دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

"مقاله پژوهشی"

ارزیابی مجموعه گسترده‌ای از ژرم پلاسم ارزن دم‌روباهی (*Setaria italica* L.) بر اساس عملکرد و برخی صفات زراعی

مهدی یزدی‌زاده[۱]، لیلا فهمیده[۲]، قاسم محمدی‌نژاد[۳]، محمود سلوکی[۴]، بابک ناخدا[۵] و فاطمه ابراهیمی[۶]

۱- دانشجوی دکتری اصلاح نباتات، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، ایران
۲- دانشیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، ایران، (نویسنده مسوول: l.fahmideh@gau.ac.ir)
۳- استاد، پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی و گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی دانشگاه شهید باهنر کرمان، ایران
۴- استاد گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، ایران
۵- استادیار، گروه فیزیولوژی مولکولی، پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
۶- استادیار، گروه به‌نژادی گیاهی، پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۲/۲۲ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۹/۹
صفحه: ۶۳ تا ۷۵

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: ارزن دم‌روباهی به‌عنوان یک محصول چند منظوره دارای پتانسیل‌های مغذی و دارویی است. این مطالعه با هدف بررسی و مقایسه تنوع مجموعه ژرم پلاسم گسترده‌ی ارزن دم‌روباهی (۱۳۴ ژنوتیپ) براساس ۱۴ صفت زراعی مورد مطالعه انجام شد.

مواد و روش‌ها: در این تحقیق بذور ۱۳۴ ژنوتیپ ارزن دم‌روباهی که شامل مجموعه گسترده ژرم پلاسم ارزن دم روباهی می‌باشد، از پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی، قطب علمی تنش‌های محیطی غلات دانشگاه شهید باهنر کرمان تهیه شد. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار و تحت شرایط نرمال طی سال زراعی ۱۳۹۶ اجرا شد. صفات زراعی شامل: درصد جوانه‌زنی بذر ارتفاع گیاه، تعداد برگ در بوته، طول برگ پرچم، عرض برگ پرچم، تعداد پنجه، طول خوشه، عملکرد دانه، تعداد گیاهان روی خط، عملکرد علوفه، وزن بذور بوته برتر، وزن هزار دانه، شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیکی اندازه گیری شد و سپس داده‌های حاصله مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند.

یافته‌ها: نتایج تجزیه واریانس نشان داد که اختلاف ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر تمامی صفات به غیر از صفات عرض برگ و تعداد گیاهان روی خط در سطح ۱ درصد معنی‌دار بود. بر آورد ضریب همبستگی بین صفات نشان داد که عملکرد دانه و عملکرد علوفه با تمامی صفات به استثنای عرض برگ همبستگی مثبت و معنی‌داری داشتند، همچنین صفت عملکرد دانه با عملکرد بیولوژیک و عملکرد علوفه بیشترین همبستگی مثبت و معنی‌دار (به‌ترتیب ۰/۹۷ و ۰/۹۴) داشت. در ادامه نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که ۴ مؤلفه اصلی اول بیش از ۷۵/۶۲ درصد از واریانس کل صفات را توجیه کردند و مؤلفه‌های اول تا چهارم به‌ترتیب ۴۹/۸۰، ۹/۸۷ و ۸/۳۲ و ۷/۵۴ درصد از کل واریانس را به خود اختصاص داده‌اند. براساس نتایج تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها به ۴ گروه ژنوتیپی تقسیم شدند و ژنوتیپ‌های موجود در گروه اول از لحاظ عملکرد علوفه و عملکرد بذر نسبت به بقیه گروه‌ها برتری داشتند.

نتیجه‌گیری: در مجموع ژنوتیپ‌ها از نظر صفات اندازه‌گیری شده به طور قابل توجهی متفاوت بودند که این مطلب بیانگر وجود تنوع قابل توجه در میان ژرم پلاسم مورد مطالعه بود. با توجه به اینکه برخی ژنوتیپ‌ها در خوشه اول (۱۶۰، ۶۸، ۱۵، ۲۳، ۷۲، ۷۳، ۳۹، ۱۷۰، ۵۷ و ۱۲۲) از نظر عملکرد بذر و عملکرد علوفه از برتری قابل توجهی برخوردار بودند، لذا می‌توانند برای مطالعات آتی اصلاح نباتات به عنوان ژنوتیپ‌های برتر در برنامه‌های به نژادی و انتخاب به منظور افزایش عملکرد علوفه و دانه ارزن دم روباهی مورد توجه و استفاده قرار بگیرد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه کلاستر، تنوع ژنتیکی، عملکرد دانه، عملکرد علوفه، همبستگی فنوتیپی

مقدمه

بحران آب یکی از چالش‌هایی است که جهان با آن رو به رو شده است، لذا با توجه به مهم‌ترین چالش‌های پیشرو در بخش کشاورزی کشور یعنی کمبود دسترسی به منابع آب، تغییرات اقلیمی، افزایش شدت و طول مدت دوره‌های خشک سالی و نیاز روز افزون به فرآورده‌های گیاهی، توجه محققین به استفاده از گیاهانی با دوره‌ی رشد کوتاه و بهره‌وری بالا معطوف شده است (۱۶،۷،۱۱،۱). ارزن دم‌روباهی یکی از گیاهان سازگار در این زمینه است که پژوهش‌های کمی در مورد آن صورت گرفته است، این محصول زمانی که برای کاشت دیگر محصولات دیر است، قابل کشت خواهد بود. ارزن دارای دوره رشد کوتاهی (محدوده ۶۰-۹۰ روز) بوده و متناسب با شرایط محیطی دشوار مانند هوای گرم، خاک غیر حاصلخیز و حداقل آب است، همچنین می‌توان به ویژگی تولید مطلوب با وجود کمبود ورودی‌ها اشاره کرد (۲۹). این گیاه از باستانی‌ترین محصولات دانه‌ای است که قدیمی‌ترین گزارش‌های تاریخی کشف شده مربوط به تقریباً ۷۴۰۰ و ۷۹۳۵ سال پیش است.

ارزن دم‌روباهی (*Setaria italica* L.) دارای یک ژنوم کوچک (~515Mb; 2n=2x=18) بوده و از لحاظ فیزیولوژیکی نیاز به آب و هوای گرم دارد و در ماه‌های گرم تابستان با سرعت به مرحله رسیدگی می‌رسد (۱۲،۶). ارزن دم روباهی به‌عنوان یک محصول چندمنظوره، حاوی پتانسیل‌های تغذیه‌ای و درمانی است و از نظر سطح محصولات مغذی نسبت به دانه‌های معمولی بالاتر است (۲۱،۱۷). به‌علاوه، ارزن دم‌روباهی در مقایسه با سایر محصولات مانند گندم، برنج و جو حاوی بیشترین مقدار پروتئین (305.8 mg.g) و مقدار زیادی فیبر (به‌عنوان β-گلوکان‌ها، ۴۲/۶ درصد) و پیش سازهایی شامل مواد معدنی (3.3 mg.g)، آهن (0.3 mg.g) و کلسیم (0.3 mg.g) می‌باشد (۲۰،۱۸،۲).

استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره راهکار مناسبی برای طبقه‌بندی ژرم‌پلاسم‌ها، مرتب کردن تغییرپذیری تعداد بسیاری از نمونه‌ها یا ارزیابی روابط ژنتیکی بین مواد ژنتیکی مورد مطالعه است (۲۷،۲۶،۴،۱۰،۱۵). تجزیه کلاستر از تکنیک‌های چند متغیره که در ابتدا هدف آن گروه‌بندی افراد یا مواد براساس صفات آن‌ها است، سپس افراد با صفات

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.63]

مشابه را با زبان ریاضی در یک خوشه قرار می‌دهد. در تجزیه کلاستر افراد داخل یک کلاستر بیشترین شباهت و یکنواختی را دارند و بین کلاسترها حداکثر تفاوت و غیر یکنواختی وجود دارد. بنابراین اگر گروه‌بندی موفقیت‌آمیز باشد، اجزاء یا افراد داخل کلاستر در صورت ترسیم نمودار از لحاظ ژنتیکی بهم نزدیکتر هستند و کلاسترهای دورتر متفاوتر خواهند بود (۸). یک کلاستر زمانی مورد قبول است که یک یا چند گروه یا ژنوتیپ‌ها متفاوت، فاصله ژنتیکی درون کلاستری آن‌ها کمتر از میانگین کل فاصله ژنتیکی باشد و فاصله ژنتیکی بین دوکلاستر از فاصله درون کلاستری آنها بیشتر باشد (۴). از رویکردهای آمار چند متغیره می‌توان به تجزیه به مؤلفه‌های اصلی اشاره کرد که به‌عنوان یک روش کاهش داده‌ها جهت وضوح روابط بین دو یا بیش از دو صفت به تعداد متغیرهای محدود غیر همبسته نیز شناخته می‌شود (۸).

در مطالعه‌ای به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی ۱۴۳ ژنوتیپ ارزن پروسو، ۱۵ صفت زراعی مهم مورد بررسی قرار گرفت، نتایج نشان داد که صفات عملکرد دانه، وزن هزار دانه و تعداد پنجه، عملکرد علوفه از تنوع ژنتیکی بالایی برخوردار بودند لذا پیشنهاد شد که این صفات به‌منظور انتخاب رقم برتر مورد توجه قرار گیرد (۲۸). هرینتو و همکاران (۹) در مطالعه‌ای روی گیاه ارزن دم‌روباهی به این نتیجه رسیدند که بین عملکرد دانه با وزن دانه، وزن پانیکول و تعداد پانیکول‌های بارور یک همبستگی ژنتیکی مثبت و معنی‌داری وجود دارد و به این ترتیب روش انتخاب غیرمستقیم بر اساس اجزا عملکرد را برای بهبود عملکرد دانه پیشنهاد کردند. در تحقیقی ۷ صفت موثر بر عملکرد دانه در ۲۰۰ ژنوتیپ ارزن دم‌روباهی مورد مطالعه قرار گرفت و نتایج نشان داد که عملکرد بذر همبستگی مثبت و معنی‌داری با ارتفاع گیاه، طول پانیکول و عملکرد علوفه دارد (۲۴). مورگان و همکاران (۱۷) ۷۵ ژنوتیپ ارزن دم‌روباهی حاصل از آزمایشات مزرعه‌ای را در منطقه تامیل نادوی هند مورد مطالعه قرار دادند، نتایج حاصل همبستگی بین صفات مورد بررسی و عملکرد دانه را نشان داد.

با توجه به اهمیت بررسی تنوع ژنتیکی و همچنین بررسی روابط و نحوه تأثیر صفات مختلف از جمله عملکرد، این مطالعه با هدف بررسی تنوع ژنتیکی موجود در مجموعه‌ی گسترده ژرم پلاسم ارزن دم‌روباهی براساس عملکرد و سایر صفات زراعی مهم انجام شد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق بذور ۱۳۴ ژنوتیپ ارزن دم‌روباهی که شامل مجموعه‌ای گسترده از ژرم پلاسم ارزن دم‌روباهی می‌باشد، از پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی، قطب علمی تنش‌های محیطی غلات دانشگاه شهید باهنر کرمان تهیه شد. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار و تحت شرایط نرمال طی سال زراعی ۱۳۹۶ اجرا شد (جدول ۱). هر کرت آزمایشی به صورت دو خط ۲ متری با فاصله بین کرت‌ها ۵۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. عملیات تهیه زمین شامل شخم دیسک و کلیه اعمال داشت از قبیل وجین، سله‌شکنی، کوددهی و آبیاری برای تمام سطح آزمایش به‌طور یکنواخت و در زمان‌های لازم انجام شد.

این آزمایش در مزرعه پژوهشی دانشگاه شهید باهنر کرمان (قطب علمی تنش‌های محیطی غلات) با مختصات جغرافیایی، به ترتیب: ۵۶ درجه و ۵۴ دقیقه طول شرقی و ۳۰ درجه و ۲۰ دقیقه، عرض شمالی و در ارتفاع ۱۷۵۵ متر از سطح دریا واقع شده و خاک آن دارای بافت لومی‌رسی بود، انجام شد. pH خاک مزرعه ۷/۴۱ تعیین شد. کاشت گیاه، عملیات تهیه زمین شامل شخم دیسک و کلیه اعمال داشت از قبیل وجین، سله‌شکنی، کوددهی و آبیاری برای تمام سطح آزمایش به‌طور یکنواخت و در زمان‌های لازم براساس عرف منطقه انجام گرفت.

صفات مورد اندازه‌گیری عبارت بودند از: درصد جوانه‌زنی بذر (درصد)، ارتفاع گیاه (سانتی‌متر)، تعداد برگ در بوته، طول برگ پرچم (سانتی‌متر)، عرض برگ پرچم (سانتی‌متر)، تعداد پنجه، طول پانیکول (سانتی‌متر)، عملکرد دانه (تن در هکتار)، تعداد گیاهان روی خط، عملکرد علوفه (تن در هکتار)، وزن بذور بوته برتر (گرم بر مترمربع)، وزن هزار دانه (گرم)، شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیکی (تن در هکتار).

روش اندازه‌گیری صفات مورد مطالعه

درصد جوانه‌زنی بذر: مطابق با شرایط عادی در پتری دیش در رسانایی الکتریکی و PH نرمال محاسبه گردید.

تعداد پنجه: جهت برآورد تعداد پنجه‌ها در هر یک از کرت‌ها تعداد ۵ بوته به‌طور تصادفی انتخاب و از نظر تعداد پنجه شمارش و ثبت گردید، که در پایان از میانگین آن‌ها برای هر کرت در محاسبات استفاده شد.

ارتفاع بوته: جهت محاسبه‌ی این صفت ۵ بوته به‌طور تصادفی انتخاب و برای محاسبه‌ی آن از روی زمین تا نوک سنبله استفاده شد.

طول پانیکول: برای صفت طول پانیکول ۵ بوته بطور تصادفی انتخاب و از حد فاصل پایانه سنبله تا آخرین سنبله استفاده شد که در پایان از میانگین آن‌ها برای هر کرت در محاسبات استفاده شد.

طول برگ: برای صفت طول برگ پرچم از هر کرت ۵ بوته به‌طور تصادفی انتخاب و سپس حد فاصل نوک تیغه برگ پرچم تا محل اتصال آن به غلاف برگ اندازه گیری شد.

عرض برگ: جهت اندازه‌گیری صفت مربوطه از هر کرت ۵ بوته به‌طور تصادفی انتخاب و از پهنک برگ که براساس واحد اندازه گیری سانتی‌متر بود، استفاده گردید.

تعداد برگ: در هر یک از کرت‌ها تعداد ۵ بوته به‌طور تصادفی انتخاب و از نظر تعداد برگ موجود در هر بوته شمارش شد که در پایان از میانگین آن‌ها برای هر کرت در محاسبات استفاده شد.

تعداد بوته: از طریق شمارش تعداد بوته در هر کرت بدست آمد.

وزن هزار دانه: برای وزن هزار دانه ابتدا هزار دانه از هر بوته شمارش و سپس برحسب گرم توزین گردید.

وزن دانه در بوته (وزن بذور بوته برتر): با وزن کردن ۱۰ پانیکول وزن پانیکول‌های بوته‌ی برتر برحسب گرم به دست آمد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]

[DOI: 10.52547/jcb.14.42.63]

عملکرد بیولوژیک در واحد سطح: پس از رسیدگی کامل، کل پلات کف‌بر شد و وزن آنها برحسب تن در هکتار گرفته شد و عملکرد بیولوژیک اندازه‌گیری شد.
عملکرد دانه در واحد سطح: بر اساس وزن دانه در واحد سطح و سپس به هکتار تعمیم داده شد.
وزن بوته (عملکرد علوفه): از ترازوی دیجیتال جهت توزین این صفت استفاده شد، سپس به هکتار تعمیم داده شد.
شاخص برداشت: از نسبت عملکرد دانه به بیوماس کل، ضرب در ۱۰۰ شاخص برداشت محاسبه شد.
۱۰۰× (عملکرد بیولوژیک/عملکرد اقتصادی) = شاخص برداشت.

قبل از انجام تجزیه واریانس ابتدا نرمال بودن داده‌ها توسط نرم‌افزار SPSS مورد بررسی قرار گرفت و پس از تایید صحت فرضیات مورد نیاز، تجزیه و تحلیل واریانس (ANOVA) بر اساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی (RCBD) با سه تکرار انجام شد. همچنین مقایسه میانگین با استفاده روش دانکن در سطح احتمال ۵ درصد، همبستگی صفات، رگرسیون گام به گام، تجزیه کلاستر (به روش وارد و بر مبنای مربع فاصله اقلیدسی به عنوان معیار تشابه) و تجزیه به مولفه‌های اصلی با استفاده از نرم‌افزار SAS 9.1 انجام شد.

جدول ۱- مکان‌های جغرافیایی مجموعه ژرم پلاسم ارزن دم روباهی
Table 1. Geographical locations of the collected foxtail millet (*Setaria italica* L.) accessions

مکان	شماره ژنوتیپ	مکان	شماره ژنوتیپ	مکان	شماره ژنوتیپ
لرستان	۹۱	اسلام آباد	۴۶	یزد – مهریز	۱
مازندران	۹۲	تبریز	۴۷	قم – قناوات	۲
بهاباد	۹۳	مراغه	۴۸	شهرکرد	۳
نایبندان	۹۴	مرند	۴۹	مشهد	۴
خاتم	۹۵	میانه	۵۰	قم – جعفریه	۵
بافق	۹۶	رشت	۵۱	شیراز	۶
ابرقو	۹۷	درمیان	۵۲	قم	۷
تفت	۹۸	سنندج	۵۳	مرکزی – اراک	۸
تهران	۹۹	سقز	۵۴	زابل	۹
اشکذر	۱۰۰	بانه	۵۵	یزد – میبد	۱۰
بم	۱۰۱	شیراز ۲	۵۶	کرمان – کرمان	۱۱
رفسنجان	۱۰۲	فسا	۵۷	کرمان – بردسیر	۱۲
ورامین	۱۰۳	ساوه	۵۸	زاهدان	۱۳
البرز	۱۰۴	خرم آباد	۵۹	سرباز	۱۴
زرند	۱۰۵	بروجرد	۶۰	بیرجند	۱۵
اسفراین	۱۰۶	جهرم	۶۱	قاین	۱۶
رابر	۱۰۷	داراب	۶۲	نهبندان	۱۷
راور	۱۰۸	ایلام	۶۳	سربیشه	۱۸
درود	۱۰۹	نور آباد	۶۴	فردوس	۱۹
شادگان	۱۱۰	دهلران	۶۵	دیهوک	۲۰
دزفول	۱۱۱	کهکیلوییه و بویر احمد	۶۶	بشروییه	۲۱
ایذه	۱۱۲	ایوان	۶۷	سرایان	۲۲
شیروان	۱۱۳	آبدانان	۶۸	خوسف	۲۳
اهواز	۱۱۴	تالش	۶۹	سمنان	۲۴
اصفهان ۵	۱۱۵	گناباد	۷۰	دامغان	۲۵
اصفهان	۱۱۶	آستارا	۷۱	همدان	۲۶
سنندج ۱	۱۱۷	گرگان	۷۲	ملایر	۲۷
سنندج ۲	۱۱۸	گلستان	۷۳	تویسرکان	۲۸
فومن	۱۱۹	فومن	۷۴	طبس	۲۹
اصفهان	۱۲۰	ماسال	۷۵	شهرکرد ۲	۳۰
کاشان	۱۲۱	روربار	۷۶	بروجن	۳۱
چادگان	۱۲۲	خاش	۷۷	زنجان	۳۲
اردستان	۱۲۳	چابهار	۷۸	چهارمحال بختیاری	۳۳
رامهرمز	۱۲۴	میناب	۷۹	ابهر	۳۴
خوزستان	۱۲۵	رودان	۸۰	طارم	۳۵
خرم آباد ۲	۱۲۶	زابل ۲	۸۱	مشهد	۳۶
اندیمشک	۱۲۷	سرایان	۸۲	نیشابور	۳۷
باوی	۱۲۸	بوشهر	۸۳	سبزوار	۳۸
ازنا	۱۲۹	ایرانشهر	۸۴	کاشمر	۳۹
الشتر	۱۳۰	گناوه	۸۵	قوچان	۴۰
آبادان	۱۳۱	دیلم	۸۶	تربت جام	۴۱
رامشیر	۱۳۲	کنارک	۸۷	چناران	۴۲
فاروج	۱۳۳	بجنورد	۸۸	کرمانشاه	۴۳
باستان	۱۳۴	ساری	۸۹	جوانرود	۴۴
		بابل	۹۰	پاوه	۴۵

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.63]

نتایج و بحث

تجزیه واریانس و مقایسه میانگین‌ها

نتایج تجزیه واریانس صفات مختلف در جدول ۲ ارائه شده است. نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از لحاظ کلیه صفات به غیر از صفات عرض برگ و تعداد بوته اختلاف بسیار معنی‌داری با یکدیگر داشتند ($p<0/01$). این امر بیانگر وجود تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای از لحاظ صفات مورد بررسی در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود، لذا امکان گزینش براساس این صفات در میان ژنوتیپ‌های مورد مطالعه به‌منظور استفاده از آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی وجود دارد و انتخاب برای بهبود آنها می‌تواند موثر باشد.

در این میان بیشترین درصد جوانه‌زنی مربوط به ژنوتیپ‌های ۱۲۸، ۷۲ و ۱۳۵ با میانگین جوانه‌زنی ۸۱ درصد و کمترین درصد جوانه‌زنی به ژنوتیپ‌های ۸۹، ۲۴، ۹۹، ۱۰۵ و ۳۰ با میانگین جوانه‌زنی ۶۰ درصد اختصاص داشت.

بیشترین ارتفاع بوته در ژنوتیپ‌های ۱۷۰، ۷۲ و ۲۳ با میانگین۱۰۱/۳۳ سانتی‌متر و پایین‌ترین ارتفاع بوته در ژنوتیپ‌های ۱۰۱، ۱۳۶ و ۳۰ با طول ۷۱/۶۶ سانتی‌متر مشاهده شد.

نتایج مقایسه میانگین نشان داد ژنوتیپ‌های ۳۹، ۲۳، ۷۲ و ۱۷۰ بیشترین تعداد برگ و ژنوتیپ‌های ۱۱ و ۱۰۹ کمترین تعداد برگ را داشتند. ژنوتیپ های ۱۲۲، ۱۷۰، ۵۷، ۱۵، ۷۲، ۱۷۰، ۷۳، ۳۹ و ۲۳ بیشترین طول برگ و ژنوتیپ‌های ۱۳۹، ۲۰، ۱۱ و ۱۰۹ کمترین طول برگ را نشان دادند. بیشترین اندازه عرض برگ مربوط به ژنوتیپ‌های ۱۶۰، ۶۸، ۱۵، ۵۷، ۱۲۲، ۷۲، ۱۷۰، ۷۳، ۳۹ و ۲۳ با ۲/۳۳ سانتی‌متر و کمترین اندازه عرض برگ مربوط به ژنوتیپ‌های ۱۱ و ۱۰۹ با ۲ سانتی‌متر بود.

نتایج نشان داد ژنوتیپ‌های ۱۶۰، ۶۸، ۱۵، ۵۷، ۱۲۲، ۷۲، ۱۷۰، ۷۳، ۳۹ بیشترین پنجه بارور با میانگین تعداد سه پنجه بارور و ژنوتیپ‌های ۱۱، ۱۲۴ و ۱۰۹ کمترین تعداد پنجه را با یک عدد پنجه بارور تولید کردند. بیشترین طول پانیکول مربوط به ژنوتیپ‌های ۱۲۲، ۱۷۰ و ۱۵ با میانگین (۲۵/۶۶) سانتی‌متر و کمترین آن مربوط به ژنوتیپ‌های ۳، ۱۳۶، ۱۱ و ۱۰۹ (با میانگین ۱۸/۳۳ سانتی‌متر) بود.

بیشترین تعداد بوته روی خط به ژنوتیپ‌های ۱۶۰، ۶۸، ۱۵، ۵۷، ۱۲۲، ۷۲، ۱۷۰، ۷۳، ۳۹، ۵۴، ۱۳۲، ۱۳۸ و ۲۳ و کمترین آن به ژنوتیپ‌های ۱۱ و ۱۰۹ اختصاص داشت.

بیشترین مقدار عملکرد بذر را ژنوتیپ‌های ۱۶۰، ۶۸، ۱۵، ۵۷، ۱۲۲، ۷۲، ۱۷۰، ۷۳، ۳۹ و ۲۳ به ترتیب با وزن ۲/۷۴، ۲/۷۲، ۲/۵۸، ۲/۶۸، ۲/۴۸، ۲/۵۹، ۲/۵۳، ۲/۵۸، ۲/۵۸، ۲/۵۹ تن در هکتار و کمترین عملکرد بذر از را ژنوتیپ‌های ۱۱ و ۱۰۹ (به ترتیب با وزن ۱/۸۳، ۱/۹۰ تن در هکتار) نشان دادند. بیشترین عملکرد علوفه را ژنوتیپ‌های ۱۶۰، ۶۸، ۱۵، ۵۷، ۱۲۲، ۷۲، ۱۷۰، ۷۳، ۳۹، ۵۷ و ۲۳ به‌ترتیب با ۴/۸۴، ۴/۸۱، ۴/۶۷، ۴/۸۰، ۴/۵۶، ۴/۶۶، ۴/۶۲، ۴/۶۶، ۴/۶۵ و ۴/۶۷ تن بر هکتار و کمترین میزان عملکرد علوفه را ژنوتیپ‌های ۱۱ و ۱۰۹ به ترتیب با ۳/۴۷ و ۳/۵۲ تن در هکتار تولید کردند.

نتایج نشان داد ژنوتیپ‌های ۱۶۰، ۶۸، ۱۵، ۵۷، ۱۲۲، ۷۲، ۱۷۰، ۷۳، ۱، ۴۳، ۴۸ و ۲۳ بیشترین وزن بذور پانیکول اصلی و ژنوتیپ‌های ۱۱ و ۱۰۹ کمترین مقدار وزن بذور پانیکول اصلی را دارا بودند. بیشترین مقدار وزن هزار دانه مربوط به ژنوتیپ‌های ۷۳، ۲۵، ۲۶، ۲۷، ۱۷۰، ۵۸ و ۲۲ و کمترین آن به ژنوتیپ‌های ۱۱ و ۷ اختصاص داشت.

بیشترین میزان شاخص برداشت از آن ژنوتیپ‌های ۱۶۰، ۶۸، ۱۵، ۵۷، ۱۲۲، ۷۲، ۱۷۰، ۷۳، ۳۹ و ۲۳ و کمترین میزان این صفت مربوط به ژنوتیپ ۱۳۸، ۶، ۴۳، ۱۱ و ۱۰۹ بود. بیشترین میزان عملکرد بیولوژیک را ژنوتیپ‌های ۱۶۰، ۶۸، ۱۵، ۵۷، ۱۲۲، ۷۲، ۱۷۰، ۷۳، ۳۹ و ۲۳ و کمترین میزان عملکرد بیولوژیک را ژنوتیپ ۱۳۸، ۱۱ و ۱۰۹ داشتند. نتایج تحقیق حاضر با نتایج سایر محققین مانند یزدی‌زاده و همکاران (۲۸) در جنس ارزن پروسو مطابقت داشت. آن‌ها در گزارشی عنوان کردند که بر اساس تجزیه و تحلیل داده‌های فنوتیپی ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر صفات اندازه‌گیری شده به طور قابل توجهی متفاوت بودند، همچنین اکثر صفات تحت تأثیر محیط و اثر متقابل ژنوتیپ در محیط در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری بسیار معنی‌دار بودند و این مطلب بیانگر وجود تنوع قابل توجهی در میان ژرم پلاسم ارزن پروسو مورد مطالعه بود، که می‌تواند انتخاب ژنوتیپ‌های متحمل به تنش شوری را تسهیل کند. همچنین نتایج مطالعه حاضر همسو با نتایج ژانگ و همکاران (۳۰) است که اظهار کردند که توده‌های ارزن پروسو مورد بررسی از لحاظ صفات عملکرد دانه، وزن پانیکول، طول پانیکول از تنوع زیادی برخوردار بودند.

همبستگی فنوتیپی

بر اساس ضرایب همبستگی فنوتیپی، عملکرد دانه و عملکرد علوفه با تمامی صفات مورد مطالعه به‌استثنای صفت عرض برگ همبستگی مثبت و معنی‌داری داشتند. بیشترین همبستگی بین صفت عملکرد دانه با عملکرد بیولوژیک، عملکرد علوفه، طول برگ، شاخص برداشت، عرض برگ و تعداد برگ (به‌ترتیب ۰/۹۷، ۰/۹۴، ۰/۸۰، ۰/۷۹ و ۰/۷۶) مشاهده شد. همچنین بیشترین همبستگی برای صفت عملکرد علوفه با عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه و تعداد برگ (به‌ترتیب ۰/۹۷، ۰/۹۴ و ۰/۶۱) بدست آمد (جدول ۳).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]

[DOI: 10.52547/jcb.14.42.63]

جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس براساس صفات مورد مطالعه در مجموعه ژرم پلاسم ارزن‌دم روباهی

Table 2. Combined ANOVA of beneficial essential agronomic traits of the 134-foxtail millet genotypes.

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات MS											
		درصد جوانه‌زنی (٪)	ارتفاع (سانتی‌متر)	تعداد برگ	طول برگ (سانتی‌متر)	عرض برگ (سانتی‌متر)	تعداد پنجه	طول پانیکول (سانتی‌متر)	عملکرد بذر (تن در هکتار)	تعداد بوته روی خط	عملکرد علوفه (تن در هکتار)	وزن بذور پانیکول اصلی (گرم)	وزن هزار دانه (گرم)	شاخص برداشت	عملکرد بیولوژیک (تن در هکتار)
تکرار	۲	۷۱/۳۳^{ns}	۹۹۷/۳۴**	۳۱/۳۹**	۲۲/۵۶**	۰/۰۰۷^{ns}	۰/۵۵*	۴۱/۹۴**	۰/۱۰**	۱۲/۲۱**	۰/۳۷**	۰/۴۴**	۰/۰۸**	۴۶/۹۷**	۰/۷۲**
تیمار	۱۳۳	۹۹/۷۷**	۱۴۳/۸۲**	۵/۲۱**	۴/۸۶**	۰/۰۲^{ns}	۰/۳۷**	۹/۱۰**	۰/۰۶**	۱/۰۷^{ns}	۰/۱۱**	۰/۰۳**	۰/۰۱**	۵/۱۸**	۰/۳۴**
خطا	۲۶۶	۳۷/۲۴	۸۱/۲۵	۰/۵۵	۰/۷۲	۰/۰۵	۰/۱۵	۰/۴۷	۰/۰۰۳	۱/۴۵	۰/۰۱	۰/۰۱	۰/۰۰۶	۰/۲۵	۰/۰۲
ضریب تغییرات (cv)	–	۸/۷۸	۱۰/۸۴	۳/۵۰	۴/۱۷	۱۰/۷۹	۱۶/۶۹	۳/۶۷	۲/۷۷	۱۳/۶۲	۲/۷۱	۳/۸۴	۳/۷۱	۰/۹۵	۲/۶۹

ns، * و **: به‌ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

جدول ۳- ضرایب همبستگی فنوتیپی صفات مورد مطالعه در مجموعه ژرم پلاسم ارزن‌دم روباهی

Table 3. Phenotypic correlation coefficients of investigated traits of foxtail millet germplasm

صفات	درصد جوانه‌زنی	ارتفاع	تعداد برگ	طول برگ	عرض برگ	تعداد پنجه	طول پانیکول	عملکرد بذر	تعداد بوته روی خط	عملکرد علوفه	وزن بذور پانیکول اصلی	وزن هزار دانه	شاخص برداشت	عملکرد بیولوژیک
درصد جوانه‌زنی	۱													
ارتفاع	۰/۳۶**	۱												
تعداد برگ	۰/۴۰**	۰/۵۹**	۱											
طول برگ	۰/۳۵**	۰/۵۶**	۰/۹۲**	۱										
عرض برگ	۰/۰۳^{ns}	۰/۰۷^{ns}	۰/۰۹^{ns}	۰/۰۶^{ns}	۱									
تعداد پنجه	۰/۱۹*	۰/۴۲**	۰/۵۴**	۰/۵۲**	−۰/۰۱^{ns}	۱								
طول پانیکول	۰/۳۷**	۰/۵۶**	۰/۹۲**	۰/۹۲**	۰/۰۸^{ns}	۰/۵۲**	۱							
عملکرد بذر	۰/۳۳**	۰/۵۴**	۰/۸۰**	۰/۷۶**	۰/۰۶^{ns}	۰/۵۰**	۰/۷۷**	۱						
تعداد بوته روی خط	۰/۲۵**	۰/۰۷^{ns}	۰/۰۷^{ns}	۰/۱۱^{ns}	-۰/۰۳^{ns}	۰/۰۵^{ns}	۰/۱۳^{ns}	۰/۱۹*	۱					
عملکرد علوفه	۰/۲۳**	۰/۴۴**	۰/۶۱**	۰/۵۶**	۰/۰۴^{ns}	۰/۴۱**	۰/۵۶**	۰/۹۴**	۰/۲۴*	۱				
وزن بذور پانیکول اصلی	۰/۲۳**	۰/۲۶**	۰/۴۰**	۰/۳۸**	−۰/۰۷^{ns}	۰/۲۴**	۰/۳۹**	۰/۵۸**	۰/۲۰**	۰/۶۰**	۱			
وزن هزار دانه	۰/۰۱^{ns}	۰/۰۹^{ns}	۰/۱۸**	۰/۱۲^{ns}	۰/۰۷^{ns}	−۰/۰۷^{ns}	۰/۰۷^{ns}	۰/۰۹^{ns}	−۰/۰۴^{ns}	۰/۱۱^{ns}	۰/۳۲**	۱		
شاخص برداشت	۰/۱۴**	۰/۵۵**	۰/۸۹**	۰/۸۸**	۰/۰۹^{ns}	۰/۵۰**	۰/۹۰**	۰/۷۹**	۰/۰۶^{ns}	۰/۵۴**	۰/۳۶**	۰/۰۵^{ns}	۱	
عملکرد بیولوژیک	۰/۲۸**	۰/۴۹**	۰/۷۰**	۰/۶۶**	۰/۰۵^{ns}	۰/۴۶**	۰/۶۶**	۰/۹۷**	۰/۲۲*	۰/۹۸**	۰/۶۰**	۰/۱۰^{ns}	۰/۶۵**	۱

ns، * و **: به‌ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]

[DOI: 10.52547/jcb.14.42.63]

مشابه نتایج حاصله از این مطالعه، در پژوهش مورگان و همکاران (۱۷) با مطالعه ۷۵ ژنوتیپ ارزن ایتالیایی در شرایط مزرعه، نتایج همبستگی صفات مورد بررسی با عملکر دانه را نشان داد. سن و حمید (۲۵) در مطالعه‌ای به‌منظور تعیین همبستگی بین صفات زراعی در مجموعه‌ای که شامل ۱۰۷ ژنوتیپ ارزن پروسو بود، نشان دادند که عملکرد دانه در بوته دارای همبستگی مثبت با صفات روز تا گلدهی، روز تا رسیدگی، ارتفاع گیاه، تعداد پنجه در بوته و طول خوشه بود. وزن کاه نیز دارای همبستگی مثبت با صفات روز تا گلدهی، ارتفاع گیاه و طول خوشه بود ولی با تعداد پنجه در بوته همبستگی منفی داشت. ردی و لاکشمی (۲۱) در مطالعه‌ی همبستگی عملکرد دانه را با ۱۴ صفت مورفولوژیک در ۳۹ رقم ارزن دم‌روباهی بررسی کردند، نتایج آنها نشان داد که عملکرد دانه دارای همبستگی مثبت با صفات تعداد کل پنجه، پنجه‌های منتهی به گل، عملکرد بیولوژیکی و شاخص برداشت بود و از آنجا که شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیکی بیشترین تاثیر را در تعیین عملکرد دانه داشتند، بنابراین توصیه شد که در انتخاب رقم برتر مورد توجه قرار گیرند، که یافته‌های تحقیقات مذکور با نتایج این تحقیق مطابقت دارد.

تجزیه رگرسیون

با کمک تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام (Step-wise regression) می‌توان اثر صفات غیر مؤثر یا کم تأثیر را در مدل رگرسیونی بر روی عملکرد حذف نموده و تنها صفاتی را که میزان قابل ملاحظه‌ای از تغییرات عملکرد را توجیه می‌کنند مورد بررسی قرار داد (۵). در ژنوتیپ‌های ارزن دم‌روباهی تحت شرایط نرمال، عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، ارتفاع بوته، عملکرد علوفه و تعداد برگ وارد مدل رگرسیونی شدند (جدول ۴). در این مجموعه ژرم پلاسم ارزن دم‌روباهی از میان صفات اندازه‌گیری شده، ارتفاع بوته در شرایط نرمال بالاترین پاسخ مستقیم داشت(۵/۲۸). همچنین صفات عملکرد بیولوژیک و عملکرد علوفه در شرایط نرمال بیشترین پاسخ غیرمستقیم همبسته به انتخاب عملکرد دانه را به میزان ۰/۲۳ و ۰/۲۰ داشتند (جدول ۵). از طرفی صفت عملکرد دانه بالاترین همبستگی ژنتیکی را با عملکرد بیولوژیک و عملکرد علوفه به‌ترتیب ۰/۹۸ و ۰/۹۴ داشت، بنابراین هرگونه تغییر در این صفات چه از نظر افزایش یا کاهش سبب افزایش یا کاهش عملکرد در ارزن دم‌روباهی می‌گردد.

جدول ۴- نتایج رگرسیون گام به گام عملکرد دانه ارزن دم روباهی
Table 4. Results of stepwise regression of seed yield traits of the foxtail millet genotypes

متغیرهای داده شده به مدل	ضریب رگرسیون استاندارد شده	F	سطح معنی‌داری
عرض از مبدا	-۱/۴۶	–	–
عملکرد بیولوژیک	۰/۳۴	۵/۲۵۰۸۱**	۰/۰۰۰۱
شاخص برداشت	۰/۰۲	۶/۱۱۲۱۸**	۰/۰۰۰۱
عملکرد علوفه	۰/۰۰۸	۵/۱۵**	۰/۰۰۰۴
تعداد برگ	۰/۰۰۰۴	۹/۹۷**	۰/۰۰۲۲
ارتفاع بوته	$۵/۷\times۱۰^{-۵}$	۹/۱۲**	۰/۰۰۰۱

ns، * و **: به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

جدول ۵- مقادیر پاسخ مستقیم و همبسته به انتخاب عملکرد دانه در مجموعه ژرم پلاسم ارزن دم روباهی
Table 5. Response to a correlated selection of seed yield in foxtail millet germplasm

کارایی نسبی انتخاب غیرمستقیم نسبت به انتخاب مستقیم (RE)	همبستگی ژنتیکی با عملکرد	پاسخ همبسته (cRi)	پاسخ مستقیم (Ri)	صفت
عملکرد دانه	۰/۲۴	–	–	–
عملکرد بیولوژیک	۰/۵۴	۰/۲۳	۰/۹۸	۰/۹۶
شاخص برداشت	۲/۱۹	۰/۲۰	۰/۸۲	۰/۸۳
عملکرد علوفه	۰/۳۰	۰/۲۲	۰/۹۴	۰/۹۱
تعداد برگ	۲/۰۶	۰/۲۰	۰/۸۵	۰/۸۳
ارتفاع بوته	۵/۲۸	۰/۱۳	۰/۸۳	۰/۵۶

ns، * و **: به‌ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

با توجه به تنوع میان ژنوتیپ‌های مورد بررسی، برای تعیین نقش هر یک از صفات در تنوع موجود و دسته‌بندی کلی ژنوتیپ‌ها، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی انجام گرفت. با توجه به نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی صفات اندازه‌گیری شده و با در نظر گرفتن مقادیر ویژه بزرگتر از یک مشخص شد که مؤلفه‌های اول تا چهارم به‌ترتیب ۴۹/۸۰، ۹/۸۷ و ۸/۳۲ و ۷/۵۴ درصد از کل واریانس را به خود اختصاص داده‌اند و در مجموع ۴ مؤلفه اصلی اول بیش از ۷۵/۷۳ درصد از واریانس کل صفات را توجیه کردند (جدول ۶ و شکل ۱). تعداد برگ، طول برگ، طول پانیکول، عملکرد دانه، عملکرد علوفه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت در مقایسه با ضریب سایر صفات، بزرگترین ضریب را در مؤلفه اول به خود اختصاص دادند (جدول ۵). این در حالی است که همبستگی مؤلفه اول با صفات مذکور نیز مثبت بود. به نظر می‌رسد با گزینش ژنوتیپ‌هایی که بیشترین مقدار مؤلفه اول را دارا می‌باشند (۱۶۰، ۶۸، ۱۵، ۵۷، ۱۲۲، ۷۲، ۱۷۰، ۷۳، ۳۹ و ۲۳)، بتوان ژنوتیپ‌هایی را که در شرایط نرمال از پتانسیل عملکرد بالاتری برخوردار باشند، گزینش نمود. مؤلفه دوم که در مقایسه با مؤلفه اول سهم کمتری در توجیه واریانس داشت، در ارتباط با صفات رویشی بود، زیرا صفات وزن بذور پانیکول اصلی بوته برتر، تعداد بوته روی خط و عملکرد علوفه در

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.63]

مقایسه با سایر صفات، بزرگترین ضریب را در این مؤلفه داشتند. همبستگی مثبت و معنی‌داری این صفات با مؤلفه دوم بیانگر آن است که ژنوتیپ‌های با بیشترین مقدار مؤلفه دوم (۱، ۲۲، ۲۴، ۲۶، ۳۵، ۶۷ ،۸۰)، از توان بیشتری در اختصاص دادن مواد فتوسنتزی در جهت تولید اندام رویشی برخوردار بودند در مؤلفه سوم صفت وزن هزار دانه و وزن بذور پانیکول اصلی ضریب مثبت بالاتری را نسبت به سایر صفات داشته و انتخاب ژنوتیپ‌هایی که بیشترین مقدار مؤلفه سوم را دارا باشند (۲۴، ۲۶، ۱۲۰ ،۱۳۲)، از بیشترین مقدار این صفات بهره می برند، در رابطه با مولفه چهارم صفات درصد جوانه‌زنی و تعداد بوته روی خط بیشترین ضریب مثبت را دارا بودند، بنابراین انتخاب ژنوتیپ‌هایی که بیشترین مقدار مؤلفه چهارم را دارا باشند (۳۲، ۶۳، ۱۲۴ ،۱۳۸)، منجر به‌گزینش ژنوتیپ‌های با ویژگی مذکور منجر می‌شود (جدول ۷).

نتایج حاصل از این مطالعه با یافته‌های سالین و همکاران (۲۳) مطابقت داشت که عنوان کردند تجزیه و تحلیل مؤلفه اصلی نشان داد که ارتفاع بوته، عملکرد دانه، تعداد کل پنجه و وزن هزار دانه می‌تواند به عنوان معیاری برای تشخیص ژنوتیپ‌های برتر در ژرم پلاسم‌های ارزن پروسو مورد استفاده قرار گیرد. در مطالعه‌ای دیگری تجزیه مؤلفه‌های اصلی بر روی گیاه گندم توسط ففر و همکاران (۱۹) انجام شد، نتایج نشان داد که صفات طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله و وزن هزار دانه از صفات زراعی مهم و اثرگذار بر بهبود صفت عملکرد در گیاه بشمار می آیند، نتایج یافته‌های این تحقیق با نتایج این پژوهشگران نیز مطابقت داشت.

تجزیه خوشه‌ای

در این مطالعه به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از تجزیه خوشه‌ای به روش وارد و بر مبنای مربع فاصله اقلیدسی به عنوان معیار تشابه استفاده شد. نمودار درختی حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها براساس صفات مورد مطالعه در شکل ۲ و ۳ نشان داده شده است. براساس دندوگرام حاصله ژنوتیپ‌ها در ۴ خوشه اصلی قرار گرفتند. خوشه‌های ۱ تا ۴ هر کدام به ترتیب دارای ۱۰، ۲۹ ،۴۵ و ۵۰ ژنوتیپ بودند (جدول ۸).

بر اساس تجزیه و تحلیل داده‌های فنوتیپی مشخص شد که ژنوتیپ‌ها از نظر صفات اندازه گیری شده به طور قابل توجهی متفاوت هستند و در ۴ گروه مختلف قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های موجود در گروه اول از لحاظ عملکرد علوفه و بذر نسبت به بقیه گروه‌ها برتری داشتند، ژنوتیپ‌های موجود در خوشه اول (۱۶۰، ۶۸، ۱۵، ۲۳، ۷۲، ۷۳، ۳۹، ۱۷۰، ۵۷ و ۱۲۲) از نظر عملکرد بذر و عملکرد علوفه از برتری قابل توجهی برخوردار بودند. یافته‌های این تحقیق با نتایج دست آمده توسط لین (۱۳) در مجموعه ۳۲۴ ژنوتیپ ارزن دم‌روباهی با منشا تایوانی که سه خوشه پیدا کردند، مطابقت دارد. نتایج این تحقیق مشابه نتایج به دست آمده در تحقیق یزدی‌زاده و همکاران (۲۸) در مجموعه ۱۴۳ عددی ژرم پلاسم ارزن پروسو با منشأ ایرانی بود که ژرم پلاسم مربوطه را در ۳ خوشه اصلی تقسیم بندی کرده بودند و تفاوت تعداد خوشه ها می تواند به دلیل تفاوت در نوع و تعداد ژنوتیپ‌های مورد مطالعه باشد. همچنین لیو و همکاران (۱۴) در ۱۲۸ ژنوتیپ ارزن دم‌روباهی در خصوص گروه بندی ژنوتیپ ها بر اساس تجزیه کلاستر نشان دادند که تعداد خوشه‌های بدست آمده شش خوشه اصلی بود که با نتایج تحقیق حاضر اختلاف در تعدا خوشه اصلی داشت که تفاوت تعداد خوشه‌ها می تواند به دلیل تفاوت در منشأ ژنوتیپ های مورد مطالعه و همچنین شرایط آزمایش باشد. در تحقیق بابایی و همکاران (۳) در ارزیابی تنوع ژنتیکی صفات مورفولوژیک در ۳۵ رقم گندم نان جهت انجام گروه‌بندی داده‌های مزرعه از روش تجزیه کلاستر به روش وارد استفاده کرد و ژنوتیپ های مورد مطالعه در ۴ گروه قرار گرفتند.

اگرچه نتایج دیگران با نتایج این تحقیق مطابقت داشته و یا مشابه بود اما تفاوت تعداد خوشه‌ها، در نوع و تعداد ژنوتیپ‌های مورد مطالعه نقطه تمایز این تحقیق با تحقیق های گذشته است زیرا که این مطالعه اولین گزارش در زمینه ی استفاده از گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از صفات زراعی مهم در مجموعه‌ی عظیم ژرم پلاسم ایرانی ارزن دم‌روباهی تحت شرایط نرمال می باشد.

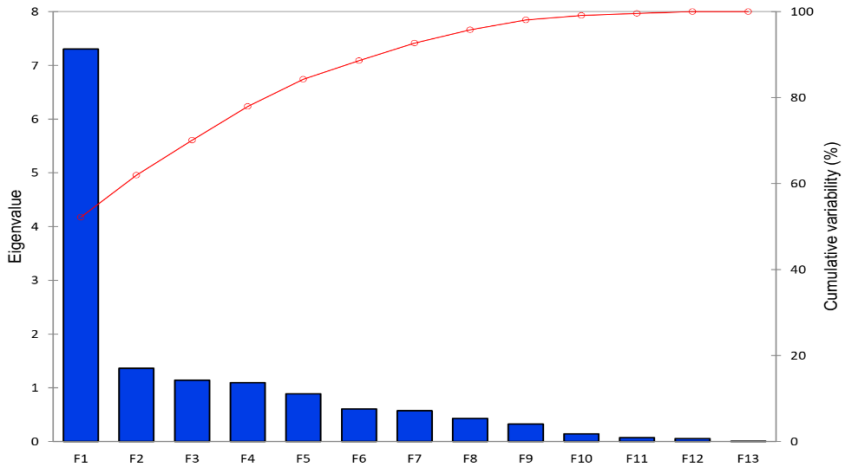
جدول ۶- مقادیر هر یک از مؤلفه‌های اصلی صفات مورد مطالعه در مجموعه ژرم پلاسم ارزن دم روباهی

Table 6. The principal component values of foxtail millet germplasm

شماره مؤلفه	مقادیر ویژه	درصد واریانس مربوطه (%)	درصد تجمعی واریانس (%)
۱	۶/۶۹	۴۹/۸۹	۴۹/۸۹
۲	۱/۳۷	۹/۸۷	۵۹/۷۶
۳	۱/۱۶	۸/۳۲	۶۸/۰۸
۴	۱/۰۵	۷/۵۴	۷۵/۶۲
۵	۰/۹۶	۶/۵۸	۸۲/۲۰
۶	۰/۶۴	۴/۵۸	۸۶/۷۸
۷	۰/۶۲	۴/۴۳	۹۱/۲۱
۸	۰/۵۳	۳/۸۳	۹۵/۰۴
۹	۰/۴۱	۲/۹۴	۹۷/۹۸
۱۰	۰/۱۲	۰/۸۵	۹۸/۸۳
۱۱	۰/۰۶	۰/۴۹	۹۹/۳۲
۱۲	۰/۰۴	۰/۴۱	۹۹/۷۳
۱۳	۰/۰۲	۰/۲۷	۱۰۰

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]

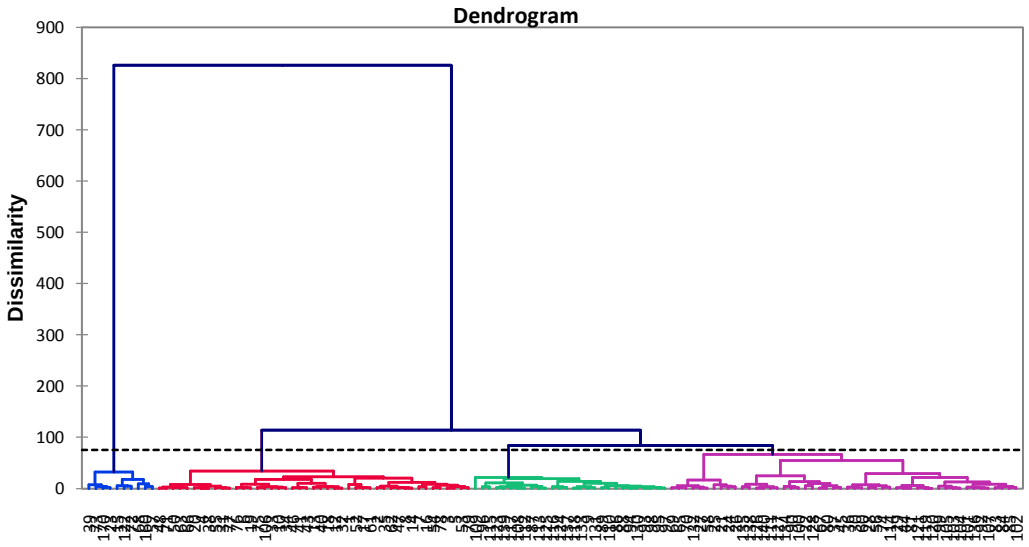
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.63]



شکل ۱- اسکرین پلات مقادیر هر یک از مؤلفه‌های اصلی صفات فنوتیپی مجموعه ژرم پلاسم ارزن دم‌روباهی
Figure 1. The principal screen plot of foxtail millet germplasm

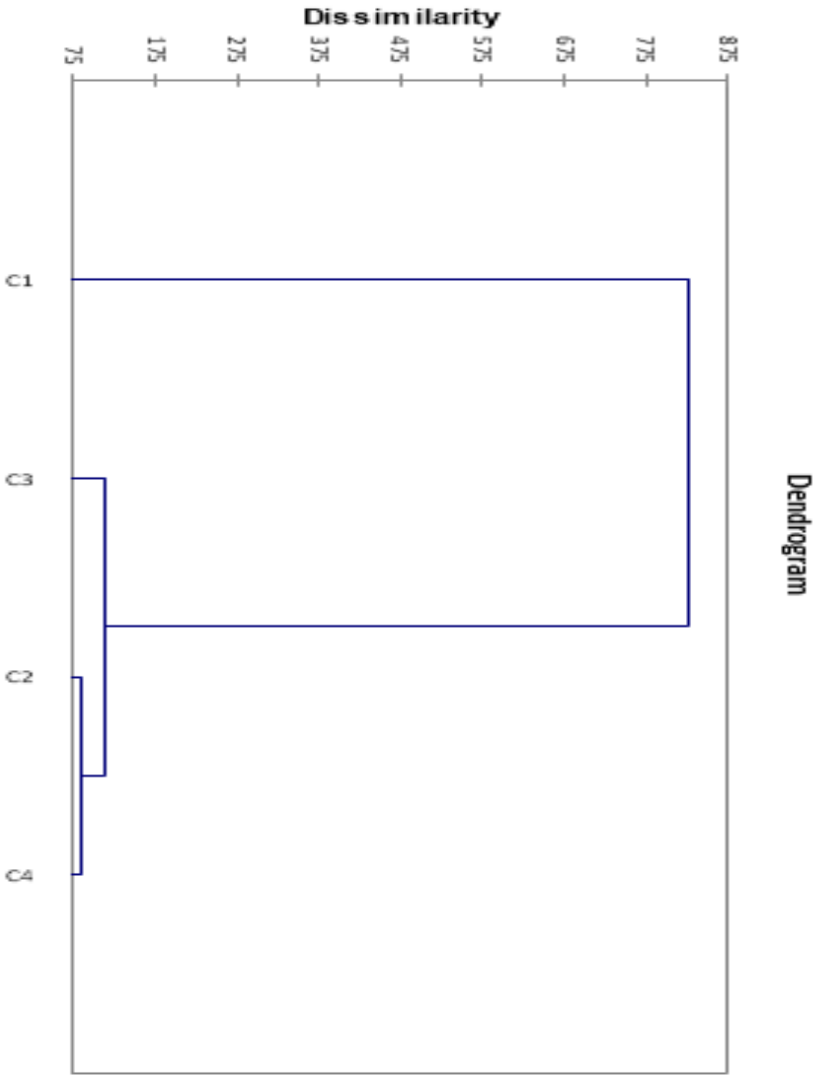
جدول ۷- اجزای تشکیل‌دهنده چهار مؤلفه اول هر یک از صفات مورد مطالعه در مجموعه ژرم پلاسم ارزن دم‌روباهی
Table 7. Members constituting the first five components based on investigated traits of foxtail millet germplasm

صفات	مؤلفه اول	مؤلفه دوم	مؤلفه سوم	مؤلفه چهارم
درصد جوانه‌زنی	۰/۱۷	-۰/۰۴	-۰/۲۱	۰/۶۲
ارتفاع	۰/۲۵	-۰/۱۸	-۰/۰۱	۰/۱۲
تعداد برگ	۰/۳۵	-۰/۲۱	۰/۰۹	۰/۰۲
طول برگ	۰/۳۴	-۰/۲۰	۰/۰۶	۰/۰۱
عرض برگ	۰/۰۲	-۰/۳۴	۰/۱۵	۰/۳۷
تعداد پنجه	۰/۲۳	-۰/۱۷	-۰/۲۲	-۰/۲۶
طول پانیکول	۰/۳۴	-۰/۲۰	۰/۰۲	۰/۰۲
عملکرد بذر	۰/۳۶	۰/۱۵	-۰/۰۲	-۰/۱۲
تعداد بوته روی خط	۰/۰۸	۰/۴۳	-۰/۴۰	۰/۵۱
عملکرد علوفه	۰/۳۱	۰/۳۴	-۰/۰۴	-۰/۱۹
وزن بذور پانیکول اصلی	۰/۲۱	۰/۴۷	۰/۲۵	۰/۰۲
وزن هزار دانه	۰/۰۴	۰/۱۶	۰/۸۰	۰/۲۴
شاخص برداشت	۰/۳۴	-۰/۲۳	۰/۰۱	۰/۰۲
عملکرد بیولوژیک	۰/۳۳	۰/۲۶	-۰/۰۳	-۰/۱۶



شکل ۲- گروه‌بندی خوشه‌ای ژنوتیپ‌های ارزن دم‌روباهی
Figure 2. Cluster analysis-based dendrogram of investigated traits of foxtail millet genotypes

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.63]



شکل ۳- نمودار کلی حاصل از تجزیه خوشه‌ای و ۴ گروه ژنوتیپی
Figure 3. Schematic cluster diagram of genotypes categorized into four main clusters resulting from cluster analysis.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]

[DOI: 10.52547/jcb.14.42.63]

جدول ۸- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های ارزن دم‌روباهی

Table 8. Cluster analysis of foxtail millet genotypes

خوشه ۱ Cluster 1	خوشه ۲ Cluster 2	خوشه ۳ Cluster 3	خوشه ۴ Cluster 4
۱۶۰	۱۰۹	۱	۲۱
۶۸	۹	۲	۲۲
۱۵	۸۶	۳	۲۴
۵۷	۸۷	۴	۲۵
۱۲۲	۸۸	۵	۲۶
۷۲	۸۹	۶	۲۷
۱۷۰	۹۳	۷	۲۸
۷۳	۹۴	۸	۲۹
۳۹	۹۵	۱۰	۳۰
۲۳	۹۶	۱۲	۳۶
	۹۷	۱۳	۳۷
	۹۸	۱۴	۴۴
	۱۰۸	۱۶	۴۵
	۱۱۰	۱۷	۵۶
	۱۱۲	۱۸	۵۸
	۱۱۳	۱۹	۶۰
	۱۱۵	۲۰	۶۵
	۱۱۶	۳۱	۶۷
	۱۱۷	۳۲	۶۹
	۱۱۸	۳۳	۷۰
	۱۲۳	۳۴	۷۴
	۱۲۴	۳۵	۸۰
	۱۲۵	۳۸	۸۱
	۱۳۰	۴۰	۸۳
	۱۳۱	۴۱	۸۴
	۱۳۳	۴۳	۸۵
	۱۳۷	۴۶	۹۰
	۱۳۹	۴۷	۹۲
		۴۸	۹۹
		۵۰	۱۰۰
		۵۲	۱۰۱
		۵۳	۱۰۲
		۵۴	۱۰۳
		۵۵	۱۰۴
		۶۱	۱۰۵
		۶۲	۱۰۷
		۶۳	۱۱۱
		۶۶	۱۱۴
		۷۱	۱۱۹
		۷۵	۱۲۰
		۷۶	۱۲۱
		۷۷	۱۲۶
		۷۸	۱۲۷
		۷۹	۱۲۸
		۱۰۶	۱۳۲
			۱۳۴
			۱۳۵
			۱۳۶
			۱۳۸
			۱۴۰

[DOI: 10.52547/jcb.14.42.63] [Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]

نتیجه‌گیری کلی

بر اساس تجزیه و تحلیل داده‌های فنوتیپی مشخص شد که ژنوتیپ‌ها از نظر صفات اندازه‌گیری شده به طور قابل توجهی متفاوت هستند، این مطلب بیانگر وجود تنوع قابل توجهی در میان ژرم پلاسم‌های مورد مطالعه است. با استفاده از ضریب همبستگی فنوتیپی مشخص شد صفت عملکرد دانه با عملکرد بیولوژیک و عملکرد علوفه بیشترین همبستگی مثبت و معنی‌دار دارد، لذا این صفات می‌توانند در برنامه‌های بهبود ژنتیکی عملکرد مورد توجه ویژه قرار گیرند. تجزیه و تحلیل مؤلفه اصلی نشان داد در مجموع ۴ مؤلفه اصلی اول بیش از ۷۵/۶۲ درصد از واریانس کل صفات را توجیه کردند و با توجه به اینکه مؤلفه اول که در مقایسه با مؤلفه سایر مؤلفه‌ها سهم بیشتری در توجیه واریانس داشت و صفات تعداد برگ، طول برگ، طول پانیکول، عملکرد دانه، عملکرد علوفه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت بالاترین ضریب را در مؤلفه اول به خود اختصاص دادند بنابراین صفات مذکور می توانند به عنوان معیاری ویژه برای تشخیص ژنوتیپ‌های برتر در ژرم پلاسم‌های ارزن دم‌روباهی مورد استفاده قرار گیرند. از طرفی تجزیه خوشه‌ای نشان داد، ژنوتیپ‌های ارزن دم‌روباهی به چهار خوشه تقسیم و میانگین اکثر صفات ژنوتیپ‌های متعلق به خوشه اول (۱۶۰، ۶۸، ۱۵، ۲۳، ۷۲، ۷۳، ۳۹، ۱۷۰، ۵۷ و ۱۲۲) از میانگین کل بیشتر بود و از نظر عملکرد بذر و عملکرد علوفه از برتری قابل توجهی برخوردار بودند، لذا می‌توانند برای مطالعات آتی اصلاح نبات به‌عنوان ژنوتیپ‌هایی با پتانسیل بالا در برنامه‌های به نژادی و انتخاب به منظور افزایش عملکرد علوفه و دانه ارزن دم روباهی مورد توجه و استفاده قرار بگیرد.

تشکر و قدردانی

نویسندگان این پژوهش از پشتیبانی مالی و حمایت‌های پژوهشکده‌ی فناوری و تولیدات گیاهی (RTIPP) دانشگاه شهید باهنر کرمان و ستاد توسعه زیست فناوری با شماره کمک مالی ۹۸۰۲۰۲ در تأمین امکانات اجرایی این مطالعه و مساعدت و کمک فراوان آنها کمال سپاس و تقدیر را دارند.

منابع

1. Ahmed, T., M. Scholz, F. Al-Faraj and W. Niaz. 2016. Water-related impacts of climate change on agriculture and subsequently on public health. International Journal of Environmental Research and Public Health, 13(11): 1051.
2. Amadou, I., T. Amza, Y.H. Shi and G.W. Le. 2011. Chemical analysis and antioxidant properties of foxtail millet bran extracts. Songklanakarin Journal of Science and Technology, 33(5).
3. Babaei, M., M. Fotokian and S. Mahmoodi. 2014. Evaluation of Genetic Diversity of Wheat (*Triticum Aestivum* L.) Genotypes for Morphological Traits using Multivarite Analysis Methods. Journal of Crop Breeding, 6(14): 1-14 (In Persian).
4. Brown-Guedira, G., J. Thompson, R. Nelson and M. Warburton. 2000. Evaluation of genetic diversity of soybean introductions and North American ancestors using RAPD and SSR markers. Crop Science, 40(3): 815-823.
5. Dofing, S. and C. Knight. 1992. Alternative model for path analysis of small-grain yield. Crop Science, 32(2): 487-489.
6. Doust, A.N., E.A. Kellogg, K.M. Devos and J.L. Bennetzen. 2009. Foxtail millet: a sequence-driven grass model system. Plant Physiology, 149(1): 137-141.
7. Feizi, M. and L. Fahmideh. 2016. Evaluation of Yield and Some of Quantitative Traits in Safflower (*Carthamus tinctorius*) Germplasm under Rain Fed Conditions. Journal of Crop Breeding, 8(20): 24-30 (In Persian).
8. Hair, J.F., R.E. Anderson, R.L. Tatham and W.C. Black. 1998. Multivariate data analysis. Englewood Cliff. New Jersey, USA, 5(3): 207-2019.
9. Haryanto, T.A.D., T.K. Shon and T. Yoshida. 1998. Effects of selection for yield components on grain yield in pearl millet (*Pennisetum typhoideum* Rich.). Plant Production Science, 1(1): 52-55.
10. Johns, M.A., P.W. Skroch, J. Nienhuis, P. Hinrichsen, G. Bascur and C. Muñoz-Schick. 1997. Gene pool classification of common bean landraces from Chile based on RAPD and morphological data. Crop Science, 37(2): 605-613.
11. Kapoor, R., H. Evelin, P. Mathur and B. Giri. 2013. Arbuscular mycorrhiza: approaches for abiotic stress tolerance in crop plants for sustainable agriculture. In: Plant acclimation to environmental stress. Springer, New York, NY. 359-401 pp.
12. Li, Y.and S. Wu. 1996. Traditional maintenance and multiplication of foxtail millet (*Setaria italica* L.) P. Beauv.) Landraces in China. Euphytica, 87(1): 33-38.
13. Lin, H.S., C.Y. Chiang, S.B. Chang, G.I. Liao and C.S. Kuoh. 2012. Genetic diversity in the foxtail millet (*Setaria italica*) germplasm as determined by agronomic traits and microsatellite markers. Australian Journal of Crop Science, 6(2): 342-349.
14. Liu, Z., G. Bai, D. Zhang, C. Zhu, X. Xia, R. Cheng and Z. Shi. 2011. Genetic diversity and population structure of elite foxtail millet [*Setaria italica* (L.) P. Beauv.] germplasm in China. Crop Science, 51(4): 1655-1663.
15. Melchinger, A. 1993. Use of RFLP markers for analysis of genetic relationships among breeding materials and prediction of hybrid performance. International Crop Science, 35(5): 621-628.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.63]

16. Munns, R., R.A. James and A. Läuchli. 2006. Approaches to increasing the salt tolerance of wheat and other cereals. Journal of Experimental Botany, 57(5): 1025-1043.
17. Murugan, R. and A. Nirmalakumari. 2006. Genetic divergence in foxtail millet (*Setaria italica* L.) Beauv. Indian Journal of Genetics, 66(4): 339-340.
18. Pawar, V. and V. Pawar. 1997. Malting characteristics and biochemical changes of foxtail millet. Journal of Food Science and Technology (Mysore), 34(5): 416-418.
19. Pfeiffer, W., K. Sayre and M. Reynolds. 2000. Enhancing genetic grain yield potential and yield stability in durum wheat. Durum Wheat Improvement in the Mediterranean Region: New Challenges. Options Méditerranéennes, Series A, 40: 88-93.
20. Rao, B.R., M.H. Nagasampige and M. Ravikiran. 2011. Evaluation of nutraceutical properties of selected small millets. Journal of Pharmacy and Bioallied Sciences, 3(2): 277.
21. Reddy, C.R. and K. Jhansi Lakshmi. 1991. Harvest index and yield parameters in foxtail millet (*Setaria italica* (L.) Beauv). Indian Journal of Genetics and Plant Breeding, 51(2): 272-275.
22. Saha, D., M.C. Gowda, L. Arya, M. Verma and K.C. Bansal. 2016. Genetic and genomic resources of small millets. Critical Reviews in Plant Sciences, 35(1): 56-79.
23. Salini, K., A. Nirmalakumari, A. Muthiah and N. Senthil. 2010. Evaluation of proso millet (*Panicum miliaceum* L.) germplasm collections. Electronic Journal of Plant Breeding, 1(4): 489-499.
24. Santhakumar, G. 1999. Correlation and path analysis in Foxtail millet. Journal of Maharashtra Agricultural Universities, 24(3): 300-301.
25. Sen, D. and M. Hamid. 1986. Character association and path analysis in proso millet. Thai-Journal of Agric Science, 19: 307-331.
26. Temesgen, T., G. Keneni, T. Sefera and M. Jarso. 2015. Yield stability and relationships among stability parameters in faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes. The Crop Journal, 3(3): 258-268.
27. Thompson, J.A. and R.L. Nelson. 1998. Core set of primers to evaluate genetic diversity in soybean. Crop Science, 38(5): 1356-1362.
28. Yazdizadeh, M., L. Fahmideh, G. Mohammadi-Nejad, M. Solouki and B. Nakhoda. 2020. Association analysis between agronomic traits and AFLP markers in a wide germplasm of proso millet (*Panicum miliaceum* L.) under normal and salinity stress conditions. BMC Plant Biology, 20(1):1-18.
29. Zhang, C., H. Zhang and J. Li. 2007. Advances of millet research on nutrition and application. Journal of the Chinese Cereals and Oils Association, 22(1): 51-55.
30. Zhang, P., S. Hui, X. KE, X. Jin, L.Yin, L. Yang, Q. Yang, S. Wang, N. Feng and D. Zheng. 2016. GGE biplot analysis of yield stability and test location representativeness in proso millet (*Panicum miliaceum* L.) genotypes. Journal of Integrative Agriculture, 15(6): 1218-1227.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]

[DOI: 10.52547/jcb.14.42.63]

Evaluation of Wide Range of Foxtail Millet (*Setaria italica* L) Germplasms of Based on Yield and Some Agronomic Traits

Mehdi Yazdizadeh[1], Leila Fahmideh[2], Ghasem Mohammadi-Nejad[3], Mahmood Solouki[4], Babak Nakhoda[5] and Fatemeh Ebrahimi[6]

1- Ph.D. Student of Plant Breeding, Department of Plant Breeding and Biotechnology, University of Zabol, Zabol, Iran
2- Associate Professor of Department of Plant Breeding and Biotechnology, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan; University of Zabol, Zabol, Iran,
(Corresponding author: l.fahmideh@gau.ac.ir)
3- Professor of Research & Technology Institute of Plant Production, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran
4- Professor of Department of Plant Breeding and Biotechnology, University of Zabol, Zabol, Iran
5- Assistant Professor of Department of Molecular Physiology, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Mahdasht Rd, Karaj, Iran
6- Assistant Professor of Research & Technology Institute of Plant Production, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran
Received: 12 May, 2021 Accepted: 30 November, 2021

Extended Abstract

Introduction and Objective: Foxtail millet, as a multi-purpose crop, enjoys nutritious and remedial properties. This research was aimed at identifying diversity and the investigated based on 14 agronomic traits in a wide range of foxtail millet germplasms (134 genotypes).

Material and Methods: In this research a total of 134 seeds of foxtail millet genotypes corresponding to a wide range of foxtail millet germplasms were procured by Research and Technology Institute of Plant Production (RTIPP) affiliated to the Shahid Bahonar University of Kerman. This experiment was designed as a randomized complete block with three replications under normal condition in 2017. Agronomic traits include: seed germination percentage, plant height, number of leaves per plant, flag leaf length, flag leaf width, number of tillers, panicle length, seed yield, number of plants per line, forage yield, seed weight of superior plant, 1000-seed weight , Harvest index and biological yield were measured and the data were then analyzed.

Results: Analysis of variance (ANOVA) indicated that the differences between the studied genotypes were significant for all traits except for flag leaf width and the number of plants on the line was significant. According to the phenotypic correlation coefficients, the seed and forage yields had positive and significant correlations with all investigated traits except for the flag leaf width.

Also, the seed yield had the highest correlations with forage and biological yields (0.97 and 0.94, respectively). Then, principal components analysis showed that the first four main principal components could justify explained more than 75.62% of the total variance of the traits, and the first to fourth components explained 49.89, 9.87, 8.32, and 7.54% of the total variance, respectively. Based on the cluster analysis, all genotypes were categorized into four groups. Compared to other groups, the first group of genotypes had superior seed and forage yields.

Conclusion: In general, genotypes had significant differences in terms of the investigated traits. These results indicated the presence of a wide range of diversity in the investigated germplasm of foxtail millet. Besides, the common genotypes held in the first group (G160, G68, G15, G23, G72, G73, G39, G170, G57, G122) had significant superiority in terms of seed and forage yields under condition.Therefore, they can be considered and used for future studies of plant breeding as superior genotypes in breeding and selection programs in order to increase the forage and grain yield of fox tail millet.

Keywords: Cluster analysis, Forage yield, Genetic diversity, Seed yield, Phenotypic correlation

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-08]

[DOI: 10.52547/jcb.14.42.63]