Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 17, Issue 4, 2025 p: 1-9

OPEN ACCESS

Research Paper

Evaluation and Selection of Desirable Genotypes using Multivariate Statistical Methods in the F_2 Generation of Rice

Mehdi Vahed Semeskandeh[1], Ghaffar Kiani[2], Reza Ramezani[3], and Mojtaba Aghajani Qara[4]

1- M.Sc. Student of Genetics and Plant Breeding, Sari University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Sari, Iran
2- Associate Professor, Department of Plant Breeding, Sari University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Sari, Iran, (Corresponding author: ghkiani@gmail.com)
3- M.Sc. Student of Genetics and Plant Breeding, Sari University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Sari, Iran
4- Ph.D. Student in Genetics and Plant Breeding, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Tabarestan Agricultural Biotechnology and Genetics Research Institute, Gorgan, Iran

Received: 06 April 2025 Revised: 20 July 2025 Accepted: 22 August 2025

Extended Abstract

Background: In many countries of the world, food supply, especially the food security of the countries, is a priority due to the biological and non-biological challenges and the growth of the world population. Rice is among the plants that have turned into a strategic plant due to its daily consumption and food needs of many countries. A suitable breeding program is needed to increase the potential of rice production. Genetic diversity in selected populations plays an important role in optimizing the breeding process, but genetic diversity has decreased due to the increase in genetic erosion and the intensity of breeding activities. One of the most important ways to increase rice production potential is to use a crossing system. Crossbreeding in rice is a very widely used method to increase yield due to the heterosis phenomenon and leads to the production of superior progeny from the parents or the commercial variety of the region. Multivariate statistics is a suitable method for analyzing different relationships between traits, identifying existing diversity, and evaluation accuracy in choosing the superior genotype to improve grain yield in rice. Cluster analysis and regression are powerful tools in multivariate statistics, being used as a selection index in determining traits affecting performance. Correlation by expressing the relationship between variables is a very effective method in determining the process of choosing the best plant in statistical analyses. This research aims to use classical breeding and multivariate statistics in an F_2 rice population to select lines with high yield potential for the next generation.

Methods: This research was conducted in the rice research farm of the Tabarestan Agricultural Genetics and Biotechnology Research Institute, Sari University of Agricultural Sciences and Natural Resources. In total, 2000 F_2 seeds obtained from the crossing of Nemat as the maternal base with the local variety Seng Tarem as the paternal base were planted in 50 rows, 10 meters long, and a planting distance of 25x25 in an area of about 125 square meters. The best plants (n = 18) in terms of morphological traits were selected for the analysis of morphological traits, such as plant height, the number of fertile tillers, spike length, the number of hollow seeds, the number of full seeds, total number of seeds, hundred-seed weight, seed length, seed width, and plant yield using multivariate statistics. Cluster analysis of traits with the Euclidean distance scale was used to group the plants, and a detection function was used for grouping accuracy. Correlation and regression analysis were used to investigate the relationship between the traits.

Results: The result of the cluster analysis divided the genotypes into three groups. The first group had the highest average seed width (2.69), total number of seeds (168.5), and the number of full seeds (117.22), and the lowest average plant height (121.83). The third group had the highest average values of 100-seed weight (2.94), the number of fertile tillers (35), and spike length (29.78). The lowest average number of hollow seeds (17.22) and the highest average seed length (11) belonged to Group 2. The third group was considered the yield group with the maximum 100-seed weight, the number of fertile tillers, and plant height. The correctness of the grouping of the plants belonging to the groups was confirmed by the detection function. The function introduced by the diagnostic analysis captured 94% of the variance of the test data and could distinguish the groups from each other with an eigenvalue of 32.67. The average traits of

Copyright ©2025. Vahed Semeskandeh et al. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution-Non-Commercial 4.0 Unported License, which allows users to read, copy, distribute, and make derivative works for non-commercial purposes from the material, as long as the author of the original work is cited properly.

the number of fertile tillers, the number of hollow seeds, total number of seeds, 100-seed weight, and the yield of a single plant were significantly different between the groups and were the main factors that differentiated the plants. In the simple linear correlation of the traits spike length with plant height (r = 0.566), total number of seeds with the number of full seeds (r = 0.533), 100-seed weight with the number of full seeds (r = -0.497), and seed width with spike length (r = -0.489) were significantly correlated at the 5% level. Total number of seeds with number of hollow seeds (r = 0.782), plant height, and number of fertile tillers with yield (r = 0.789 and 0.789, respectively) were significantly related at the 1% level (99% confidence level). The regression analysis output of the model with an adjusted explanation coefficient (93.3%) shows the high correlation of these traits for the justification of yield changes. In the interpretation of yield changes, using regression analysis with the combined method of plant height and the number of fertile tillers showed positive and very significant effects on yield variability. Regarding the influential traits in the grouping and separation of genotypes, the highest yields were obtained for plants 5 (87.83 g), 10 (80.45), 13 (78.93), 4 (77.69), 15 (72.24), and 12 (70.75).

Conclusion: The results of the analysis showed that the plants 5 (87.83 g/plant), 10 (80.45), 13 (78.93), 4 (77.69), 15 (72.24), and 12 (70/75) having desirable morphological traits were selected as the best genotypes for producing promising lines. Multivariate statistics, as a suitable technique in the selection of the superior genotype, could distinguish between the F_2 population of rice plants 4, 5, 10, 12, 13, and 15 with the desired morphological traits and high-yield potential as superior plants for producing promising lines.

Keywords: Multivariate statistics, Rice, Segregating generation of the F_2 population, Selection, Yield

How to Cite This Article: Vahed Semeskandeh, M., Kiani, Gh., Ramzani, R., & Aghajani Qara, M. (2025). Evaluation and Selection of Desirable Genotypes using Multivariate Statistical Methods in the F2 Generation of Rice. *J Crop Breed,* 17(4), 1-9. DOI: 10.61882/jcb.2025.1573

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

مقاله پژوهشی

ارزیابی و انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره در نسل F_2 برنج

مهدی واحد سمسکنده‌ء[۱]، غفار کیانی[۲]، رضا رمضانی[۳] و مجتبی آقاجانی قراء[۴]

۱- دانشجوی ارشد ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، ساری، ایران
۲- دانشیار، گروه اصلاح نباتات، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، ساری، ایران، (نویسنده مسوول: ghkiani@gmail.com)
۳- دانشجوی ارشد ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، ساری، ایران
۴- دانشجوی دکتری ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، پژوهشکده ژنتیک و زیست‌فناوری کشاورزی طبرستان، گرگان، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۱/۱۷ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۴/۰۴/۲۹ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۵/۳۱
صفحه ۱ تا ۹

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: در بسیاری از کشورهای دنیا به‌علت چالش‌های زیستی، غیرزیستی و رشد جمعیت جهان، تامین مواد غذایی و به‌ویژه امنیت غذایی کشورها در اولویت قراردارد. به‌علت مصرف روزانه و تامین نیاز غذایی مردم بسیاری از کشورها، گیاهانی از جمله برنج را به یک گیاه استراتژیک تبدیل کرده است. برای افزایش پتانسیل تولید برنج نیاز به برنامه اصلاحی مناسب است. تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های انتخابی در بهینه‌سازی روند اصلاحی نقش مهمی دارد اما به‌علت افزایش فرسایش ژنتیکی و شدت فعالیت‌های اصلاحی، تنوع ژنتیکی کاهش یافته است. یکی از مهم‌ترین روش‌های افزایش پتانسیل تولید برنج، استفاده از سیستم تلاقی است. تلاقی در برنج به‌علت پدیده هتروزیس یک روش بسیار پرکاربرد در افزایش عملکرد است و منجر به تولید نتاج برتر از والدین یا رقم تجاری منطقه می‌شود. آمار چندمتغیره روشی مناسب برای تجزیه روابط مختلف بین صفات، شناسایی تنوع موجود و ارزیابی دقیق در انتخاب ژنوتیپ برتر جهت بهبود عملکرد دانه در برنج است. تجزیه خوشه‌ای و رگرسیونی یک ابزار قدرتمند در آمار چندمتغیره است که به‌عنوان شاخص انتخاب در تعیین صفات موثر بر عملکرد استفاده می‌شود. همبستگی با بیان ارتباط بین متغیرها یک روش بسیار تاثیرگذار در تعیین روند انتخاب بوته برتر در تجزیه‌های آماری است. هدف از این پژوهش، استفاده از اصلاح کلاسیک و آمار چندمتغیره در بین جمعیت در حال تفرق F_2 برنج برای انتخاب لاین‌هایی با پتانسیل عملکرد بالا برای نسل بعد است.

مواد و روش: در این تحقیق، تعداد ۲۰۰۰ بذر F_2 حاصل از تلاقی نعمت به‌عنوان پایه مادری با رقم محلی سنگ‌طارم به‌عنوان پایه پدری در مزرعه تحقیقاتی برنج پژوهشکده ژنتیک و زیست‌فناوری کشاورزی طبرستان دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری به تعداد ۵۰ ردیف به‌طول ۱۰ متر و فاصله کشت ۲۵×۲۵ در مساحتی حدود ۱۲۵ متر مربع نشاءکاری شدند. تعداد ۱۸بوته برتر از لحاظ صفات مورفولوژیکی انتخاب و برای تجزیه و تحلیل داده‌های مورفولوژیکی نظیر صفات ارتفاع بوته، تعداد پنجه‌بارور، طول خوشه، تعداد دانه پوک، تعداد دانه‌پر، تعداد کل‌دانه، وزن ۱۰۰ دانه، طول دانه، عرض دانه و عملکرد بوته با استفاده از آمار چندمتغیره مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. از تجزیه کلاستر صفات با مقیاس فاصله اقلیدسی برای گروه‌بندی بوته‌ها و تابع تشخیص برای صحت گروه‌بندی استفاده شد. برای بررسی ارتباط بین صفات از تجزیه همبستگی و رگرسیون استفاده شد.

یافته‌ها: نتیجه تجزیه خوشه‌ای صفات، ژنوتیپ‌ها را به سه گروه تقسیم کرد. گروه اول بیشترین میانگین عرض دانه (۲/۶۹)، تعداد دانه کل (۱۶۸/۵)، تعداد دانه پر (۱۱۷/۲۲) و کم‌ترین میانگین ارتفاع بوته (۱۲۱/۸۳) را داشت و گروه سوم در میانگین صفات وزن ۱۰۰ دانه (۲/۹۴)، تعداد پنجه بارور (۳۵) و طول خوشه (۲۹/۷۸) بالاترین مقادیر را نشان داد. کم‌ترین میانگین تعداد دانه پوک (۱۷/۲۲) و بیشترین میانگین طول دانه (۱۱) به گروه ۲ مرتبط بودند. گروه سوم به‌عنوان گروه عملکرد با بیش‌ترین وزن ۱۰۰ دانه، تعداد پنجه و ارتفاع بوته در نظر گرفته شد. صحت گروه‌بندی بوته‌های متعلق به گروه‌ها توسط تابع تشخیص مورد تایید قرارگرفت. تابعی را که تجزیه تشخیص توانست معرفی کند، ۹۴ درصد واریانس کل داده‌های آزمایش را در برداشت و توانست با مقدار ویژه ۳۲/۶۷ به‌خوبی گروه‌ها را از همدیگر تفکیک کند. میانگین‌های صفات تعداد پنجه، تعداد دانه پوک، تعداد کل دانه، وزن ۱۰۰ دانه و عملکرد تک‌بوته تفاوت‌های معنی‌داری بین گروه‌ها داشتند و عامل اصلی تفرق بوته‌ها بودند. در همبستگی ساده خطی، صفات طول خوشه با ارتفاع بوته (r = ۰/۵۶۶)، تعداد دانه کل با تعداد دانه پر (r =۰/۵۳۳)، وزن ۱۰۰ دانه با تعداد دانه پر (r = −۰/۴۹۷) و عرض دانه با طول خوشه (r = −۰/۴۸۹) در سطح ۵ درصد و تعداد دانه کل با تعداد دانه پوک (r = ۰/۷۸۲)، ارتفاع بوته و تعداد پنجه‌بارور با عمکرد (به‌ترتیب ۰/۷۰۸ و r = ۰/۷۸۹) در سطح ۱ درصد (حدود اطمینان ۹۹٪) ارتباطات معنی‌داری داشتند. خروجی تجزیه رگرسیونی مدلی با ضریب تبیین تعدیل‌شده ۹۳/۳٪ بود که نشان‌دهنده میزان ارتباط بالای این صفات برای توجیه‌پذیری تغییرات عملکرد است. در تفسیر تغییرات عملکرد با استفاده از تجزیه رگرسیونی به‌روش توام، صفات ارتفاع بوته و تعداد پنجه بارور اثرات مثبت و بسیار معنی‌داری در تغییرپذیری عملکرد از خود نشان دادند. در مورد صفات تاثیرگذار در گروه‌بندی و تفکیک ژنوتیپ‌ها، بوته‌های شماره ۵ (۸۷/۸۳ گرم)، ۱۰ (۸۰/۴۵)، ۱۳ (۷۸/۹۳)، ۴ (۷۷/۶۹)، ۱۵ (۷۲/۲۴) و ۱۲ (۷۰/۷۵) بیشترین عملکرد را داشتند.

نتیجه‌گیری: نتیجه تجزیه و تحلیل نشان داد که بوته‌های شماره ۵ (۸۷/۸۳ گرم عملکرد تک‌بوته)، ۱۰(۸۰/۴۵)، ۱۳(۷۸/۹۳)، ۴(۷۷/۶۹)، ۱۵(۷۲/۲۴) و ۱۲(۷۰/۷۵) با داشتن صفات مطلوب مورفولوژیکی به‌عنوان بهترین ژنوتیپ‌ها برای تولید لاین‌های امیدبخش گزینش شدند. آمار چندمتغیره به‌عنوان یک تکنیک مناسب در انتخاب ژنوتیپ برتر به‌خوبی توانست در بین جمعیت در حال تفرق F_2 برنج، بوته‌های شماره ۴، ۵، ۱۰، ۱۲، ۱۳ و ۱۵ را با ویژگی‌های مطلوب مورفولوژیکی مذکور و پتانسیل عملکرد بالا به‌عنوان بوته‌های برتر برای تولید لاین امیدبخش انتخاب کند.

واژه‌های کلیدی: برنج، نسل در حال تفرق F_2، آمار چندمتغیره، عملکرد و گزینش

مقدمه

برنج (*Oryza sativa* L.) یکی از مهم‌ترین گیاهان استراتژیک در جهان است که منبع غذایی تقریبا ۶۰ درصد از مردم جهان را تأمین می‌کند، و از این جهت افزایش تولید محصول برنج ضروری است. سازمان خواربار و کشاورزی جهانی (FAO, 2022) پیش‌بینی کرد که جمعیت جهان تا سال ۲۰۵۰ میلادی تقریبا به ۱۰ میلیارد نفر خواهدرسید، بنا بر این، افزایش تولید برنج در آینده یک چالش بشری است (Baroudy *et al*., 2020; Roy & Shil, 2020). برای افزایش پتانسیل تولید برنج نیاز به برنامه اصلاحی مناسب

است. تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های انتخابی در بهینه‌سازی روند اصلاحی نقش مهمی دارد اما به‌علت افزایش فرسایش ژنتیکی و شدت فعالیت‌های اصلاحی، تنوع ژنتیکی کاهش یافته است (Ranjbar, 2018). یکی از مهم‌ترین تکنولوژی‌های ایجاد تنوع، فناوری برنج هیبرید است که باعث افزایش تولید در واحد سطح می‌شود. آمار چندمتغیره روشی مناسب برای تجزیه روابط مختلف بین صفات، شناسایی تنوع موجود و ارزیابی دقیق در انتخاب ژنوتیپ برتر جهت بهبود عملکرد دانه در برنج است (Taghipour & Mehrabi, 2020). تجزیه خوشه‌ای و رگرسیونی یک ابزار قدرتمند در آمار چند متغیره هستند که به‌عنوان شاخص انتخاب در تعیین صفات مؤثر بر عملکرد استفاده می‌شوند (Khadem Hosseini & Rabiei, 2021) همبستگی با بیان ارتباط بین متغیرها یک روش بسیار تاثیرگذار در تعیین روند انتخاب بوته برتر در تجزیه‌های آماری است (Perween *et al*., 2020).

اسمیت برای اولین بار تابع خروجی آنالیز تشخیص را به‌عنوان شاخصی برای انتخاب بوته برتر استفاده کرد (Smith, 1936). رمضان‌پور و همکاران (Ramezanpour *et al*., 2015) ۱۰ لاین امیدبخش برنج حاصل از تلاقی واریته نعمت به‌عنوان والد مادری با تعدادی از واریته‌های محلی به‌عنوان والد پدری را در جهت بهبود عملکرد بررسی کردند که لاین شماره ۴۱۵ بیشترین عملکرد (۶/۷۴ تن در هکتار) را نشان داد. عیدی کهنکی و همکاران (Eidi Kohnaki *et al*., 2015) چهار جمعیت در حال تفرق نسل F_4 برنج حاصل از تلاقی متقارب (نعمت × پژوهش۵۸۱۱۰ × IR//پژوهش) و (نعمت × پژوهش۶۰۸۱۹ × IR//پژوهش) و دو جمعیت دیگر از تلاقی‌های (پژوهش × IR60819 و پژوهش × IR58110) را مورد گزینش قراردادند که لاین‌های R5، R7، R9، R28 و R45 با داشتن صفات مورفولوژیکی مطلوب مانند درصد باروری خوشه بیش از ۷۵ درصد انتخاب شدند. صبوری و همکاران (Sabouri *et al*., 2008) تعداد ۲۶۵ خانواده F3 برنج حاصل از تلاقی غریب × خزر را برای تعیین همبستگی صفات موثر بر عملکرد و ارائه شاخص مناسب انتخاب در جهت بهبود عملکرد با استفاده از آمار چندمتغیره برآورد کردند و بیان کردند که عملکرد مهم‌ترین جزء در انتخاب شاخص بود.

هدف از این پژوهش، استفاده از اصلاح کلاسیک و آمار چندمتغیره در بین جمعیت در حال تفرق F_2 برنج برای انتخاب لاین‌هایی با پتانسیل عملکرد بالا برای نسل بعد است.

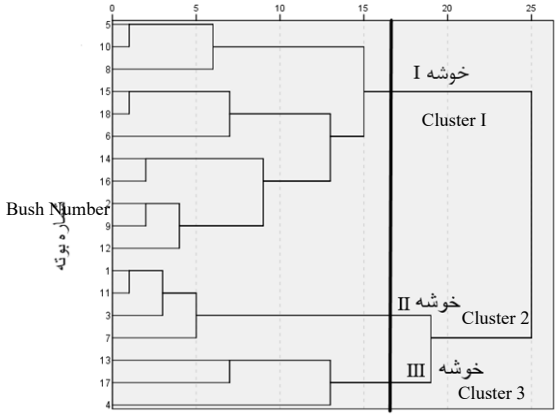
مواد و روش‌ها

تعداد ۲۰۰۰ بذر F_2 حاصل از تلاقی نعمت (پایه مادری) با رقم محلی سنگ‌طارم (پایه پدری) در مزرعه تحقیقاتی برنج پژوهشکده ژنتیک و زیست‌فناوری کشاورزی طبرستان دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری به‌تعداد ۵۰ ردیف به‌طول ۱۰ متر و فاصله کشت ۲۵ × ۲۵ در مساحتی حدود ۱۲۵ متر مربع نشاءکاری شدند. نهاده‌های کشاورزی طبق عرف منطقه انجام شدند. تعداد ۱۸ بوته برتر از لحاظ صفات مورفولوژیکی انتخاب و برای تجزیه و تحلیل داده‌های مورفولوژیکی نظیر صفات ارتفاع بوته، تعداد پنجه، طول خوشه، تعداد دانه پوک، تعداد دانه پر، تعداد کل دانه، وزن ۱۰۰ دانه، طول دانه، عرض دانه و عملکرد تک‌بوته اندازه‌گیری شدند.

برای گروه‌بندی بوته‌های انتخابی جمعیت از تجزیه کلاستر صفات با مقیاس فاصله اقلیدسی و روش Ward استفاده شد. صحت گروه‌بندی با آنالیز تابع تشخیص به‌روش مستقیم انجام شد. همبستگی ساده خطی برای ارتباط بین صفات و رگرسیون چندمتغیره ساده خطی برای توجیه‌پذیری تغییرات عملکرد با استفاده از دیگر صفات انجام شدند. تجزیه‌های آماری و نمودارها در نرم‌افزار Excel دسته‌بندی و با نرم‌افزارهای SPSS (ver.22.0.0) و SAS (ver.9.0.0) برآورد شدند.

نتایج و بحث

تجزیه خوشه‌ای صفات مورفولوژیکی برای ژنوتیپ‌ها باعث دسته‌بندی آن‌ها در گروه‌های مشابه می‌شود به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های درون‌گروه بیشترین تشابه و بین گروه‌ها بیشترین تفاوت را دارند (Zare Chahoki, 2010). نتیجه تجزیه خوشه‌ای صفات، ژنوتیپ‌ها را به سه گروه تقسیم کرد (شکل۱). صحت گروه‌بندی با آنالیز تابع تشخیص مورد بررسی قرار گرفت. گروه اول بیشترین میانگین عرض دانه (۲/۶۹)، تعداد دانه کل (۱۶۸/۵)، تعداد دانه پر (۱۱۷/۲۲) و کمترین میانگین ارتفاع بوته (۱۲۱/۸۳) را داشت و در گروه سوم بالاترین مقادیر میانگین صفات وزن ۱۰۰ دانه (۲/۹۴)، تعداد پنجه (۳۵) و طول خوشه (۲۹/۷۸) اندازه‌گیری شدند. کم‌ترین میانگین تعداد دانه پوک (۱۷/۲۲) و بیشترین میانگین طول دانه (۱۱) با گروه ۲ مرتبط بودند (جدول ۱). باقری (Bagheri, 2020) ۱۱۵ لاین برنج نسل دوم در حال تفکیک را با استفاده از معیار فاصله اقلیدسی به‌روش Ward به سه گروه دسته‌بندی و لاین‌های گروه‌های ۱ و ۳ را به‌دلیل تفاوت بیشتر به‌عنوان بهره‌گیری از هتروزیس و انتخاب نتاج برتر معرفی کرد. کبریایی و همکاران (Kebriyayi *et al*., 2012) از تجزیه خوشه‌ای به‌روش Ward به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌های برنج با استفاده از ۱۴ صفت زراعی استفاده کردند و نهایتا ژنوتیپ‌ها در چهار گروه جای گرفتند. خوشه اول تعداد ۲۶ ژنوتیپ را در خود جای داد که صفات عملکرد تک‌بوته، وزن ۱۰۰۰ دانه، تعداد دانه پر، طول خروج خوشه از غلاف و طول ریشک نسبت به دیگر صفات برتری داشتند. در گروه دوم، صفاتی مانند تعداد دانه پر، طول خوشه، عرض برگ و وزن هزار دانه بیشترین مقدار را داشتند. بیشترین میزان طول خروج خوشه از غلاف، وزن هزار دانه و طول ریشک نیز به گروه سوم مرتبط بود. گروه چهارم تنها در صفات عملکرد تک‌بوته و ارتفاع برتری داشتند.



شکل ۱- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای صفات با معیار فاصله اقلیدسی به‌روش Ward
Figure 1. The dendrogram of trait cluster analysis with the Euclidean distance criterion by Ward's method

جدول ۱- میانگین وضعیت ژنوتیپ‌ها در گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای
Table 1. The average status of genotypes in the grouping resulting from cluster analysis

PY	SW	SL	WFG	TNS	NFS	NHS	SPL	NFT	PLH		گروه Group
63.89	2.69	10.5	2.65	168.5	117.22	51.03	26.74	26.5	121.83	میانگین Mean	I
87.83	3	11.67	2.95	202.33	158.67	86.67	28	33	149	حداکثر Maximum	
39.37	2.17	9.33	2.37	126	90	20.67	24.17	17	105	حداقل Minimum	
48.46	0.83	2.33	0.58	76.33	68.67	66	3.83	16	44	دامنه Range	
45.77	2.61	11	2.871	126	108.78	17.22	28.11	18.67	124.67	میانگین Mean	II
52.05	2.83	11	2.95	145	120.67	35.67	28.67	22	128	حداکثر Max	
34.04	2.5	11	2.78	105.33	96.33	7	27.67	14	120	حداقل Min	
18.01	0.33	0	0.17	39.67	24.33	28.67	1	8	8	دامنه Range	
75.343	2.61	10.67	2.94	119.78	102.11	18.56	29.78	35	141.67	میانگین Mean	III
78.93	2.83	11	3.21	136.33	120.33	26	34.67	43	154	حداکثر Max	
69.41	2.33	10	2.77	99.33	73.33	10.33	26.17	30	133	حداقل Min	
9.52	0.5	1	0.45	37	47	15.67	8.5	13	21	دامنه Range	

ارتفاع بوته (سانتی‌متر): PLH، تعداد پنجه بارور: NFT، طول خوشه (سانتی‌متر): SPL، تعداد دانه پوک: NHS، تعداد دانه پر: NFS، تعداد کل دانه: TNS، وزن ۱۰۰ دانه (گرم): WHG، طول دانه (میلی‌متر): SL، عرض دانه (میلی‌متر): SW، عملکرد بوته (گرم): PY.
Plant height (cm): PLH, Number of fertile tillers: NFT, Spike length (cm): SPL, Number of hollow seeds: NHS, Number of full seeds: NFS, Total number of seeds: TNS, Weight of hundred seeds (g): WHG, Seed length (mm): SL, seed width (mm): SW, plant yield (g): PY.

تابع تشخیص (Discriminate analysis) اولین بار در دهه ۱۹۳۰ میلادی برای شناخت فاصله گروه‌ها از هم ایجاد شد. نتایج حاصل از تابع تشخیص نشان دادند که تابع حاصل‌شده به درستی عضویت بوته‌ها را در گروه‌ها تشخیص داد. تابعی را که تجزیه تشخیص توانست معرفی کند، ۹۴ درصد واریانس کل داده‌های آزمایش را در بر داشت و توانست با مقدار ویژه ۳۲/۶۷ به‌خوبی گروه‌ها را از همدیگر تفکیک کند (جدول۳). میانگین‌های صفات تعداد پنجه، تعداد دانه پوک، تعداد کل دانه، وزن ۱۰۰ دانه و عملکرد تک‌بوته تفاوت‌های معنی‌داری بین گروها داشتند (جدول۴) و عامل اصلی تفرق بوته‌ها بودند. کبریایی و همکاران (Kebriyayi *et al*., 2012) جهت مشخص کردن صحت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از تجزیه تابع تشخیص استفاده کردند که ژنوتیپ‌ها در چهار گروه قرار گرفتند و با خصوصیات درون‌گروهی مشابه و بین گروهی متفاوت تشخیص داده شدند.

جدول ۲- نتایج با روش آنالیز تشخیص

Table 2. Results by the discriminate analysis method

کل Total	گروه های نسبت داده‌شده پس از آنالیز Assigned groups after analysis			گروه Group		
	C	B	A			
12	0	0	12	A	Count	تابع اولیه The initial function
3	0	3	0	B		
3	3	0	0	C		
100	0	0	100	A	%	
100	0	100	0	B		
100	100	0	0	C		

۱۰۰.۰٪ موارد اصلی گروه‌بندی‌شده به‌درستی طبقه‌بندی شده‌اند.

100.0% of original grouped cases are classified correctly.

جدول ۳- نتایج توابع ممیزی کانونیک

Table 3. Results of canonical audit functions

ضریب همبستگی کانونی Focal correlation coefficient	درصد تجمعی واریانس Cumulative percentage of variance	درصد واریانس Percentage of variance	مقدار ویژه تابع Eigenvalue of function	تابع Function
0.985	94	94	32.670a	1
0.823	100	6	2.099a	2

جدول ۴- آزمون تساوی میانگین صفات در گروه

Table 4. The test of the equality of the average traits in the group

Sig.	df2	df1	F	آماره لامبدای ویلکس Wilks's Lambda statistic	
0.078	15	2	3.032	0.712	PLH
0.003	15	2	8.692	0.463	NFT
0.057	15	2	3.489	0.683	SPL
0.011	15	2	6.187	0.548	NHS
0.422	15	2	0.914	0.891	NFS
0.001	15	2	10.732	0.411	TNS
0.04	15	2	4.002	0.652	WHG
0.405	15	2	0.959	0.887	SL
0.761	15	2	0.278	0.964	SW
0.033	15	2	4.331	0.634	PY

ارتفاع بوته: PLH، تعداد پنجه‌بارور: NFT، طول خوشه: SPL، تعداد دانه پوک: NHS، تعداد دانه پر: NFS، تعداد کل دانه: TNS، وزن ۱۰۰ دانه: WHG، طول دانه: SL، عرض دانه: SW، عملکرد بوته: PY .

Plant height: PLH, number of fertile tillers: NFT, spike length: SPL, number of hollow seeds: NHS, number of full seeds: NFS, total number of seeds: TNS, weight of 100 seeds: WHG, seed length: SL, seed width: SW, Plant yield: PY.

در همبستگی ساده خطی، صفات طول خوشه با ارتفاع بوته (۰/۵۶۶)، تعداد دانه کل با تعداد دانه پر (۰/۵۳۳)، وزن ۱۰۰ دانه با تعداد دانه پر (۰/۴۹۷-) و عرض دانه با طول خوشه (۰/۴۸۹-) در سطح ۵ درصد و تعداد دانه کل با تعداد دانه پوک (۰/۷۸۲)، ارتفاع بوته و تعداد پنجه با عملکرد (به ترتیب ۰/۷۰۸و۰/۷۸۹) در سطح ۱ درصد حدود اطمینان ۹۹٪) ارتباطات معنی‌داری داشتند (جدول۵). باقری (Bagheri, 2020) صفات ارتفاع بوته و تعداد پنجه را جزء صفات با اهمیت نسبی بالا و با ارزش در تصمیم‌گیری به‌عنوان معیار انتخاب برای عملکرد دانه به‌دلیل داشتن ضریب‌همبستگی ساده خطی مثبت معنی‌دار به‌ترتیب ۰/۲۹۲ و ۰/۵۶۷ با عملکرد دانست. صبوری و همکاران (Sabouri *et al.*, 2008) در بررسی همبستگی بین صفات تاثیرگذار بر عملکرد در جمعیت‌های در حال تفرق برنج، صفات ارتفاع بوته و تعداد پنجه را معرفی کردند که به‌ترتیب**۰/۱۹۳ و **۰/۷۳۴ همبستگی مثبت و معنی‌داری با عملکرد داشتند که با نتایج این تحقیق مشابهت دارد.

جدول ۵- همبستگی ساده خطی صفات

Table 5. The simple linear correlation of traits

	PLH	NFT	SPL	NHS	NFS	TNS	WHG	SL	SW	PY
PLH	1									
NFT	0.351	1								
SPL	.566*	0.038	1							
NHS	-0.325	0.026	-0.404	1						
NFS	0.223	0.107	0.073	-0.109	1					
TNS	-0.145	0.09	-0.326	.782**	.533*	1				
WHG	0.438	-0.158	0.214	-0.185	-.497*	-0.462	1			
SL	0.007	-0.048	0.06	-0.162	-0.17	-0.234	0.276	1		
SW	0.221	0.131	-.489*	0.038	0.355	0.275	-0.034	-0.136	1	
PY	.708**	.789**	0.234	0.058	0.422	0.308	-0.053	-0.053	0.269	1

*،**:به‌ترتیب اثر معنی‌داری در سطوح احتمال ۵٪ و ۱٪

ارتفاع بوته: PLH، تعداد پنجه‌بارور: NFT، طول خوشه: SPL، تعداد دانه پوک: NHS، تعداد دانه پر: NFS، تعداد کل دانه: TNS، وزن ۱۰۰ دانه: WHG، طول دانه: SL، عرض دانه: SW، عملکرد بوته: PY.

**,*:significant effects at the probability levels of 5% and 1%, respectively.

Plant height: PLH, number of fertile tillers: NFT, spike length: SPL, number of hollow seeds: NHS, number of full seeds: NFS, total number of seeds: TNS, weight of 100 seeds: WHG, seed length: SL, seed width: SW, Plant yield: PY.

برای درک میزان ارتباط صفات با عملکرد از تجزیه رگرسیونی ساده خطی چندمتغیره به روش توام (Enter) استفاده شد. خروجی تجزیه رگرسیونی مدلی با ضریب تبیین تعدیل‌شده ۹۳/۳٪ بود (جدول۶) که نشان‌دهنده میزان ارتباط بالای این صفات برای توجیه‌پذیری تغییرات عملکرد است.

جدول ۶- تجزیه واریانس رگرسیونی

Table 6. Breakdown of regression variance

ضریب تبیین تعدیل‌شده Adjusted R-Squared	ضریب تبیین R-Squared	میانگین مربعات رگرسیون Mean square regression	صفات Traits		
			عرض از مبداء *y-intercept*	PLH	NFT
0.933	**0.968**	**398.68****	**-49.292**	**0.649**	**0.555**

*صفت عملکرد به‌عنوان متغیر مستقل و باقی صفات مورفولوژیکی به‌عنوان متغیرهای مستقل در نظر گرفته شدند. ارتفاع بوته: PLH، تعداد پنجه بارور.

The yield trait was considered an independent variable, and the rest of the morphological traits were regarded as independent variables. Plant height: PLH, number of fertile tillers: NFT

معادله رگرسیونی [1]:

$$\hat{Y} = -49.292 + 0.649X_1^{**} + 0.551X_2^{**}$$

در معادله رگرسیون [1]، متغیرهای مستقل ارتفاع بوته و تعداد پنجه اثر معنی‌داری در توجیه تغییرپذیری عملکرد داشتند. جهانی و همکاران (Jahani *et al.*, 2016) برای بررسی رابطه بین عملکرد و صفات تاثیرگذار از تجزیه رگرسیونی چندمتغیره استفاده کردند که نتیجه بررسی صفت تعداد پنجه بارور در ارتباط با عملکرد معنی‌دار بود و با نتیجه این تحقیق مطابقت دارد.

در مورد صفات تاثیرگذار بر گروه‌بندی و تفکیک ژنوتیپ‌ها، بوته‌های شماره ۵(۸۷/۸۳ گرم)، ۱۰(۸۰/۴۵)، ۱۳(۷۸/۹۳)، ۴(۷۷/۶۹)، ۱۵(۷۲/۲۴) و ۱۲(۷۰/۷۵) بیشترین عملکرد را داشتند. در بین بوته‌های بالا، بوته شماره ۱۲ دارای کوتاه‌ترین ارتفاع بوته و بوته شماره ۴ دارای بلندترین بوته با اندازه‌های به‌ترتیب ۱۱۸ و ۱۵۴ سانتی‌متر بودند، اما کم‌ترین ارتفاع مربوط به بوته شماره ۶(۱۰۵ سانتی‌متر) با عملکرد ۵۵/۶۲ گرم بود. بوته شماره ۱۳ با تعداد ۴۳ پنجه بارور بالاترین میزان را نسبت به سایر ژنوتیپ‌های مورد مطالعه داشت. بلندترین طول خوشه با اندازه ۳۴/۶۷ مربوط به بوته شماره ۴ و پهن‌ترین عرض دانه با مقدار ۳ میلی‌متر در بوته شماره ۵ مشاهده شد (شکل ۲).



شکل ۲- نمودارهای میله‌ای صفات تاثیرگذار بر گروه‌بندی و تفکیک ژنوتیپ‌ها
Figure 2. Bar charts of influential traits in the grouping and separation of genotypes

نتیجه‌گیری کلی

پس از تجزیه و تحلیل گروه‌بندی بوته‌ها به‌وسیله صفات مورفولوژیک و ارتباط بین آن‌ها با عملکرد، صفات عملکرد تک‌بوته، ارتفاع بوته، تعداد پنجه، طول خوشه و عرض دانه (همبستگی منفی معنی‌دار با طول خوشه) به‌صورت پیوسته در ایجاد تنوع بین بوته‌ها و گروه‌بندی خوشه‌ها نقش تاثیرگذاری دارند. آنالیز عملکرد نشان داد که ژنوتیپ‌های شماره ۵(۸۷/۸۳)، ۱۰(۸۰/۴۵)، ۱۳(۷۸/۹۳)، ۴(۷۷/۶۹)، ۱۵(۷۲/۲۴) و ۱۲(۷۰/۷۵) جزء گروه‌های اول و سوم تجزیه خوشه‌ای بیشترین مقدار را داشتند و از بین این ژنوتیپ‌ها بوته شماره ۱۲(۱۱۸سانتی‌متر) کمترین ارتفاع را داشت. بیشترین مقادیر برای ژنوتیپ شماره ۱۳ با داشتن تعداد ۴۳ پنجه و ژنوتیپ شماره ۴ با طول خوشه ۳۴/۶۷ برآورد شدن. آمار چندمتغیره به‌عنوان یک تکنیک بسیار دقیق در تفکیک و انتخاب ژنوتیپ برتر به‌خوبی توانست در بین جمعیت در حال تفرق F_2 برنج، بوته‌های شماره ۴، ۵، ۱۰، ۱۲، ۱۳ و ۱۵ را با ویژگی‌های مطلوب زراعی مذکور و پتانسیل عملکرد بالا به‌عنوان بوته‌های برتر برای نسل بعد انتخاب کند.

تشکر و قدرانی

از پژوهشکده زیست‌فناوری و ژنتیک طبرستان بخش مزرعه تحقیقاتی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری تشکر و قدرانی می‌شود.

References

Bagheri, N. (2020). Investigation of Genetic Diversity of Multan Genotypes of Rice Tarom Joladar in M_2 Generation. *Journal of Crop Breeding, 12*(34), 15-25. [In Persian]

Baroudy, A. A. E., Ali, A. M., Mohamed, E. S., Moghanm, F. S., Shokr, M. S., Savin, I., Poddubsky ,A., Ding, Z., Kheir, A. M., & Aldosari, A. A. (2020). Modeling land suitability for rice crop using remote sensing and soil quality indicators: The case study of the nile delta. *Sustainability, 12*(22), 9653.

Chaloei, G.H., Ranjbar, G., babaeian jelodar, N., Bagheri, N., & Noori, M. Z. (2018). Evaluation of advanced mutant lines of Tarom Mahalli rice (*Oryza sativa* L.) using path and factor analysis. *Journal of Crop Production, 11*(3), 115-130. [In Persian]

Eidi Kohnaki, M., Kiani, G., & Nematzadeh, G. (2015). Morphological and molecular selection of fertility restorer gene (s) in segragating populations of rice. *Plant Productions, 38*(2), 89-98.

FAO. (2022). Food and Agricultuer Organization. https://www.fao.org/faostat/en/#datd/TCL.

Jahani, M., Nematzadeh, G., & Mohammadi Nejad, G. (2015). Evaluation of Agronomic Traits Associated with Grain Yield in Rice (Oryza sativa) Using Regression and Path Analysis. *Journal of Crop Breeding,* 7(16), 115-122. [In Persian]

Kebriyayi, D., Rabiyi, B., & Samizade, H. (2012). The multivariate analysis of morphologic traits, grain yield and yield componets of native and improved rice Varieties. *Iranian Journal of Field Crop Science, 43*(2), 269-279.

Khadem Hosseini, Z., & Rabiei, B. (2021). Investigating the relationships between grain yield and quality related traits in some promising lines of rice (*Oryza sativa* L.). *Cereal Research, 11*(2), 105-119 .

Perween, S., Kumar, A., Adan, F., & Danish, M. (2020). The inter-relationship among yield and yield attributing traits of rice (*Oryza sativa* L.) under Irrigated condition through correlation coefficient studies and path analysis. *International Journal of Chemical Studies, 8*(2), 1409-1414.

Ramezanpour, A., Pirdashti, H., Pirdashti, H., & Bahari Saravi, S. (2015). Agronomy Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No: 107 pp: 8-16 Investigation of the quality traits and their relationship with grain yield in promising lines of rice (*Oryza sativa* L.). *Applied Field Crops Research, 28*(107), 8-16.

Roy, S. C., & Shil, P. (2020). Assessment of genetic heritability in rice breeding lines based on morphological traits and caryopsis ultrastructure. *Scientific Reports, 10*(1), 7830.

Sabouri, H., Rabiei, B., & Fazlalipour, M. (2008). Use of selection indices based on multivariate analysis for improving grain yield in rice. *Rice Science, 15*(4), 303-310.

Smith, H. F. (1936). A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics, 7*(3), 240-250.

Taghipour, Z., & Mehrabi, A.A. (2020). Evaluation of phenotypic diversity, transgressive segregation and agro-morphological trait relations in generated populations from cross-breeding of Iranian rice cultivars. *Iranian Journal of Field Crop Science, 51*(3), 33-45.

Zare Chahoki, M. A. (2010). Multivariate analysis methods in SPSS. Natural Resources Faculty, University of Tehran .