷	۴/۶۷	۳/۶۷	۲۲/۰۰	۲۲/۱۰	۴۱/۰۰	۹۷/۰۰	۲۲/۰۲
۳۷	vertex	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۲/۶۷	۲/۰۰	۱۱۰/۰۰	۴۱/۰۰	۹۷/۰۰	۲۲/۰۷
۳۸	t295h	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۲/۶۷	۲/۰۰	۱۰۵/۰۰	۵۴/۰۰	۶۷/۰۰	۲۱/۷۸
۳۹	apex	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۳/۶۷	۳/۰۰	۱۰۷/۳۳	۵۲/۰۰	۱۱۴/۰۰	۲۲/۳۰
۴۰	pella	۳/۶۷	۳/۶۷	۳/۶۷	۳/۶۷	۱۸/۰۰	۱۸/۰۰	۱۵۷/۲۳	۵۰/۰۰	۷۱/۰۰	۲۲/۳۰
۴۱	yale	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۷/۰۰	۷/۰۰	۱۲۷/۰۰	۵۱/۰۰	۹۷/۰۰	۲۲/۰۲
۴۲	l753735	۰/۶۷	۰/۶۷	۰/۶۷	۰/۶۷	۶/۶۷	۴۷/۰۰	۱۲۵/۲۳	۴۷/۰۰	۱۱۰/۰۰	۲۰/۳۲
۴۳	s3999	۴/۶۷	۴/۶۷	۴/۶۷	۴/۶۷	۳/۶۷	۴۳/۶۷	۱۱۶/۴۴	۴۳/۶۷	۹۱/۰۰	۲۱/۹۲

ادامه جدول ۳

Cotinued Table 3

۳۷/۷۸	۲۱/۱۹	۱۱۱/..	۸۷/..	۷۶/..	۶۲/..	۲۵۲/۴۴	۹۴/۵۷	۶۵/..	۶/..	pi475822b	۴۴
۳۸/۷۶	۲۲/۰۳	۱۱۴/..	۷۵/..	۶۴/..	۵۷/..	۱۷۷/۳۳	۷۶/..	۴۳/..	۳/..	columbusrep	۴۵
۳۵/۰۶	۲۲/۹۰	۱۱۳/..	۸۷/..	۷۰/..	۶/..	۱۴۸/..	۴۹/۳۳	۲۳/۳۳	۵/..	crawford	۴۶
۳۷/۷۵	۲۱/۰۴	۱۱۵/..	۸۷/..	۷۱/..	۵۹/..	۱۳۳/۳۳	۵/..	۲۳/۵۷	۲/۵۷	perry	۴۷
۳۷/۰۷	۲۱/۹۳	۱۱۴/..	۹۰/۴..	۹/..	۸۱/..	۲۰/۴۴	۶۱/۳۳	۲۹/۵۷	۲/۵۷	pershing	۴۸
۳۶/۶۸	۲۲/۲۵	۱۱۴/..	۸۷/..	۷۷/..	۵۴/..	۶۱/..	۲۰/۳۳	۷/..	۲/۵۷	pixie	۴۹
۳۷/۰۸	۲۲/۰۴	۱۱۴/..	۹۱/..	۸۵/..	۷۵/..	۱۸۷/..	۶۰/۵۷	۳۱/..	۷/..	spryrep	۵۰
۳۷/۰۲	۲۲/۲۸	۱۱۰/..	۸۷/..	۷۵/..	۵۷/..	۱۹۲/..	۷۷/..	۳۳/..	۳/۵۷	troll	۵۱
۳۷/۰۴	۲۲/۰۴	۱۱۹/..	۸۷/..	۷۱/..	۵۸/..	۹۶/..	۳۲/..	۱۲/۳۳	۷/..	t288	۵۲
۳۶/۲۹	۲۲/۰۴	۱۱۴/..	۹۰/۱..	۸۴/..	۷۵/..	۱۷۱/..	۵۷/..	۲۸/۵۷	۷/..	dt974290	۵۳
۳۳/۴۴	۲۲/۰۵	۱۱۴/..	۹۰/۵..	۹۷/..	۸۲/..	۸۰/۳۳	۳۲/..	۷/۵۷	۲/۳۳	forrest	۵۴
۳۶/۰۳	۲۰/۳۴	۱۱۳/..	۹۹/..	۹۴/..	۸۴/..	۱۵/۲۲	۵۶/۳۳	۲۸/..	۳/..	osage	۵۵
۳۷/۰۳	۲۱/۰۴	۱۱۴/..	۹۰/۳..	۹۵/..	۸۲/..	۸۸/۸۹	۳۳/۳۳	۶/۳۳	۷/..	smithsuper	۵۶
۳۷/۰۱	۲۱/۸۲	۹۰/..	۸۷/..	۶۹/..	۵۱/..	۸۵/۳۳	۳۲/..	۷/۵۷	۱/۵۷	hisoy1651	۵۷
۳۷/۰۷	۲۱/۷۶	۸۸/..	۷۷/..	۵۶/..	۴۳/..	۷۵/۵۶	۲۸/۳۳	۱۳/۵۷	۲/۳۳	grantrip	۵۸
۳۸/۷۶	۲۲/۲۴	۷۳/..	۷۰/..	۵۶/..	۴۴/..	۷۸/..	۲۶/..	۶/..	۲/۳۳	rampage	۵۹
۳۷/۰۷	۲۱/۰۹	۸۸/..	۷۰/..	۵۷/..	۴۲/..	۴۰/۱۹	۱۵/۳۳	۷/..	۷/..	tilinno9	۶۰
۳۷/۰۴	۲۱/۶۷	۷۶/..	۷۷/..	۵۵/..	۴۳/..	۸۱/..	۲۷/..	۱۳/۵۷	۲/۵۷	precoce90rep	۶۱
۳۷/۰۰	۲۱/۰۷	۶۹/..	۵۰/..	۵۰/..	۴۰/..	۴۷/..	۱۴/..	۲۷/۵۷	۷/۵۷	semu1	۶۲
۳۷/۷۵	۲۱/۵۸	۷۱/..	۶/..	۴۵/..	۲۶/..	۸/۵۷	۱/..	-/۵۷	-/۵۷	flora	۶۳
۳۹/۴۶	۲۰/۱۲	۷۹/..	۷۷/..	۵۷/..	۴۳/..	۸/..	۳/..	۶/۳۳	۱/۳۳	semu2	۶۴
۳۹/۴۳	۲۰/۷۶	۶۷/..	۶/..	۴۳/..	۱۳۴/..	۴۴/۵۷	۱۷/۵۷	۷/..	۷/..	uo790	۶۵
۳۹/۰۲	۲۱/۴۸	۹۴/..	۷۷/..	۵۰/..	۵۰/..	۴۷/..	۱۷/..	۳/۳۳	۷/..	alaric	۶۶
۳۷/۶۰	۲۱/۰۴	۸۷/..	۶۱/..	۴۸/..	۲۳/۷۸	۸۷/۵۷	۴۹/۳۳	۷/..	۷/..	protana	۶۷
۳۷/۴۳	۲۰/۶۷	۸۱/..	۶۰/..	۵۱/..	۱۹۷/۸۹	۷۷/۳۳	۵۸/۳۳	۳/..	۳/..	prastjsa	۶۸
۳۵/۶۷	۲۲/۲۱	۹۴/..	۸/..	۵۱/..	۳۰/۱۳۲	۱۱۳/..	۷۶/۳۳	۵/..	۵/..	amurskaja57	۶۹
۳۷/۰۷	۲۱/۰۹	۹۱/..	۷۷/..	۵۱/..	۴۱/..	۱۷۷/۳۳	۶۵/..	۱۷/۵۷	۲/۳۳	soja698	۷۰
۳۷/۱۲	۲۱/۰۹	۹۴/..	۷۷/..	۵۵/..	۴۸/..	۹۶/..	۳۲/..	۱۳/۵۷	۳/۳۳	morsoy	۷۱
۳۷/۰۱	۲۱/۷۷	۹۲/..	۷۷/..	۶۲/..	۵۰/..	۷۷/..	۳۳/..	۱۳/۵۷	۱/۵۷	bora	۷۲
۳۷/۳۲	۲۱/۰۷	۶۵/..	۷۰/..	۵۰/..	۴۳/..	۱۶۷/..	۵۴/۵۷	۳۱/..	۲/۵۷	mazowieckall	۷۳
۳۹/۶۶	۲۰/۰۹	۶۴/..	۷۰/..	۶۴/..	۴۸/..	۱۶۳/۵۶	۶۱/۳۳	۳۴/..	۲/۵۷	brillmeyer	۷۴
۳۷/۶۷	۲۰/۰۵	۹۳/..	۷۱/..	۵۵/..	۴۵/..	۱۲۶/..	۴۲/..	۲۲/..	۵/..	zaria	۷۵
۳۷/۶۱	۲۱/۰۲	۹۳/..	۷۵/..	۷/..	۴۵/..	۲۱۶/..	۷۱/۵۷	۵۰/۳۳	۴/۵۷	erfurt	۷۶
۳۶/۵۴	۲۲/۰۶	۹۳/..	۷۱/..	۶۱/..	۴۸/..	۱۱۴/..	۳۸/..	۳۲/۳۳	۷/..	kesi283	۷۷
۳۹/۰۵	۲۰/۰۶	۷۹/..	۵۹/..	۵۴/..	۴۴/..	۱۱۶/۴۴	۴۳/۵۷	۱۲/۵۷	۷/..	soja690	۷۸
۳۷/۴۴	۲۰/۰۵	۶۴/..	۷۱/..	۵۶/..	۴۵/..	۱۵۷/..	۵۲/۳۳	۱۶/..	۵/..	soja838	۷۹
۳۷/۵۸	۲۱/۰۸	۹۲/..	۶/..	۵/..	۸۸/۸۹	۳۲/۱۲	۱۱/..	-/۵۷	۱/۵۷	soja1539	۸۰
۳۷/۰۴	۲۱/۰۵	۸۶/..	۷۷/..	۵۰/..	۴۷/..	۱۱۷/..	۴۲/..	۲۴/۳۳	۷/..	kirowogradskaja5	۸۱
۳۶/۰۱	۲۱/۵۷	۸۷/..	۵۹/..	۴۸/..	۱۳۸/۵۷	۵۲/..	۲۱/۳۳	۲/۵۷	kg31	۸۲	
۳۷/۰۸	۲۱/۰۴	۸۰/..	۷۰/..	۵۰/..	۴۳/..	۵۶/..	۲۱/..	۱۴/..	-/۵۷	toshida7910	۸۳
۳۹/۰۳	۲۱/۰۸	۸۸/..	۷۶/..	۵۱/..	۴۰/..	۱۲۲/۵۷	۴۶/..	۴۰/..	۳/۵۷	giesseler	۸۴
۳۶/۰۹	۲۲/۰۱	۶۸/..	۶۳/..	۶/..	۴۸/..	۵۲/..	۱۷/۳۳	۱۴/..	۷/..	chisha	۸۵
۳۷/۰۴	۲۱/۰۷	۷۹/..	۷۷/..	۵۰/..	۴۴/..	۱۸/۵۷	۷/..	۱/۳۳	۷/..	noirdesfreresdippe	۸۶
۳۷/۰۳	۲۱/۵۷	۶۶/..	۵۱/..	۵۰/..	۴۳/..	۸۰/۳۳	۳۲/..	۱۳/۵۷	۳/۵۷	brunhatifrouest	۸۷
۳۵/۰۹	۲۲/۲۲	۶۳/..	۶۱/..	۴۳/..	۴۳/..	۲۹/..	۹/۵۷	۷/..	۳/۵۷	grignon39	۸۸
۳۷/۰۸	۲۱/۰۴	۹۱/..	۶۰/..	۴۸/..	۴۸/..	۱۱۶/..	۳۸/..	۱۷/۳۳	۷/۵۷	dornburgerstamm106	۸۹
۳۷/۷۷	۲۱/۰۸	۸۸/..	۷۷/..	۵۰/..	۴۶/..	۱۰۴/..	۳۵/..	۱۶/..	۲/۵۷	flambean	۹۰
۳۷/۳۶	۲۱/۰۱	۸۶/..	۷۷/..	۶۰/..	۴۸/..	۲۰۴/..	۵۷/۵۷	۴۳/..	۷/..	lensinpindin	۹۱



شکل ۲- گروه‌بندی ۱۲۴ ژنوتیپ سویا بر اساس خصوصیات مورفولوژیکی و فنولوژیکی مختلف

Figure 2. Clustering of 124 soybean genotypes based on different morphological and phonological traits

جدول ۵- ضرایب همبستگی صفات مورد مطالعه در کلستریندی ژنتیپ‌های سویا با استفاده از ضریب کوفتیک

Table 5. Correlation coefficient of the traits studied in clustering of soybean genotypes using cophenetic coefficient

	تعداد روز تا گلدهی	تعداد روز تا غلافدهی	تعداد روز تا غلافدهی	تعداد روز تا شروع پر شدن دانه	تعداد روز تا پر شدن دانه	تعداد روز تا شروع رسیدگی	تعداد روز تا رسیدگی	ارتفاع	تعداد شاخه‌های فرعی	تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی	تعداد کل غلافها	تعداد بذر در بوته
تعداد روز تا گلدهی	۱											
تعداد روز تا غلافدهی	.۰/۸۴۰**	۱										
تعداد روز تا شروع پر شدن دانه	.۰/۷۳۴**	.۰/۹۰۳**	۱									
تعداد روز تا پر شدن دانه	.۰/۶۸۴**	.۰/۸۵۷**	.۰/۹۱۸**	۱								
تعداد روز تا شروع رسیدگی	.۰/۶۲۴**	.۰/۷۵۹**	.۰/۸۳۳**	.۰/۸۹۲**	۱							
تعداد روز تا رسیدگی	.۰/۵۵۱**	.۰/۶۶۹**	.۰/۷۱۴**	.۰/۷۶۶**	.۰/۸۷۵**	۱						
ارتفاع	.۰/۳۹۷**	.۰/۲۹۱**	.۰/۲۸۱**	.۰/۲۳۴**	.۰/۲۳۹**	.۰/۱۹۱*	۱					
تعداد شاخه‌های فرعی	.۰/۱۴۹	-.۰/۰۷۸	-.۰/۰۳۳	-.۰/۰۲۳	-.۰/۰۳۲	-.۰/۰۸۵	.۰/۱۹۱*	۱				
تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی	.۰/۲۹۱**	.۰/۲۷۳**	.۰/۲۱۳*	.۰/۲۴۴**	.۰/۱۷۷*	.۰/۲۲۲**	.۰/۱۵۴	.۰/۲۶۴**	۱			
تعداد کل غلافها	.۰/۳۰۶**	.۰/۲۹۱**	.۰/۲۱۸*	.۰/۲۶۸**	.۰/۲۰۱*	.۰/۲۴۸**	.۰/۳۲۸**	.۰/۱۴۷	.۰/۸۷۰**	۱		
تعداد بذر در بوته	.۰/۲۴۳**	.۰/۲۱۹*	.۰/۱۴۴	.۰/۲۰۹*	.۰/۱۴۳	.۰/۱۹۳*	.۰/۳۰۷**	.۰/۱۴۶	.۰/۸۲۴**	.۰/۹۴۰**	۱	

** و * به ترتیب بیانگر معنی‌داری همبستگی در سطح یک درصد و پنج درصد

منابع

1. Abedi, Z., H. Najafi Zarrini, S.M. Emadi and N. Bagheri. 2019. Evaluation of relationship between agronomical and physiological traits of soybean and grouping of soybean genotypes under different amount of sulfur application. *Journal of Crop Breeding*, 11(29): 134-142.
2. Aondover, S., B. LateefLekan and T. VangeTerkimbi. 2013. Correlation, path coefficient and principal component analysis of seed yield in soybean genotypes. *International Journal of Advanced Research*, 1(7): 1-5.
3. Babaei, H.R., N. Razmi, E. Hezarjaribi and M. Hashemi Jazi. 2020. Study on adaptability and grain yield stability of soybean genotypes [*Glycine Max* (L.) Merrill] through AMMI & GGE biplot analysis. *Journal of Crop Breeding*, 12(35): 238-250.
4. Bartlett, M.S. 1954. A note on the multiplying factors for various chi square approximations. *Journal of the Royal Statistical Society*, 16: 296-298.
5. Bello, L.L., A. Shaahu and T. Vange. 2012. Studies on relationship between seed yield and yield components in soybean (*Glycine max* L. Merrill). *Electronic Journal of Plant Breeding*, 3(4): 1012-1017.
6. Dubey, N., H.A. Avinashe and A.N. Shrivastava. 2018. Principal component analysis in advanced genotypes of soybean [*Glycine Max* (L.) Merrill] over seasons. *Plant Archives*, 18(1): 501-506.
7. El-Hashash, E.F. 2016. Genetic diversity of soybean yield based on cluster and principal component analyses. *Journal of Advances in Biology& Biotechnology*, 1-9.
8. Iqbal, Z., M. Arshad, M. Ashraf, T. Mahmood and A. Waheed. 2008. Evaluation of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] germplasm for some important morphological traits using multivariate analysis. *Pakistan Journal of Botany*, 40(6): 2323-2328.
9. Fazeli, F., H. Najafi Zarini, M. Arefrad and A. Zaman Mirabadi. 2015. Assessment of relation of morphological traits with seed yield and their diversity in M4 generation of soybean mutant lines [*Glycine max* (L.) Merrill] through factor analysis. *Journal of Crop Breeding*, 7(15): 47-56.
10. Ghanbari, S.A., B.A. Nooshkam Fakheri and N. Mahdinezhad. 2019. Relationship between yield and its component in soybean genotypes (*Glycine Max* L.) using multivariate statistical methods. *Journal of Crop Breeding*, 11(29): 85-92.
11. Ghiday, T. and A. Sentayehu. 2015. Genetic Divergence Analysis on Some Soybean (*Glycine max* L. Merrill) Genotypes Grown in Pawe, Ethiopia. *American-Eurasian Journal of Agriculture and Environmental Science*, 15(10): 1927-1933.
12. Ghodrati, GH. Evaluation the relationship between yield and its component of promising soybean line. *Crop Physiology Journal*, 4(15): 59-70.
13. Kahlon, C.S., B. Li, J. Board, M. Dia, P. Sharma and P. Jat. 2018. Cluster and principle component analysis of soybean grown at various row spacings, planting dates and plant populations. *Open Agriculture*, 3: 110-121.
14. Kaiser, H. 1974. An index of factorial simplicity. *Psychometrika*, 39: 31-36.
15. Kargar, S.M.A., A. Mostafaie, E.M. Hervan and S.S. Pourdad. 2015. Study on genetic variation of 14 soybean cultivars using cluster and factor analysis under water stress and nonstress conditions. *Journal of Biology and Environmental Science*, 6(3): 100-112.
16. Mahbub, M.M., M. Mamunur Rahman, M.S. Hossain, L. Nahar and B.J. Shirazy. 2016. Morphophysiological variation in soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). *American Eurasian Journal of Agricultural and Environmental Sciences*, 16(2): 234-238.
17. Majidian, P., B. Masoudi and H. Sadeghi Garmaroudi. 2019. Preliminary evaluation of imported cultivars and pure lines of soybean (*Glycine Max* L.). based on agronomic traits and resistance to phytophthora rot. *Journal of Crop Breeding*, 11(30): 98-107 (In Persian).
18. Malekmohamadi, Z., H. Sabori, A. Biabani and E. Hezarjaribi. 2016. Study of genetic diversity of soybean (*Glycine max*) using ISSR markers. *Journal of Crop Breeding*, 8(19): 124-133 (In Persian).
19. Masoudi, B., M.R. Bihamta, A. Peighambari and H.R. Babaee. 2014. Evaluation of agronomic traits variability in different soybean growth types by using principal component analysis. *Agronomy Journal*, 108: 81-90.
20. Masoudi, B., M.R. Bihamta, H.R. Babaee and A. Peighambari. 2009. Factor analysis for morphological and phenological traits in Soybean (*Glycine max* L.). *Iranian Journal of Crop Sciences*, 1(1): 45-57.
21. Montazeri, R., M. Moradkhani, M. Sam Daliri and A.A. Mousavi. 2017. Correlation between morphological new genotype of rice in the west Mazandaran. *Journal of Crop Breeding*, 9(22): 191-199.
22. Oliveira, M.M., L.B. Sousa, M.C. Reis, E.G. Silva Junior, D.B.O. Cardoso, O.T. Hamawaki and A.P.O. Nogueira. 2017. Evaluation of genetic diversity among soybean (*Glycine max*) genotypes using univariate and multivariate analysis. *Genetics and Molecular Research*, 16(2).

23. Peyghambari, S.A., H. Babaei and H. Alipour. 2017. Evaluation of genetic variation and relationships of agronomic traits in soybean genotypes under normal irrigation and water deficit stress. *Applied Research in Field Crops*, 30(3): 82-103.
24. Salimi, S., H.S. Lahiji, G.M. Abadi, S. Salimi and S. Moradi. 2012. Genetic diversity in soybean genotypes under drought stress condition using factor analysis and cluster analysis. *World Applied Sciences Journal*, 16(4): 474-478.
25. Shaahu, A., L.L. Bello and T. Vange. 2014. Field Evaluation of some soybean (*Glycine Max* (L.) Merrill) genotypes at makurdi in the southern guinea savannah ecology of Nigeria. *Journal of Applied Research and Technology*, 3(5): 64-69.
26. Shadakshari, T.V., T. Kalaimagal, N. Senthil, M.B. Boranayaka, R. Kambe Gowda and G. Rajesha. 2011. Genetic diversity studies in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] based on morphological characters. *Asian Journal of Bio Science*, 6(1): 7-11.
27. Talebkhani, M., H.R. Babaei and H. Ali Pour. 2018. Evaluation of tolerance to water deficit stress in diverse soybean genotypes. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 48(4): 933-943.
28. Vianna, V.F., S. H. Unêda-Trevisoli, J. A. Desidério, S. Santiago, K. Charnai, J. Arantes, F. Júnior, A. S. Ferraudo and A.O. Mauro. 2013. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. *African Journal of Agricultural Research*, 8(30): 4162-4169.

Investigation of Morphological and Phonological Diversity of some Imported Soybean (*Glycine max L.*) Cultivars using Principle Component Analysis

Parastoo Majidian¹, Seyed Alireza Dalili², Bahram Masoudi³ and Hamid Sadeghi Garmaroodi⁴

1- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Sari, Iran (Corresponding author: parastoomajidian63@gmail.com)

2- Assistant Professor, Plant Protection Research Department, Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Sari, Iran

3- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Research Department, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

4- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Research Department, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

Received: February 27, 2021 Accepted: April 30, 2021

Abstract

This research was performed to evaluate 124 different soybean genotypes with different maturity type based on augmented design in six blocks with four control cultivars as Telar, Sari, Williams and Sahar at Baye Kola Agricultural Research Station-Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center. In order to perform the project, each genotype was cultivated on 3 meter line with 60 cm planting space between rows and 3-5 cm space between two seeds. The results of principle component analysis showed that 77.072 % of data variation was expressed according to five components. The results of biplot indicated that the most traits related to yield; its components and phonological properties were located in two regions except protein content which could be used for the studied genotypes breeding. In addition, based on clustering results obtained from the related traits to first and second components, the studied soybean genotypes were grouped in two clusters which the first one included genotypes with early maturity, high oil content and low yield components and protein content, while the second cluster consisted of late maturity group, low oil content, high yield component and high protein content. In total, on the basis of diversity existence accompanied by the research objective, it could be used the studied soybean genotypes in further breeding programs.

Keywords: Agronomic traits, Clustering, Ward method