دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

بررسی برخی از صفات کمی ژنوتیپ‌های وارداتی گلرنگ (*Carthamus tinctorius* L.) با استفاده از آنالیزهای چند متغیره در منطقه ساری

علی زمان میرآبادی[۱]، مصطفی حق پناه[۱]، کامبیز فروزان[۱] و سجاد طلائی[۲]

۱- کارشناس شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی، تهران، ایران
۲- کارشناس بیومتری شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی، تهران، ایران، (نویسنده مسوول: sajadtalaee@yahoo.com)
تاریخ دریافت: ۹۶/۵/۳۱ تاریخ پذیرش: ۹۶/۹/۲۱

چکیده

توسعه منابع ژرم پلاسم از طریق واردات ژنوتیپ‌های جدید می‌تواند کارایی برنامه‌های اصلاحی گلرنگ (*Carthamus tinctorius* L.) را بهبود بخشد. در این راستا ۸۲ ژنوتیپ گلرنگ وارداتی در ایستگاه تحقیقاتی شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی شهرستان ساری در سال زراعی ۹۴-۱۳۹۳ در قالب طرح بلوک کامل تصادفی مورد ارزیابی قرار گرفتند. دراین آزمایش شش صفت زراعی مهم و مرتبط با عملکرد دانه بررسی گردید. در این مطالعه جهت مدل‌سازی رگرسیون گام‌به‌گام از رویه PROC MIXED و PROC GLM، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با استفاده از PROC IML انجام گرفت. نتایج حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که دو متغیر عملکرد دانه و وزن هزاردانه ضرایب بالاتری در ترکیب خطی مؤلفه اول داشتند. همچنین مشخص گردید که مجموع سه مؤلفه اول ٦٨ درصد تغییرات را توجیه نموده است. ضرایب رگرسیونی متغیرهای تعداد دانه در طبق و وزن هزاردانه به ترتیب در سطح آماری پنج و یک درصد معنی‌دار شد که نشان می‌دهد این دو متغیر نقش مؤثری در افزایش عملکرد دانه دارند. در روش رگرسیون گام‌به‌گام تعداد دانه در طبق و وزن هزار دانه در مدل باقی ماندند و در نتیجه ارتباط معنی‌داری با عملکرد دانه داشتند. جهت افزایش عملکرد دانه در گلرنگ رسیدن به ژنوتیپ‌های پر محصول با استفاده از ژرم‌پلاسم‌های مورد استفاده در برنامه اصلاحی صفات مورد بررسی در این تحقیق می‌توانند مورد توجه قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: رگرسیون گام‌به‌گام، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، مدل‌سازی، معیار اطلاعات آکائیک، معیار اطلاعات بیزین- شوارتس

مقدمه

گلرنگ گیاهی عمدتا خودگشن (۱۰) دارای 2n=2x=24 کروموزوم (۲۲) و متعلق به خانواده Asteraceae و به عنوان یکی از گیاهان مهم دانه روغنی مورد استفاده قرار می‌گیرد (۱۱). گیاه گلرنگ بسیار پر شاخه، خاردار و دارای برآمدگی‌های تیز روی برگ‌ها می‌باشد (۱۳). گلرنگ از دیرباز در ایران به‌عنوان گیاه چند منظوره کشت می‌گردیده است (۲۵) و مراکز تنوع و منشأ جغرافیایی این گیاه مناطق مدیترانه‌ای می‌باشند (۲). در بین دانه‌های روغنی گلرنگ بومی ایران می‌باشد و به دلیل تحمل بالا به تنش‌های غیر زیستی (شوری و خشکی) و همچنین کیفیت مطلوب روغن دانه دارای اهمیت زیادی می‌باشد (۵). دانه گلرنگ حاوی حدود ۱۵ تا ۲۵ درصد پروتئین و ۲۵ تا ۴۵ درصد روغن می‌باشد (۲۳). بخش عمده‌ای از روغن دانه گلرنگ را اسیدهای چرب اشباع‌نشده بخصوص اسید لینولئیک و اسید اولئیک تشکیل داده است (۳۱). رنگ حاصل از گل این گیاه در صنایع غذایی، دارویی و خوراک دام مورد استفاده قرار می‌گیرد (۲۳). سطح زیر کشت گلرنگ در جهان (در سال ۲۰۱۴) حدود یک‌میلیون هکتار و میزان تولید دانه آن بیش از ۸۶۰ هزار تن بود که بیش‌ترین سطح زیر کشت آن متعلق به کشور قزاقستان بود (۸).

با توجه به پتانسیل بالای کشت گلرنگ در کشور اصلاح ژنتیکی این گیاه برای عملکرد بیشتر دارای اهمیت بالایی است. لذا در اختیار داشتن ژرم‌پلاسم متنوع می‌تواند به‌عنوان منبع ژنتیکی در به‌نژادی این گیاه مفید باشد (۱،۱۵). شناخت خصوصیات فنوتیپی ارقام مختلف غیربومی در مدیریت ژرم‌پلاسم و انتخاب والدین جهت تلاقی و اجرای پروژه‌های به‌نژادی گیاهان زراعی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است (۶). روش‌های آماری چند متغیره می‌توانند ابزار مناسبی جهت ارزیابی اولیه و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در برنامه‌های به‌نژادی باشند.

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی یک روش آماری است که ابعاد اطلاعات و داده‌ها را کاهش می‌دهد بنحویکه اطلاعاتی که واریانس بیشتری توجیه می‌نمایند در مؤلفه‌های اولیه قرار می‌گیرند. با این روش تفاوت‌ها و شباهت‌ها بهتر مشخص می‌شوند (۲۰). در این روش نمودارهای بای پلات جهت نمایش و ترسیم همزمان نقاط و محورها استفاده می‌شود (۱۳). هر بعد از یک نمودار بای‌پلات مربوط به یک مؤلفه اصلی می‌باشد. در طی چند سال گذشته روش گرافیکی GGE biplot (مدلی مبتنی بر تجزیه به مقادیر منفرد) برای انجام تجزیه داده های با ساختار دوطرفه مطرح شده است که نمودار دو طرفه را با کیفیت و سرعت بالا ترسیم می‌نماید (۲۹). در این روش برای ارزیابی و تفسیر الگوی واکنش ژنوتیپ‌ها و صفات در مقابل هم کاربرد دارد و دارای مزایای بسیاری در تفسیر الگوی داده‌ها می‌باشد (۲۸). تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و مدل GGEbiplot با محاسبه تجزیه به مقادیر منفرد بطور مستقیم (یا از طریق استاندارد کردن) با یک ماتریس واریانس-کواریانس یا همبستگی محاسبه می‌شوند (۲۴).

در مدل‌سازی و انتخاب بهترین مدل در روش چندمتغیره رگرسیون گام به گام از آماره‌های مختلفی از جمله آماره‌های ضریب تبیین (R^2)، ضریب تبیین تصحیح‌شده (R^2_{adj})، آماره مالو ($C_{(p)}$)، خطای جذر میانگین مربعات (RMSE)، معیار اطلاعات آکائیک (AIC)، معیار اطلاعات بیزین- شوارتس

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]
[DOI: 10.29252/jcb.10.28.162]

(BIC) استفاده می‌گردد. ضریب تبیین معیاری برای اندازه‌گیری کفایت مدل رگرسیون مورد استفاده قرار می‌گیرد. برخی از پژوهشگران استفاده از ضریب تبیین تصحیح‌شده را بجای R^2 ترجیح می‌دهند. از آماره مالو برای قضاوت درباره یک معادله به‌جای یک میانگین مربعات انحراف از مدل، میانگین مربعات خطای مقدار پیش‌بینی‌شده در نظر گرفته می‌شود. آماره خطای جذر میانگین مربعات تفاوت بین مقدار پیش‌بینی‌شده توسط مدل آماری و مقدار واقعی می‌باشد و یک ابزار مناسب برای مقایسه خطاهای پیش‌بینی است و برای مقایسه چند مجموعه داده کاربرد ندارد (۱۹). معیار اطلاعات آکائیک و بیزین- شوارتس تعادلی میان دقت مدل و پیچیدگی آن برقرار می‌کنند. معیار اطلاعات آکائیک یک‌میزان از کیفیت نسبی مدل آماری از یک مجموعه از داده‌ها می‌باشد. در واقع معیار اطلاعات آکائیک ابزاری برای انتخاب مدل است. این معیار یک معادله بین برازش و پیچیدگی مدل را توضیح می‌دهد. این آماره بر اساس پراکنش اطلاعات بناشده است.کمتر بودن این مدل‌ها در یک مدل نسبت به مدل دیگر گویای آن است که افزودن یک متغیر جدید هزینه ناشی از کاهش کارایی (به دلیل افزایش تعداد متغیرها) را از طریق کاهش به‌اندازه کافی SSR جبران نموده است. برای تعداد بیشتر از ۱۰۰، ضابطه BIC شاخص سخت‌گیرانه‌تری نسبت به AIC خواهد بود. (۲۶) مدل‌هایی که دارای مقدار آماره آکائیک، بیزین، خطای جذر میانگین مربعات و مالو کوچک‌تر و دارای ضریب تبیین، ضریب تبیین تصحیح‌شده بالاتری دارند ترجیح داده می‌شوند(۱۹،۲۶)

تاکنون مطالعات اگرو- مورفولوژیکی زیادی روی ژرم‌پلاسم‌های گلرنگ انجام شده است (۱۲،۱۰،۷).
نتایج یک تحقیق روی ۴۸ توده بومی گلرنگ جمع‌آوری شده از ۱۱ کشور منطقه خاورمیانه با استفاده از روش چند متغیره تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد ۴۲/۹۱ درصد تغییرات بین توده های گلرنگ توسط دو مؤلفه اول توجیه شدند (۹). در پژوهشی با بررسی لاین‌های موتانت گلرنگ دو صفت وزن هزار دانه و تعداد دانه در گیاه بهترین شاخص انتخاب جهت افزایش عملکرد دانه گلرنگ شناخته شدند (۱۸). همچنین در پژوهش دیگری بر اساس تجزیه رگرسیون مرحله‌ای نشان داده شد در شرایط عدم تنش گزینش غیرمستقیم بایستی ابتدا روی تعداد طبق در بوته و سپس تعداد دانه در طبق صورت پذیرد (۱۴).

توسعه منابع ژرم پلاسم داخلی از طریق واردات ژنوتیپ‌های جدید می‌تواند کارایی برنامه‌های اصلاحی گلرنگ را بهبود بخشد. مطالعه حاضر جهت بررسی ژنوتیپ‌های وارداتی گیاه گلرنگ جهت استفاده در برنامه‌های اصلاحی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این بررسی تعداد ۸۲ ژنوتیپ گلرنگ (*Carthamus tinctorius* L.) وارداتی از امریکا در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه تحقیقاتی ایستگاه تحقیقات کاربردی و تولید بذر شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی شهرستان ساری در سال زراعی ۹۴-۱۳۹۳ مورد ارزیابی قرار گرفتند. خصوصیات محل اجرای طرح آزمایشی در جدول ۱ ارائه شده است. هر کرت آزمایشی شامل پنج خط سه متری با فاصله ردیف ۳۰ سانتی‌متر و تراکم ۵۰ بوته در مترمربع بود. بافت خاک مزرعه تحقیقاتی لومی است. صفات موردبررسی شامل ارتفاع بوته (H)، تعداد شاخه در بوته (NB)، تعداد طبق در بوته (NH)، وزن هزار دانه (TSW)، تعداد دانه در طبق (SH) و عملکرد دانه (YLD) بودند. اندازه‌گیری صفات با در نظر گرفتن اثرات حاشیه از ۱۰ بوته مرکزی ردیف‌های میانی به‌طور تصادفی از هر واحد آزمایشی انجام شد.

روش تجزیه و تحلیل داده‌ها

در این مطالعه برای مدل‌سازی رگرسیون گام به گام با استفاده از نرم‌افزار SAS v9.4 (۲۱) با استفاده از رویه PROC MIXED و PROC GLM، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با استفاده از PROC IML انجام گردید. از نرم‌افزار GGEbiplot v4.0 (۲۷) نیز برای مدل‌سازی رگرسیون چند متغیره انجام شد.

جدول ۱- مشخصات مرکز تحقیقاتی ایستگاه تحقیقات کاربردی و تولید بذر (تکاتو)
Table 1. Characteristics of applied agriculture research center and seed production

عرض جغرافیایی	طول جغرافیایی	ارتفاع از سطح دریا (متر)	میزان بارندگی (میلی‌متر)	محل
۳۶° ۴۳′ ۵۰/۴" N	۵۳° ۱۱′ ۱۹/۸" E	۵۴	۷۰۰	انارداین

نتایج و بحث

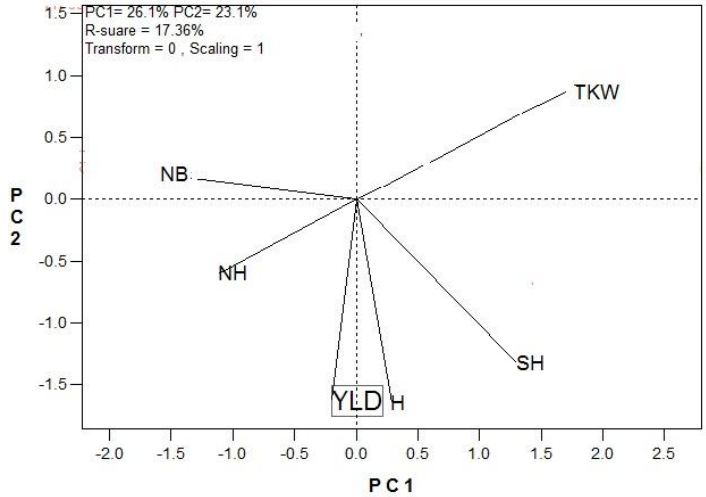
با توجه به نتایج مدل‌سازی رگرسیون چند متغیره توسط نرم‌افزار GGEbiplot متغیرهای تعداد دانه در طبق و وزن هزار دانه در مدل باقی ماندند (شکل ۱ و جدول ۲). ضرایب رگرسیونی متغیرهای تعداد دانه در طبق و وزن هزاردانه به ترتیب در سطح آماری پنج و یک درصد معنی‌دار شد. بقیه متغیرها رابطه معنی‌داری با عملکرد دانه گلرنگ نداشتند. این نتیجه نشان می‌دهد این دو متغیر نقش مؤثری در افزایش عملکرد دانه دارند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]
[DOI: 10.29252/jcb.10.28.162]

جدول ۲- ضرایب رگرسیونی چندمتغیره با در نظر گرفتن عملکرد دانه به عنوان متغیر وابسته

Table 2. Multivariate regression coefficients using grain yield as depended variable

صفت	ضریب رگرسیون	t-value
ارتفاع بوته(H)	−۰/۱۸	۰/۱۶۶^{ns}
تعداد شاخه در بوته(NB)	−۰/۱۶۲	۱/۴۵۶^{ns}
تعداد طبق در بوته(NH)	−۰/۱۹۰	۰/۱۸۰^{ns}
تعداد دانه در طبق(SH)	۰/۲۵۳	۲/۲۵۳*
وزن هزار دانه(TSW)	−۰/۳۹۹	۳/۵۱۳**



شکل ۱- بای‌پلات مدل رگرسیونی چندمتغیره با در نظر گرفتن عملکرد دانه به عنوان متغیر وابسته

Figure 1. Biplot of multivariate regression model using grain yield as depended variable

نتایج تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام صفت عملکرد دانه در مقابل سایر صفات در جدول ۳ ارائه شده است. در این جدول ساختارهای رگرسیون خطی چندگانه ازنظر آماره‌های ضریب تبیین (R^2)، ضریب تبیین تصحیح‌شده (R^2_{adj})، آماره مالو ($C_{(p)}$)، خطای جذر میانگین مربعات (RMSE)، معیار اطلاعات آکائیک (AIC)، معیار اطلاعات بیزین- شوارتس (BIC) موردبررسی قرار گرفت. با توجه به جدول ۳ بهترین مدل ازنظر معیار اطلاعات آکائیک، معیار اطلاعات بیزین، خطای جذر میانگین مربعات و آماره مالو سه مدل اول دارای کمترین مقدار بودند، زیرا این سه مدل دارای مقادیر کمتری از این آماره‌ها را به خود اختصاص داده‌اند. همچنین مقادیر ضریب تبیین و ضریب تبیین تصحیح‌شده نیز در این سه مدل از سایر مدل‌ها بیشتر می‌باشد. از این مدل‌سازی می‌توان نتیجه‌گیری کرد که دو متغیر وزن هزار دانه و ارتفاع در اکثر مدل‌ها تغییرات کمتری داشته و مقادیر نسبتاً برابری را به خود اختصاص داده‌اند. ولی متغیر تعداد شاخه رابطه منفی در مدل داشته است.

جدول۳- نتایج مدل‌سازی رگرسیون گام به گام در گلرنگ

Table 3. Result of stepwise regression modeling in safflower

تعداد مدل	R2adj	R2	C(p)	RMSE	AIC	BIC	Intercept	تعداد شاخه در بوته	تعداد طبق در بوته	وزن هزار دانه	تعداد دانه در طبق
۱	۰/۱۵۵	۰/۱۹	۲/۰۲	۲۸۹/۹۷	۹۲۲/۴۰	۹۲۵/۰۲	−۹۱۳/۸۲	۰	۰	۱۴۴/۹۸	۶/۰۲
۲	۰/۱۴۴	۰/۱۹	۴/۰۰	۲۹۱/۸۴	۹۲۴/۳۸	۹۲۷/۱۷	−۹۰۲/۵۶	۰	−۰/۱۸	۱۴۳/۹۹	۶/۰۰
۳	۰/۱۴۴	۰/۱۹	۴/۰۱۳	۲۹۱/۸۶	۹۲۴/۴۰	۹۲۷/۱۸	−۹۰۱/۶۰	−۰/۳۳	.	۱۴۳/۸۴	۵/۹۹
۴	۰/۱۳	۰/۱۹	۶/۰۰	۲۹۸/۲۶	۹۲۶/۳۸	۹۲۹/۳۳	−۸۹۴/۳۹	−۰/۲۴	−۰/۱۷	۱۴۳/۲۲	۵/۹۸
۵	۰/۱۱	۰/۲۰	۵/۴۰	۲۹۳/۷۷	۹۲۶/۰۱	۹۲۸/۰۶	−۵۸۱/۰۲	۰	۰	۱۱۳/۶۱	۰
۶	۰/۱۳	۰/۱۳	۵/۸۹	۲۹۹/۱۶	۹۲۶/۵۰	۹۲۸/۵۱	−۳۸۳/۰۴	۰	۰	۱۳۷/۹۷	۶/۴۵
۷	۰/۱۲	۰/۱۳	۷/۱۹	۲۹۹/۷۵	۹۲۷/۷۸	۹۲۹/۸۶	−۵۰۷/۹۰	−۲/۳۲	۰	۱۰۶/۷۸	۰
۸	۰/۱۲	۰/۱۳	۷/۳۴	۳۰۰/۰۷	۹۲۷/۹۵	۹۳۰/۰۱	−۵۶۰/۰۲	۰	−۰/۳۷۳	۱۱۱/۷۸	۰
۹	۰/۱۱	۰/۱۲	۷/۸۱	۳۰۰/۹۵	۹۲۸/۴۲	۹۳۰/۴۴	−۳۳۷/۵۰	−۱/۳۷	۰	۱۳۳/۳۲	۶/۳۲
۱۰	۰/۱۰	۰/۱۲	۷/۸۷	۳۰۱/۰۶	۹۲۸/۴۸	۹۳۰/۵۰	−۳۹۸/۹۰	۰	۰/۲۰۴	۱۳۹/۱۲	۶/۴۷

با توجه به شکل ۲ (سمت راست) و شکل ۳ باقی‌مانده مدل از توزیع نرمال پیروی می‌کند. بر اساس مدل‌سازی (جدول۱) صفات وزن هزار دانه و تعداد دانه در طبق در مدل رگرسیونی قرار گرفتند و رابطه مستقیم و مثبتی با عملکرد دانه داشتند. مدل رگرسیونی این صفات با عملکرد دانه به‌صورت زیر است.

مدل ۱ عملکرد دانه = −۹۱۳/۸۲ + (۱۴۴/۹۸) وزن هزار دانه + (۶/۰۲) تعداد دانه در طبق

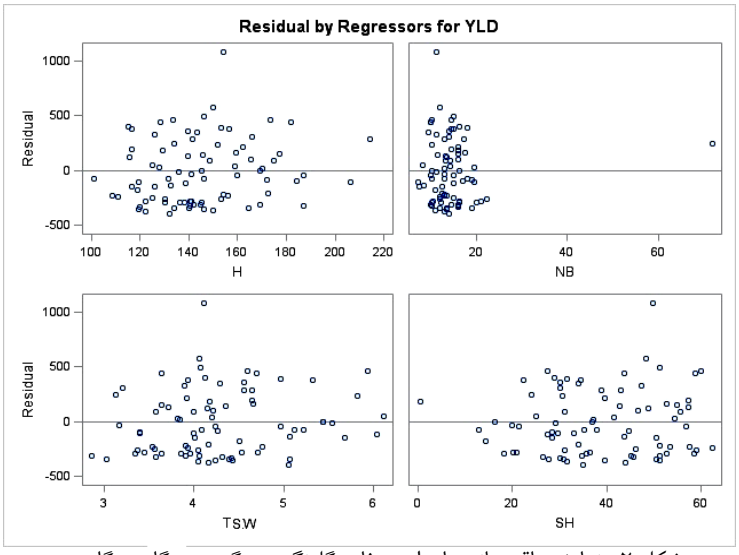
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

[DOI: 10.29252/jcb.10.28.162]

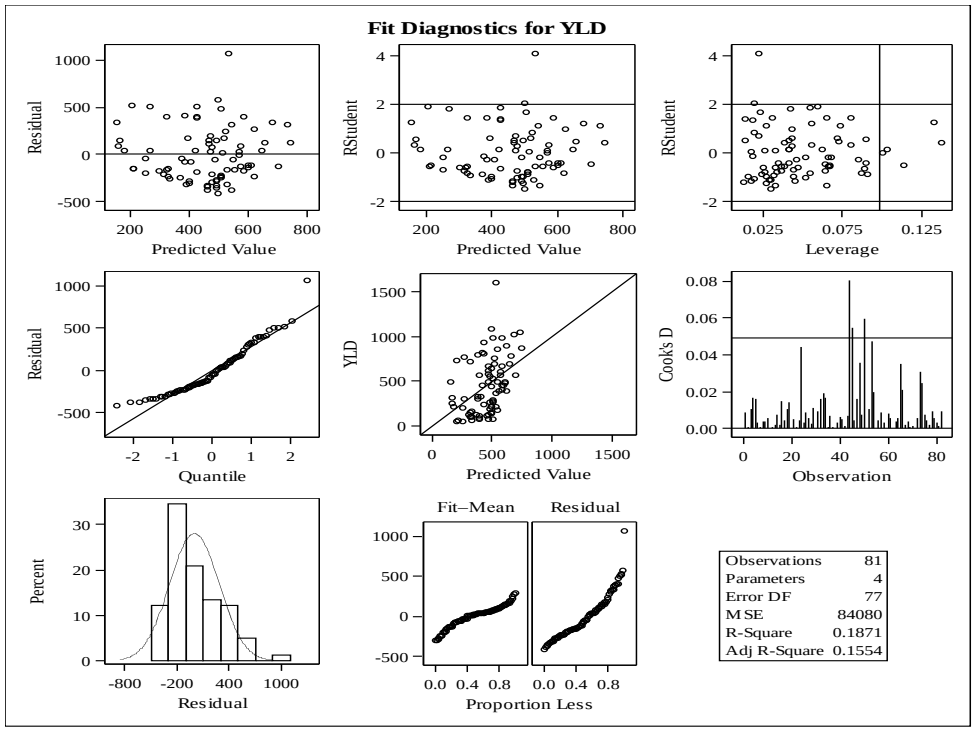
در تحقیق دیگری که روی گیاه گلرنگ انجام شده بود نتایج مشابهی در رابطه با تعیین شاخص‌های انتخاب مؤثر برای انتخاب صفات مرتبط با عملکرد دانه ارقام گلرنگ بدست آمد (۱۸).

با توجه به اینکه عملکرد صفت کمی و پیچیده‌ای است که توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شود و شدیداً تحت تأثیر محیط قرار می‌گیرد. انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب بر اساس عملکرد سودمند نیست و چنانچه بر مبنای صفاتی باشد که به‌طور مستقیم یا غیرمستقیم در عملکرد سهیم هستند سودمندتر می‌باشد. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده از این تحقیق به نظر می‌رسد وزن هزار دانه و تعداد دانه در طبق بهتر از سایر صفات توانستند ارتباط خود با عملکرد را در مدل نشان دهند.

اگر ارتباط بین صفات معنی‌دار باشد می‌توان در روند اجرایی برنامه اصلاحی، آن‌ها را مورد استفاده قرار داد. تجزیه رگرسیونی گام‌به‌گام صفات مختلف با عملکرد دانه به تصمیم‌گیری در مورد اهمیت نسبی این صفات و ارزش آن‌ها به‌عنوان معیارهای انتخاب کمک می‌کند.



شکل ۲- نمایش باقی مانده‌ها برای صفات گلرنگ در رگرسیون گام به گام
Figure 2. Residuals plot for safflower traits in stepwise regression



شکل۳- برازش تشخیصی رگرسیون گام به گام برای صفت عملکرد دانه گلرنگ
Figure 3. Fit diagnostics for grain yield in safflower by stepwise regression

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

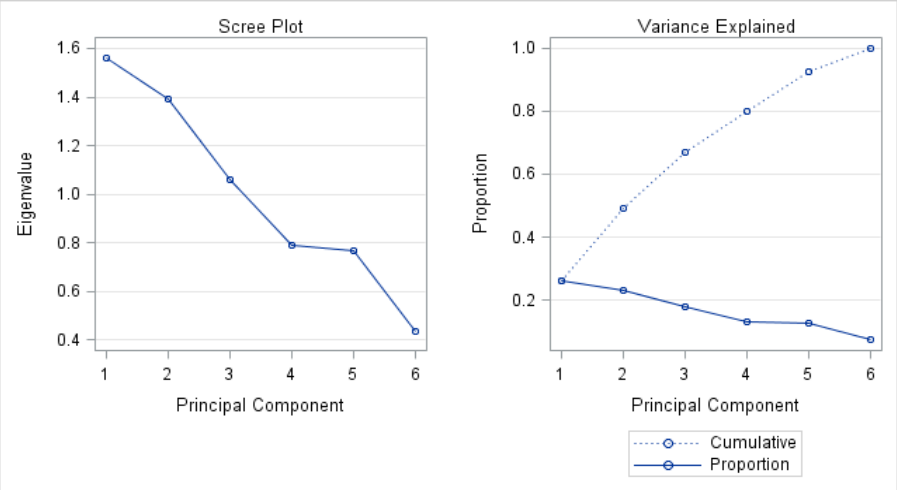
[DOI: 10.29252/jcb.10.28.162]

نتایج حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که دو مؤلفه اول، درمجموع ۴۹ درصد تغییرات را توجیه نمودند (جدول ۴). در تحقیقی که در ۱۱ کشور منطقه خاورمیانه بر روی گیاه گلرنگ صورت گرفت (۹) دو مؤلفه اول کمتر از ۵۰ درصد از تنوع موجود بین داده‌ها را توجیه نمودند، که با نتایج این تحقیق همخوانی دارد. با توجه به نتایج بدست آمده تنوع موجود در ژنوتیپ های گلرنگ از نظر شش صفت با چهار مؤلفه به خوبی توجیه شده است (در مجموع ۸۰ درصد). در شکل ۴ سهم مؤلفه‌ها و درصد توجیه واریانس توسط هر مؤلفه ارائه شده است. هر چه میزان شیب خط نمودار اسکری گراف تندتر باشد نشان از همبستگی بالاتر و سهم مؤلفه های کمتر در توجیه واریانس دارد. در این موارد معمولا یک یا دو مؤلفه سهم بالاتری از کل تنوع موجود را به خود اختصاص می‌دهند. در کل هرچقدر میزان همبستگی بین صفات بالاتر باشد مقدار ویژه اول سهم بیشتری از تغییرات را توجیه می‌کند و نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با موفقیت بیشتری به دست خواهد آمد (۴).

جدول ۴- مقادیر ویژه و واریانس مؤلفه‌ها درروش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

Table 4. Eigenvalues and variance of component in principal component analysis method

No. of PCA	Eigenvalue	Difference	Proportion	Cumulative
۱	۱/۵۶۱	۰/۱۷۱	۰/۲۶۰	۰/۲۶
۲	۱/۳۹۰	۰/۳۳۱	۰/۲۳۲	۰/۴۹
۳	۱/۰۵۱	۰/۲۷۳	۰/۱۷۷	۰/۶۷
۴	۰/۷۸۸	۰/۰۲۳	۰/۱۳۱	۰/۸۰
۵	۰/۷۶۶	۰/۳۳۰	۰/۱۲۸	۰/۹۳
۶	۰/۴۳۷	–	۰/۰۷۳	۱/۰۰



شکل ۴- نمودار اسکری گراف مقادیر ویژه و واریانس مؤلفه‌ها درروش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

Figure 4. Scree plot of eigenvalues and variance of component in principal component analysis method

میزان نقش صفات در سه مؤلفه اول در جدول ۵ نشان داده شده است. بر اساس نتایج حاصل از جدول ۵ معادلات هر یک از مؤلفه‌ها بدست آمد. هر کدام از این سه مؤلفه بر دیگری عمود بوده و کاملا از همدیگر مستقل می باشند. اعداد جدول ۵ استاندارد شده‌اند، در نتیجه وزن هر صفت در مؤلفه مشخص است. با توجه به جدول ۵ در مؤلفه اول صفات تعداد شاخه، تعداد طبق و تعداد دانه در طبق دارای نمرات منفی می‌باشند. همچنین در مؤلفه دوم وزن هزار دانه و تعداد شاخه دارای نمرات مثبت هستند (جدول ۵). با توجه به نتایج بدست آمده ترکیب صفات بر اساس مدل تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بردار Z_1 و Z_1 به‌صورت زیر است.

Z_1= ۰/۰۷۶ (ارتفاع) + ۰/۴۲۶ (عملکرد دانه) + ۰/۶۰۳ (وزن هزار دانه) – ۰/۵۴۶ (تعداد شاخه) – ۰/۳۷۹ (تعداد طبق) – ۰/۰۸۱ (دانه در طبق)

Z_2= –۰/۵۷ (ارتفاع) – ۰/۴۶۹ (عملکرد دانه) + ۰/۲۸۱ (وزن هزار دانه) + ۰/۰۹۱ (تعداد شاخه) –۰/۲۰۱ (تعداد طبق) – ۰/۵۷۵ (دانه در طبق)

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

[DOI: 10.29252/jcb.10.28.162]

جدول ۵- اجزای تشکیل‌دهنده سه مؤلفه اول برای هر یک از صفات زراعی

Table 5. Construction of first 3 components for agronomic traits

صفت	Prin1	Prin2	Prin3
ارتفاع بوته	۰/۰۷۶	-۰/۵۶۷	۰/۳۹۷
تعداد شاخه	-۰/۵۴۶	۰/۰۹۱	۰/۲۴۱
تعداد طبق در بوته	-۰/۳۷۹	-۰/۲۰۱	۰/۵۶۷
عملکرد دانه	۰/۴۲۶	-۰/۴۶۹	۰/۲۰۶
وزن هزار دانه	۰/۶۰۳	۰/۲۸۱	۰/۳۰۳
تعداد دانه در طبق	-۰/۰۸۱	-۰/۵۷۵	-۰/۵۷۳

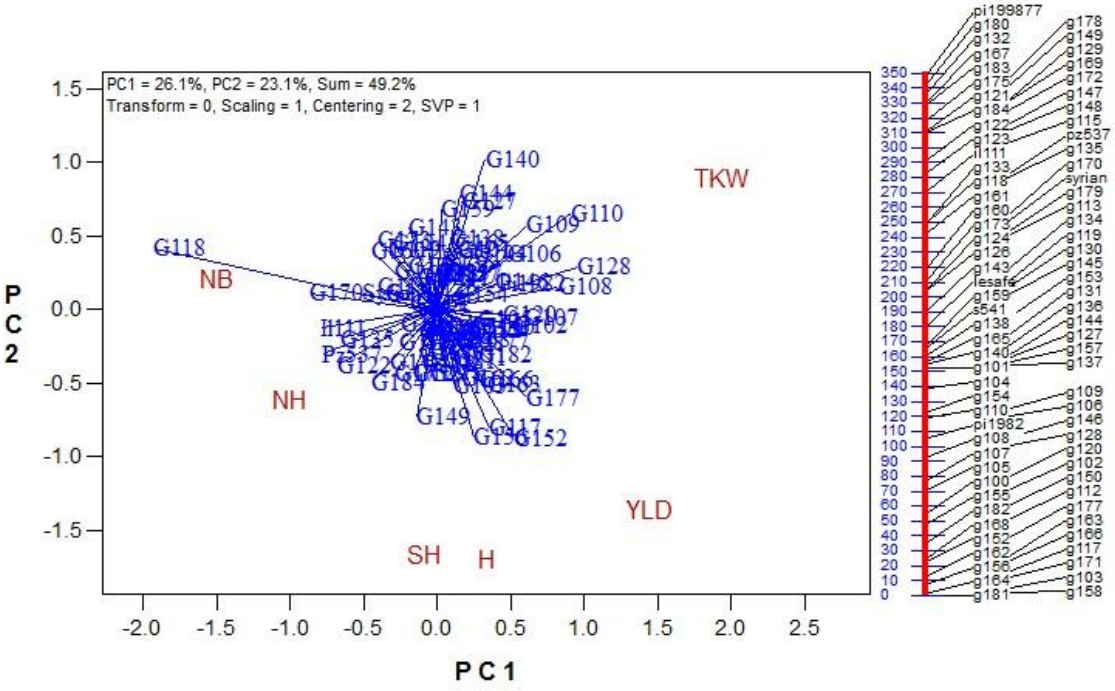
دو بردار فوق بهترین تابع‌های خطی برای توجیه واریانس هستند. یعنی تابع Z_1 بهترین ترکیب از صفات با بالاترین واریانس می‌باشد و بیشترین سهم از توابع را ازنظر تنوع به خود اختصاص داده است.

با توجه به جدول ۵ و معادلات بدست آمده می‌توان تفکیک ارقام را در یک بای پلات براحتی مشخص نمود. شکل‌های ۵ فضای دوبعدی دو مؤلفه اول و شکل ۶ فضای سه بعدی سه مؤلفه اول را نمایش می‌دهد. هرچند سهم توجیه تغییرات سه مؤلفه اول (۶۶/۸ درصد) نسبت به دو مؤلفه اول (۴۹/۲) بیشتر است اما استفاده از هر سه مؤلفه به منظور جداسازی و تفکیک ژنوتیپ‌ها از همدیگر پیچیده بود و می‌تواند باعث اشتباه در تفسیر نتایج گردد (شکل ۵ و ۶).

در شکل ۵ آرایش ژنوتیپ‌ها در بای پلات نشان‌دهنده وجود تنوع بالایی بین ژنوتیپ‌ها در بین متغیرهای اندازه‌گیری شده را تایید می‌کند. در این شکل از مرکز بای پلات به محل قرارگیری هر ژنوتیپ خطی رسم شده است که زاویه بین دو خط نشان‌دهنده میزان همبستگی بین دو ژنوتیپ را نشان می‌دهد. با توجه به شکل ۵ وجود همبستگی‌های مثبت و منفی و همچنین مستقل بودن ارتباط برخی از ژنوتیپ‌ها مشخص است. وجود زاویه‌ها می‌توانند اطلاعات کافی برای ارایه یک تصویر کلی از روابط متقابل میان صفات را فراهم دهد. در این شکل ژنوتیپ G118 تمایز بیشتری نسبت به بقیه ژنوتیپ‌ها از خود نشان داده است. با توجه به موقعیت این ژنوتیپ در بای پلات نشان از بالا بودن تعداد تعداد شاخه در بوته ولی کمتر بودن وزن هزار دانه و عملکرد دانه می‌باشد. این تنوع می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار گیرد.

در پژوهشی برای ارزیابی روابط متقابل میان صفات در گیاه سویا با به‌کارگیری روش بایپلات ژنوتیپ × صفت نتیجه‌گیری کردند که این روش ابزار مناسبی جهت کاوش در داده‌های چندمتغیره و نمایش گرافیکی آنها می‌باشد (۲۷).

در پژوهشی نیز با استفاده از روش گرافیکی بای پلات به بررسی روابط متقابل میان صفات مختلف در طالبی و همچنین مقایسه توده‌های مختلف طالبی براساس چندین صفت پرداخته شد که با نتایج این تحقیق هم‌خوانی دارد (۱۶).

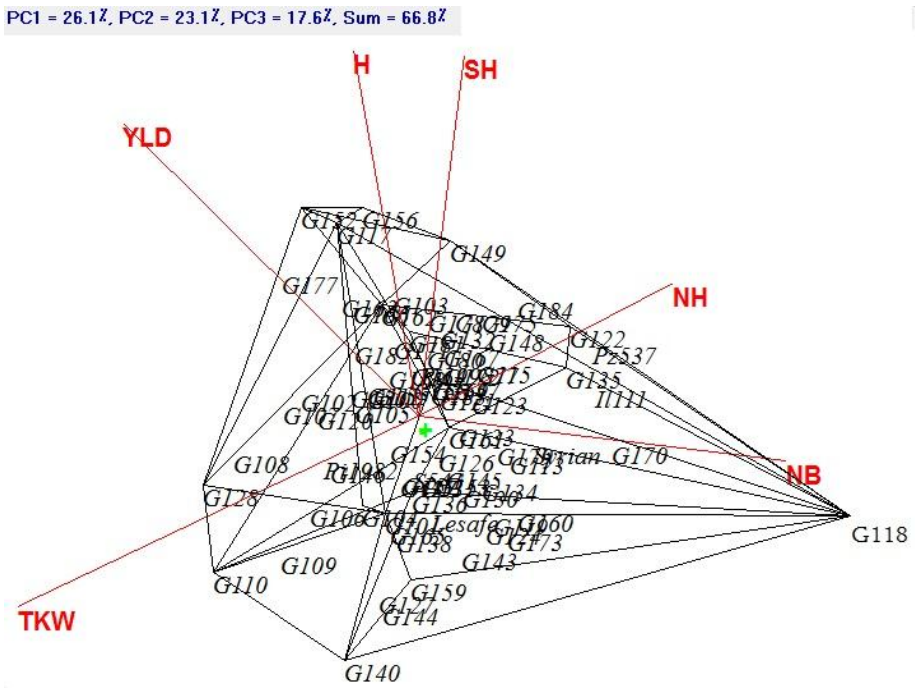


شکل ۵- بای پلات مؤلفه اول و دوم براساس مدل گرافیکی (GGEbiplot) برای صفات گلرنگ

Figure 6. Biplot of first and second principal based on graphical model (GGEbiplot) for safflower traits

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

[DOI: 10.29252/jcb.10.28.162]



شکل۶- نمایش سه مؤلفه اول مدل گرافیکی (GGEbiplot) برای صفات گلرنگ
Figure 6. Plotting of three principal of graphical model (GGEbiplot) for safflower traits

با توجه به سهم و نقش متغیرها در این بررسی با استفاده از روش‌های مورد بحث در این تحقیق، بای پلات نهایی بر اساس سه صفت مهم‌تر که نقش بالاتر و اهمیت بیشتری در توجیه واریانس و ارتباط بیشتری با عملکرد دانه داشتند رسم گردید.

عملکرد در گلرنگ مانند سایر گیاهان تابع متغیرهای مختلف می‌باشد از این رو در برنامه‌های اصلاحی علاوه بر عملکرد دانه، متغیرهای مرتبط با آن نیز بررسی می‌شوند. روش‌های آماری چند متغیره به شناسایی صفات مؤثر بر عملکرد دانه کمک می‌کنند. با استفاده از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی دو متغیر عملکرد دانه و وزن هزاردانه ضرایب بالاتری در ترکیب خطی مؤلفه اول داشتند. در روش رگرسیون گام به گام تعداد دانه در طبق و وزن هزار دانه در مدل باقی ماندند و در نتیجه ارتباط معنی‌داری با میزان عملکرد دانه داشتند.

جهت افزایش عملکرد دانه در گلرنگ رسیدن به ژنوتیپ‌های پر محصول با استفاده از ژرم پلاسم‌های مورد استفاده در برنامه اصلاحی، صفات مذکور می‌تواند مورد توجه محققین قرار گیرد. همچنین از ژرم‌پلاسم‌های خارجی می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی گیاه گلرنگ جهت بهبود صفات مهم زراعی استفاده کرد.

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

[DOI: 10.29252/jcb.10.28.162]

منابع

1. Ahmadzadeh, A.R. 2007. Analysis of genetic diversity in spring safflower (*Carthamus tinctorius* L.) cultivars using morphological characters and RAPD markers. Ph.D. thesis, Tehran Azad Islamic University, Iran.
2. Alyari, H. and F. Shekary. 1990. Oil Seeds Physiology and Agronomy. Amidi (In Persian).
3. Aziz, H. and B. Abdollahi. 2016. Assessment of genetic variation in alfalfa (*Medicago sativa* L.) populations using Canonical Discriminant Analysis. Agronomy Journal, 107: 183-189 (In Persian).
4. Collins, C.A. and F.M. Seeney. 1999. Statistical experiment design and interpretation: an introduction with agricultural examples. John Wiley and Sons Ltd.
5. Coşge, B., B. Gurbuz and M. Kiralan. 2007. Oil content and fatty acid composition of some safflower (*Carthamus tinctorius* L.) varieties sown in spring and winter. International Journal of Natural and Engineering Sciences, 1(3): 11-15.
6. Dettweiler, E. and R. Eibach. 2002. The two Vitis databases as tools for germplasm management Vitis international variety catalogue. In VIII International Conference on Grape Genetics and Breeding, 603 pp: 505-509.
7. Dwivedi, S.L., H.D. Upadhyaya and D.M. Hegde. 2005. Development of core collection using geographic information and morphological descriptors in safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm. Genetic Resources and Crop Evolution, 52(7): 821-830.
8. FAO .2014. FAOstat. Retrieved Feb, 2014.
9. Jaradat, A.A. and M. Shahid. 2006. Patterns of phenotypic variation in a germplasm collection of *Carthamus tinctorius* L. from the Middle East. Genetic Resources and Crop Evolution, 53(2): 225-244.
10. Johnson, R.C., T.J. Kisha and M.A. Evans. 2007. Characterizing safflower germplasm with AFLP molecular markers. Crop science, 47(4): 1728-1736.
11. Khan, M.A., S. Von Witzke-Ehbrecht, B.L. Maass and H.C. Becker. 2009. Relationships among different geographical groups, agro-morphology, fatty acid composition and RAPD marker diversity in safflower (Carthamus tinctorius). Genetic Resources and Crop Evolution, 56(1): 19-30.
12. Khan, M.A., S. Von Witzke-Ehbrecht, B.L. Maass and H.C. Becker. 2004. Evaluation of a worldwide collection of safflower for morphological diversity and fatty acid composition. Vorträge für Pflanzenzüchtung, 62: 104-106.
13. Knudsen, S. 2005. Guide to analysis of DNA microarray data. John Wiley and Sons.
14. Maleki Nejad, R. and M.M. Majidi. 2015. Association of Seed Yield, Oil and Related Traits in Safflower Genotypes under Normal and Drought Stress. Iranian Journal of Field Crops Research, 13(1): 109-119.
15. McPherson, M.A., A.G. Good, A.K.C. Topinka and L.M. Hall. 2004. Theoretical hybridization potential of transgenic safflower (*Carthamus tinctorius* L.) with weedy relatives in the New World. Canadian Journal of Plant Science, 84(3): 923-934.
16. Mohammadi, S.A. and B.M. Prasanna. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants- Salient statistical tools and considerations. Crop Science, 43: 1235-1248.
17. Mohammadi, R., H. Dehghani and G. Karimzadeh. 2014. Graphic analysis of trait relations of cantaloupe using the Biplot method. Plant production research, 21(4): 43-62.
18. Mozaffari, K. and A.A. Asadi. 2006. Relationships among traits using correlation, principal components and path analysis in safflower mutants sown in irrigated and drought stress condition. Asian Journal Plant Science, 5: 972-983.
19. Rezaei, A. and A. Soltani. 2013. An introduction to applied regression analysis (7th edition). Isfahan University of Technology publications center (In Persian).
20. Ringner, M. 2008. What is principal component analysis?. Nature Biotechnology, 26: 303-304.
21. SAS Institute. 2015. SAS/STAT user's guide. (4nd edition). SAS institute Inc.
22. Singh, R.J. 2006. Genetic resources, chromosome engineering and crop improvement: vegetable crops. CRC press.
23. Vollmann, J. and I. Rajcan. 2009. Oil crop breeding and genetics. In: Oil Crops (pp: 1-30). Springer.
24. Wall, M.E., A. Rechtsteiner and L.M. Rocha. 2009. Singular value decomposition and principal component analysis. In A practical approach to microarray data analysis (pp: 91-109). Springer US.
25. Weiss, E.A. 2000. Oilseed crops. Blackwell Science.
26. Wooldridge, J.M. 2015. Introductory econometrics: A modern approach. Nelson Education.
27. Yan, W. and M.S. Kang. 2002. GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists and agronomists. CRC press.
28. Yan, W. 2002. Singular-value partitioning in biplot analysis of multienvironment trial data. Agronomy Journal, 94: 990-996.
29. Yan, W., L.A. Hunt, Q. Sheng and Z. Szlavnics. 2000. Cultivar evaluation and megaenvironment investigation based on the GGE biplot. Crop Science, 40: 597-605.
30. Yan, W. and Kang, M.S. 2002. GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL. 273 pp.
31. Yari, P., A. Keshtkar and A. Sepehri. 2015. Evaluation of Water Stress Effect on Growth and Yield of Spring Safflower. Plant Product Technology, 4: 101-117 (In Persian).

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

[DOI: 10.29252/jcb.10.28.162]

Multivariate Analysis of Some Quantitative Traits in Introduced Safflower (*Carthamus tinctorius* L.) Genotypes in Sari

Ali Zaman Mirabadi[1], Mostafa Haghpanah[1], Kambiz Foroozan[1] and Sajad Talaee[2]

1- Expert, Oilseeds Research and Development Company, Tehran, Iran
2- Biometrics Expert, Oilseeds Research and Development Company, Tehran, Iran
(Corresponding author: sajadtalaee@yahoo.com)
Received: August 22, 2017 Accepted: December 12, 2017

Abstract

Development of germplasm resources through importing new genotypes could improve the efficiency of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) breeding programs. During 2014-2015 season, 82 imported safflower genotypes were evaluated in randomized complete block design at the research station of ORDC (Oilseeds Research & Development Company) in Sari. In this plan, six important quantitative traits related to grain yield were recorded for all genotypes. For modeling of stepwise regression PCA (Principal components analysis) were analyzed by PROC MIXED, PROC GLM and PROC IML methods, respectively. The results of PCA showed that grain yield and thousand grain weight components were correlation in linear combination. It was found 68% of the total variation justified with the three first components. The regression coefficients were significant for grain number per head and thousand grain weights at 1% and 5%, respectively indicating that these two mentioned traits had an effective role on increasing grain yield. The number of grain per pod and thousand grain weights remained in the model of Stepwise regression and for showed a signification with grain yield. Therefore, for increasing grain yield in breeding programs and producing high potential genotypes, the studied traits would be of great importance.

Keywords: AIC, BIC, Modeling, Principal component analysis, Stepwise regression

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

[DOI: 10.29252/jcb.10.28.162]