



"مقاله پژوهشی"

بررسی تنوع مورفولوژیکی و فنولوژیکی برخی از ارقام وارداتی سویا با استفاده از روش تجزیه به عامل‌ها

پرستو مجیدیان^۱، سید علیرضا دلیلی^۲، بهرام مسعودی^۳ و حمید صادقی گرماردی^۴

۱- استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران، (نویسنده مسوول: parastoomajidian63@gmail.com)

۲- استادیار، بخش تحقیقات گیاهپزشکی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران

۳- استادیار، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

۴- استادیار، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

تاریخ دریافت: ۹۹/۱۲/۹ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۲/۱۰

صفحه: ۴۶ تا ۵۹

چکیده

این پژوهش به منظور گروه‌بندی و ارزیابی ۱۲۴ ژنوتیپ مختلف سویا با گروه رسیدگی متفاوت از نظر صفات ریخت‌شناسی و فنولوژیکی به صورت طرح آگمنت با ۴ رقم شاهد تار، ساری، ویلیامز و سحر در ۶ بلوک در ایستگاه تحقیقات کشاورزی بایع کلا- مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران اجرا شد. هر ژنوتیپ در یک خط ۳ متری با فاصله ردیف ۶۰ سانتی‌متر و فاصله بین دو بوته ۵-۳ سانتی‌متر کاشته شد. نتایج تجزیه به مولفه‌ها نشان داد که ۴ مولفه مجموعاً ۷۰/۰۸۰ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه کردند. نتایج حاصل از بای پلات نشان داد که اکثر صفات مربوط به عملکرد، اجزای عملکرد و صفات فنولوژیکی به جز درصد پروتئین در دو ناحیه قرار گرفتند که از این طریق می‌توان به منظور اصلاح ژنوتیپ‌ها از طریق صفات مد نظر اقدام کرد. به علاوه بر اساس نتایج تجزیه کلاستر حاصل از صفات مرتبط با مولفه‌های اول و دوم، ژنوتیپ‌های سویا مورد مطالعه در ۲ گروه دسته‌بندی شدند که گروه اول و دوم شامل ژنوتیپ‌هایی با گروه رسیدگی زودرس، میزان روغن بالا و اجزای عملکرد و میزان پروتئین پایین و گروه ۳ با تیپ رسیدگی دیررس، میزان روغن پایین و اجزای عملکرد و میزان پروتئین بالا بود. به طور کلی بر اساس تنوع صفات موجود در کلکسیون مورد مطالعه و با توجه به هدف تحقیق، می‌توان از ارقام سویا مورد مطالعه در برنامه‌های اصلاحی استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: روش وارد، صفات زراعی، گروه‌بندی

مقدمه

سویا با نام علمی (*Glycine max L.*) گیاهی روز کوتاه، خودگشن و از خانواده بقولات می‌باشد. این گیاه غنی از روغن (۱۸٪) و پروتئین گیاهی (۴۴٪) محسوب می‌شود (۱۸). در میان سایر محصولات زراعی اصلی، بیشترین افزایش سالانه سطح تولید جهانی را در طی ۴۰ سال گذشته داشته است. مهم‌ترین مناطق کشت سویا در ایران شامل استان‌های گلستان، مازندران و اردبیل می‌باشند که در میان استان‌های مذکور استان مازندران با سطح زیر کشت ۳۹۹۰ هکتار رتبه سوم را بعد از استان گلستان در سال ۹۷ به خود اختصاص داده است (آمارنامه جهاد کشاورزی مازندران، ۹۷).

در برنامه‌های اصلاح نباتات، وارد کردن ارقام تجارتي مناسب از خارج یکی از سریع‌ترین روش‌های اصلاح گیاهان خودگشن محسوب می‌شود که این ارقام در طی مراحل ارزیابی در صورت سازگار بودن با محیط و مناطق کشت و برتری آن‌ها از نظر میزان عملکرد نسبت به ارقام شاهد می‌توانند بعد از تکثیر مورد کشت قرار گیرند (۱۷). در این راستا، صفات زراعی متعددی مورد بررسی قرار می‌گیرد که شناخت روابط بین این صفات و برهم‌کنش بین آن‌ها برای اصلاح‌گران اهمیت بسیاری دارد. از آنجایی که عملکرد دانه سویا از نظر اقتصادی بسیار حائز اهمیت می‌باشد، استفاده از روش‌های تجزیه و تحلیلی که بدون از بین بردن مقدار زیادی از اطلاعات مفید، تعداد صفات موثر در عملکرد را کاهش

دهند، برای پژوهشگران با ارزش هستند (۶). در این خصوص استفاده از همبستگی میان صفات متداول است، ولی همبستگی‌ها رابطه علت و معلولی بین صفات را بیان نمی‌کنند، زیرا در حقیقت این ارتباطات را تعدادی عامل ناشناخته پدید می‌آورند (۲۱). زمانی که در نظر است متغیر پاسخ با توجه به گروهی از متغیرهای دیگر پیشگویی شود، از رگرسیون چندگانه استفاده می‌گردد. در این راستا، عملکرد دانه به‌عنوان متغیر پاسخ و دیگر صفات زراعی به‌عنوان پیشگویی‌کننده در نظر گرفته می‌شوند (۱۳). کارایی رگرسیون چندگانه به‌علت مواجه شدن با مسئله هم‌راستایی بین صفات و محدودیت در بیان روابط علت و معلولی بین تعداد زیادی از صفات مورد تردید است. برای فائق آمدن بر مشکلات رگرسیون و همبستگی چندگانه از تجزیه عامل‌ها استفاده می‌گردد. تجزیه عامل‌ها روش چند متغیره قدرتمندی است که برای برآورد اجزای عملکرد، استخراج زیر مجموعه‌ای از متغیرهای همسان، شناخت مفاهیم اساسی داده‌های چند متغیره، شناخت ارتباطات زیستی و کاربردی موجود بین صفات، کاهش تعداد زیادی از صفات همبسته به تعداد کمی از عامل‌ها و تشریح همبستگی‌های بین متغیرها به کار برده می‌شود. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی حالت خاصی از تجزیه به عامل‌ها است که در این حالت، تجزیه بدون چرخش فاکتورها انجام می‌گیرد. هدف از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی یافتن ترکیباتی از p متغیر جهت ایجاد شاخص‌های مستقل

(غیرهمبسته) می‌باشد. عدم همبستگی بین این شاخص‌ها یک ویژگی مفید است، زیرا عدم همبستگی به این معنی است که شاخص‌ها جنبه‌های متفاوتی از داده‌ها را اندازه‌گیری می‌نمایند (۲۸).

قبل از انجام تحلیل مؤلفه‌های اصلی الزام است دو موضوع بررسی گردند: (۱) کفایت نمونه‌برداری: برای اطمینان از مناسب بودن داده‌ها برای تحلیل مؤلفه‌های اصلی، از ضریب KMO استفاده می‌گردد (۱۴)، (۲) رابطه قوی بین متغیرها که توسط آزمون مربع کای بارتلت (همان آزمون کرویت بارتلت) بررسی می‌شود (۴). از اساسی‌ترین اقدامات در تحلیل مؤلفه‌های اصلی، انتخاب مؤلفه‌ها است. مؤلفه‌هایی که دارای ارزش ویژه یا بزرگتر از آن باشند، به‌عنوان مؤلفه اصلی انتخاب می‌شوند. همچنین از معیار انتخاب (SC) به‌منظور انتخاب و تفسیر ویژگی‌های مهم و کنترل‌کننده بیشترین تغییرات در هر مؤلفه استفاده می‌گردد

فاضلی و همکاران (۹) با بررسی ارتباط صفات مورفولوژیک با عملکرد دانه و تنوع آنها در لاین‌های موتانت نسل چهارم سویا با استفاده از روش تجزیه به عامل‌ها نشان دادند که چهار عامل مستقل از هم، مجموعاً ۸۸/۱۴ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه نمودند که عامل اول ۳۸/۸۹ درصد از واریانس کل را توجیه نمود و به‌عنوان عامل عملکرد نامگذاری شد. در مطالعه دیگر، مجیدیان و همکاران (۱۵) ارقام و لاین‌های خالص وارداتی سویا از نظر برخی خصوصیات زراعی و مقاومت به بیماری فیتوفترایی به‌صورت مقدماتی مورد ارزیابی قرار گرفتند که نتایج بیانگر وجود چهار عامل مستقل از هم مجموعاً ۸۸/۱۴ درصد از تغییرات کل داده‌ها که عامل اول ۳۸/۸۹ درصد از واریانس کل را توجیه نمود و به‌عنوان عامل عملکرد نام‌گذاری شد. در تحقیق دیگر، روابط بین عملکرد و اجزاء آن در لاین‌های امید بخش سویا ارزیابی شد (۱۲). نتایج تجزیه علیت مشخص کرد که عملکرد دانه در بوته، شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیکی دارای بیشترین اثرات مستقیم مثبت و صفات تعداد دانه در بوته و وزن صد دانه دارای اثرات غیر مستقیم مثبت بالایی بر عملکرد سویا بودند. در مطالعه‌ای، مسعودی و همکاران (۲۰) تجزیه به عامل‌های صفات مورفولوژیک و فنولوژیک در سویا را مورد ارزیابی قرار دادند (۲۰). نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد ۸۴ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کنند. این عامل‌ها با توجه به صفاتی که شامل شدند، تحت عنوان خصوصیات فنولوژیکی، عملکرد و اجزای آن، عامل ارتفاع، خصوصیات مغز بذر یا کیفیت، و عامل قدرت باروری نام‌گذاری شدند. تجزیه به عامل‌ها تعداد زیادی از متغیرهای همبسته را به تعداد کمتری عامل کاهش داد. تجزیه خوشه‌ای جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها کلیه ژنوتیپ‌ها را به سه گروه طبقه‌بندی کرد. به‌طورکلی نتیجه‌گیری شد که ارقام گروه یک شامل ارقام زودرس و با ارتفاع و عملکرد و اجزای عملکرد پایین، ارقام گروه دوم شامل ارقام متوسط رس و ارقام گروه سوم شامل ارقام دیر رس و با ارتفاع و عملکرد و اجزای عملکرد بالا می‌باشند (۲۰).

در مطالعه دیگر، تنوع ژنتیکی و روابط صفات زراعی در ژنوتیپ‌های سویا تحت شرایط آبیاری نرمال و تنش کم آبی ارزیابی شد (۲۳). بر اساس نتایج نمودار بای‌پلات، ژنوتیپ‌های D42×Will82، Chaleston×Mustang/12، L6-P79، DI-74 و D42.I9 از نظر عامل‌های مربوط به عملکرد تحت شرایط آبیاری نرمال و تنش کم آبی مقادیر بالایی نشان دادند که می‌توان از آن‌ها به‌عنوان ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا تحت شرایط آبیاری نرمال و تنش کم آبی یاد کرد. تجزیه به مؤلفه‌ها به‌عنوان یک روش آماری چند متغیره می‌تواند برای گروه‌بندی و رتبه‌بندی تعداد کثیری از صفات، ارتباط دادن آن‌ها به تعداد کمی از مؤلفه‌ها، تعیین ارتباطات بین اجزای عملکرد و ساختارهای مورفولوژیک معین، شناخت مفاهیم غیرقابل اندازه‌گیری یا صفات پنهانی موثر بر عملکرد، شاخص‌های موثر و مفید را در اهداف به‌نژادی شناسایی نماید (۲۳). در تحقیقی، سازگاری و پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های سویا از طریق تجزیه AMMI و GGE بای‌پلات بررسی شد. بر اساس معیار بای‌پلات ژنوتیپ‌های G18 (Williams×Steel/L4) و G20 (شاهد Williams) به‌ترتیب با عملکرد ۲۸۶۵ و ۲۹۲۷ کیلوگرم در هکتار به‌عنوان مطلوب‌ترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند (۳). در مطالعه دیگر، روابط بین عملکرد و اجزای آن در ژنوتیپ‌های مختلف سویا (*Glycine max L.*) با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره بررسی شد. در نتایج تجزیه به عامل‌ها نیز چهار عامل مستقل از هم، مجموعاً ۹۹/۹۲ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه نمودند. عامل اول با ۹۶/۷۱ درصد از واریانس کل را توجیه نمود که به‌عنوان عامل عملکرد نام‌گذاری شد (۱۰).

هدف از این تحقیق بررسی روابط فنولوژیکی و مورفولوژیکی موثر در ساختار ارقام وارداتی سویا از نظر عملکرد و دیگر صفات با استفاده تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به‌منظور استفاده از آن‌ها در برنامه‌های به‌نژادی آتی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

این آزمایش در سال ۱۳۹۹-۱۳۹۸ در ایستگاه تحقیقات کشاورزی بایع کالا واقع در مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی مازندران انجام گرفت. آزمایش به‌صورت طرح آگمنت با ۱۲۴ ژنوتیپ سویا متعلق به بانک ژن گیاهی کشور استرالیا و آلمان در قالب طرح آگمنت با چهار رقم شاهد (ساری، سحر، ویلیامز و تلار) در ۶ بلوک اجرا شد. بذور پس از آغشته شدن با باکتری تثبیت‌کننده ازت کاشته شدند. این ژنوتیپ‌ها شامل ارقام وارداتی و ارقام حاصل از برنامه‌های اصلاحی داخل کشور بودند. هر ژنوتیپ روی یک خط ۳ متری با فاصله ردیف ۶۰ سانتی‌متر و فاصله بین دو بوته ۵-۳ سانتی‌متر کاشته شد. در طی دوره رشد، اقدام به سه بار وجین دستی شد. عملیات کوددهی، مبارزه با آفات و بیماری‌ها بر اساس عرف منطقه انجام شد. اندازه‌گیری صفات با استفاده از ۵ بوته تصادفی از وسط هر کرت انجام پذیرفت. صفاتی که در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفتند عبارت بودند از تعداد روز تا گلدهی، روز تا غلاف‌دهی، روز تا شروع پر شدن دانه، روز تا پر شدن دانه، روز تا شروع رسیدگی، روز

استفاده شد. در هر عامل اصلی و مستقل ضرایب عاملی ۰/۳ به بالا معنی‌دار در نظر گرفته شدند. بزرگ‌ترین ضریب عاملی در هر عامل یا مجموعه‌ای از صفات معنی‌دار که در یک عامل از نظر مورفولوژیکی و یا فنولوژیکی متمایز و مهم بودند، برای نامگذاری عامل‌ها مورد استفاده قرار گرفت. برای تهیه ماتریس ضرایب عاملی، آن تعداد از عامل‌ها که ریشه مشخصه بزرگ‌تر از یک بود انتخاب شدند. نمودار بای‌پلات و تجزیه کلاستر با استفاده نرم‌افزار Stat Graphics بر اساس روش وارد (Ward's) و فاصله متریک مربع اقلیدسی (Squared Euclidean) ترسیم شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس شاهدها نشان داد که اختلاف معنی‌داری بین صفات مرتبط با عملکرد و اجزای آن در بین بلوک‌ها وجود ندارد و لذا هیچگونه تصحیحی روی صفات برای اثر بلوک ضروری به نظر نمی‌رسد (جدول ۱).

تا رسیدگی، زیست‌توده، ارتفاع بوته، تعداد گره ریشه، تعداد شاخه فرعی، تعداد غلاف در شاخه فرعی، تعداد کل غلاف، تعداد غلاف بدون بذر، تعداد بذر در غلاف، وزن بذرهای هر بوته، وزن صددانه، درصد روغن و پروتئین بودند. اندازه‌گیری میزان روغن و پروتئین با استفاده از دستگاه مدل Lumex Infralum FT-12 NIR ساخت شرکت سازنده Spectron انجام شد.

به‌منظور تعیین وضعیت یکنواختی زمین آزمایشی، تجزیه واریانس یک‌طرفه شاهدها برای کلیه صفات عملکرد و اجزای آن در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با استفاده از نرم‌افزار SPSS نسخه ۱۶ انجام شد. جهت بررسی کفایت نمونه و کافی بودن حجم نمونه‌ها در تجزیه و تحلیل آماری عاملی از آزمون KMO و بارتلت با استفاده از نرم‌افزار SPSS نسخه ۱۶ استفاده شد که شاخص بالای ۰/۷ مورد تایید بود. برای انجام تجزیه عامل‌ها از نرم‌افزار Stat Graphics نسخه ۱۸-۶۴ و با استفاده از تکنیک تجزیه به مولفه‌های اصلی

جدول ۱- تجزیه واریانس شاهدها برای تمامی صفات مورد مطالعه

Table 1. The analysis of variance of control samples for all studied traits

Pr>F	میانگین مربعات	درجه آزادی	منابع تغییر
۰/۰۵۹۸	۴۹۵/۳۰۸۷	۵	تکرار
۰/۰۰۱۷	۱۴۹۹/۶۰۴**	۳	تیمار
	۱۸۱/۰۶۸۵	۱۵	خطا
۴۰/۴۴۲۸۲			ضریب تغییرات (%)

** معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد

۷/۹۵۰ درصد از تغییرات داده‌ها بزرگ‌ترین ضرایب را در صفات تعداد غلاف‌های پوچ، وزن بذر هر بوته و تعداد روز تا گلدهی نشان داد (جدول ۲).

در پژوهشی، تنوع صفات زراعی در تیپ‌های رشدی متفاوت سویا با استفاده از تجزیه به مولفه‌های اصلی بررسی شد. نتایج تجزیه به مولفه‌ها نشان داد که در ژنوتیپ‌های با تیپ رشدی محدود، نیمه‌محدود و نامحدود به ترتیب ۵، ۴ و ۳ مولفه مجموعاً به ترتیب ۸۹/۷۵، ۸۲/۷۵ و ۸۲/۹۵ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه کردند. از لحاظ عملکرد در بین ژنوتیپ‌های رشد محدود، نیمه‌محدود و نامحدود به ترتیب ژنوتیپ‌های Alianka، Dorekswie A2 و B-121 دارای بالاترین عملکرد دانه در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی در بای‌پلات حاصل از مولفه اول و دوم بودند (۱۳). در پژوهش دیگر، نتایج تجزیه همبستگی ۵۶ ژنوتیپ سویا نشان دادند که عملکرد دانه دارای همبستگی‌های مثبت و معنی‌دار با تعداد روز تا گلدهی و رسیدگی، ارتفاع گیاه، تعداد غلاف در گیاه می‌باشد. تجزیه به مولفه‌های اصلی نشان داد که صفات تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع گیاه، تعداد غلاف در گیاه بیشترین تنوع بین ژنوتیپ‌ها را توجیه می‌کنند. در اولین مولفه اصلی صفات تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع گیاه و تعداد غلاف در گیاه دارای بیشترین ضرایب بودند (۵).

تجزیه به مولفه‌های اصلی سهم مهم‌ترین صفات را در تنوع ژنتیکی کل توصیف می‌کند. تجزیه به مولفه‌های اصلی کاربردهای مختلفی دارد، برای مثال، مطالعه تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها که منجر به شناسایی و انتخاب امیدبخش‌ترین

در این مطالعه، قبل از اقدام به تحلیل آماری عاملی، کافی بودن حجم نمونه‌ها با استفاده از آزمون KMO و بارتلت ارزیابی شد و نتایج بیانگر بالاتر بودن شاخص KMO برابر با ۰/۷۹۶ بود. به علاوه، مقدار آماره بارتلت (۱/۹۷۳E۳) در سطح احتمال یک‌درصد معنی‌دار بود. این نتایج نشان داد که تحلیل مولفه‌های اصلی می‌تواند برای کاهش تعداد داده و متغیرهای مورد مطالعه سودمند باشد. نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد که در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه تعداد ۴ مولفه که دارای ریشه مشخصه بزرگ‌تر از یک بودند مجموعاً ۷۰/۰۸۰ درصد از کل واریانس متغیرها را توجیه کردند (جدول ۲). عامل اول ۳۲/۸۳۵ درصد از تغییرات متغیرها نشان داد و بزرگترین ضرایب عاملی آن متعلق به تعداد روز تا غلاف‌دهی، تعداد روز تا شروع پر شدن دانه، تعداد روز تا پر شدن دانه، تعداد روز تا شروع رسیدگی، تعداد روز تا رسیدگی و میزان روغن بود. در این جداول میزان واریانس هر عامل که نشان‌دهنده اهمیت آن عامل در نشان‌دادن بخشی از واریانس کل صفات مورد بررسی به صورت درصد بیان شده‌است. با توجه به ضرایب بزرگی که این عامل برای صفات فوق‌الذکر نشان داد، نام این مولفه عامل فنولوژیکی بوته نامگذاری شد. عامل دوم ۱۶/۷۹۲ درصد از تغییرات داده‌ها را نشان داد که بزرگترین ضرایب آن شامل صفات تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی، تعداد کل غلاف‌ها و تعداد بذر در غلاف بود. در عامل سوم، ۱۲/۵۰۲ درصد از تغییرات داده‌ها مشاهده شد که بزرگترین ضرایب آن در تعداد غلاف‌های پوچ، وزن بذر هر بوته و تعداد روز تا گلدهی مشاهده شد. عامل چهارم با

ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین باعث بیشترین تنوع در بین ژنوتیپ‌ها بوده است (۲). تجزیه همبستگی صفات مورد بررسی در تحقیق ایشان نشان داد که عملکرد دانه بیشترین همبستگی مثبت را با صفت تعداد غلاف در گیاه داشته است و بیشترین همبستگی منفی را با ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین داشت. تجزیه علیت نیز نشان داد که ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین بیشترین اثر مستقیم منفی را روی عملکرد دارد (۲).

ژنوتیپ‌ها برای کشت و توسعه می‌گردد. به‌علاوه، از این طریق می‌توان اهمیت نسبی ویژگی‌های تنوع کل در دسترس در میان ژنوتیپ‌ها را ارزیابی کرد. همچنین، تجزیه به مولفه‌های اصلی در مطالعات سازگاری و پایداری می‌تواند مدنظر قرار گیرد، از این جهت که ژنوتیپ‌هایی با پتانسیل کاشت تحت شرایط رشدی اختصاصی می‌توانند شناسایی شوند (۷). اندوور و همکاران (۲۰۱۳) با بررسی ۱۷ ژنوتیپ سویا، بوسیله تجزیه به مولفه‌های اصلی نتیجه‌گیری کردند که صفات تعداد غلاف در گیاه، عملکرد دانه، ارتفاع گیاه و

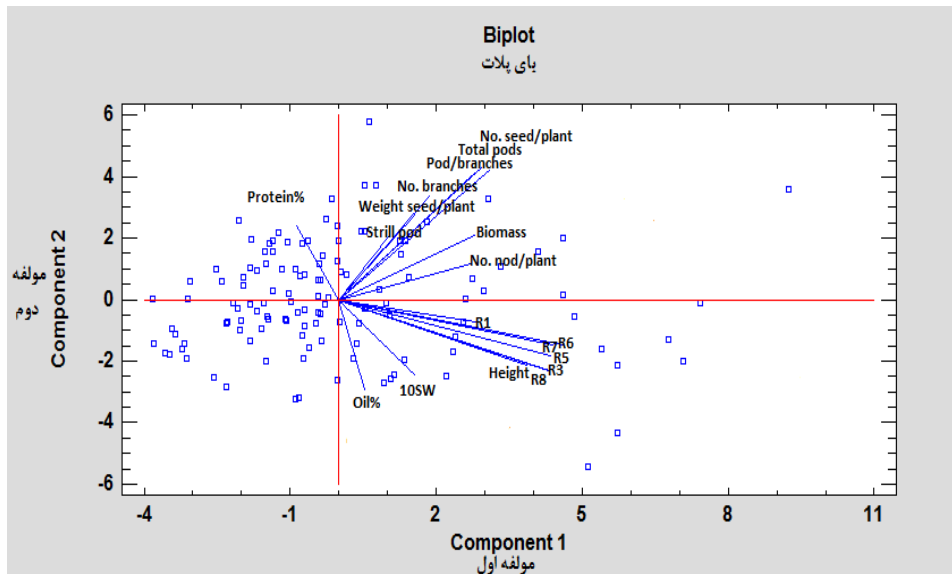
جدول ۲- نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های سویا

Table 2. The principle component analysis for all studied traits in soybean genotypes

صفات	مولفه اول	مولفه دوم	مولفه سوم	مولفه چهارم
تعداد روز تا گلدهی	۰/۳۳۲۹۹۷	-۰/۱۳۱۴۷	-۰/۰۲۶۶۲۳۵۳	-۰/۱۰۷۱۴۷
تعداد روز تا غلاف‌دهی	۰/۳۵۷۱۳۶	-۰/۱۹۳۶۵۶	-۰/۰۰۴۶۱۸۶۵	-۰/۰۳۶۶۵۶۴
تعداد روز تا شروع پر شدن دانه	۰/۳۴۸۱۳۸	-۰/۲۳۱۵۲۹	۰/۰۰۷۳۶۰۵۴	۰/۰۶۲۶۶۸۹
تعداد روز تا پر شدن دانه	۰/۳۵۲۹۴۸	-۰/۲۰۶۶۱۸	۰/۰۰۸۹۲۸۴۹	۰/۱۲۸۹۶۶
تعداد روز تا شروع رسیدگی	۰/۳۳۶۲۵۵	-۰/۲۲۵۱۴۹	-۰/۰۰۰۱۲۶۶۲۳	۰/۱۷۶۹۸۸
تعداد روز تا رسیدگی	۰/۳۱۱۵۴۹	-۰/۱۷۸۳۳۹	-۰/۰۱۰۹۷۸۵	۰/۲۲۲۵۰۹
ارتفاع	۰/۱۸۹۹۸۷	-۰/۳۳۸۰۰۲	۰/۳۳۳۱۰۴	-۰/۲۷۵۵۴۹
تعداد گره بوته	۰/۱۸۱۷۶۹	-۰/۱۱۴۰۵۶	-۰/۲۱۴۹۱۵	-۰/۴۲۱۴۰۷
تعداد شاخه‌های فرعی	۰/۱۴۸۴۷۷	۰/۳۰۸۰۸۵	۰/۰۵۷۸۹۳۹	۰/۰۶۹۱۴۶۷
تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی	۰/۲۲۷۵۷۵	۰/۴۱۴۰۰۳	۰/۰۶۳۴۱۸۹	۰/۰۶۵۸۸۰۳
تعداد کل غلاف‌ها	۰/۲۴۱۰۴۸	۰/۴۱۳۴۱۸	۰/۱۳۱۸۱۳	-۰/۰۲۷۳۴۷۳
تعداد غلاف‌های بدون بذر	۰/۰۷۱۱۱۸۳	۰/۲۲۸۱۷۱	۰/۲۷۸۱۷۴	۰/۱۰۷۰۵۲
تعداد بذر در بوته	۰/۲۱۰۶۰۵	۰/۴۲۴۷۷۱	۰/۱۷۰۳۵۴	-۰/۰۰۴۸۴۶۷۷
وزن بذر هر بوته	۰/۱۱۵۸۱۲	۰/۱۲۲۰۴۶	-۰/۵۵۰۶۱	-۰/۱۳۹۰۸۶
زیست‌توده	۰/۱۶۳۳۷۶	۰/۱۱۵۲۱۱	-۰/۴۸۸۱۶	-۰/۳۶۸۰۲۲
درصد روغن	-۰/۰۰۴۱۵۵۵۶	-۰/۱۷۴۱۶۱	۰/۲۸۱۱۳۶	-۰/۳۳۰۱۷۲
درصد پروتئین	-۰/۰۹۰۹۶۸۶	-۰/۰۵۲۴۸۸۴	۰/۰۶۶۹۰۵۹	-۰/۵۰۵۸۳۴
وزن ۱۰۰ دانه	۰/۰۷۹۳۲۸۳	-۰/۱۵۶۷۱۸	۰/۲۹۲۸۶۹	-۰/۳۹۳۱۹۴
مقدار ویژه	۵/۹۱۰۲۹	۳/۰۲۲۶۱	۲/۲۵۰۴	۱/۴۳۱۰۸
درصد واریانس	۳۲/۸۳۵	۲۲/۷۹۲	۱۲/۵۰۲	۷/۹۵۰
درصد تجمعی واریانس	۳۲/۸۳۵	۴۹/۶۲۷	۶۲/۱۲۹	۷۰/۰۸۰

ارزیابی شد و نتایج نمودار بای‌پلات اولین و دومین مولفه نشان داد که ژنوتیپ‌های $Spry \times Savoy3.D42 \times Will82$ و $Liana \times L32/2$ و $Chaleston \times Mustang/12$ ژنوتیپ‌های متحمل در برابر تنش آبی با عملکرد بالا و ژنوتیپ‌های $GN2011$ و $GN2087$ ، $GN2167$ ، $GN2171$ به‌عنوان ژنوتیپ‌های حساس به تنش آبی معرفی شدند (۲۷). در مطالعه دیگر، صفات گیاهشناسی و زراعی برخی از ژنوتیپ‌های سویا با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره بررسی شد. نتایج نمودار بای‌پلات صفات فنولوژیکی (PC1) و اجزای عملکرد (PC2) نشان داد که الگوی توزیع ژنوتیپ‌ها با نتایج کلاستر بندی همسو بود و ژنوتیپ‌های $GN1130$ ، $GN1028$ ، $GN2129$ و $GN2122$ می‌توانند به‌علت عملکرد بالا و تعداد بالای بذر در گیاه و تیپ رشدی نامحدود به‌عنوان ژنوتیپ‌های پر پتانسیل جهت اجرای برنامه‌های اصلاحی بعدی مورد مطالعه قرار گیرند (۸).

به‌منظور نمایش جهت و اهمیت هر متغیر از بای‌پلات استفاده شد که نتیجه آن به‌همراه بعضی از ژنوتیپ‌ها در شکل ۱ آورده شده است. بیشتر صفات مربوط به عملکرد و اجزای آن و صفات مربوط به دوره رویشی در دو ناحیه قرار گرفته‌اند، و تنها صفتی که به‌صورت جداگانه قرار گرفته است درصد پروتئین می‌باشد (شکل ۱). با استفاده از این شکل می‌توان ژنوتیپ مطلوب از نظر دو عامل اول و دوم را شناسایی نمود. با توجه به نتایج می‌توان نتیجه‌گیری کرد که در اصلاح برای هر مؤلفه باید به صفات مرتبط با آن مؤلفه توجه شود به این دلیل که ژن یا ژن‌هایی که صفت تعداد دانه در بوته را کنترل می‌کنند، وزن بوته، وزن دانه در بوته و صفات دیگر معنی‌دار در این مؤلفه را نیز به احتمال خیلی‌زیاد کنترل می‌کنند و مؤلفه یا ژنی که این صفات را کنترل می‌کند، مؤلفه یا ژن مشترک می‌باشد و بدین ترتیب از نتایج این قسمت می‌توان در اصلاح نباتات به‌ویژه در انتخاب غیرمستقیم استفاده نمود. در مطالعه‌ای، تحمل به تنش آبی ژنوتیپ‌های مختلف سویا



شکل ۱- بای پلات عامل اول و دوم حاصل از تجزیه به مولفه‌ها برای ژنوتیپ‌های سویا

Figure 1. Biplot of first and second component obtained from principle component analysis for soybean genotypes

فرعی، تعداد کل غلاف‌ها و تعداد بذر در بوته در خوشه اول به‌ترتیب برابر با ۳۰/۱۹، ۲۶/۱۲، ۶۳/۴۷، ۸۰/۸۲، ۹۶/۰۱، ۱۲۱/۰۰، ۷۸/۳۱، ۳/۶۵، ۴۴/۳۹، ۸۰/۱۷ و ۲۲۵/۴۳ و در خوشه دوم ۵۱/۲۶، ۴۶/۹۷، ۵۹/۸۷، ۷۵/۱۸، ۹۱/۴۴، ۱۱۶/۴۱، ۶۵/۱۲، ۲/۵۸، ۱۶/۳۲، ۳۸/۱۴ و ۱۰۹/۶۲ بود (جدول ۳). ژنوتیپ‌های خوشه اول از نظر میانگین صفات تعداد روز تا شروع پر شدن دانه، تعداد روز تا پر شدن دانه، تعداد روز تا شروع رسیدگی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع، تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی، تعداد کل غلاف‌ها و تعداد بذر در بوته نسبت به خوشه دیگر بیشترین مقدار را به‌خود اختصاص دادند. بنابراین می‌توان انتظار داشت که ژنوتیپ‌های گروه اول سبب افزایش عملکرد دانه گردد. بر اساس نتایج حاصل از دندروگرام، ارقام گروه یک شامل ارقام زودرس با میزان پروتئین، تعداد بذر در بوته، تعداد غلاف در بوته پایین و میزان روغن بالا بودند. ارقام گروه دو که شامل ارقام دیررس از جمله ارقام شاهد تالار، ساری، سحر و ویلیامز بودند، بیشترین میزان پروتئین، تعداد بذر در بوته، تعداد کل غلاف و میزان روغن پایین‌تر را نشان دادند (شکل ۲). بیشترین میزان پروتئین و کمترین میزان روغن به‌ترتیب برابر با ۳۹/۹۴ درصد و ۲۰/۰۵ درصد در ژنوتیپ Forrest نسبت به شاهد متعلق به گروه دوم مشاهده شد. بیشترین میزان روغن (۲۲/۹۰ درصد) و کمترین میزان پروتئین (۲۸/۶۵ درصد) به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های Crawford و Mandurska2 نسبت به شاهد متعلق به گروه ۱ مشاهده شد. تجزیه خوشه‌ای یا کلاستر بندی افراد را به گروه‌های مختلف تقسیم می‌کند تا شباهتشان در درون یک گروه و تفاوتشان در میان گروه‌ها را نشان دهد. روش سلسله‌مراتبی نمونه‌ها را از طریق ارتباطشان با تولید یک دندروگرام که نمونه‌های مشابه در گروه مشابهی قرار می‌گیرند به‌هم متصل می‌کند. از این‌رو، از تجزیه کلاستر می‌توان به‌طور کارآمد

جدول ۳ میانگین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را نشان می‌دهد. بیشترین تعداد شاخه‌های فرعی و تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی به‌ترتیب در رقم تالار با میانگین ۶/۲۸ و ۷۷ عدد و کمترین تعداد در رقم Hack (REP2) برابر با صفر مشاهده شد. بیشترین تعداد غلاف در کل گیاه برابر با ۱۲۰ عدد در رقم تالار و کمترین تعداد برابر با ۷ عدد در رقم Noir des frères dippe مشاهده شد. بیشترین تعداد بذر در گیاه در رقم Nikogri برابر با ۳۱۲ عدد و کمترین تعداد بذر در گیاه در رقم Noir des frères dippe حاصل شد. بالاترین تعداد روز تا شروع پر شدن دانه در رقم Osage و پایین‌ترین آن در رقم Heimkraft I (Samenfarbe) دیده شد. بالاترین و پایین‌ترین تعداد روز تا پر شدن دانه به ترتیب متعلق به ارقام Smith super (۹۵ روز) و Cayuga، Heimkraft I، Juhomoravska drobnozrna، Vilnensis، (samenfarbe) Ruska Zlta و Zlta (۴۱ روز) بود. بیشترین تعداد روز تا شروع رسیدگی متعلق به رقم Forrest و کمترین تعداد روز تا شروع رسیدگی در رقم Locala11 بود. بالاترین تعداد روز تا رسیدگی در رقم Osage (۱۳۵ روز) و کمترین آن در رقم Heimkraft I (Samenfarbe) (۶۱ روز) مشاهده شد (جدول ۳).

تجزیه خوشه‌ای جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از روش وارد بر صفات معنی‌دار در دو عامل اول و دوم انجام گرفت و نهایتاً ۲ گروه بر اساس دندروگرام حاصله انتخاب شدند (جدول ۴). گروه اول با داشتن ۸۳ ژنوتیپ بیشترین ژنوتیپ‌ها را در خود جای داد و گروه دو شامل ۴۱ ژنوتیپ بود. مقایسه میانگین برای صفات موردنظر نیز در هر گروه انجام شد (جدول ۴). میانگین صفات تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا غلاف‌دهی، تعداد روز تا شروع پر شدن دانه، تعداد روز تا پر شدن دانه، تعداد روز تا شروع رسیدگی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع، تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد غلاف در شاخه‌های

دسته‌بندی شدند. به‌علاوه، صفت تعداد روز تا گلدهی کارآمدترین صفت جهت توصیف تفاوت‌ها در میان ژنوتیپ‌های سویا بود و یکی از صفات اصلی جهت شاخص انتخاب ارقام و ژنوتیپ‌های سویا در برنامه‌های اصلاحی در نظر گرفته شد (۲۲). در پژوهشی، تنوع ژنتیکی ۵۰ رقم سویا بر اساس ۱۲ ویژگی زراعی مختلف ارزیابی شد. نتایج گروه‌بندی نشان‌داد که ارتباطی از نظر تنوع جغرافیایی و ژنتیکی در ارقام سویا مورد مطالعه وجود نداشت. گروه‌های ۹ و ۱۰ گروه‌های دور از هم و گروه‌های ۳ و ۸ نزدیک‌ترین گروه‌ها به یکدیگر بودند (۲۶).

یکی از شاخص‌های ارزیابی میزان و درجه ارتباط بین صفات، تعیین ضرایب همبستگی می‌باشد. نتایج همبستگی ساده فنوتیپی بین صفات مورد مطالعه در (جدول ۵) نشان می‌دهد که بیشترین ضرایب متعلق به همبستگی مثبت و معنی‌دار بین تعداد کل غلاف‌ها و تعداد بذر در بوته (** $0/940$)، تعداد روز تا شروع پر شدن دانه و تعداد روز تا پر شدن دانه (** $0/918$)، تعداد روز تا غلاف‌دهی و تعداد روز تا شروع پر شدن دانه (** $0/903$)، تعداد روز تا پر شدن دانه و تعداد روز تا شروع رسیدگی (** $0/892$)، تعداد روز تا شروع رسیدگی و تعداد روز تا رسیدگی (** $0/875$)، تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی و تعداد کل غلاف‌ها (** $0/870$)، تعداد روز تا غلاف‌دهی و تعداد روز تا پر شدن دانه (** $0/857$)، تعداد روز تا گلدهی و تعداد روز تا غلاف‌دهی (** $0/840$)، تعداد روز تا شروع پر شدن دانه و تعداد روز تا شروع رسیدگی (** $0/832$)، و تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی و تعداد بذر در بوته (** $0/824$) بود (جدول ۵). به‌علاوه، سایر صفات به جز تعداد شاخه‌های فرعی همبستگی مثبت و معنی‌دار را با سایر صفات نشان دادند که این امر می‌تواند بیانگر صحت کلاستر بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه سویا بر مبنای صفات مورد مطالعه باشد. به‌طور کلی بر اساس نتایج به‌دست آمده از این تحقیق می‌توان نتیجه گرفت که از صفات مورفولوژیکی و فنولوژیکی مختلف جهت اصلاح ارقام مختلف سویا با هدف تولید ارقام زودرس، افزایش عملکرد روغن، پروتئین و دانه استفاده کرد.

جهت انتخاب ژنوتیپ استفاده کرد و مکمل روش PCA می‌باشد. تحقیقات گذشته نشان داده‌اند که روش‌های تجزیه کلاستر و تجزیه به مولفه‌های اصلی به‌منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی عملکرد بذر در سویا بسیار موثر و کارآمد می‌باشند (۱۱،۱۵،۱۶،۲۴). در پژوهشی مشابه، تنوع ژنتیکی ۴۸ ژنوتیپ سویا با استفاده از نشانگرهای ISSR و صفات مورفولوژیکی مطالعه شد. نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها را در چهار گروه دسته‌بندی کرد و بر اساس صفات مورفولوژیک در سه گروه مجزا قرار گرفتند (۱۸). در مطالعه دیگر، ارزیابی مقدماتی ارقام و لاین‌های خالص وارداتی سویا از نظر برخی خصوصیات زراعی و مقاومت به بیماری فیتوفترایی انجام شد. ژنوتیپ‌های مورد نظر به چهار گروه بر اساس تجزیه کلاستر برای کلیه صفات زراعی تقسیم شدند. به‌علاوه ارزیابی واکنش ارقام و لاین‌های خالص وارداتی سویا به بیماری پوسیدگی فیتوفترایی نشان داد که از بین ۵۴ ژنوتیپ تعداد ۲۲ ژنوتیپ دارای واکنش نیمه‌مقاوم و مقاوم بودند. به‌علاوه، نتایج کلاستر بندی ارقام بر اساس مقاومت به بیماری، آن‌ها را در دو گروه اصلی و چهار زیرگروه قرار داد (۱۷). در آزمایش دیگر، روابط بین صفات زراعی و فیزیولوژیکی سویا و گروه‌بندی ژنوتیپ‌های سویا تحت تأثیر کاربرد گوگرد ارزیابی شد. تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد بررسی را در دو خوشه مجزا گروه‌بندی کرد. ژنوتیپ‌های گروه اول به‌علت داشتن مقادیر بالای صفات مورد بررسی دارای ارزش بیشتری می‌باشند و می‌توان از این ژنوتیپ‌ها برای گزینش ژنوتیپ‌های پر محصول و صفات زراعی مطلوب در برنامه‌های اصلاحی استفاده کرد (۱). در مطالعه‌ای، ۴۶ ژنوتیپ سویا از نظر صفات زراعی مورد ارزیابی قرار گرفتند که نتایج تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر کلیه صفات مورد ارزیابی بجز صفت تعداد غلاف در گیاه تفاوت معنی‌داری با یکدیگر داشتند. ضرایب همبستگی نشان داد که عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی‌داری با صفت تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی داشت (۲۵). در مطالعه دیگر، تنوع ژنتیکی ارقام سویا با استفاده از متغیرهای تک‌ و چندتایی بررسی شد. بر اساس نتایج به‌دست آمده از روش‌های توچر و UPGMA، نمونه‌های سویا به‌ترتیب در ۸ و ۷ گروه

جدول ۳- مشخصات ژنوتیپ‌های مورد مطالعه

Table 3. The characteristics of the genotypes studied

ردیف	نام ژنوتیپ	تعداد شاخه‌های فرعی	تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی	تعداد کل غلاف	تعداد بذر در بوته	تعداد روز تا شروع پر شدن دانه	تعداد روز تا پر شدن دانه	تعداد روز تا شروع رسیدگی	روز تا رسیدگی	محتوای روغن (درصد)	محتوای پروتئین (درصد)
۱	cayuga	۰/۳۳	۱/۳۳	۳۹/۰۰	۱۰۴/۰۰	۳۴/۰۰	۴۱/۰۰	۶۴/۰۰	۸۱/۰۰	۲۲/۰۲	۳۶/۴۵
۲	heimkraftIsamenfarbe	۲/۰۰	۱۰/۶۷	۳۶/۳۳	۸۴/۷۸	۳۱/۰۰	۴۱/۰۰	۶۴/۰۰	۶۱/۰۰	۲۲/۵۶	۳۷/۰۰
۳	vilnensis	۱/۳۳	۲۵/۰۰	۳۸/۰۰	۱۲۶/۶۷	۳۵/۰۰	۴۱/۰۰	۶۷/۰۰	۸۰/۰۰	۲۲/۴۲	۳۵/۸۷
۴	altonagaarden	۵/۳۳	۱۰/۰۰	۳۰/۰۰	۸۰/۰۰	۴۰/۰۰	۵۰/۰۰	۷۶/۰۰	۹۳/۰۰	۲۲/۰۲	۳۶/۹۰
۵	lilablüte	۱/۰۰	-/۰۰	۱۳/۳۳	۴۰/۰۰	۳۴/۰۰	۴۶/۰۰	۵۷/۰۰	۱۳۵/۰۰	۲۲/۱۱	۳۶/۵۶
۶	sari	۲/۹۴	۴۶/۷۸	۸۴/۸۹	۲۴۲/۸۰	۷۷/۱۷	۸۹/۱۷	۹۹/۵۰	۱۳۴/۳۳	۲۱/۶۸	۳۷/۳۲
۷	locala11	۲/۶۷	۳۱/۶۷	۶۹/۶۷	۲۰۹/۰۰	۳۷/۰۰	۴۸/۰۰	۵۶/۰۰	۲۲/۳۱	۱۱۰/۰۰	۳۷/۰۱
۸	juhomoravskadrobnorzna1ta	۲/۰۰	۱۸/۳۳	۴۲/۳۳	۱۲۷/۰۰	۳۶/۰۰	۴۱/۰۰	۷۹/۰۰	۱۱۰/۰۰	۲۲/۰۴	۳۶/۹۸
۹	ruskaz1ta	۳/۳۳	۹/۶۷	۳۶/۰۰	۱۰۸/۰۰	۲۶/۰۰	۴۱/۰۰	۸۰/۰۰	۹۱/۰۰	۲۰/۷۳	۳۹/۵۸
۱۰	cina5202	۳/۶۷	۸/۰۰	۲۴/۳۳	۷۳/۰۰	۳۵/۰۰	۴۱/۰۰	۷۵/۰۰	۹۲/۰۰	۲۲/۲۸	۳۸/۰۲
۱۱	slovenskadrobnorzna	۴/۳۳	۲۶/۶۷	۴۱/۰۰	۱۴۴/۰۰	۵۶/۰۰	۶۲/۰۰	۹۳/۰۰	۲۱/۷۶	۲۱/۷۶	۳۸/۷۶
۱۲	sahar	۴/۷۲	۷۶/۱۷	۵۵/۳۳	۱۶۶/۰۰	۷۲/۸۳	۸۵/۳۳	۹۷/۵۰	۱۰۴/۰۰	۲۲/۰۵	۳۷/۲۹
۱۳	chicorep	۲/۳۳	۱۶/۰۰	۳۵/۶۷	۸۳/۲۲	۵۱/۰۰	۵۷/۰۰	۸۱/۰۰	۱۳۵/۰۰	۲۱/۶۵	۳۸/۴۱
۱۴	pagodarep	۳/۳۳	۱۵/۳۳	۳۴/۳۳	۱۰۳/۰۰	۴۶/۰۰	۵۸/۰۰	۷۲/۰۰	۹۱/۰۰	۲۰/۸۸	۳۹/۰۵
۱۵	reatzrep2	۲/۰۰	۸/۶۷	۲۱/۰۰	۶۳/۰۰	۵۲/۰۰	۵۸/۰۰	۱۳۴/۰۰	۸۱/۰۰	۲۲/۳۱	۳۸/۸۱
۱۶	simpsonrep	۴/۶۷	۷/۶۷	۳۰/۳۳	۹۱/۰۰	۵۳/۰۰	۵۹/۰۰	۷۳/۰۰	۱۰۳/۰۰	۲۲/۳۶	۳۸/۴۰
۱۷	hodoninskazluta	۳/۰۰	۲۲/۶۷	۱۰۴/۰۰	۳۱۲/۰۰	۴۶/۰۰	۵۸/۰۰	۷۵/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۱/۸۹	۳۶/۷۹
۱۸	williams	۳/۵۶	۴۲/۹۴	۶۰/۷۲	۱۸۲/۱۷	۶۹/۶۷	۸۳/۶۷	۹۴/۸۳	۱۲۲/۵۰	۲۱/۷۹	۳۸/۰۸
۱۹	izjhua	۳/۰۰	۴۱/۳۳	۵۸/۰۰	۱۷۴/۰۰	۵۵/۰۰	۶۱/۰۰	۷۵/۰۰	۱۰۳/۰۰	۲۱/۹۹	۳۷/۸۹
۲۰	mandurska2	۱/۶۷	۱۹/۶۷	۳۰/۰۰	۱۰۰/۰۰	۴۴/۰۰	۵۷/۰۰	۷۵/۰۰	۸۸/۰۰	۲۲/۱۸	۲۸/۶۵
۲۱	mediachev	۲/۰۰	۶/۰۰	۲۶/۳۳	۷۹/۰۰	۴۶/۰۰	۵۴/۰۰	۷۴/۰۰	۷۴/۰۰	۲۰/۳۶	۳۸/۶۵
۲۲	oacdorado	۲/۰۰	۱۲/۳۳	۳۷/۳۳	۱۱۲/۰۰	۴۲/۰۰	۵۵/۰۰	۷۰/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۱/۹۷	۳۹/۴۴
۲۳	oacshirerep	۱/۰۰	۲/۶۷	۴۰/۳۳	۱۰۷/۵۶	۵۱/۰۰	۵۷/۰۰	۷۲/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۰/۴۷	۳۴/۸۲
۲۴	telar	۶/۲۸	۷۷/۰۰	۱۲/۰۰	۳۰۰/۰۰	۷۵/۰۰	۸۴/۸۳	۹۹/۱۷	۱۳۴/۸۳	۲۲/۱۰	۳۶/۶۲
۲۵	rampagerep	۳/۳۳	۱۶/۳۳	۵۳/۰۰	۱۵۹/۰۰	۵۱/۰۰	۶۶/۰۰	۷۶/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۱/۶۵	۳۷/۹۹
۲۶	sibley	۳/۳۳	۱۴/۳۳	۲۵/۶۷	۹۵/۱۱	۵۴/۰۰	۶۵/۰۰	۷۶/۰۰	۱۱۱/۰۰	۲۲/۲۹	۳۸/۰۱
۲۷	stride	۲/۶۷	۲۹/۰۰	۵۲/۳۳	۱۶۰/۰۰	۴۶/۰۰	۵۸/۰۰	۷۷/۰۰	۹۲/۰۰	۲۲/۷۳	۳۷/۲۹
۲۸	pi475822a	۴/۰۰	۲۵/۶۷	۵۶/۳۳	۱۶۹/۰۰	۴۴/۰۰	۶۱/۰۰	۷۸/۰۰	۹۳/۰۰	۲۰/۶۶	۳۹/۲۲
۲۹	apollo	۴/۳۳	۲۹/۶۷	۵۶/۰۰	۱۳۰/۶۷	۴۴/۰۰	۶۶/۰۰	۷۷/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۱/۶۵	۳۸/۶۵
۳۰	beeson	۳/۰۰	۳۷/۰۰	۸۷/۳۳	۲۶۲/۰۰	۵۵/۰۰	۷۶/۰۰	۹۱/۰۰	۱۱۰/۰۰	۲۱/۹۲	۳۷/۰۱
۳۱	beeson80	۱/۰۰	۲/۳۳	۳۴/۶۷	۸۰/۸۹	۵۴/۰۰	۷۷/۰۰	۸۵/۰۰	۱۱۰/۰۰	۲۲/۳۲	۳۷/۶۵
۳۲	colfax	۰/۶۷	۹/۶۷	۳۸/۰۰	۱۱۴/۰۰	۵۲/۰۰	۶۶/۰۰	۷۷/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۱/۶۲	۳۹/۳۱
۳۳	hackrep2	۰/۰۰	-/۰۰	۲۰/۰۰	۵۳/۳۳	۵۰/۰۰	۶۷/۰۰	۸۲/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۲/۰۷	۳۸/۴۱
۳۴	provar	۴/۳۳	۱۰/۶۷	۴۲/۰۰	۱۴۰/۰۰	۵۲/۰۰	۶۱/۰۰	۷۱/۰۰	۹۳/۰۰	۲۱/۴۵	۳۹/۶۸
۳۵	rcatalliancerep	۲/۶۷	۱۸/۳۳	۱۲۷/۰۰	۵۰/۰۰	۴۲/۰۰	۷۵/۰۰	۹۲/۰۰	۱۱۵/۶۶	۲۱/۵۶	۳۷/۶۶
۳۶	sandusky	۲/۳۳	۲۵/۶۷	۷۳/۶۷	۲۲۱/۰۰	۵۲/۰۰	۶۵/۰۰	۷۵/۰۰	۱۱۱/۰۰	۲۲/۱۲	۳۸/۰۴
۳۷	vertex	۴/۰۰	۲۴/۳۳	۶۰/۰۰	۱۶۰/۰۰	۵۳/۰۰	۶۱/۰۰	۷۲/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۲/۰۲	۳۹/۰۲
۳۸	t295h	۲/۳۳	۲۱/۶۷	۵۳/۰۰	۱۵۹/۰۰	۵۴/۰۰	۶۲/۰۰	۷۶/۰۰	۱۱۲/۰۰	۲۱/۴۶	۳۸/۸۷
۳۹	apex	۲/۶۷	۳/۶۷	۳۲/۰۰	۶۹/۰۰	۵۳/۰۰	۶۲/۰۰	۸۵/۰۰	۱۱۴/۰۰	۲۱/۷۸	۳۸/۷۸
۴۰	pella	۳/۳۳	۱۸/۰۰	۵۹/۰۰	۱۵۷/۳۳	۶۳/۰۰	۷۱/۰۰	۸۶/۰۰	۱۱۰/۰۰	۲۲/۳۰	۳۷/۸۲
۴۱	yale	۱/۰۰	۸/۰۰	۵۱/۰۰	۱۳۶/۰۰	۶۳/۰۰	۸۱/۰۰	۹۱/۰۰	۱۱۱/۰۰	۲۲/۶۵	۳۸/۴۶
۴۲	1753735	۰/۶۷	۶/۶۷	۴۷/۰۰	۱۲۵/۳۳	۵۴/۰۰	۷۰/۰۰	۸۲/۰۰	۱۱۰/۰۰	۲۰/۳۲	۳۹/۰۵
۴۳	s3999	۴/۳۳	۳۱/۳۳	۴۳/۶۷	۱۱۶/۴۴	۵۵/۰۰	۷۳/۰۰	۹۱/۰۰	۱۱۹/۰۰	۲۱/۴۹	۳۸/۲۲

Cotiniued Table 3

۳۷/۷۸	۲۱/۱۹	۱۱۱/۰۰	۸۹/۰۰	۷۶/۰۰	۶۲/۰۰	۲۵۲/۴۴	۹۴/۶۷	۶۵/۰۰	۵/۰۰	pi475822b	۴۴
۳۸/۷۶	۲۲/۰۲	۱۱۴/۰۰	۷۵/۰۰	۶۴/۰۰	۵۷/۰۰	۱۷۷/۳۳	۷۶/۰۰	۴۳/۰۰	۳/۰۰	columbusrep	۴۵
۳۵/۰۶	۲۲/۰۰	۱۱۲/۰۰	۸۶/۰۰	۷۰/۰۰	۶۰/۰۰	۱۴۸/۰۰	۴۹/۳۳	۲۳/۳۳	۵/۰۰	crawford	۴۶
۳۸/۷۶	۲۱/۴۰	۱۱۵/۰۰	۱۱۵/۰۰	۷۱/۰۰	۵۹/۰۰	۱۳۳/۳۳	۵۰/۰۰	۲۳/۶۷	۳/۶۷	perry	۴۷
۳۷/۷۰	۲۱/۹۳	۱۳۴/۰۰	۱۰۳/۰۰	۹۰/۰۰	۸۱/۰۰	۲۰۴/۴۴	۶۱/۳۳	۲۹/۶۷	۳/۶۷	pershing	۴۸
۳۶/۶۸	۲۲/۲۵	۱۳۴/۰۰	۸۶/۰۰	۷۲/۰۰	۵۴/۰۰	۶۱/۰۰	۲۰/۳۳	۷/۰۰	۲/۶۷	pixie	۴۹
۳۷/۰۸	۲۲/۴۰	۱۱۴/۰۰	۹۱/۰۰	۸۵/۰۰	۷۶/۰۰	۱۸۲/۰۰	۶۰/۶۷	۳۱/۰۰	۴/۰۰	spryrep	۵۰
۳۸/۰۲	۲۲/۳۸	۱۱۰/۰۰	۸۶/۰۰	۷۶/۰۰	۵۷/۰۰	۱۹۲/۰۰	۷۲/۰۰	۳۳/۰۰	۳/۶۷	troll	۵۱
۳۸/۵۴	۲۲/۰۴	۱۰۹/۰۰	۸۷/۰۰	۷۱/۰۰	۵۸/۰۰	۹۶/۰۰	۳۲/۰۰	۱۲/۳۳	۲/۰۰	t288	۵۲
۳۶/۲۹	۲۲/۱۰	۱۳۴/۰۰	۱۰۱/۰۰	۸۴/۰۰	۷۵/۰۰	۱۷۱/۰۰	۵۷/۰۰	۲۸/۶۷	۳/۰۰	dt974290	۵۳
۳۹/۹۴	۲۲/۰۵	۱۳۴/۰۰	۱۰۵/۰۰	۹۲/۰۰	۸۲/۰۰	۸۵/۳۳	۳۲/۰۰	۸/۶۷	۲/۳۳	forrest	۵۴
۳۶/۰۳	۲۰/۳۴	۱۳۵/۰۰	۹۹/۰۰	۹۴/۰۰	۸۴/۰۰	۱۵۰/۲۲	۵۶/۳۳	۲۸/۰۰	۳/۰۰	osage	۵۵
۳۷/۰۳	۲۱/۰۴	۱۳۴/۰۰	۱۰۳/۰۰	۹۵/۰۰	۸۲/۰۰	۸۸/۸۹	۳۳/۳۳	۶/۳۳	۲/۰۰	smithsuper	۵۶
۳۷/۴۱	۲۱/۹۸	۹۰/۰۰	۸۴/۰۰	۶۹/۰۰	۵۱/۰۰	۸۵/۳۳	۳۲/۰۰	۸/۶۷	۱/۶۷	hisoy1651	۵۷
۳۷/۸۷	۲۱/۷۶	۸۸/۰۰	۷۳/۰۰	۵۶/۰۰	۴۳/۰۰	۷۵/۵۶	۲۸/۳۳	۱۳/۶۷	۲/۳۳	grantrep	۵۸
۳۸/۷۶	۲۲/۲۴	۷۳/۰۰	۷۰/۰۰	۵۶/۰۰	۴۴/۰۰	۷۸/۰۰	۲۶/۰۰	۶/۰۰	۲/۳۳	rampage	۵۹
۳۷/۹۲	۲۲/۰۹	۷۸/۰۰	۷۰/۰۰	۵۴/۰۰	۴۲/۰۰	۴۰/۸۹	۱۵/۳۳	۸/۰۰	۲/۰۰	tilinno9	۶۰
۳۸/۴۰	۲۱/۶۷	۷۶/۰۰	۷۲/۰۰	۵۵/۰۰	۴۳/۰۰	۸۱/۰۰	۲۷/۰۰	۱۳/۶۷	۲/۶۷	precoce90rep	۶۱
۳۸/۵۵	۲۰/۸۷	۶۹/۰۰	۶۵/۰۰	۵۸/۰۰	۵۰/۰۰	۴۲/۰۰	۱۴/۰۰	۲/۶۷	۰/۶۷	semu1	۶۲
۳۹/۷۶	۲۰/۶۸	۷۱/۰۰	۷۴/۰۰	۹۴/۰۰	۸۶/۰۰	۲۶/۰۰	۸/۶۷	۱/۰۰	۰/۶۷	flora	۶۳
۳۹/۴۶	۲۰/۱۲	۷۹/۰۰	۷۳/۰۰	۵۷/۰۰	۴۳/۰۰	۸۰/۰۰	۳۰/۰۰	۶/۳۳	۱/۳۳	semu2	۶۴
۳۹/۴۳	۲۰/۷۶	۶۷/۰۰	۶۲/۰۰	۶۰/۰۰	۴۳/۰۰	۱۳۴/۰۰	۴۴/۶۷	۱۸/۶۷	۲/۰۰	uo790	۶۵
۳۹/۰۲	۲۰/۴۸	۹۴/۰۰	۷۴/۰۰	۵۹/۰۰	۵۵/۰۰	۴۸/۰۰	۱۸/۰۰	۳/۳۳	۱/۰۰	alaric	۶۶
۳۸/۶۵	۲۰/۳۴	۸۲/۰۰	۶۷/۰۰	۶۷/۰۰	۸۲/۰۰	۲۳۳/۷۸	۸۷/۶۷	۴۹/۳۳	۴/۰۰	protana	۶۷
۳۸/۴۳	۲۰/۶۷	۸۱/۰۰	۷۹/۰۰	۶۰/۰۰	۵۱/۰۰	۱۹۲/۸۹	۷۲/۳۳	۵۸/۳۳	۳/۰۰	prastsja	۶۸
۳۵/۶۷	۲۲/۳۱	۹۴/۰۰	۸۰/۰۰	۷۱/۰۰	۵۸/۰۰	۳۰۱/۳۳	۱۱۳/۰۰	۷۶/۳۳	۵/۰۰	amurskaja57	۶۹
۳۷/۸۷	۲۱/۹۹	۹۱/۰۰	۷۷/۰۰	۵۷/۰۰	۵۰/۰۰	۱۷۳/۳۳	۶۵/۰۰	۱۸/۶۷	۲/۳۳	soja698	۷۰
۳۸/۱۲	۲۱/۸۹	۹۴/۰۰	۷۷/۰۰	۵۵/۰۰	۴۸/۰۰	۹۶/۰۰	۳۲/۰۰	۱۳/۶۷	۳/۳۳	morsoy	۷۱
۳۸/۱۰	۲۱/۶۷	۹۳/۰۰	۷۴/۰۰	۶۲/۰۰	۵۰/۰۰	۷۷/۰۰	۳۳/۰۰	۱۳/۶۷	۱/۶۷	bora	۷۲
۳۹/۳۲	۲۰/۷۶	۶۵/۰۰	۷۵/۰۰	۵۸/۰۰	۴۳/۰۰	۱۶۴/۰۰	۵۴/۶۷	۳۱/۰۰	۲/۶۷	mazowieckaII	۷۳
۳۹/۶۶	۲۰/۹۰	۶۴/۰۰	۷۰/۰۰	۶۴/۰۰	۴۸/۰۰	۱۶۳/۵۶	۶۱/۳۳	۳۴/۰۰	۳/۶۷	brillmeyer	۷۴
۳۸/۷۶	۲۰/۶۵	۹۳/۰۰	۷۱/۰۰	۵۵/۰۰	۴۵/۰۰	۱۲۶/۰۰	۴۲/۰۰	۲۲/۰۰	۵/۰۰	zarja	۷۵
۳۷/۶۱	۲۲/۰۲	۹۳/۰۰	۷۶/۰۰	۷۰/۰۰	۵۴/۰۰	۲۱۵/۰۰	۷۱/۶۷	۵۰/۳۳	۴/۶۷	erfurt	۷۶
۳۶/۵۴	۲۲/۰۶	۹۳/۰۰	۷۱/۰۰	۶۱/۰۰	۴۸/۰۰	۱۱۴/۰۰	۳۸/۰۰	۲۲/۳۳	۳/۰۰	kesi283	۷۷
۳۹/۰۵	۲۰/۴۶	۷۹/۰۰	۵۴/۰۰	۶۹/۰۰	۴۴/۰۰	۱۱۶/۴۴	۴۲/۶۷	۱۲/۶۷	۳/۰۰	soja690	۷۸
۳۹/۴۳	۲۰/۵۶	۶۴/۰۰	۷۰/۰۰	۶۴/۰۰	۴۵/۰۰	۱۵۷/۰۰	۵۲/۳۳	۱۶/۰۰	۵/۰۰	soja838	۷۹
۳۷/۶۸	۲۱/۹۸	۹۳/۰۰	۷۴/۰۰	۶۰/۰۰	۵۰/۰۰	۸۸/۸۹	۳۳/۳۳	۱۱/۰۰	۲/۶۷	soja1539	۸۰
۳۹/۰۲	۲۰/۴۵	۸۶/۰۰	۷۴/۰۰	۵۸/۰۰	۴۹/۰۰	۱۱۲/۰۰	۴۲/۰۰	۲۴/۳۳	۲/۰۰	kirowogradskaja5	۸۱
۳۶/۰۱	۲۱/۶۷	۸۷/۰۰	۶۹/۰۰	۵۹/۰۰	۴۸/۰۰	۱۳۸/۶۷	۵۲/۰۰	۲۱/۳۳	۳/۶۷	kg31	۸۲
۳۹/۰۸	۲۰/۴۵	۸۰/۰۰	۷۵/۰۰	۵۹/۰۰	۴۳/۰۰	۵۶/۰۰	۲۱/۰۰	۱۴/۰۰	۰/۶۷	toshidai7910	۸۳
۳۹/۹۳	۲۱/۰۸	۸۸/۰۰	۷۶/۰۰	۵۷/۰۰	۴۰/۰۰	۱۲۲/۶۷	۴۶/۰۰	۴۰/۰۰	۳/۶۷	giessler	۸۴
۳۶/۰۹	۲۲/۰۱	۶۸/۰۰	۶۲/۰۰	۶۰/۰۰	۴۸/۰۰	۵۲/۰۰	۱۷/۳۳	۱۴/۰۰	۴/۰۰	chisha	۸۵
۳۷/۰۴	۲۱/۷۶	۷۹/۰۰	۷۱/۰۰	۵۹/۰۰	۴۴/۰۰	۱۸/۶۷	۷/۰۰	۱/۳۳	۲/۰۰	noirdesfreresdippe	۸۶
۳۷/۴۳	۲۱/۶۷	۶۶/۰۰	۶۱/۰۰	۵۸/۰۰	۴۳/۰۰	۸۵/۳۳	۳۲/۰۰	۱۳/۶۷	۳/۶۷	brunhatifrouest	۸۷
۳۵/۰۹	۲۲/۳۲	۶۳/۰۰	۶۱/۰۰	۶۰/۰۰	۴۳/۰۰	۲۹/۰۰	۹/۶۷	۸/۰۰	۳/۶۷	grignon39	۸۸
۳۹/۰۸	۲۰/۴۵	۹۱/۰۰	۶۸/۰۰	۶۱/۰۰	۴۸/۰۰	۱۱۴/۰۰	۳۸/۰۰	۱۷/۳۳	۳/۶۷	dornburgerstamm106	۸۹
۳۸/۹۷	۲۱/۷۸	۸۸/۰۰	۷۲/۰۰	۵۷/۰۰	۴۶/۰۰	۱۰۵/۰۰	۳۵/۰۰	۱۶/۰۰	۲/۶۷	flambean	۹۰
۳۸/۳۶	۲۱/۸۱	۸۶/۰۰	۷۴/۰۰	۶۰/۰۰	۴۸/۰۰	۲۰۳/۰۰	۶۷/۶۷	۴۳/۰۰	۳/۰۰	lensinpindin	۹۱

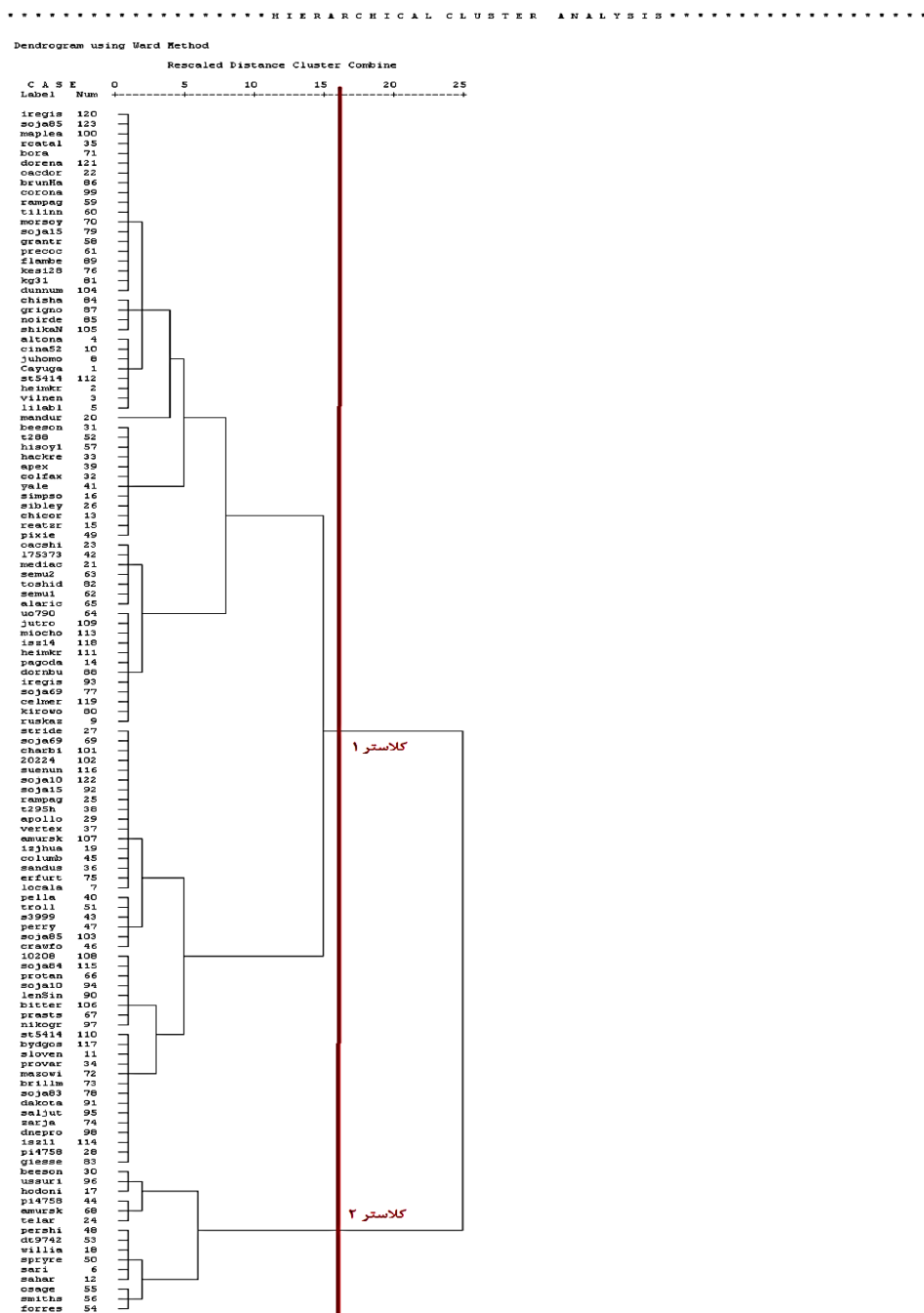
Continued Table 3

۳۹/۶۵	۲۰/۴۰	۸۸/۰۰	۷۱/۰۰	۶۶/۰۰	۵۱/۰۰	۱۹۴/۰۰	۶۴/۶۷	۳۸/۶۷	۵/۶۷	dakotano3338	۹۲
۳۷/۹۰	۲۱/۰۴	۸۸/۰۰	۷۴/۰۰	۶۳/۰۰	۴۷/۰۰	۱۷۶/۰۰	۵۸/۶۷	۲۴/۳۳	۲/۳۳	soja1535	۹۳
۳۹/۴۳	۲۰/۵۷	۸۷/۰۰	۷۴/۰۰	۶۴/۰۰	۴۶/۰۰	۱۲۷/۰۰	۴۲/۳۳	۱۶/۶۷	۳/۰۰	iregisz1	۹۴
۳۸/۷۶	۲۱/۳۷	۷۶/۰۰	۶۷/۰۰	۵۷/۰۰	۴۷/۰۰	۲۶۴/۰۰	۸۸/۰۰	۳۷/۰۰	۳/۶۷	soja1088	۹۵
۳۹/۸۵	۲۰/۶۵	۹۳/۰۰	۷۰/۰۰	۶۱/۰۰	۴۶/۰۰	۱۷۵/۰۰	۵۸/۳۳	۴۱/۰۰	۴/۶۷	saljut216	۹۶
۳۸/۰۹	۲۱/۵۶	۱۱۰/۰۰	۸۷/۰۰	۷۶/۰۰	۶۶/۰۰	۲۹۷/۰۰	۹۹/۰۰	۴۲/۶۷	۲/۰۰	ussurijskaja	۹۷
۳۹/۰۲	۲۰/۵۶	۷۷/۰۰	۶۸/۰۰	۶۰/۰۰	۴۴/۰۰	۳۱۲/۰۰	۱۰۴/۰۰	۶۳/۰۰	۵/۰۰	nikogri	۹۸
۳۸/۹۷	۲۰/۷۶	۷۹/۰۰	۶۹/۰۰	۵۹/۰۰	۴۴/۰۰	۱۵۲/۰۰	۵۰/۶۷	۲۸/۶۷	۴/۳۳	dneprowskaja1	۹۹
۳۷/۶۵	۲۲/۰۶	۶۹/۰۰	۶۸/۰۰	۵۷/۰۰	۴۳/۰۰	۱۳۱/۰۰	۴۳/۶۷	۱۵/۳۳	۲/۳۳	corona	۱۰۰
۳۸/۴۴	۲۱/۷۱	۹۳/۰۰	۷۵/۰۰	۵۹/۰۰	۴۳/۰۰	۱۳۷/۰۰	۴۵/۶۷	۱۰/۶۷	۱/۶۷	rcatalliancerep	۱۰۱
۳۸/۷۶	۲۱/۳۴	۸۸/۰۰	۷۵/۰۰	۶۶/۰۰	۵۱/۰۰	۱۵۱/۰۰	۵۰/۳۳	۲۹/۳۳	۱/۳۳	charbinskaja111	۱۰۲
۳۹/۰۸	۲۱/۸۹	۸۹/۰۰	۸۱/۰۰	۳۹/۰۰	۴۷/۰۰	۱۶۵/۰۰	۵۰/۰۰	۲۴/۳۳	۱/۶۷	20224	۱۰۳
۳۷/۵۵	۲۱/۸۳	۹۳/۰۰	۸۴/۰۰	۷۳/۰۰	۵۰/۰۰	۱۱۴/۰۰	۳۸/۰۰	۳۷/۰۰	۳/۰۰	soja852	۱۰۴
۳۵/۵۶	۲۲/۳۱	۸۰/۰۰	۷۶/۰۰	۶۸/۰۰	۴۸/۰۰	۹۵/۰۰	۳۱/۶۷	۱۶/۶۷	۲/۶۷	dunnum	۱۰۵
۳۶/۷۸	۲۲/۳۲	۸۸/۰۰	۷۹/۰۰	۶۵/۰۰	۵۰/۰۰	۳۷/۰۰	۹/۰۰	۶/۵۰	۱/۶۷	shikano1	۱۰۶
۳۸/۹۸	۲۱/۴۶	۹۰/۰۰	۷۷/۰۰	۵۸/۰۰	۴۶/۰۰	۲۰۹/۰۰	۴۹/۶۷	۳۹/۰۰	۳/۶۷	bitterhof	۱۰۷
۳۸/۷۶	۲۰/۹۸	۱۱۶/۰۰	۷۷/۰۰	۶۶/۰۰	۵۰/۰۰	۱۶۳/۰۰	۵۴/۳۳	۴۵/۰۰	۳/۰۰	amurskaja20963	۱۰۸
۳۸/۶۷	۲۰/۷۸	۹۳/۰۰	۷۴/۰۰	۶۰/۰۰	۴۸/۰۰	۲۴۱/۰۰	۸۰/۳۳	۵۱/۶۷	۳/۶۷	10208	۱۰۹
۳۹/۰۸	۲۰/۵۶	۷۸/۰۰	۶۳/۰۰	۶۱/۰۰	۴۸/۰۰	۱۴۳/۰۰	۴۷/۶۷	۱۶/۳۳	۱/۶۷	jutro	۱۱۰
۳۷/۶۷	۲۱/۴۹	۷۷/۰۰	۶۶/۰۰	۵۵/۰۰	۴۵/۰۰	۱۵۳/۰۰	۵۱/۰۰	۲۶/۳۳	۴/۶۷	st54145samenfrabemutant	۱۱۱
۳۹/۵۴	۲۰/۶۵	۶۲/۰۰	۵۹/۰۰	۵۳/۰۰	۴۴/۰۰	۹۹/۰۰	۳۳/۰۰	۱۲/۶۷	۱/۳۳	heimkraftI	۱۱۲
۳۶/۳۷	۲۲/۰۴	۷۸/۰۰	۷۰/۰۰	۴۸/۰۰	۲۸/۰۰	۵۶/۰۰	۱۸/۶۷	۷/۶۷	۱/۳۳	st54145fruhzeitigkeitmutant	۱۱۳
۳۹/۵۲	۲۰/۲۴	۶۶/۰۰	۶۱/۰۰	۵۵/۰۰	۴۸/۰۰	۱۵۲/۰۰	۵۰/۶۷	۲۸/۰۰	۲/۰۰	miochowska	۱۱۴
۳۹/۲۷	۲۰/۲۴	۹۳/۰۰	۶۸/۰۰	۵۶/۰۰	۴۷/۰۰	۱۲۳/۰۰	۴۱/۰۰	۳۱/۰۰	۳/۶۷	isz11	۱۱۵
۳۸/۰۲	۲۱/۰۸	۹۳/۰۰	۷۲/۰۰	۶۰/۰۰	۵۰/۰۰	۳۳۰/۰۰	۷۶/۶۷	۴۸/۳۳	۴/۳۳	soja842	۱۱۶
۳۸/۷۶	۲۱/۳۵	۹۳/۰۰	۶۹/۰۰	۵۹/۰۰	۵۰/۰۰	۱۵۹/۰۰	۵۲/۰۰	۳۱/۳۳	۳/۶۷	suenungNr1	۱۱۷
۳۸/۶۸	۲۱/۸۷	۷۹/۰۰	۷۰/۰۰	۵۵/۰۰	۴۹/۰۰	۱۳۱/۰۰	۴۳/۶۷	۲۸/۰۰	۴/۳۳	bydgoska046	۱۱۸
۳۸/۶۵	۲۱/۰۹	۷۸/۰۰	۶۶/۰۰	۵۴/۰۰	۴۸/۰۰	۱۵۴/۰۰	۵۱/۳۳	۱۴/۳۳	۱/۳۳	isz14	۱۱۹
۳۹/۵۴	۲۰/۲۴	۸۰/۰۰	۶۸/۰۰	۵۷/۰۰	۴۸/۰۰	۱۱۹/۰۰	۳۹/۶۷	۱۴/۳۳	۲/۳۳	celmerezkajamestnaja	۱۲۰
۳۸/۲۴	۲۱/۵۲	۸۸/۰۰	۷۰/۰۰	۶۱/۰۰	۴۷/۰۰	۱۲۹/۰۰	۴۳/۰۰	۱۵/۰۰	۲/۰۰	iregiszurkebarat	۱۲۱
۳۷/۹۸	۲۱/۹۷	۸۷/۰۰	۷۳/۰۰	۶۰/۰۰	۴۹/۰۰	۱۰۱/۰۰	۳۳/۶۷	۱۸/۳۳	۱/۳۳	dorena	۱۲۲
۳۸/۵۷	۲۱/۷۵	۸۷/۰۰	۶۸/۰۰	۶۳/۰۰	۵۱/۰۰	۱۵۶/۰۰	۵۲/۰۰	۲۱/۰۰	۳/۰۰	soja1087	۱۲۳
۳۸/۳۹	۲۱/۵۰	۸۸/۰۰	۷۶/۰۰	۶۱/۰۰	۴۷/۰۰	۱۱۶/۰۰	۳۸/۶۷	۱۸/۶۷	۲/۰۰	soja856	۱۲۴

جدول ۴- میانگین صفات مورد مطالعه و میانگین کل آنها در کلاستر بندی ژنوتیپ های سویا مورد مطالعه با استفاده از روش وارد

Table 4. The mean and total mean of traits studied in clustering of the studied soybean genotypes using ward's method

کلاستر	تعداد روز تا گلدهی	تعداد روز تا غلاف دهی	تعداد روز تا پر شدن دانه	تعداد روز تا شروع رسیدگی	تعداد روز تا شروع رسیدگی	ارتفاع	تعداد شاخه های فرعی	تعداد غلاف های فرعی	تعداد کل غلاف ها	تعداد بذر در بوته
۱	۳۰/۱۹	۲۶/۱۲	۸۰/۸۲	۹۶/۰۱	۱۲۱/۰۰	۷۸/۳۱	۳/۶۵	۴۴/۳۹	۸۰/۱۷	۲۲۵/۴۳
۲	۵۱/۲۶	۴۶/۹۷	۷۵/۱۸	۹۱/۴۴	۱۱۶/۴۱	۶۵/۱۲	۲/۵۸	۱۶/۳۲	۳۸/۱۴	۱۰۹/۶۲
کل	۴۰/۷۲	۵۴/۳۶	۷۸	۹۳/۷۲	۱۱۸/۷۰	۷۱/۷۱	۳/۱۱	۳۰/۳۵	۵۹/۱۵	۱۶۷/۵۲



شکل ۲- گروه‌بندی ۱۲۴ ژنوتیپ سویا بر اساس خصوصیات مورفولوژیکی و فنولوژیکی مختلف

Figure 2. Clustering of 124 soybean genotypes based on different morphological and phonological traits

جدول ۵- ضرایب همبستگی صفات مورد مطالعه در کلاستر بندی ژنوتیپ‌های سویا با استفاده از ضریب کوفنتیک

Table 5. Correlation coefficient of the traits studied in clustering of soybean genotypes using cophenetic coefficient

تعداد بذر در بوته	تعداد کل غلاف‌ها	تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی	تعداد شاخه‌های فرعی	ارتفاع	تعداد روز تا رسیدگی	تعداد روز تا شروع رسیدگی	تعداد روز تا پر شدن دانه	تعداد روز تا شروع پر شدن دانه	تعداد روز تا غلاف‌دهی	تعداد روز تا گلدهی
۱	۱	۱	۱	۱	۱	۱	۱	۱	۱	۱
۰/۹۴۰**	۰/۸۲۴**	۰/۸۷۰**	۰/۸۲۴**	۰/۳۰۷**	۰/۱۹۳*	۰/۱۴۳	۰/۲۰۹*	۰/۱۴۴	۰/۲۱۹*	۰/۳۴۲**
۰/۹۰۳**	۰/۷۳۴**	۰/۸۷۵**	۰/۲۳۹**	۰/۱۹۱*	۰/۲۳۳**	۰/۱۷۷*	۰/۲۶۸**	۰/۲۱۳*	۰/۲۹۱**	۰/۳۰۶**
۰/۸۵۷**	۰/۶۸۳**	۰/۷۵۹**	۰/۲۳۳**	۰/۱۹۱*	۰/۲۳۳**	۰/۱۷۷*	۰/۲۶۸**	۰/۲۱۳*	۰/۲۹۱**	۰/۳۰۶**
۰/۹۱۸**	۰/۶۲۴**	۰/۷۵۹**	۰/۲۳۳**	۰/۱۹۱*	۰/۲۳۳**	۰/۱۷۷*	۰/۲۶۸**	۰/۲۱۳*	۰/۲۹۱**	۰/۳۰۶**
۰/۸۹۲**	۰/۵۵۱**	۰/۶۶۹**	۰/۲۳۳**	۰/۱۹۱*	۰/۲۳۳**	۰/۱۷۷*	۰/۲۶۸**	۰/۲۱۳*	۰/۲۹۱**	۰/۳۰۶**
۰/۷۶۶**	۰/۳۹۷**	۰/۲۹۱**	۰/۲۳۳**	۰/۱۹۱*	۰/۲۳۳**	۰/۱۷۷*	۰/۲۶۸**	۰/۲۱۳*	۰/۲۹۱**	۰/۳۰۶**
۰/۸۸۵	۰/۱۴۹	۰/۱۴۹	۰/۱۴۹	۰/۱۴۹	۰/۱۴۹	۰/۱۴۹	۰/۱۴۹	۰/۱۴۹	۰/۱۴۹	۰/۱۴۹
۰/۱۵۴	۰/۲۶۴**	۰/۱۵۴	۰/۲۶۴**	۰/۱۵۴	۰/۲۶۴**	۰/۱۵۴	۰/۲۶۴**	۰/۱۵۴	۰/۲۶۴**	۰/۱۵۴
۰/۳۲۸**	۰/۱۴۷	۰/۳۲۸**	۰/۱۴۷	۰/۳۲۸**	۰/۱۴۷	۰/۳۲۸**	۰/۱۴۷	۰/۳۲۸**	۰/۱۴۷	۰/۳۲۸**
۰/۳۰۷**	۰/۸۲۴**	۰/۳۰۷**	۰/۸۲۴**	۰/۳۰۷**	۰/۸۲۴**	۰/۳۰۷**	۰/۸۲۴**	۰/۳۰۷**	۰/۸۲۴**	۰/۳۰۷**

** و * به ترتیب بیانگر معنی‌داری همبستگی در سطح یک درصد و پنج درصد

منابع

1. Abedi, Z., H. Najafi Zarrini, S.M. Emadi and N. Bagheri. 2019. Evaluation of relationship between agronomical and physiological traits of soybean and grouping of soybean genotypes under different amount of sulfur application. *Journal of Crop Breeding*, 11(29): 134-142
2. Aondover, S., B. LateefLekan and T. VangeTerkimbi. 2013. Correlation, path coefficient and principal component analysis of seed yield in soybean genotypes. *International Journal of Advanced Research*, 1(7): 1-5.
3. Babaei, H.R., N. Razmi, E. Hezarjaribi and M. Hashemi Jazi. 2020. Study on adaptability and grain yield stability of soybean genotypes [*Glycine Max* (L.) Merrill] through AMMI & GGE biplot analysis. *Journal of Crop Breeding*, 12(35): 238-250.
4. Bartlett, M.S. 1954. A note on the multiplying factors for various chi square approximations. *Journal of the Royal Statistical Society*, 16: 296-298.
5. Bello, L.L., A. Shaahu and T. Vange. 2012. Studies on relationship between seed yield and yield components in soybean (*Glycine max* L. Merrill). *Electronic Journal of Plant Breeding*, 3(4): 1012-1017.
6. Dubey, N., H.A. Avinash and A.N. Shrivastava. 2018. Principal component analysis in advanced genotypes of soybean [*Glycine Max* (L.) Merrill] over seasons. *Plant Archives*, 18(1): 501-506.
7. El-Hashash, E.F. 2016. Genetic diversity of soybean yield based on cluster and principal component analyses. *Journal of Advances in Biology& Biotechnology*, 1-9.
8. Iqbal, Z., M. Arshad, M. Ashraf, T. Mahmood and A. Waheed. 2008. Evaluation of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] germplasm for some important morphological traits using multivariate analysis. *Pakistan Journal of Botany*, 40(6): 2323-2328.
9. Fazeli, F., H. Najafi Zarini, M. Arefrad and A. Zaman Mirabadi. 2015. Assessment of relation of morphological traits with seed yield and their diversity in M4 generation of soybean mutant lines [*Glycine max* (L.) Merrill] through factor analysis. *Journal of Crop Breeding*, 7(15): 47-56.
10. Ghanbari, S.A., B.A. Nooshkam Fakheri and N. Mahdinezhad. 2019. Relationship between yield and its component in soybean genotypes (*Glycine Max* L.) using multivariate statistical methods. *Journal of Crop Breeding*, 11(29): 85-92.
11. Ghiday, T. and A. Sentayehu. 2015. Genetic Divergence Analysis on Some Soybean (*Glycine max* L. Merrill) Genotypes Grown in Pawe, Ethiopia. *American-Eurasian Journal of Agriculture and Environmental Science*, 15(10): 1927-1933.
12. Ghodrati, GH. Evaluation the relationship between yield and its component of promising soybean line. *Crop Physiology Journal*, 4(15): 59-70.
13. Kahlon, C.S., B. Li, J. Board, M. Dia, P. Sharma and P. Jat. 2018. Cluster and principle component analysis of soybean grown at various row spacings, planting dates and plant populations. *Open Agriculture*, 3: 110-121.
14. Kaiser, H. 1974. An index of factorial simplicity. *Psychometrika*, 39: 31-36.
15. Kargar, S.M.A., A. Mostafaie, E.M. Hervan and S.S. Pourdard. 2015. Study on genetic variation of 14 soybean cultivars using cluster and factor analysis under water stress and nonstress conditions. *Journal of Biology and Environmental Science*, 6(3): 100-112.
16. Mahbub, M.M., M. Mamunur Rahman, M.S. Hossain, L. Nahar and B.J. Shirazy. 2016. Morphophysiological variation in soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). *American Eurasian Journal of Agricultural and Environmental Sciences*, 16(2): 234-238.
17. Majidian, P., B. Masoudi and H. Sadeghi Garmaroudi. 2019. Preliminary evaluation of imported cultivars and pure lines of soybean (*Glycine Max* L.). based on agronomic traits and resistance to phytophthora rot. *Journal of Crop Breeding*, 11(30): 98-107 (In Persian).
18. Malekmohamadi, Z., H. Sabori, A. Biabani and E. Hezarjaribi. 2016. Study of genetic diversity of soybean (*Glycine max*) using ISSR markers. *Journal of Crop Breeding*, 8(19): 124-133 (In Persian).
19. Masoudi, B., M.R. Bihamta, A. Peighambari and H.R. Babae. 2014. Evaluation of agronomic traits variability in different soybean growth types by using principal component analysis. *Agronomy Journal*, 108: 81-90.
20. Masoudi, B., M.R. Bihamta, H.R. Babae and A. Peighambari. 2009. Factor analysis for morphological and phenological traits in Soybean (*Glycine max* L.). *Iranian Journal of Crop Sciences*, 1(1): 45-57.
21. Montazeri, R., M. Moradkhani, M. Sam Daliri and A.A. Mousavi. 2017. Correlation between morphological new genotype of rice in the west Mazandaran. *Journal of Crop Breeding*, 9(22): 191-199.
22. Oliveira, M.M., L.B. Sousa, M.C. Reis, E.G. Silva Junior, D.B.O. Cardoso, O.T. Hamawaki and A.P.O. Nogueira. 2017. Evaluation of genetic diversity among soybean (*Glycine max*) genotypes using univariate and multivariate analysis. *Genetics and Molecular Research*, 16(2).

23. Peyghambari, S.A., H. Babaei and H. Alipour. 2017. Evaluation of genetic variation and relationships of agronomic traits in soybean genotypes under normal irrigation and water deficit stress. *Applied Research in Field Crops*, 30(3): 82-103.
24. Salimi, S., H.S. Lahiji, G.M. Abadi, S. Salimi and S. Moradi. 2012. Genetic diversity in soybean enotypes under drought stress condition using factor analysis and cluster analysis. *World Applied Sciences Journal*, 16(4): 474-478.
25. Shaahu, A., L.L. Bello and T. Vange. 2014. Field Evaluation of some soybean (*Glycine Max* (L.) Merrill) genotypes at makurdi in the southern guinea savannah ecology of Nigeria. *Journal of Applied Research and Technology*, 3(5): 64-69.
26. Shadakshari, T.V., T. Kalaimagal, N. Senthil, M.B. Boranayaka, R. Kambe Gowda and G. Rajesha. 2011. Genetic diversity studies in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] based on morphological characters. *Asian Journal of Bio Science*, 6(1): 7-11.
27. Talebkhani, M., H.R. Babaei and H. Ali Pour. 2018. Evaluation of tolerance to water deficit stress in diverse soybean genotypes. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 48(4): 933-943.
28. Vianna, V.F., S. H. Unêda-Trevisoli, J. A. Desidério, S. Santiago, K. Charnai, J. Arantes, F. Júnior, A. S. Ferraudo and A.O. Mauro. 2013. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. *African Journal of Agricultural Research*, 8(30): 4162-4169.

Investigation of Morphological and Phonological Diversity of some Imported Soybean (*Glycine max* L.) Cultivars using Principle Component Analysis

Parastoo Majidian¹, Seyed Alireza Dalili², Bahram Masoudi³ and Hamid Sadeghi Garmaroodi⁴

1- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Sari, Iran (Corresponding author: parastoomajidian63@gmail.com)

2- Assistant Professor, Plant Protection Research Department, Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Sari, Iran

3- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Research Department, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

4- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Research Department, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

Received: February 27, 2021

Accepted: April 30, 2021

Abstract

This research was performed to evaluate 124 different soybean genotypes with different maturity type based on augmented design in six blocks with four control cultivars as Telar, Sari, Williams and Sahar at Baye Kola Agricultural Research Station-Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center. In order to perform the project, each genotype was cultivated on 3 meter line with 60 cm planting space between rows and 3-5 cm space between two seeds. The results of principle component analysis showed that 77.072 % of data variation was expressed according to five components. The results of biplot indicated that the most traits related to yield; its components and phonological properties were located in two regions except protein content which could be used for the studied genotypes breeding. In addition, based on clustering results obtained from the related traits to first and second components, the studied soybean genotypes were grouped in two clusters which the first one included genotypes with early maturity, high oil content and low yield components and protein content, while the second cluster consisted of late maturity group, low oil content, high yield component and high protein content. In total, on the basis of diversity existence accompanied by the research objective, it could be used the studied soybean genotypes in further breeding programs.

Keywords: Agronomic traits, Clustering, Ward method