دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

استفاده از تجزیه خوشه‌ای برای گزینش لاین‌های برتر ذرت در نسل S6

فرهاد صادقی[۱] و مهدی رحیمی[۲]

۱- استادیار، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی کرمانشاه، ایران
۲- استادیار، اصلاح نباتات، گروه بیوتکنولوژی، پژوهشکده علوم محیطی، پژوهشگاه علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته، کرمان، ایران، (نویسنده مسوول: me.rahimi@kgut.ac.ir)
تاریخ دریافت: ۹۴/۴/۶ تاریخ پذیرش:۹۴/۵/۲۴

چکیده

به منظور به دست آوردن لاین‌های خالص ذرت جهت کشت مستقیم و یا شرکت در دورگ‌گیری لازم است خالص‌سازی صورت گیرد. این آزمایش با بکارگیری روش اصلاحی سلکسیون انفرادی انجام گردید و تعداد ۱۹۸ لاین S6 ذرت در سال ۱۳۸٦ مورد ارزیابی قرار گرفتند و ١٤ صفت زراعی بر روی آن‌ها مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج آمار توصیفی تنوع قابل توجهی در میان ژنوتیپ‌ها نشان داد. در میان صفات مختلف بیشترین میزان تنوع فنوتیپی مربوط به صفات مقاومت به خوابیدگی، مقاومت به بیماری و عملکرد دانه به ترتیب با مقدار ٤١/٦١، ٢١/٣ و ٢٠/٨٨ درصد بود. تجزیه خوشه ای به روش حداقل واریانس وارد، لاین‌ها را در سه گروه قرار داد و درصد صحت گروه‌بندی با تجزیه تابع تشخیص ٩٤/٤ درصد بود. گروه اول شامل ٢٣ لاین، گروه دوم شامل ١١٠ لاین و گروه سوم شامل ٦٥ لاین بود. میانگین صفات لاین‌های گروه‌های اول و دوم بیشتر از میانگین کل لاین‌ها بود و لاین‌های این دو گروه انتخاب و به نسل بعد برده شدند تا از طریق روش تجزیه لاین×تستر، قابلیت ترکیب‌پذیری آن‌ها مورد ارزیابی قرار گیرد. همچنین لاین‌های این دو گروه به علت داشتن مقادیر بالای عملکرد و سایر صفات می‌توانند در برنامه‌های دورگ‌گیری مورد استفاده قرار گیرند.

واژه‌های کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، تجزیه عاملی، تنوع فنوتیپی، ذرت، لاین، عملکرد

مقدمه

ذرت از غلات مهم و با ارزش مناطق گرمسیر و معتدل جهان است. ذرت (*Zea mays* L.) از نظر تولید در دنیا بعد از گندم و برنج سومین غله مهم محسوب می‌شود (۵). یکی از مسائل حائز اهمیت در برنامه‌های به نژادی استفاده از ژرم پلاسم دیگر کشورها می‌باشد. این ژرم پلاسم‌ها می‌توانند به طور مستقیم جهت کشت توسط کشاورزان مورد استفاده قرار گیرند و یا جهت تولید و استخراج لاین‌های جدید استفاده گردند و یا اینکه به عنوان منبع مناسب جهت اصلاح هیبریدهای موجود به کار روند و بالأخره به طور مستقیم نیاز داخلی رقم مناسب را تا زمان تهیه هیبرید مناسب داخلی برطرف نمایند. جمعیت‌هایی که منبع خوبی برای تولید و بهبود لاین‌های جدید می‌باشند، ضرورتاً منابع مناسبی از آلل‌های مطلوب برای اصلاح و بهبود لاین‌های که از قبل وجود دارند، نمی‌باشند (۲۴). استفاده مستقیم از ژرم‌پلاسم خارجی در ذرت نیز همانند محصولات دیگر جهت افزایش تولید داخلی صورت می‌گیرد. استفاده از ژرم‌پلاسم مناطق مختلف و اینتروگرسیون آن به داخل ژرم پلاسم‌های سازگار اساس تنوع ژنتیکی را در ذرت تشکیل می‌دهد. نحوه استفاده از این ژرم‌پلاسم‌ها نیز به کرات مورد مطالعه دانشمندان مختلف قرار گرفته و روش‌هائی نیز برای آن بکار برده‌اند (۸). در هر حال افزایش پایه ژنتیکی ژرم‌پلاسم‌های مورد استفاده در برنامه‌های به نژادی با استفاده از ژرم پلاسم‌های خارجی بطور وسیعی مورد تأکید قرار گرفته است. از آنجایی‌که تنوع، ماده خام اصلاح نباتات می‌باشد، شناخت تنوع ژنتیکی و طبقه‌بندی ذخایر توارثی برای مدیریت صحیح و حفظ منابع ژنتیکی و انتخاب والدین مناسب جهت انجام تلاقی‌ها بسیار سودمند است (۷).

لازمه اتخاذ روش‌های مناسب جهت اصلاح ارقام مطلوب شناخت صحیح از تنوع آن‌ها است. از طرف دیگر در اصلاح گیاهان، درک و فهم روابط میان صفات در گزینش غیرمستقیم برای صفاتی که به آسانی اندازه‌گیری نمی‌شوند، یا صفاتی که وراثت‌پذیری کمی دارند بسیار مهم است. در برنامه‌های به‌نژادی انتخاب بر اساس تعدادی صفت زراعی صورت می‌گیرد که ممکن است بین آنها همبستگی مثبت و منفی وجود داشته باشد. لذا روش‌های تجزیه و تحلیلی که بدون از بین بردن مقدار زیادی از اطلاعات مفید، تعداد صفات مؤثر را کاهش دهند برای پژوهشگران با ارزش است. نگرش منطقی برای طبقه‌بندی خصوصیات نمونه‌های مورد مطالعه استفاده از روش‌های آماری چند متغیره مانند تجزیه به عامل‌ها را روشن می‌سازد. تجزیه به عامل‌ها روش قدرتمندی است که برآورد اجزای عملکرد، استخراج زیر مجموعه‌ای از متغیرهای همسان، شناخت مفاهیم اساسی داده‌های چند متغیره، کاهش تعداد زیادی از صفات همبسته به تعداد کمی از عامل‌ها و تشریح همبستگی بین متغییرها به کار برده می‌شود (۲۱،۱۲). تجزیه خوشه‌ای یکی از روش‌های آماری چند متغیره است که برای تعیین تنوع بین جوامع مختلف گیاهی و جانوری و... و دسته‌بندی آن‌ها به گروه‌های مختلف بر اساس فاصله ژنتیکی و یا تشابه ژنتیکی به کار گرفته می شود (۲۱). این روش حداقل در دو مورد می‌تواند به به‌نژادگر کمک نماید: یکی پیدا کردن گروه‌های واقعی افراد بر اساس تشابه ژنتیکی بین آنها و دیگر کاهش داده‌ها و انتخاب افراد محدودی از هر

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

گروه یا دسته (۱۲). یکی از اولین برنامه‌های اصلاحی لاین‌های اینبرد برای به نژادی ذرت، ارزیابی ترکیب پذیری‌ها در نسل‌های اولیه است. تعیین ترکیب‌پذیری و اجزاء واریانس ژنتیکی یکی از فعالیت‌های اصلی در هر برنامه به نژادی برای دورگ‌گیری می‌باشد. با استفاده از یک ژنوتیپ دارای مبنای ژنتیکی وسیع به عنوان تستر ترکیب‌پذیری عمومی لاین‌ها را با روش تاپ کراس مورد آزمایش قرار داد (۲).

مطالعات زیادی در مورد تنوع ژنتیکی در گیاهان مختلف انجام شده است (۴،۱). هارادا و همکاران (۱۰) با مطالعه ۴۰ رقم ذرت براساس ۱۸ صفت فنوتیپی گزارش کردند که صفات تعداد دانه در بلال و وزن کل دانه‌ها در گیاه بالاترین ضریب تغییرات فنوتیپی را نشان دادند. همچنین خدارحم‌پور (۱۵) نیز نشان داد که صفات عملکرد دانه با مقدار ۲۷ و ۷۹ درصد، تعداد دانه در ردیف با ۲۲ و ۶۸ درصد و تعداد دانه در بلال با ۲۲ و ۷۴ درصد بیشترین ضریب تغیرات فنوتیپی را به ترتیب در شرایط نرمال و تنش نشان دادند. تناور و همکاران (۲۶) با انجام تجزیه خوشه ای به روش UPGMA با استفاده از صفات مورفولوژیکی هیبریدهای ذرت را در چهار گروه اصلی قرار دادند. در مطالعه‌ای دیگر ۴۰ رقم ذرت با استفاده از تجزیه خوشه‌ای در چهار گروه قرار گرفتند (۱۸). همچنین در مطالعه‌ای دیگر ۳۸ ژنوتیپ ذرت به روش UPGMA در چهار گروه قرار گرفتند (۲۵). رمضانی و همکاران (۲۰) نیز با انجام تجزیه به عامل‌ها روی هیبریدها و لاین‌های ذرت نشان دادند که سه عامل اصلی و مستقل، ۸۵/۷۹ درصد تغییرات کل داده‌ها را توجیه می‌نماید.

تحقیق حاضر نیز به منظور شناسایی و انتخاب لاین‌های برتر S6 ذرت می‌باشد تا بتوان از آنها برای برآورد ترکیب‌پذیری و اجزاء واریانس ژنتیکی با استفاده از تلاقی لاین در تستر در مراحل بعدی برنامه‌های اصلاحی ذرت استفاده نمود.

مواد و روش‌ها

با توجه به هدف اصلی این پروژه که تولید ترکیب‌های سازگار و پرمحصول ذرت با مقاومت نسبی به تنش‌های زنده و غیرزنده در منطقه بود. از بین بیست جمعیت مورد مطالعه در سال اول تک بوته‌های انتخابی با ظاهری مناسب مانند ریشه‌های قوی، ضخامت ساقه بهتر، وضعیت و زاویه مناسب برگ با ساقه، عدم تظاهر علائم آفات و بیماری‌ها انتخاب شدند. عملیات خودگشنی در زمان مناسب و با دقت تمام انجام گردید. در ابتدا بیش از ۷۰۰ تک بوته تا مرحله S3 گزینش و گشنیده شدند. در مرحله S3 با یک آزمایش زود آزمونی با دو تستر B73 و MO17 عملیات غربال لاین‌ها صورت گرفت و تعداد ۱۹۸ لاین انتخاب گردید. این پژوهش در ایستگاه تحقیقاتی اسلام آباد غرب در سال‌های ۱۳۸۶ روی ۱۹۸ لاین در مرحله S6 انجام شد تا لاین‌های برتر گزینش و در سال بعد برای برآورد ترکیب‌پذیری آن‌ها در قالب طرح لاین در تستر مورد استفاده قرار گیرند. به منظور تهیه بستر کاشت، در فصل پاییز قطعه زمینی یکنواخت در ایستگاه تحقیقاتی اسلام آباد غرب انتخاب و شخم عمیق زده شد، قبل از کاشت ۱۴۰ کیلوگرم فسفر (کود فسفات آمونیوم) و ۱۶۰ کیلوگرم نیتروژن (کود اوره) در هکتار مصرف گردید. حدود ۹۰ کیلوگرم نیتروژن در هکتار نیز در زمان پنج تا هفت برگه شدن بوته‌ها به صورت سرک مصرف گردید.

کاشت لاین‌ها در تاریخ دهه دوم اردیبهشت (کاشت به هنگام) سال ۱۳۸۶ صورت گرفت. در این آزمایش به صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی در دو تکرار صورت گرفت. هر لاین در یک خط کشت گردید. طول هر خط ۴ متر، فاصله بین کپه‌ها ۲۰ سانتی‌متر و فاصله بین ردیف‌ها ۷۵ سانتی‌متر منظور شد. در هر کپه دو بذر کشت و در مرحله تنگ نمودن تنها یک بوته باقی ماند. عملیات آبیاری به طور مرتب هر ۱۰ روز یک‌بار صورت گرفت. کلیه مراحل کاشت و داشت طبق معمول منطقه صورت پذیرفت و مبارزه با علف‌های هرز توسط وجین دستی در دو مرحله صورت گرفت. پنج بوته تصادفی از هر لاین انتخاب و کلیه اندازه‌گیری‌ها بر روی آن‌ها انجام گرفت. در این تحقیق ۱۴ صفت براساس دستورالعمل موسسه بین المللی ذخایر توارثی اندازه‌گیری (۱۱) و مورد مطالعه قرار گرفتند که عبارتند از: تعداد روز تا ظهور تاسل، تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی، ارتفاع بوته، ارتفاع محل بلال اصلی، تعداد ردیف دانه در بلال، تعداد دانه در ردیف بلال، عمق دانه، وزن هزار دانه، درصد چوب بلال، درصد رطوبت دانه، مقاومت به خوابیدگی، مقاومت به بیماری، کیفیت بوته و عملکرد دانه تجزیه‌های آماری انجام شده شامل آمار توصیفی، تجزیه همبستگی، تجزیه خوشه ای و تجزیه به عامل‌ها بود. از تجزیه خوشه‌ای به روش وارد[1] و معیار فاصله اقلیدسی به منظور تعیین خویشاوندی ژنوتیپ‌های مورد بررسی و گروه‌بندی آنها براساس صفات مهم زراعی استفاده شد. برای تعیین تعداد کلاستر مناسب از روش‌های بیشترین گسیختگی بر اساس تغییر ناگهانی در اختلاف دو فاصله ادغام متوالی و ریشه دوم تعداد افراد استفاده گردید و صحت آنها با تابع تشخیص مورد ارزیابی قرار گرفت و در نهایت تعداد کلاستر مناسب تعیین گردید. تجزیه به عامل‌ها با استفاده از روش تجزیه به مولفه‌های اصلی و چرخش وریماکس روی عامل موقت انجام گرفت. کلیه محاسبات با استفاده از نرم‌افزار SAS ver. 9.2 (۲۲) و نرم‌افزار SPSS ver. 22 (۲۳) انجام گردید.

نتایج و بحث

آمار توصیفی

مقادیر حداقل، حداکثر، میانگین، انحراف معیار و ضریب تغییرات فنوتیپی برای صفات مورد بررسی در جدول ۱ آورده شده است. طبق جدول ۱ از نظر کلیه صفات مورد ارزیابی، تنوع قابل توجهی در میان ژنوتیپ‌ها مشاهده شد. در میان صفات مختلف بیشترین میزان تنوع فنوتیپی مربوط به صفات مقاومت به خوابیدگی، مقاومت به بیماری و عملکرد دانه به ترتیب با مقدار ۴۱/۶۱، ۲۱/۳ و ۲۰/۸۸ درصد بود. بنابراین در مورد این صفات می‌توان گفت که منابع ژنتیکی خوبی برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی ذرت برای بهبود این صفات وجود دارد. از نظر تعداد روز تا رسیدن بین زودرس‌ترین و

1- Ward's method

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

دیررس‌ترین ژنوتیپ ۸ روز اختلاف وجود داشت که کمترین درصد تنوع محاسبه شده بین صفات را دارا بود. ضریب تغیرات بین ۱/۱ تا ۴۱/۶۱ درصد برای صفات مختلف متغیر بود. همچنین برای صفت عملکرد یک اختلاف ۱۵/۴ تنی بین کمترین عملکرد (۵/۹) و بیشترین عملکرد (۲۱/۲) وجود داشت که نشان‌دهنده تنوع بالایی برای این صفت در بین لاین‌های مورد مطالعه هست که می‌توان از آن در برنامه‌های اصلاحی استفاده نمود. هارادا و همکاران (۱۰) نیز گزارش کردند که صفات تعداد دانه در بلال و وزن کل دانه ها در گیاه بالاترین ضریب تغییرات فنوتیپی را دارند. همچنین خدارحم‌پور (۱۵) نیز نشان داد که صفات عملکرد دانه، تعداد دانه در ردیف و تعداد دانه در بلال بیشترین ضریب تغیرات فنوتیپی را نشان دادند.

جدول ۱- آماره‌های توصیفی صفات مورد مطالعه

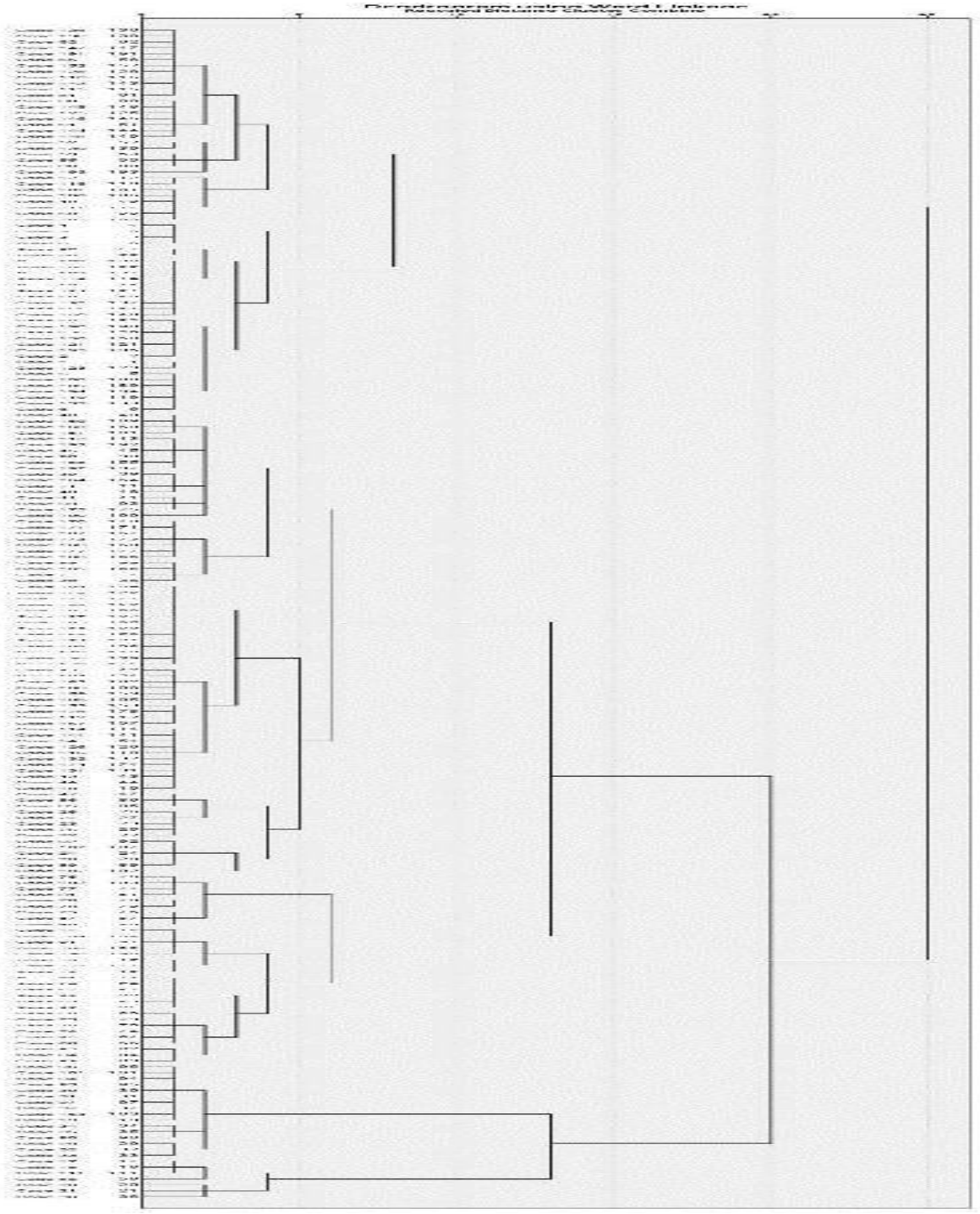
Table 1. Descriptive statistics of studied traits

ضریب تغیرات	واریانس	میانگین	ماگزیمم	مینیمم	دامنه	صفات
۲/۵۲	۳/۰۹	۶۹/۶۷	۷۳	۶۴	۹	روز تا ظهور تاسل (روز)
۸/۴۵	۳۴۷/۷۱	۲۲۰/۶۷	۳۲۱	۱۶۶	۱۵۵	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)
۱۰/۰۹	۱۵۴/۹۵	۱۲۳/۴۰	۱۵۵	۸۳	۷۲	ارتفاع محل بلال (سانتی‌متر)
۱/۱۰	۱/۷۷	۱۲۰/۶۹	۱۲۵	۱۱۷	۸	تعداد روز تا رسیدن (روز)
۶/۲۷	۰/۵۶	۱۱/۹۵	۴/۱۴	۱۰/۳	۴/۲	عمق دانه (میلی‌متر)
۱۲/۴۳	۱۰۷۴/۲۴	۲۶۳/۷۳	۳۳۹	۱۷۶	۱۶۳	وزن هزار دانه (گرم)
۹/۵۵	۱۵/۱۰	۴۰/۶۸	۵/۵۲	۳۰/۵	۲۲	تعداد دانه در ردیف
۱۱/۰۶	۳/۲۲	۱۶/۲۲	۲۱	۱۲	۹	ردیف دانه در بلال
۲۰/۲۸	۵/۳۷	۱۱/۴۳	۱۸	۸	۱۰	درصد رطوبت دانه (درصد)
۱۲/۱۴	۲/۶۴	۱۳/۳۷	۱۸/۲	۸/۰۱	۱۰/۲	درصد چوب بلال (درصد)
۲۰/۸۸	۸/۲۱	۱۳/۷۲	۲۱/۲	۵/۹	۱۵/۴	عملکرد دانه (تن در هکتار)
۴۱/۶۱	۰/۲۸	۱/۲۷	۳	۱	۲	مقاومت به خوابیدگی (مقیاسی)
۲۱/۳۰	۰/۰۵	۱/۰۴	۳	۱	۲	مقاومت به بیماری (مقیاسی)
۱۴/۶۵	۰/۹۷	۶/۷۱	۳	۲	۷	کیفیت بوته (مقیاسی)

تجزیه خوشه‌ای

پس از تبدیل هر یک از متغیرهای مورد مطالعه به توزیع نرمال Z (استاندارد کردن به روش آماری)، در تجزیه خوشه‌ای جهت تعیین فاصله بین ژنوتیپ از مربع فاصله اقلیدوسی و روش وارد استفاده گردید. تجزیه کلاستر بر اساس میانگین صفات داده‌های اصلی برای تمامی صفات انجام گردید که نتایج آنها به صورت دندروگرام نشان داده شده است. همانگونه که در شکل ۱ مشاهده می‌گردد، با توجه به نقطه برش لاین‌های مورد مطالعه در سه گروه با خصوصیات درون گروهی مشابه و بین گروهی غیرمشابه قرار گرفتند که صحت گروه‌بندی بر اساس تابع تشخیص ۹۴/۴ درصد به دست آمد. گروه اول شامل ۲۳ لاین، گروه دوم شامل ۱۱۰ لاین و گروه سوم شامل ۶۵ لاین بود. برای نشان دادن ارزش هر یک از کلاسترها از نظر ۳۰ صفت اندازه‌گیری شده، درصد انحراف از میانگین کلاسترها از میانگین کل محاسبه شد (جدول ۲). این انحرافات تا حدی می‌تواند نشان‌دهندۀ وجود تنوع در لاین‌های باشد. لذا لاین‌های موجود در هر یک از کلاسترها دارای قرابت ژنتیکی بیشتری نسبت به لاین‌های موجود در کلاسترهای متفاوت هستند، بنابراین در صورت نیاز به دورگ‌گیری می‌توان با توجه به لاین‌های موجود در کلاسترهای مختلف و ارزش میانگین صفات برای هر کلاستر، برای بهره‌وری بیشتر از پدیده‌هایی مانند هتروزیس و تفکیک متجاوز استفاده کرد. کلاستر اول شامل ۲۳ لاین بود و از نظر صفات ارتفاع بوته، ارتفاع بلال، عمق دانه، وزن هزار دانه، تعداد ردیف دانه در بلال، درصد رطوبت دانه، درصد چوب بلال و عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل و از نظر سایر صفات پایین‌تر از میانگین کل بود. کلاستر دوم شامل ۱۱۰ لاین بود و صفات تعداد روز تا ظهور کاکل، تعداد روز تا رسیدن، وزن هزار دانه، تعداد دانه در ردیف، مقاومت به خوابیدگی، مقاومت به بیماری و کیفیت و شکل ظاهری بوته ارزشی بالاتر از میانگین کل داشت. در کلاستر سوم ۶۵ لاین قرار گرفته بودند و صفات تعداد روز تا ظهور کاکل، تعداد دانه در ردیف و درصد چوب بلال ارزشی بالاتر از میانگین کل داشتند و بقیه صفات ارزشی کمتر از میانگین کل به خود اختصاص دادند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]



شکل ۱- تجزیه کلاستر لاین‌های مورد مطالعه به روش وارد

Figure 1. Cluster analysis of studied lines based on ward method.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

جدول ۲- میانگین و درصد انحراف از میانگین کل گروه‌ها برای صفات مختلف ذرت
Table 2. The mean and standard deviation of the mean of all the groups for different traits in maize

صفات	گروه اول	درصد انحراف	گروه دوم	درصد انحراف	گروه سوم	درصد انحراف
روز تا ظهور تاسل (روز)	۶۸/۲۳	-۲/۰۶	۷۰/۲۴	۰/۸۲	۷۱	۱/۹۱
ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	۲۳۳/۵۴	۵/۸۳	۲۱۷/۰۳	-۱/۶۵	۲۰۱/۷۴	-۸/۵۸
ارتفاع محل بلال (سانتی‌متر)	۱۳۲/۰۲	۶/۹۸	۱۲۰/۵	-۲/۳۵	۱۱۲/۹۱	-۸/۵
تعداد روز تا رسیدن (روز)	۱۲۰/۳۴	-۰/۲۹	۱۲۱/۰۳	۰/۲۸	۱۲۰/۰۴	-۰/۵۳
عمق دانه (میلی‌متر)	۱۲/۴۳	۴/۰۴	۱۱/۷۸	-۱/۴۱	۱۱/۳۹	-۴/۶۸
وزن هزار دانه (گرم)	۲۷۱/۹۴	۳/۱۱	۲۶۶/۶۵	۱/۱۱	۲۲۶/۵۲	-۱۴/۱۱
تعداد دانه در ردیف	۳۹/۹۸	-۱/۷۱	۴۱/۰۱	۰/۸۲	۴۱/۰۴	۰/۹
ردیف دانه در بلال	۱۷/۴۰	۷/۲۹	۱۵/۵۹	-۳/۸۶	۱۵/۸۷	-۲/۱۴
درصد رطوبت دانه (درصد)	۱۲/۷۷	۱۱/۷۲	۱۰/۹۲	-۴/۴۷	۱۰/۰۹	-۱۱/۷۴
درصد چوب بلال (درصد)	۱۳/۶۴	۱/۹۸	۱۳/۱۴	-۱/۷۳	۱۳/۷۳	۲/۶۹
عملکرد دانه (تن در هکتار)	۱۵/۱۷	۱۰/۵۹	۱۳/۷	-۰/۱۴	۹/۷۱	-۲۹/۲۳
مقاومت به خوابیدگی (مقیاسی)	۱/۲۳	-۲/۹۱	۱/۱۵	-۸/۹۳	۱/۹۱	۵۰/۹
مقاومت به بیماری (مقیاسی)	۱	-۳/۸۸	۱	-۳/۸۸	۱/۳۵	۲۹/۵۵
کیفیت بوته (مقیاسی)	۶/۷۱	-۰/۰۷	۷	۴/۲۹	۵/۳۵	-۲۰/۳۳

لاین‌های کلاستر اول و دوم از نظر اکثر صفات ارزشمند هستند و می‌توان از آنها در برنامه‌های دورگ‌گیری برای انتقال صفات مذکور استفاده کرد. همچنین لاین‌های کلاستر سوم از لحاظ اینکه صفات ارتفاع بوته و بلال و زمان رسیدن ارزشی پایین‌تر از میانگین کل دارند در برنامه‌های اصلاحی و دورگ‌گیری برای کاهش این صفات که مطلوب به نژادگر می‌باشند، می‌تواند مورد استفاده قرار گیرند. خاوری خراسانی و همکاران (۱۳) نیز ۳۴ هیبرید ذرت را با استفاده از تجزیه خوشه‌ای در هفت گروه قرار دادند که هر کدام از گروه‌ها دارای یک یا دو زیرگروه بودند. محمدی و همکاران (۱۷) با استفاده از تجزیه خوشه‌ای با استفاده به روش وارد، هیبریدهای مورد مطالعه را به پنج دسته تقسیم کردند. خوشه‌های دوم و سوم از نظر عملکرد دانه و صفات مؤثر بر عملکرد (شاخص برداشت، عملکرد بیولوژیک و وزن هزار دانه) از میانگین بالاتری برخوردار بودند. در تحقیق دیگری نیز ۲۵ ژنوتیپ ذرت براساس تجزیه خوشه‌ای در پنج گروه قرار گرفتند که نتایج نشان داد بیشترین فاصله بین کلاستر چهار و پنج بود و نشان‌دهنده تنوع زنتیکی بالا بین این دو گروه بود (۱۶). آزاد و همکاران (۳) نیز ۳۰ لاین ذرت را با استفاده از تجزیه خوشه‌ای در شش گروه تقسیم نمودند و نشان دادند که کلاستر ششم از نظر اکثر صفات اجزای عملکرد میانگین بالاتری نسبت به میانگین کل دارد. محققین مختلف نتایج کاملاً متفاوتی در گروه‌بندی ارقام و لاین‌های ذرت به دست آوردند که این‌ها دلایلی بر تاکید اهمیت نوع صفات مورد ارزیابی و نوع ارقام مورد بررسی می‌باشد.

تجزیه به عامل‌ها

جدول ۳ نتایج تجزیه به عامل‌ها برای صفات مورد مطالعه در ۱۹۸ لاین ذرت را نشان می‌دهد. در این تجزیه پنج عامل مجموعاً ۶۵/۸۷ درصد تغییرات کل داده‌ها را توجیه نمودند. میزان واریانس پنج عامل به ترتیب ۱۴/۸۹، ۱۳/۹۳، ۱۳/۳۷، ۱۲/۶۲ و ۱۱/۰۷ درصد می‌باشد. خیاط نژاد و همکاران (۱۴) نیز با انجام تجزیه عاملی نشان دادند که پنج عامل ۹۶/۸۲ درصد از تغییرات داده ها را توجیه می‌نمایند. در مطالعه دیگر نیز با انجام تجزیه عاملی بر روی ۱۴۴ لاین ذرت و ۱۷ صفت کمی، پنج عامل حدود ۷۸/۳ درصد از تغییرات را توجیه نمودند (۶). عامل اول با بیشترین سهم در توجیه تغییرات صفات عمقدانه، وزن هزار دانه، درصد رطوبت دانه و عملکرد دانه می‌باشد و ضرایب عاملی صفات مثبت و بالا بود و این بدان معنی است که صفات مذکور نقش موثری در افزایش عملکرد دانه دارند و انتخاب از طریق آن‌ها باعث افزایش و بهبود عملکرد دانه می‌گردد و به همین خاطر این عامل تحت عنوان عامل اجزای عملکرد نام‌گذاری گردید. عامل دوم دارای ضرایب عاملی بالا و منفی با صفات مقاومت به خوابیدگی و مقاومت به بیماری و ضرایب عاملی مثبت و بالا با صفت کیفیت بوته بود و عامل ظاهر گیاه نامیده شد. عامل سوم هم دارای ضرایب بالایی با ارتفاع بوته و ارتفاع محل بلال داشت و عامل طول نامیده شد. عامل چهارم دارای ضریب بالا و مثبتی با صفات تعداد روز تا ظهور تاسل و تعداد روز تا رسیدن داشت و عامل دوره رشد نامیده گردید. در عامل پنج هم ضرایب عاملی صفت تعداد ردیف دانه در بلال مثبت و بالا و ضریب عاملی درصد چوب بلال منفی و بالا بود و عامل شکل بلال نام‌گذاری گردید. به طور کلی از نتایج حاصله چنین استنباط می‌شود که صفات اجزای عملکرد و همچنین صفات مربوط به ظاهر گیاه می‌توانند شاخص‌های مهمی برای ارزیابی و اصلاح ژنوتیپ‌های ذرت به حساب آیند. سهولت تشخیص یا اندازه‌گیری صفت یا اهمیت خاص در برنامه‌های به‌نژادی می‌باشد. به طوری که این صفات بایستی به طور مستقیم در مزرعه قابل تشخیص بوده و باعث سهولت در گزینش و افزایش کارایی آن گردد.

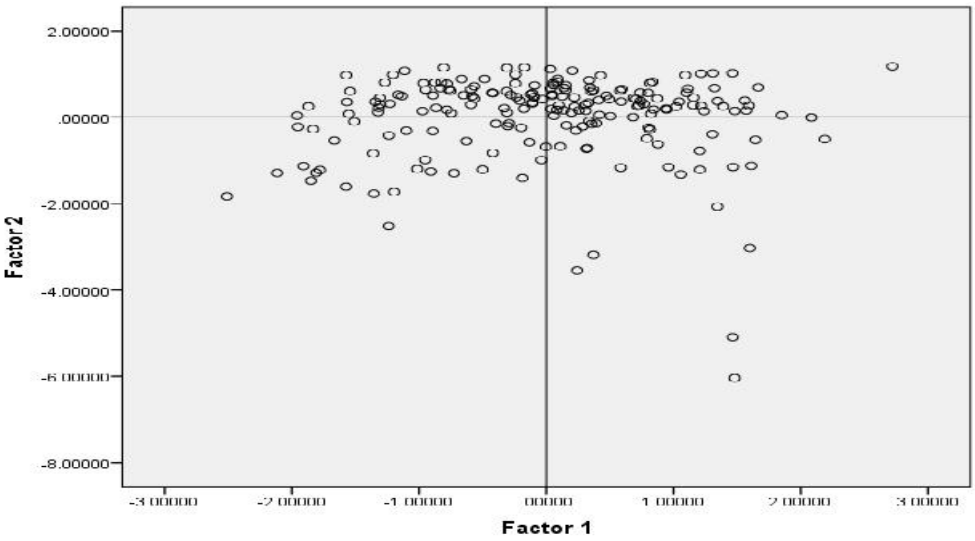
جهت گروه‌بندی لاین‌ها و انتخاب لاین‌های با امتیاز بالا و بر اساس دو عامل اول، از پراکنش لاین‌ها در پلات دو بعدی استفاده شد که نمودار X آن متعلق به عامل اجزای عملکرد و نمودار Y آن متعلق به عامل ظاهر گیاه است که در شکل ۲ نشان داده شده است.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

جدول ۳- نتایج تجزیه به عامل‌ها برای کلیه صفات

Table 3. Results of factor analysis for all traits

صفات	عامل ۱	عامل ۲	عامل ۳	عامل ۴	عامل ۵	میزان اشتراک
روز تا ظهور تاسل (روز)	-۰/۱۶۸	-۰/۱۴۷	-۰/۱۸۳	۰/۶۱۰	-۰/۳۴۲	۰/۵۷۳
ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	۰/۱۱۱	۰/۱۵۶	۰/۸۷۰	-۰/۱۰۷	-۰/۰۴۵	۰/۸۰۸
ارتفاع محل بلال (سانتی‌متر)	۰/۱۷۱	۰/۱۰۶	۰/۸۶۹	-۰/۰۶۳	۰/۰۲۹	۰/۸۰۱
تعداد روز تا رسیدن (روز)	۰/۰۸۲	۰/۲۰۵	۰/۰۴۶	۰/۶۶۹	۰/۱۵۷	۰/۵۲۴
عمق دانه (میلی‌متر)	۰/۷۰۲	۰/۰۴۰	۰/۱۱۹	-۰/۴۳۱	۰/۱۸۳	۰/۷۲۸
وزن هزار دانه (گرم)	۰/۸۵۰	۰/۱۴۱	۰/۰۱۸	۰/۱۹۸	۰/۰۹۹	۰/۷۹۱
تعداد دانه در ردیف	-۰/۱۳۸	-۰/۰۵۶	۰/۱۷۵	۰/۰۸۱	۰/۷۹۷	۰/۶۹۵
ردیف دانه در بلال	-۰/۰۱۵	۰/۰۹۹	۰/۱۲۴	-۰/۷۳۹	-۰/۲۹۱	۰/۶۵۶
درصد رطوبت دانه (درصد)	۰/۷۸۲	-۰/۰۴۸	۰/۲۴۳	-۰/۰۱۳	-۰/۲۱۵	۰/۷۱۹
درصد چوب بلال (درصد)	-۰/۱۵۸	-۰/۱۲۳	۰/۲۷۸	-۰/۱۰۵	-۰/۶۸۱	۰/۵۹۲
عملکرد دانه (تن در هکتار)	۰/۵۶۰	۰/۲۹۲	۰/۲۸۲	-۰/۳۰۵	۰/۱۲۸	۰/۵۸۸
مقاومت به خوابیدگی (مقیاسی)	-۰/۱۰۸	-۰/۷۴۳	-۰/۰۶۶	-۰/۰۳۵	۰/۰۷۴	۰/۵۷۵
مقاومت به بیماری (مقیاسی)	۰/۱۵۴	-۰/۷۲۲	۰/۰۰۷	۰/۰۴۴	۰/۰۳۳	۰/۵۴۸
کیفیت بوته (مقیاسی)	۰/۱۲۸	۰/۶۴۱	۰/۲۰۶	۰/۲۱۴	۰/۳۲۷	۰/۶۲۳
درصد واریانس	۱۴/۸۹	۱۳/۹۳	۱۳/۳۷	۱۲/۶۲	۱۱/۰۷	--------
درصد واریانس تجمعی	۱۴/۸۹	۲۸/۸۲	۴۲/۱۹	۵۴/۸۱	۶۵/۸۷	-----



شکل ۲- نمودار دو بعدی پراکنش لاین‌ها براساس دو عامل اول و دوم در تجزیه عاملی

Figure 2. Distribution of two-dimensional graph of lines based on first and second factors of factor analysis

براساس این دو عامل لاین‌ها در پنج گروه قرار گرفتند. نتایج حاصل از تجزیه عامل‌ها و تجزیه خوشه‌ای به‌منظور گروه‌بندی جمعیت‌ها تا حدودی مطابقت داشت و همدیگر را تایید نمودند. دلیل تطابق کم به خاطر این است که تجزیه خوشه‌ای از صدرصد اطلاعات استفاده نموده و گروه‌بندی انجام می‌دهد ولی دو عامل اول در حدود ۲۹ درصد از اطلاعات و تغییرات را برای گروه‌بندی جمعیت‌ها به‌کار بردند. احتشامی و همکاران (۹) و همچنین رحیمی و همکاران (۱۹) نیز نشان دادند که گروه بندی با تجزیه خوشه‌ای مناسب تر هست چرا که از تمام اطلاعات صفات استفاده می‌کند در حالی که در روش تجزیه عاملی معیار گروه‌بندی تنها بر اساس اهمیت عوامل تشکیل‌دهنده بای‌پلات است که در خود این عامل‌ها نیز با توجه به ضرایب مشخص شده برای هر صفت صورت می‌گیرد. با توجه به نتایج می‌توان گفت زمانی که دو عامل اول درصد بالایی از تغییرات را توجیه نمایند می‌توانند برای گروه‌بندی استفاده شوند و در غیر از این صورت بهتر است از تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی استفاده نمود تا بر اساس صدرصد تغییرات گروه‌بندی انجام شده و نتایج بهتری به دست آید.

از مجموع نتایج می‌توان استنباط نمود که برای گزینش در بین تعداد زیادی لاین و انتخاب لاین‌های مناسب و بردن آنها به نسل‌های بعد می‌تواند براساس تجزیه خوشه‌ای انجام گیرد چرا که تجزیه خوشه ای از اطلاعات تمام صفات برای گروه‌بندی استفاده نموده و لاین‌هایی که از نظر همه صفات

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

مشابه باشند در یک گروه قرار می‌دهد. در نهایت با بررسی میانگین صفات هر گروه و اختلاف میانگین هر صفت از میانگین کل لاین‌ها، می‌توان گروه‌هایی که میانگین بهتری بسته به نوع صفت از میانگین کل را داشته باشند انتخاب نمود و لاین‌های آن گروه را به نسل بعد برد و بدین ترتیب در هر نسل از انتخاب بوته‌های با کیفیت پایین اجتناب نمود. با توجه به نتایج لاین‌های گروه اول و دوم که درصد انحراف از میانگین اکثر صفات آن از میانگین کل بیشتر بود، این لاین‌ها انتخاب شدند تا در نسل بعد با استفاده از تجزیه لاین در تستر قابلیت ترکیب‌پذیری آنها ارزیابی شده و بتوان در برنامه‌های به نژادی ذرت مورد استفاده قرار گیرند.

منابع

1. Ahangar, A.S., H. Pirdashti, M.A. Esmaeili, S.K. Kazemitabar and E. Zeinli. 2014. Cluster analysis and study of quality characteristics of 30 rice (*Oryza sativa* L.) genotypes. Journal of Crop Breeding, 5: 99-111 (In Persion).
2. Akhtar, N. and M. Chowdhry. 2006. Genetic analysis of yield and some other quantitative traits in bread wheat. International Journal of Agriculture and Biology, 8: 523-527.
3. Azad, M., B. Biswas, N. Alam and S.S. Alam. 2012. Genetic diversity in maize (*Zea mays* L.) inbred lines. The Agriculturists, 10: 64-70.
4. Babajanpour, A.A., G.A. Nematzadeh, E. Majidi, A. Ebrahimi, A. Hajipour, S.H.R. Hashemi and S.M. Alavi. 2009. Study of variation and genetic relationships among some rice varieties via agronomic traits and RAPD markers. Journal of Crop Breeding, 1: 38-49 (In Persian).
5. Beiragi-Ashofteh, M., M. Ebrahimi, K. Mostafavi, M. Golbashy and S.K. Khorasani. 2011. A study of morphological basis of corn (*Zea mays* L.) yield under drought stress condition using correlation and path coefficient analysis. Journal of Cereals and Oilseeds, 2: 32-37.
6. Bharathiveeramani, B. and M. Prakash. 2012. Factor analysis for yield contributing traits in maize (*Zea mays* L.). Electronic Journal of Plant Breeding, 3: 998-1001.
7. Chandra, R., S. Pradhan, S. Singh, L. Bose and O. Singh. 2007. Multivariate analysis in upland rice genotypes. World Journal of Agricultural Sciences, 3: 295-300.
8. Dudley, J. 1988. Evaluation of maize populations as sources of favorable alleles. Crop science, 28: 486-491.
9. Ehteshami, S.M., M. Ramezani1 and M. Frozi. 2015. The selection of top genotypes in forage corn using multivariate methods in Varamin region. Journal of Plant Ecophysiology, 7: 98-111 (In Persian).
10. Harada, K., N.V. Huan and H. Ueno. 2009. Classification of maize landraces from Shikoku and Kyushu, Japan, based on phenotypic characteristics. Japan Agricultural Research Quarterly: JARQ, 43: 213-220.
11. IBPGR. 1991. Descriptors for maize. International Maize and Wheat Improvement Center, Mexico City/International Board for Plant Genetic Resources, Rome, 88 pp.
12. Jobson, J. 2012. Applied multivariate data analysis: volume II: Categorical and Multivariate Methods, Springer Science & Business Media, 732 pp.
13. Khavari-Khorasani, S., K. Mostafavi, E. Zandipour and A. Heidarian. 2011. Multivariate analysis of agronomic traits of new corn hybrids (*Zea maize* L.). International Journal of AgriScience, 1: 314-322.
14. Khayatnezhad, M., R. Gholamin, S. Jamaati-e-Somarin, R. Zabihi-e-Mahmoodabad and B. Badrzadeh. 2011. Study of morphological traits of maize cultivars through factor analysis. Advances in Environmental Biology, 5: 104-108.
15. Khodarahmpour, Z. 2012. Morphological Classification of Maize (*Zea mays* L.) Genotypes in Heat Stress Condition. Journal of Agricultural Science, 4(5): 31 pp.
16. Meena, M.K., R. Singh, A. Sharma and P. Bhati. 2014. Diversity studies in selected maize (*Zea mays* L.) germplasm of eastern Uttar Pradesh. Research in Environment and Life Sciences, 7: 193- 196.
17. Mohammadi, S., L. Alivand, F. Farahvash, H. Hamzeh, K. Anvari and S. Arefi. 2013. Grouping of late maturing corn hybrids in relation to some agronomic traits. Journal of Crop Ecophysiology (Agriculture Science), 7: 1-15 (In Persian).
18. Mustafa, H.S.B., J. Farooq, T. Bibi and T. Mahmood. 2015. Cluster and principle component analyses of maize accessions under normal and water stress conditions. Journal of Agricultural Sciences, Belgrade, 60: 33-48.
19. Rahimi, M., M. Ramezani and B. Rabiee. 2009. Identification of elite lines and hybrids of rice using factor analysis. Agronomy Journal (Pajouhesh & Sazandegi), 84: 78-85 (In Persian).
20. Ramazani, M., H. Samizadeh Lahiji, H. Ebrahimi Koulabi and A. Kafi Ghasemi. 2008. Agronomic and morphologic analysis of maize hybrids via factor analysis in Hammedan. JWSS-Isfahan University of Technology, 12: 99-107 (In Persian).
21. Romesburg, C. 2004. Cluster analysis for researchers, Lulu. com, 340 pp.
22. SAS-Institute-Inc. 2010. Base SAS 9.2 Procedures Guide: Statistical Procedures. Cary, NC: SAS Institute Inc.
23. SPSS, I. 2013. IBM SPSS statistics 22 core system user's guide. in Chicago, IL: IBM.
24. Stojšin, D. and L. Kannenberg. 1995. Evaluation of maize populations as sources of favorable alleles for improvement of two single-cross hybrids. Crop science, 35: 1353-1359.
25. Subramanian, A. and N. Subbaraman. 2010. Hierarchical cluster analysis of genetic diversity in Maize germplasm. Electronic Journal of Plant Breeding, 1: 431-436.
26. Tanavar, M., E. Bahrami, A.R. Asadolahi and A.R. Askary. 2014. Genetic diversity of 13 maize (*Zea mays* L.) hybrids based on multivariate analysis methods. International Journal of Farming and Allied Sciences, 3: 467-470.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

The use of Cluster Analysis for Best Lines Selection in Maize at S6 Generation

Farhad Sadeghi[1] and Mehdi Rahimi[2]

1- Assistant Professor, Agriculture and Natural Resources Research Center of Kermanshah, Iran
2- Assistant Professor, Department of Biotechnology, Institute of Science and High Technology and Environmental Sciences, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran
(Corresponding author: me.rahimi@kgut.ac.irm)
Received: June 27, 2015 Accepted: August 15, 2015

Abstract

In order to obtain pure lines of corn for direct sowing or their usage in crossing, it is necessary to provide pure genotypes. This experiment was carried out by the use of individual selection breeding method and the 198 S6 lines of maize were evaluated in 2007and 14 traits were measured on them. The results of descriptive statistics showed considerable variation among genotypes. The maximum amount of phenotypic variation among different traits related to lodging resistance, disease resistance and grain yield traits with a value of 41.61, 21.3 and 20.88 percent, respectively. Cluster analysis by Ward's minimum variance, clustered lines into three groups and the Percentage of grouping accuracy was 94.4 with discrimination function analysis. The first group consists of 23 lines, the second group included 110 line and the third group involved 65 line. The traits mean of lines at the first and second cluster were higher than traits mean of total lines and selected the lines of these two groups and were taken to the next generation that combining ability are evaluated through line × tester analysis. Also the lines of these two groups due to high value of yield and other traits can be used in hybridization programs. Also, factor analysis based on principal components after varimax rotation showed that 65.87 percent of total variations between genotypes were determined by five independent factors. According to the first two factors, the lines were divided into five groups. The result of factor analysis and cluster analysis to classify lines partially matched and confirmed each other.

Keywords: Cluster analysis, Corn, Factor analysis, Line, Phenotypic variation, Yield

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]