



بررسی تنوع ژنتیکی، وراثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی صفات مورفولوژیکی، اجزای عملکرد و عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های مختلف نخود (*Cicer arietinum*)

پیام پزشکپور^۱ و سهیلا افکار^۲

۱- استادیار پژوهشی، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم آباد

۲- استادیار، گروه اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران (نویسنده مسؤول: Soheila.afkar@gmail.com) تاریخ دریافت: ۹۵/۴/۵ تاریخ پذیرش: ۹۵/۶/۱۷

چکیده

نخود به عنوان سومین حبوبات مهم جهان نه تنها منبع مهمی برای تغذیه محسوب می‌گردد بلکه با افزودن نیتروژن باعث افزایش حاصل خیزی خاک می‌شود. این مطالعه با هدف بررسی تنوع از طریق تخمین خصربت تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی، وراثت-پذیری و پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار صفات کمی در نخود انجام شد. ژنوتیپ‌ها در قالب طرح بلوك کامل تصادفی با ۳ تکرار کاشته شدند. نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی نشان داد که ۴ مولفه اول تقریباً ۸۰٪ تنوع ژنوتیپ‌ها را برای صفات بررسی شده توجیه کردند. در تجزیه کلاستر با روش ward، ژنوتیپ‌ها در ۳ گروه فرار گرفتند و بالاترین فاصله ژنتیکی بین کلاستر ۲ و ۳ مشاهده شد. مشخص شد که صفت تعداد بذر در غلاف بالاترین ضریب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی دارد. بالاترین وراثت پذیری برای تعداد غلاف بارور (۰/۸۶)، عملکرد بذر (۰/۸۴) و وزن صدادنه (۰/۸۴) مشاهده شد در حالی که بالاترین مقدار وراثت پذیری به همراه پیشترین قدران پیشرفت ژنتیکی برای صفت عملکرد بیولوژیکی مشاهده شد لذا عملکرد بیولوژیکی می‌تواند مهم‌ترین معیار برای انتخاب لاین‌های والدینی در برنامه‌های اصلاحی محسوب گردد. همچنین با توجه به بالاترین فاصله ژنتیکی بین کلاستر ۲ و ۳ می‌توان از ژنوتیپ‌های این دو کلاستر برای دورگیری در جهت تولید واریته‌های اصلاح شده استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه به مولفه‌های اصلی، تجزیه کلاستر، تنوع ژنتیکی، نخود، وراثت پذیری

اصلی هر برنامه اصلاحی موقفيت‌آمیز در گیاهان زراعی وجود یک مجموعه غنی و متنوع ژرمپلاسم است (۲۶). اطلاع و دانش در مورد میزان، نوع و اندازه تنوع موجود در ژرمپلاسم و روابط ژنتیکی مواد اصلاحی می‌تواند ابزار ارزشمندی در استراتژی اصلاح محصول باشد (۲۵). به عبارت دیگر تنوع ژنتیکی، به عنوان مواد خام در اصلاح گیاهان زراعی محسوب می‌شود که در آن انتخاب جهت تکامل ژنوتیپ‌های برتر مدنظر می‌باشد (۲۶). با افزایش شناخت و اهمیت گیاه نخود، اصلاح گران گیاهی توجه بیشتری به ارزیابی و تشخیص ژرمپلاسم نخود دارند (۲۵). در مقایسه با دیگر روش‌ها، ارزیابی صفات مورفولوژیکی آسان است هرچند در این روش میزان خطا زیاد است. در ضمن برآورد شاخص‌های مرتبط با صفات مورفولوژیکی تا حدود زیادی به محیط وابسته است (۲۶). پایه ژنتیکی محدود و ناسازگاری جنسی در تلاقی با سایر گونه‌های وحشی دلیل کارایی پایین پیشرفت ژنتیکی در نخود می‌باشد. بنابراین برای اصلاح این گیاه در سراسر جهان تنوع ژرمپلاسم ضروری است (۶). به علت ترکیب ژنتیکی ضعیف واریتها و عدم دسترسی به بذر واریته‌هایی با کیفیت خوب برای بهبود پتانسیل عملکرد و مقاومت در برابر بیماری‌ها و حشرات، اصلاح ژنتیکی نخود با چالش جدی روبرو می‌باشد (۲). تجزیه به مولفه‌های اصلی یکی از انالیزهای چند متغیره است که می‌تواند به اصلاح گران نخود برای تعیین صفاتی که بیشترین تأثیر را روی کل تغییرات دارند، کمک کند (۳۰). در یک تحقیق تنوع ژنتیکی ۳۶۴ ژنوتیپ سویا برای صفات عملکرد و اجزای آن بررسی شد. بر اساس نتایج تجزیه کلاستر این ژنوتیپ‌ها به سه گروه تقسیم شدند. مهم‌ترین صفات در تمایز این سه گروه تعداد دانه در بوته، عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک بود (۱۵). در یک

مقدمه

حبوبات اهمیت زیادی در تامین نیازهای غذایی انسان دارند (۳۳). نخود جزء حبوبات فصل سرد است که ارزش غذایی بالایی دارد و در رتبه سوم مهم‌ترین لگوم‌ها بعد از سویا و لوبيا قرار می‌گیرد (۸). حدود ۱۲٪ از تولید حبوبات جهان مربوط به گیاه نخود است که در مناطق خشک و نیمه خشک با تولید سالانه ۱۱/۶ میلیون تن و میانگین عملکرد ۹۶۰ تن در هکتار رشد می‌کند (۳۰). علیرغم اصلاح و بهبود کشاورزی در سه دهه اخیر مصرف سالانه غذا فقط ۲۰٪ افزایش یافته است. بر طبق گزارشات در سال ۲۰۱۰ همگام با رشد جمعیت، مقدار تولید غذا در کشورها باید به ۷۰٪ بیشتر از تولید حال حاضر برسد تا قادر به پاسخ‌گویی به نیازهای رشد جمعیت باشند (۲۰). افزایش تقاضا برای مواد خام غنی از پروتئین جهت تقدیم انسان یا استفاده به عنوان علوفه باعث افزایش علاقه به این محصول به عنوان منبع پروتئین شده است (۱۸). با توجه به بالا بودن مقدار پروتئین، ویتامین‌ها، مواد معدنی و فیبر، این محصول به عنوان غذای انسان و خوراک دام استفاده می‌شود و این گیاه مهم‌ترین لگوم غذایی در چندین کشور از جمله الجزایر، ایتالی، هند، ایران، مکزیک، مراکش، میانمار، پاکستان، تانزانیا، تونس و ترکیه است (۳۰، ۲۲). کل مساحت نخود کشت شده در ایران حدود ۷۰۰۰۰ هکتار است که در جهان بعد از هند، پاکستان و ترکیه رتبه چهارم را به خود اختصاص داده است (۱۱). ایران بعنوان یکی از مرکز اصلی تنوع نخود مورد توجه است. با توجه به تعداد و تنوع ارقام، ایران در رتبه سوم جهان بعد از ICARDA^۱ و ICRISAT^۲ قرار دارد (۲۲). عامل اصلی محدودکننده تولید نخود عموماً پایین بودن تنوع ژنتیکی نخود کشت شده، تنش‌های زنده و غیرزنده می‌باشد (۳۰). رکن

¹-International Crops Research Institute for the Semi-arid Tropics

²-International Center for Agricultural Research in the Dry Areas

دانه تکبوته (g)، وزن صددانه (g)، وزن کل دانه با کاه (g)، تعداد غلاف بارور، تعداد دانه در بوته، تعداد دانه در غلاف، وزن خشک ساقه تکبوته (g)، عملکرد دانه (g/m^2)، عملکرد بیولوژیکی (g/m^2)، عملکرد کاه (g)، شاخص برداشت و تلاش زادآوری (وزن غلاف تقسیم بر عملکرد بیولوژیکی ضربدر عدد ۱۰۰). به منظور تعیین عملکرد بیولوژیکی و عملکرد دانه سطحی معادل ۱/۸ متر مربع از هر کرت بعد از حذف اثرات حاشیه‌ای برداشت شد. بوته‌های برداشت شده، جهت خشک شدن به مدت چند روز در برابر نور آفتاب قرار گرفتند و سپس جهت تعیین عملکرد بیولوژیکی توزین شدند. تفکیک دانه از کاه و کلش بصورت دستی (کوبیدن، غربال کردن و باد دادن) انجام شد و سپس دانه‌ها بر حسب گرم در متر مربع توزین و شاخص برداشت با استفاده از نسبت عملکرد دانه به عملکرد بیولوژیکی محاسبه شد. همچنین وراثت‌پذیری عمومی هر صفت از رابطه $100 \times \frac{V_G}{V_P} = K_{V_G}$ بدست آمد که در آن V_G = واریانس ژنتیکی، V_P = واریانس فنوتیپی و K_{V_G} = وراثت‌پذیری می‌باشد. با توجه به امید ریاضی واریانس ژنتیپ‌ها و خطای در جدول تجزیه واریانس، مقادیر واریانس ژنتیپی و واریانس فنوتیپی محاسبه و برای بدست آوردن پیشرفت ژنتیکی از فرمول $GA = h_{V_G}^2 K_{V_G} \sqrt{V_P}$ که $GA = K$ مقادیر شدت انتخاب استفاده شد (۳۲).

روش‌های آماری

به منظور تعیین سهم هر صفت در تنوع کل، کاهش حجم داده‌ها و تفسیر بهتر روابط از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) استفاده شد. برای گروه‌بندی ژنتیپ‌ها تجزیه کلاستر به روش وارد (Ward) و مقیاس فاصله اقلیدسی روی ژنتیپ‌ها با استفاده از متغیرهای استاندارد شده و تجزیه‌های آماری با استفاده از نرم‌افزارهای MINITAB17، SPSS22 انجام شد.

نتایج و بحث

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی اصولاً قبل از تجزیه خوش‌های انجام می‌شود تا اهمیت نسی صفاتی که در کلاستریندی نقش دارند مشخص شود (۱۹). به منظور بررسی واکنش ژنتیپ‌ها بر اساس کل صفات اندازه‌گیری شده و گروه‌بندی ژنتیپ‌ها از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی استفاده شد. پارامترهای حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی شامل مقادیر ویژه، درصد واریانس توجیه شده، درصد واریانس تجمعی و ضریب همبستگی صفات با مؤلفه‌ها، برای مؤلفه اول تا چهارم در جدول ۲ نمایش داده شده است. نتایج حاصل نشان داد که ۴ مؤلفه اول تقریباً ۸۰٪ کل تغییرات را توجیه می‌کنند. مؤلفه اول به تنهایی ۵۴٪ از کل تغییرات را بیان می‌کند. ضرایب همبستگی متغیرها با مؤلفه‌های اصلی نشان داد که صفات تعداد کل غلاف در بوته، وزن دانه تکبوته، وزن صددانه، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیکی، وزن خشک ساقه تکبوته و تعداد دانه در بوته مهم‌ترین صفات در مؤلفه اول هستند. مؤلفه اول را می‌توان عامل موثر بر عملکرد نام‌گذاری کرد. ضرایب صفات در مؤلفه اول نشان‌دهنده این است که ژنتیپ‌های

تحقيق تعداد ۱۵۳ توده عدس مناطق گرم و خشک بانک ژن گیاهی ملی ایران جهت مطالعه تنوع ژنتیکی برخی از صفات زراعی بررسی شدند. با توجه به نتایج تجزیه کلاستر توده‌ها در ۶ گروه قرار گرفتند و ۴ مؤلفه اول ۸۰٪ تغییرات بین صفات را توجیه کردند (۲۲). در مطالعه دیگری صفات عملکرد دانه، وزن صددانه و تعداد دانه در بوته در بین ۱۱ صفت مطالعه شده در ۲۲۸ ژنتیپ عدس بیشترین ضریب تغییرات ژنتیکی، وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی را دارا بودند (۱۶). در یک مطالعه که به منظور برآورد وراثت‌پذیری صفات برای ۲۰ ژنتیپ برتر نخود اجرا شد، مشخص شد که بالاترین ضریب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی برای صفات تعداد غلاف در بوته، تعداد بذر در غلاف، وزن صددانه، عملکرد دانه و مقدار پروتئین وجود دارد و صفات تعداد روز تا گله‌ی، وزن صددانه و مقدار پروتئین بالاترین وراثت‌پذیری را به خود اختصاص دادند (۲۷). هدف از این مطالعه کسب اطلاعاتی درباره تنوع مورفو‌لوزیکی-زراعی برخی ژنتیپ‌های نخود به منظور تخمین ضریب تغییرات فنوتیپی، ژنتیکی، وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار در صفات کمی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

شرایط کشت و مواد ژنتیکی

این مطالعه در سال زراعی ۱۳۹۳-۹۴ در مزرعه تحقیقاتی ایستگاه سراب چنگانه، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان با طول جغرافیایی ۴۷ درجه و ۴۰ دقیقه شرقی، عرض جغرافیایی ۳۳ درجه و ۳۶ دقیقه شمالی با ارتفاع ۱۲۰۰ متر از سطح دریا اجرا شد. بافت خاک مزرعه از نوع سیلتی لوم بود. عملیات تهیه زمین بهترتیپ شامل شخم پائیزه، دو دیسک عمود بر هم و سپس تسطیح زمین توسط لولر (Leveler) انجام شد. کود پایه بر مبنای ۵۰ کیلوگرم فسفر (P_2O_5) و ۲۰ کیلوگرم نیتروژن در هکتار بر اساس آزمون خاک محاسبه و قبل از کاشت در سطح مزرعه پخش و توسط دیسک با خاک مخلوط و عملیات کاشت در ۱۵ آذر ماه ۱۳۹۳ انجام شد. جهت پیشگیری از بروز بیماری‌های خاکزی، ضدعفونی بذور قبل از کاشت توسط فارچکش کاربوكسی تیرام به نسبت دو در هزار انجام شد. علف‌های هرز در دو نوبت در اوخر فروردین ماه و اوایل اردیبهشت توسط دست وجین شدند. در این بررسی ۱۵ ژنتیپ نخود (جدول ۱) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار مطالعه شدند. بذر ژنتیپ‌های فوق از موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور تهیه شد. هر کرت آزمایشی شامل ۴ خط کاشت به طول ۴ متر، با فاصله ردیف ۳۰ سانتی‌متر، روی خط ۲ سانتی‌متر و با تراکم ۵۰ دانه در متر مربع بود.

صفات اندازه‌گیری شده

در هنگام رسیدگی پنج بوته به طور تصادفی از هر کرت آزمایشی انتخاب و صفات زیر اندازه‌گیری شد: ارتفاع بوته (cm)، تعداد شاخه اولیه، تعداد شاخه ثانویه، تعداد کل غلاف در بوته، تعداد گره در ساقه، تعداد غلاف تکبذر، تعداد غلاف دویذر، تعداد غلاف پوک، وزن دانه با پوسته غلاف (g)، وزن

نتیجه می‌تواند نشان دهنده عدم وجود رابطه بین تنوع ژنتیکی و جغرافیایی باشد. تنوع ژنتیکی عموماً نتیجه چندین فاکتور مختلف از جمله مواد اصلاحی، رانش ژنتیکی، تغییرات طبیعی و گرینش صنعتی علاوه بر تنوع جغرافیایی و اکولوژیکی است (۳۱). در تجزیه کلستر ژنتیکی های مختلف لوبیا معمولی (*Phaseolus vulgaris L.*), چهار کلستر بدست آمد که ژنتیکی های موجود در کلستر اول از نظر میانگین صفات وزن غلاف با بذر، تعداد غلاف پر در بوته، تعداد بذر در بوته و عملکرد تک بوته بالاترین مقدار را داشتند و ژنتیکی های موجود در کلستر چهارم در اکثر صفات کمترین میزان میانگین را نشان دادند. این نتایج نشان می‌دهد که تلاقی ژنتیکی های این دو کلستر امکان تولید هیبریدهای زودرس با میانگین عملکرد بالا را نوید می‌دهد (۲۸). در مطالعه ۳۶ لاین نخود زراعی تیپ کابلی با استفاده از تجزیه کلستر، لاین هایی که در مورد بررسی در سه گروه قرار گرفتند. لاین هایی که در کلسترها مختلف قرار گرفتند دارای کمترین فاصله ژنتیکی با قرابت ژنتیکی بودند (۵). قرار گرفتن ژنتیکی های مطالعه شده در گروه های متفاوت نشان دهنده وجود تنوع ژنتیکی است که می‌توان از این تنوع برای برنامه های اصلاحی استفاده کرد.

ضریب تغییرات ژنتیکی، فنوتیپی، و راثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی

واریانس ژنتیکی و فنوتیپی، ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی، راثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی به عنوان درصدی از میانگین صفات مختلف ارزیابی می‌شود. تغییر پذیری ژنتیکی و فنوتیپی و راثت پذیری برای صفات متفاوت در جدول ۵ نمایش داده شده است، بالاترین مقدار واریانس ژنتیکی و فنوتیپی برای عملکرد بیولوژیکی و به دنبال آن برای عملکرد کاه در بوته، تعداد دانه در بوته و تعداد کل غلاف در بوته بدست آمد، اما برای تعداد دانه در غلاف دارای کمترین مقدار بود. ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی برای عملکرد دانه در بوته و تعداد دانه در غلاف به ترتیب دارای کمترین و بیشترین مقدار بود. بالا بودن ضریب تغییرات فنوتیپی برای صفات نشان می‌دهد که بیان این صفات تا حدود زیادی تحت تاثیر محیط قرار می‌گیرند (۱۱). همچنین بالا بودن ضریب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی برای صفات نشان دهنده دامنه گسترده تغییرات برای این صفات است (۲۹). در بررسی روابط تعدادی از ارقام نخود (*Cicer arietinum*) از مجموعه ارقام بومی و اصلاح شده ایرانی، مشخص شد که بالاترین ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی مربوط به صفت تعداد شاخه ثانویه و کمترین مقدار ضریب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی برای عملکرد بیولوژیکی بدست آمد (۱۸) همچنین در یک تحقیق، نتایج ارزیابی های کانونی روی ۶۰ ژنتیک نخود کابلی نشان داد که بالاترین ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی مربوط به عملکرد دانه و تعداد غلاف در گیاه است (۱۰) که نتایج این تحقیق با نتایج تحقیق حاضر مغایرت دارد. با توجه به متفاوت بودن ژنتیکی های استفاده شده در این دو تحقیق، نتایج دور از انتظار نیست. بطور کلی تزدیک بودن مقدار ضریب تغییرات فنوتیپی و

برخوردار از مقادیر بالای عامل اول دارای عملکرد بیشتری هستند. انتخاب ژنتیکی ها بر اساس افزایش عامل اول می‌تواند منجر به افزایش عملکرد و اجزای عملکرد در ژنتیکی های مطالعه شده گردد. در بررسی توده های بومی عدس شمال غرب ایران نیز مشخص شد که عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیکی بالاترین ضرایب را در مولفه اول داشتند (۹). مولفه دوم ۱۱/۱٪ از کل تغییرات را در بر گرفت و صفات تعداد غلاف بارور، وزن خشک ساقه تک بوته، تعداد غلاف پوک، تعداد دانه در غلاف و تعداد گره در ساقه بالاترین وزن را در این مولفه دارا بودند. مولفه سوم نیز ۸/۹٪ از کل تغییرات را به خود اختصاص داد و عمدتاً با صفات ارتفاع بوته، تعداد کل غلاف پوک، تلاش زادآوری و وزن خشک ساقه تک بوته مرتبط بود. مولفه چهارم ۶/۲٪ تغییرات را توجیه کرد و در بردارنده صفات تعداد کل غلاف پوک، تعداد شاخه ثانویه و وزن خشک ساقه تک بوته بود (جدول ۳).

تجزیه کلستر

با توجه به اینکه عملکرد دانه صفت پیچیده است که توسط ساختار ژنتیکی و محیط رشد گیاه تحت تاثیر قرار می‌گیرد، به کمک تجزیه کلستر می‌توان ژنتیکی های مطالعه شده را بر اساس عملکرد طبقه بندی کرده و با تلاقی ژنتیکی های موجود در کلسترها بیان فاصله دور انتخاب هیبریدهای مناسب را تسهیل کرد (۱۹، ۱۳). تجزیه خوشایی از استفاده از روش Ward و فاصله اقلیدسی برای صفات مطالعه شده انجام شد و نهایتاً دندرو گرام حاصل به ۳ گروه اصلی تقسیم شد (شکل ۱). از فرمول $n/2$ که در آن n افراد را مشخص می‌کند (۱۶) برای تعیین تعداد گروه های ایجاد شده توسط خط برش استفاده شد. گروه یک شامل ژنتیکی های G1, G3, G13, G4, G5 بود و ژنتیکی های G12, G2, G14, G11, G7, G10 و G6, G9, G8, G15 بود. نهایتاً ژنتیکی های موجود در دو گروهی که بیشترین فاصله را از هم دارند، برای دستیابی به هتروزیس بیشتر می‌توانند به عنوان والدهای تلاقی ها مد نظر قرار گیرند (۱۵). انتخاب والدین برای هیبریداسیون ژنتیکی برای بدست اوردن نوترکیبی بیشتر و تفکیک متجاوز مورد نظر باید بر اساس تنوع ژنتیکی و نه تنوع جغرافیایی صورت گیرد. بنابراین هیبریداسیون می‌تواند با ژنتیکی های متعلق به کلسترها متنوع با میانگین بالا برای اکثر صفات شروع شود. پیشنهاد می‌شود ژنتیکی های متنوع از این گروه ها همراه با سایر ویژگی های مطلوب در برنامه های اصلاحی استفاده شوند تا تفکیک بهتری برای عملکرد بذر بالا و اجزاء عملکرد حاصل گردد (۳۱). ژنتیکی های موجود در کلستر ۳ و ۲ به ترتیب بالاترین و پایین ترین مقدار عملکرد بذر و بیولوژیکی را به خود اختصاص دادند. با توجه به فاصله بین گروه های ۲ و ۳ احتمالاً بیشترین موفقیت در تلاقی بین ژنتیکی های این دو گروه و کمترین هتروزیس از تلاقی ژنتیکی های گروه ۱ و ۲ حاصل خواهد شد (جدول ۴). نتایج حاصل از نتایج تجزیه کلستر ۴۰ ژنتیک عدس نشان داد که ژنتیکی هایی از مناطق مشابه در کلسترها متفاوتی قرار می‌گیرند و برعکس و این

عملکرد بذر و وزن صدادنه به ترتیب (۹۹-۰/۴۵) و (۹۹-۰/۸۳) است (۱۴). در ارزیابی تعییرپذیری ژنتیکی ژنتیپ‌های نخود از نظر مقدار پروتئین بذر و اجزای عملکرد، وراثت‌پذیری بالا برای صفات عملکرد بیولوژیکی (٪۹۹)، تعداد غلاف در بوته (٪۹۸/۱۸) و عملکرد بذر (٪۹۶/۷۸) مشاهده شد که دلالت بر کنترل این صفات توسط ژن‌هایی با اثرات افزایشی در ژنتیپ‌های مطالعه شده دارد (۲۹) که تاییدکننده وراثت‌پذیری بالای صفات عملکرد بذر، عملکرد بیولوژیکی و وزن صدادنه در این آزمایش است. در میان لاین‌های نخود کابایی بررسی شده برخی از صفات مثل وزن صدادنه از ضریب تعییرات ژنتیکی نسبتاً بالایی برخوردار بود اما وراثت‌پذیری برای این صفت ناچیز بود (۱۲) که با نتایج این آزمایش در تناقض است. بالا بودن وراثت‌پذیری نشان می‌دهد که انتخاب ژنتیپ‌های مطلوب با توجه به فتوتیپ قابل اطمینان است (۲۹). اگر چه وراثت‌پذیری بالا موثر بودن گرینش را بر اساس کارایی فتوتیپ نشان می‌دهد اما هیچ گونه شاخصی از مقدار پیشرفت ژنتیکی را برای گرینش بهترین افراد نشان نمی‌دهد. این مورد با استفاده از پیشرفت ژنتیکی امکان‌پذیر است (۳). ترکیب وراثت‌پذیری با پیشرفت ژنتیکی نسبت به وراثت‌پذیری به تنهایی، برای تخمین اثرات انتخاب مفیدتر است (۱۱). عملکرد بیولوژیکی و عملکرد کاه بالاترین پیشرفت ژنتیکی و تعداد دانه در غلاف، تعداد غلاف دوبذر و تلاش زادآوری پایین‌ترین مقدار برای پیشرفت ژنتیکی را نشان دادند. پایین بودن پیشرفت ژنتیکی صفات احتمالاً دلالت بر وجود اثرات اپیستازی در مکان‌های ژنی کنترل کننده این صفات است (۷). پیشرفت ژنتیکی برای صفات عملکرد بذر، وزن صدادنه و وزن دانه تک بوته برای ذرت پایین بود که احتمالاً با وراثت‌پذیری بالای آنها جبران می‌شود. مشخص شده است که همیشه وراثت‌پذیری بالا با پیشرفت ژنتیکی بزرگ همراه نیست (۲۴). از طرف دیگر پیوسته بودن وراثت‌پذیری بالا با پیشرفت ژنتیکی پایین برای برخی صفات نشان‌دهنده اثرات غالباً و اپیستازی ژن‌های کنترل کننده این صفات است (۳۴). نتایج بدست آمده نشان داد بالاترین میزان وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی برای صفت عملکرد بیولوژیکی وجود دارد. انتخاب برای صفاتی که همزمان وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی بالایی دارند می‌تواند موفقیت‌آمیز باشد (۷).

به طور کلی نتایج و یافته‌های این تحقیق نشان می‌دهد که امکان بهبود ژنتیکی ژنتیپ‌های موردنی مطالعه نخود در برنامه‌های اصلاحی متفاوت به منظور گسترش ژنتیکی مطلوب از طریق دورگ‌گیری وجود دارد. در ضمن می‌توان از صفت عملکرد بیولوژیکی به علت بالا بودن مقدار وراثت‌پذیری به همراه پیشرفت ژنتیکی بعنوان شاخص مناسب برای انتخاب والدین در برنامه‌های دورگ‌گیری استفاده کرد.

ژنتیکی در برخی صفات نشان‌دهنده ناچیز بودن اثرات محیطی بر بیان صفات است درحالی که زمانی که ضریب تغییرات فتوتیپی بسیار بیشتر از ضریب تغییرات ژنتیکی باشد دلالت بر بالا بودن میزان اثرات محیطی است (۲۹). تفاوت ناچیز بین ضریب تغییرات فتوتیپی و ژنتیکی برای صفات عملکرد دانه، تلاش زادآوری، وزن صدادنه و وزن دانه تک بوته نشان می‌دهد که این صفات بیشتر توسط عوامل ژنتیکی کنترل می‌شوند و انتخاب والدین بر اساس این صفات برای دورگ‌گیری با هدف اصلاح مناسب می‌باشد. اما این تفاوت برای صفات تعداد دانه در غلاف، عملکرد کاه، وزن دانه با پوسته غلاف تک بوته، تعداد غلاف تکبذر و تعداد کل غلاف در بوته بالاترین مقدار را به خود اختصاص داد که می‌تواند نشان‌دهنده تاثیر عوامل محیطی در کنترل این صفات باشد. در بررسی توده‌های مختلف عدس اتیپی با سایر کشورها مشخص شد که ضریب تغییرات ژنتیکی و فتوتیپی تخمینی برای صفت وزن صدادنه تفاوت ناچیزی با هم داردند که نشان‌دهنده تاثیر نسبتاً کم محیط روی این صفات است (۱۶). وراثت‌پذیری مهم‌ترین پارامتر در مطالعات ژنتیکی صفات کمی است (۵) و در تصمیم‌گیری برای گرینش یک صفت خاص نقش حیاتی ایفاء می‌کند (۱۲). در این تحقیق بالاترین میزان وراثت‌پذیری به ترتیب برای صفات تعداد غلاف بارور (٪۸۶)، عملکرد بذر در بوته (٪۸۴)، وزن صدادنه (٪۸۴)، وزن دانه تک بوته (٪۸۴)، عملکرد بیولوژیکی (٪۸۳)، وزن کل دانه با کاه (٪۸۳)، تعداد کل غلاف پوک (٪۸۳)، تعداد گره در ساقه (٪۸۳) و ارتفاع بوته (٪۸۲) محاسبه شد. وراثت‌پذیری بعنوان شاخصی از انتقال‌پذیری صفات از والدین به فرزندان مورد توجه قرار می‌گیرد. بالا بودن وراثت‌پذیری صفات نشان‌دهنده پایین بودن تاثیر محیط روی این شده می‌باشد (۵). بالا بودن وراثت‌پذیری این صفات نسبت به سایر صفات نشان‌دهنده پایین بودن تاثیر محیط روی این صفات است. تاثیر محیط بر صفاتی که دارای وراثت‌پذیری بالایی هستند، ناچیز بوده و انتخاب بر اساس فتوتیپ در این صفات موثر می‌باشد. در آزمایش دیگری تعییرپذیری و وراثت‌پذیری برای صفات مختلف در لاین‌های نخود محاسبه و مشخص شد که وراثت‌پذیری برای ارتفاع بوته و عملکرد بذر در بوته دارای بالاترین مقدار بود. با توجه به پارامترهای ذکر شده انتخاب برای ارتفاع گیاه برای اصلاح عملکرد بذر می‌تواند مؤثر باشد (۱) که با نتایج بدست آمده از این آزمایش هم خوانی دارد. در بررسی ۲۰ ژنتیپ نخود در شرایط کشت نرمال و تنش خشکی بالاترین میزان وراثت‌پذیری برای عملکرد دانه به ترتیب ۸۸/۴۹٪، ۹۳/۹۸٪ بود. بدست آمد (۲۱). در بررسی وراثت‌پذیری برخی صفات در تعدادی ژنتیپ نخود در دو منطقه از کنیا مشخص شد که وراثت‌پذیری صفات

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های بررسی شده در این تحقیق

Table 1. Description of studied genotypes in this research

منشاء ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	شماره ژنوتیپ
Iran	SEL.S.P.L.k3-87	G1
Iran	SEL.S.P.L.k4-87	G2
Iran	SEL.SPL.K10-87	G3
Iran	SEL.SPL.K14-87	G4
Iran	SEL.SPL.K17-87	G5
Iran	SEL.S.P.L.K18-87	G6
ICARDA	FLIP05-46C	G7
ICARDA	FLIP03-17C	G8
ICARDA	FLIP05-18C	G9
Iran	SEL.S.P.L.K20-87	G10
ICARDA	FLIP05-22C	G11
ICARDA	SAR80J910K13-87	G12
Iran	SEL.S.P.L.K2-87	G13
Iran	AZAD	G14
Iran	ADEL	G15
منشاء ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	شماره ژنوتیپ
Iran	SEL.S.P.L.k3-87	G1
Iran	SEL.S.P.L.k4-87	G2
Iran	SEL.SPL.K10-87	G3
Iran	SEL.SPL.K14-87	G4
Iran	SEL.SPL.K17-87	G5
Iran	SEL.S.P.L.K18-87	G6
ICARDA	FLIP05-46C	G7
ICARDA	FLIP03-17C	G8
ICARDA	FLIP05-18C	G9
Iran	SEL.S.P.L.K20-87	G10
ICARDA	FLIP05-22C	G11
ICARDA	SAR80J910K13-87	G12
Iran	SEL.S.P.L.K2-87	G13
Iran	AZAD	G14
Iran	ADEL	G15

جدول ۲- مقادیر ویژه و درصد واریانس تجمعی صفات مختلف در تجزیه به مولفه‌های اصلی

Table 2. Eigenvalue and percentage of cumulative variance different traits in principal component analysis

مولفه‌ها	مقدار ویژه	درصد واریانس تجمعی	درصد واریانس	درصد واریانس تجمعی
اول	۱۱/۴۲	.۰/۵۴	.۰/۵۴	.۰/۵۴
دوم	۲/۳۳	.۰/۱۱	.۰/۱۱	.۰/۸۵
سوم	۱/۸۶	.۰/۰۸	.۰/۰۸	.۰/۷۴
چهارم	۱/۳۱	.۰/۰۶	.۰/۰۶	.۰/۸۰

جدول ۳- ضرایب تجزیه به مولفه‌های اصلی مربوط به صفات مطالعه شده در ژنوتیپ‌های نخود

Table 3. Coefficients principal components analysis of studied traits in chickpea genotypes

صفت	اول	دوم	سوم	چهارم
ارتفاع بوته	.۰/۲۱۸	.۰/۴۱	.۰/۳۴۵	-.۰/۱۹
تعداد شاخه اولیه	.۰/۱۹۵	.۰/۱۸۰	-.۰/۳۰	.۰/۱۳۳
تعداد شاخه ثانویه	.۰/۱۵۰	-.۰/۱۲۲	-.۰/۲۹۰	-.۰/۴۷۰
تعداد کل غلاف در بوته	.۰/۱۸۶	.۰/۲۶	.۰/۲۷	-.۰/۲۱
تعداد گره در ساقه	.۰/۱۸۶	-.۰/۲۲۰	-.۰/۲۴۸	-.۰/۰۹۲
تعداد کل غلاف تک بذر	.۰/۲۷۱	-.۰/۰۴	-.۰/۰۲۵	-.۰/۰۲۵
تعداد کل غلاف دو بذر	.۰/۲۰۵	.۰/۱۶۲	-.۰/۱۶۷	.۰/۱۵۰
تعداد کل غلاف پوک	.۰/۰۶۲	.۰/۳۳۵	-.۰/۳۵۶	-.۰/۳۹۴
وزن خشک ساقه تک بوته	.۰/۰۷۳	-.۰/۳۰۲	-.۰/۳۱۵	-.۰/۴۸۵
وزن دانه با پوسته غلاف تک بوته	.۰/۰۶۷	.۰/۰۷	-.۰/۰۵۹	-.۰/۰۰۱
وزن دانه تک بوته	.۰/۰۲۸۹	.۰/۰۶	.۰/۰۹	.۰/۰۴
وزن صد دانه	.۰/۰۲۸۹	.۰/۰۶	.۰/۰۹	.۰/۰۴
وزن کل دانه با کاه تک بوته	.۰/۰۲۸۶	.۰/۰۲۹	-.۰/۰۰۴	-.۰/۰۶
عملکرد بذر	.۰/۰۲۸۹	.۰/۰۶	.۰/۰۹	.۰/۰۴
عملکرد بیولوژیکی	.۰/۰۲۸۷	.۰/۰۲۹	-.۰/۰۰۳	-.۰/۰۷
تعداد دانه در بوته	.۰/۰۲۸۵	.۰/۰۳۷	-.۰/۰۰۷	.۰/۰۴
تعداد غلاف بارور	.۰/۰۴۹۴	-.۰/۰۵۵	-.۰/۰۸۵	-.۰/۰۷۳
نلاش زادآوری	-.۰/۰۴۲	-.۰/۲۱۵	-.۰/۰۵۵	-.۰/۳۷۳
شاخص برداشت	.۰/۰۹	-.۰/۲۰۳	-.۰/۱	-.۰/۱۵۳
عملکرد کاه	-.۰/۰۹۴	.۰/۲۲۲	.۰/۱۶۶	-.۰/۲۶۳
تعداد دانه در غلاف	.۰/۰۵۵	.۰/۴۶۷	-.۰/۱۲۷	-.۰/۲۵۶

جدول ۴- فاصله ژنتیکی (اقلیدسی) بین ۳ کلاستر به روشن ward

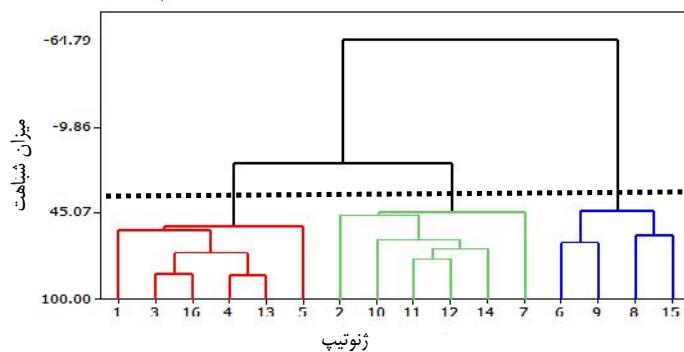
Table 4. Genetic distance between three clusters (ward method)

کلاستر ۲		کلاستر ۱		کلاستر ۲	
کلاستر ۳	۷/۹۴	۳/۷	۵/۰۳	کلاستر ۳	کلاستر ۲

جدول ۵- پارامترهای ژنتیکی برای صفات مورفولوژیکی در ژنوتیپ‌های نخود

Table 5. Genetic parameters for morphological traits in chickpea genotypes

صفت	واریانس فتوتیپی	واریانس ژنوتیپی	واریانس ژنوتیپی	ضریب تغییرات فتوتیپی	ضریب تغییرات ژنوتیپی	واریانس ژنوتیپی	درصد پیشرفت ژنتیکی	روافت‌پذیری
ارتفاع بوته	۴۹/۱	۴۰/۱۳	۱۶/۱	۱۴/۵۳	۰/۸۲	۱۱/۸۳	۰/۸۲	۰/۸۲
تعداد شاخه اولیه	۱/۱۹	۰/۹۶	۳۶/۳	۳۲/۶۶	۰/۸۱	۱/۸۲	۰/۸۱	۰/۸۱
تعداد شاخه ثانویه	۱/۰۲	۰/۷۸	۱۷/۵	۱۵/۲۳	۰/۷۶	۱/۵۸	۰/۷۶	۰/۷۶
تعداد کل غلاف در بوته	۴۰/۷۶	۳۰/۰/۸۳	۳۷/۸	۳۷/۹	۰/۷۶	۳۱/۰/۱	۰/۷۶	۰/۷۶
تعداد گره در ساقه	۹/۳	۷/۷	۱۵/۴	۱۳/۹۷	۰/۸۳	۵/۲	۰/۸۳	۰/۸۳
تعداد کل غلاف تک بذر	۳۴۴/۷	۲۶۸/۰/۹۷	۴۱/۲	۴۶/۲۶	۰/۷۸	۲۹/۰/۹	۰/۷۸	۰/۷۸
تعداد کل غلاف دو بذر	۰/۶۸	۰/۳۹	۱۱/۴	۸/۶	۰/۵۷	۰/۹۷	۰/۵۷	۰/۵۷
تعداد کل غلاف پوک	۱/۱۸	۰/۹۷	۲۹/۵	۲۶/۸۵	۰/۸۳	۱/۸۵	۰/۸۳	۰/۸۳
وزن خشک ساقه تک بوتة	۱/۱۵	۰/۸۷	۶/۳	۵/۴۴	۰/۷۶	۱/۶۷	۰/۷۶	۰/۷۶
وزن دانه با پوسته غلاف تک بوته	۱۴۴/۹۴	۱۱۳/۰/۲۸	۴۴/۶	۳۹/۴۲	۰/۷۸	۱۹/۰/۳۸	۰/۷۸	۰/۷۸
وزن دانه	۱/۲۵	۱/۰۶	۵/۷	۵/۲۱	۰/۸۴	۱/۹۵	۰/۸۴	۰/۸۴
وزن صد دانه	۱/۲۵	۱/۰۶	۵/۷	۵/۲۱	۰/۸۴	۱/۹۵	۰/۸۴	۰/۸۴
وزن کل دانه با کاه تک بوته	۳۲۵/۷	۲۶۹/۹	۳۹/۳	۳۵/۷۷	۰/۸۳	۳۰/۰/۱	۰/۸۳	۰/۸۳
عملکرد بذر	۱/۲۵	۱/۰۶	۰/۲	۰/۱۷	۰/۸۴	۱/۹۵	۰/۸۴	۰/۸۴
عملکرد بیولوژیکی	۲۹۳۱/۰	۲۴۲۸۹۴/۰۶۷	۳۹/۳	۳۵/۷۷	۰/۸۳	۹۲۴/۰۲	۰/۸۳	۰/۸۳
تعداد دانه در بوته	۴۶۹/۸	۳۶۸/۰/۲۲	۳۶/۴	۳۲/۱۹	۰/۷۸	۳۵	۰/۷۸	۰/۷۸
تعداد غلاف بارور	۱/۳۱	۱/۱۳	۱۱/۹	۱۱/۹۶	۰/۱۶	۲۰/۰	۰/۱۶	۰/۱۶
تلاش زادآوری	۰/۸۳	۰/۴۸	۱/۶	۱/۲۴	۰/۵۷	۱/۰۸	۰/۵۷	۰/۵۷
شاخص برداشت	۳۶/۵۷	۲۲/۵	۱۴	۱۱/۰/۱	۰/۶۲	۷/۶۶	۰/۶۲	۰/۶۲
عملکرد کاه	۷۰/۹۴۶	۵۱۶۸۵/۰۳۳	۳۴/۷	۳۰/۰/۵۱	۰/۰/۳	۹۹۹/۰/۷۳	۰/۰/۳	۰/۰/۳
تعداد دانه در غلاف	۰/۵۹	۰/۲۲	۶۷/۷	۴۱/۰/۸	۰/۰/۲۷	۰/۰/۵۸	۰/۰/۵۸	۰/۰/۵۸



شکل ۱- دندروگرام مربوط به صفات مورفولوژیکی ژنوتیپ‌های نخود به روشن ward
Figure 1. Dendrogram of morphological traits in chickpea genotypes with ward method

منابع

- Ali, M.A., N.N. Nawab, G. Rasool and M. Saleem. 2008. Estimates of variability and correlations for quantitative traits in *Cicer arietinum*. Journal of Agriculture and Social Sciences, 4: 177-179.
- Ali, M.M., N.N. Nawab, A. Abbas, M. Zulkiffal and M. Sajjad. 2009. Evaluation of selection criteria in *Cicer arietinum* L. using correlation coefficients and path analysis. Australian Journal of Crop Science, 3: 65-70.
- Beikzadeh, H., S.M. Alavi Siney, M. Bayat and A.A. Ezady. 2012. Estimation of Genetic Parameters of Effective Agronomical Traits on Yield in some of Iranian Rice Cultivar. Agronomy Journal, 104: 73-78 (In Persian).
- Chegaminra, Sh., K. Chegaminra and R. Mohammadi. 2012. Study of genetic variation in cultivars and landraces of chickpea based on agronomic traits in dryland conditions. Journal of Dry Farming, 1: 108-11 (In Persian).

5. Crippa, I., C. Bermejo, M.A. Esposito, E.A. Martin, V. Cravero, D. Liberatti, F.S.L. Anido and E.L. Cointry. 2009. Genetic variability, correlation and path analyses for agronomic traits in Lentil genotypes. International Journal of Plant Breeding, 3: 76-80.
6. Farshadfar, E., E. Mahtabi and M.M. Jowkar. 2013. Evaluation of genotype × environment interaction in chickpea genotypes using path analysis. International Journal of Advanced Biological and Biomedical Research, 1: 583-593.
7. Gul, R., H. Khan, M. Bibi, Q.U. Ain and B. Imran. 2013. Genetic analysis and interrelationship of yield attributing traits in Chickpea (*Cicer arietinum* L.). The Journal of Animal and Plant Sciences, 23: 521-526.
8. Hajibarati, Z., A. Saidi, Z. Hajibarati and R. Talebi. 2014. Genetic diversity and population structure analysis of landrace and improved chickpea (*Cicer arietinum*) genotypes using morphological and microsatellite markers. Environmental and Experimental Biology, 12: 161-166.
9. Hashemzadeh, J. and Monirifar, H. 2016. Agro-Morphological traits variation in some Lentil landrace cultivars from Northwest of Iran. Journal of Crop Breeding, 8 (19): 102-111 (In Persian).
10. Kanouni, H. 2012. Evaluation of seed yield and some traits in chickpea cultivars in winter planting in rainfed farmers' fields in Kurdistan. Research Achievements for Field and Horticulture Crops Journal, 1: 27-35.
11. Kanouni, H., M.R. Shahab, M. Imtiaz and M. Khalili. 2012. Genetic variation in drought tolerance in chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes. Crop Breeding Journal, 2: 133-138.
12. Lotfi Aghmioni, M., M.J. Aghaei, Sh. Vaezi and E. Majidi Heravan. 2015. Evaluation of genetic diversity, heritability and genetic progress in Kabuli type Chickpea genotypes. Iranian Journal of Pulses Research, 6: 100-107 (In Persian).
13. Malik, S.R., A. Baksh, M.A. Asif, U. Iqbal and S.M. Iqbal. 2010. Assessment of genetic variability and interrelationship among some agronomic traits in Chickpea. International Journal of Agriculture and Biology, 12: 81-85.
14. Mallu, T.S., S.G. Mwangi, A.B. Nyende, N.V.P.R.G. Rao, D.A. Odony, A. Rathore and A. Kumar. 2014. Assessment of genetic variation and heritability of agronomic traits in chickpea (*Cicer arietinum* L.). International Journal of Agronomy and Agricultural Research, 5: 76-88.
15. Masoudi, B., M.R. Bihamta, H.R. Babaee and S.A. Peyghambari. 2008. Evaluation of Genetic Diversity for Agronomic, Morphological and Phenological Traits in Soybean. Seed and Plant Improvement Journal, 24: 413-427 (In Persian).
16. Mekonnen, F., F. Mekbib, S. Kumar, S. Ahmed and T.R. Sharma. 2014. Agromorphological traits variability of the Ethiopian lentil and exotic genotypes. Advance in Agriculture, 2014: 1-15.
17. Moghaddam, M., M. Mohammadi Shoti and M. Aghaie Sarborzeh. 1995. Multivariate Statistical Methods, a Primer. Pishaz Elm publication. Tabriz, 25-50 (In Persian).
18. Mohammadi, K. and R. Talebi. 2015. Interrelationships and genetic analysis of seed yield and morphological traits in mini core collection of Iranian landrace, breeding lines and improved Chickpea (*Cicer arietinum* L.) cultivars. Genetika, 47: 383-393.
19. Montgomery, D.C. 2002. Design and Analysis of Experiment, 5th End. New York: John Wiley and Sons, USA, 655 pp.
20. Motavassel, H. 2013. Grouping phonological and morphological characteristics of Chickpea genotypes (*Cicer arietinum* L.) Ardabil region using cluster analysis and detection function. International Journal of Farming and Sciences, 2: 1091-1094.
21. Moucheshi, A.S., B. Heidari and A. Dadkhodaie. 2010. Genetic variation and agronomic evaluation of chickpea cultivars for grain yield and its components under irrigated and rainfed growing conditions. Iran Agricultural Research, 29: 39-50.
22. Naghavi, M.R., S. Rashidi Monfared and G. Humberto. 2012. Genetic diversity in Iranian chickpea (*Cicer arietinum* L.) landraces as revealed by microsatellite markers. Czech Journal of Genetics and Plant Breeding, 48: 131-138.
23. Naroui Rad, M.R., M.J. Aghaei, H.R. Fanaei and M.M. Ghasemi. 2008. The study of genetic variation of some morphologic and phenologic characters in lentil germplasms of warm and dry regions. Pajouhesh and Sazandegi, 78: 173-181 (In Persian).
24. Ogunnyan, D.J. and S.A. Olakoko. 2014. Genetic variation, heritability, genetic advance and agronomic character association of yellow elite inbred lines of maize (*zea mays* L.). Nigerian Journal of Genetics, 28: 24-28.
25. Ramanappa, T.M., K. Chandrashekara and D. Nuthan. 2013. Analysis of variability for economically important traits in Chickpea (*Cicer arietinum* L.). International Journal of Research in Applied Natural and Social Sciences, 1: 133-140.
26. Saeed, A., H. Hovsepyan, R. Darvishzadeh, M. Imtiaz, S.K. Panguluri and R. Nazaryan. 2011. Genetic diversity of Iranian accessions, improved lines of Chickpea (*Cicer arietinum* L) and their wild relatives by using simple sequence repeats. Plant Molecular Biology Reporter, 29: 848-858.
27. Saleem, M., H.N. Tahir, R. Kabir, M. Javid and K. Shahzad. 2002. Interrelationships and path analysis of yield attributes in Chick Pea (*Cicer arietinum* L.). International Journal of Agriculture and Biology, 4: 404-406.
28. Shafiee Khorshidi, M., M.R. Bihamta, F. Khalparast and M.R. Naghavi. 2012. Assessment of genetic variation in common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes under drought condition using cluster and canonical discriminant analysis (CDA). Journal of Crop Breeding, 4: 1-17 (In Persian).
29. Singh, T.P., H.L. Raiger, J. Kumari Singh and P.S. Deshmukh. 2014. Evaluation of Chickpea genotypes for variability in seed protein content and yield components under restricted soil moisture condition. Indian Journal of Plant Physiology, 19: 273-280.
30. Tesfamichael, S.M., S.M. Githiri, A.B. Nyende and N.V.P.R. Rao. 2015. Variation for agro-morphological traits among kabuli Chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes. Journal of Agricultural Science, 7: 75-92.
31. Tyagi, S.D. and M.H. Kahn. 2010. Genetic diversity in Lentil. African Crop Science Journal, 18: 69-74.
32. Valizadeh, M. and M. Moghadam. 1998. Quantitative Genetics. 1th end. Publications Center, Tehran, Iran, 548 pp (In Persian).
33. Vandkarimi, A., M. Pooreesmaeil, Sh. Vaezi and A. Ebrahimi. 2015. Evaluation and comparison of drought tolerance indices in Desi chickpea genotypes using multivariate analysis methods. Iranian Journal of Field Crop Science, 46: 169-179.
34. Zali, H., E. Farshadfar and S.H. Sabaghpoor. 2011. Genetic variability and interrelationships among agronomic traits in chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes. Crop Breeding Journal, 1: 127-132.

The Study of Genetic Diversity, Heritability and Genetic Advance of Morphological Traits, Yield and Yield Components in Different Chickpea (*Cicer arietinum*) Genotypes

Payam Pezeshkpour¹ and Soheila Afkar²

1- Research Assistant Peroffesor, Seed and Plant Improvement Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Khorramabad,

2- Assistant Professor, Plant Breeding Department, Faculty of Agriculture, Payame Noor University, Tehran, Iran, (Corresponding author: soheila.afkar@gmail.com)

Received: June 25, 2016

Accepted: September 7, 2016

Abstract

Chickpea (*Cicer arietinum*) as the third most important grain legume in the world is not only an important source of feed but it also improve soil fertility by adding nitrogen. This work was aimed to study the variability of morphological trait, to estimate PCV, GCV, heritability, and expected genetic advance of quantitative traits of Chickpea. The genotypes were planted in a randomized complete block design with three replications. PCA analysis showed first four factors Justify almost near to 80 percent variance among studied characters. Cluster analysis with Ward method classified all genotypes in three groups and the highest genetic distance was observed between cluster 2 and cluster 3. It is shown that the number of seed per pod trait has the highest PCV and GCV. The highest heritability was found for number of fertile pod (0.86), seed yield (0.84) and 100-seed weight (0.84) whereas high heritability coupled with high genetic advance was found for biological yield. So biological yield can be the most important criteria for selection parental lines in breeding programs. Also in regard to the highest genetic distance between cluster 2 and cluster 3, genotypes of two clusters could be used for intercrossing to develop improved cultivars.

Keywords: Chickpea, Cluster analysis, Genetic variation, Heritability, Principal Component Analysis