دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

"مقاله پژوهشی"

ارزیابی تنوع ژنتیکی صفات مورفولوژیکی و فنولوژیکی در ارقام مختف سویا در استان البرز

پرستو مجیدیان[۱]، بهرام مسعودی[۲]، حمید صادقی گرمارودی[۳] و سید علیرضا دلیلی[۴]

۱- استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران، (نویسنده مسوول: parastoomajidian63@gmail.com)
۲- 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
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 گیاهپزشکی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۹/۲۷ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۲/۱۰
صفحه: ۱۸۰ تا ۱۹۲

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: سویا با دارا بودن مقادیر بالایی از روغن و پروتئین به عنوان یکی از دانه‌های روغنی با ارزش غذایی زیاد در جهان محسوب می‌شود. به منظور بررسی تنوع ژنتیکی این گیاه از نظر سازگاری با شرایط آب و هوایی مختلف، وجود جمعیت متنوع جهت اجرای برنامه‌های اصلاحی حائز اهمیت است که به دنبال آن زمینه لازم برای معرفی ارقام جدید هموار گردد.

مواد و روش‌ها: به‌منظور مشخص کردن تنوع ژنتیکی موجود در ژرم‌پلاسم جدید سویا و کسب اطلاعات در جهت تبیین راهبردهایی برای برنامه‌های اصلاحی آینده، ۱۱۹ ژنوتیپ جدید وارداتی سویا (دریافت شده از بانک ژن گیاهی کشور استرالیا) در قالب طرح آگمنت با چهار شاهد (سامان، کتول، کوثر و سحر) در منطقه کرج مورد بررسی قرار گرفتند. هر ژنوتیپ بر روی یک خط ۲ متری کشت گردید. این ژنوتیپ‌ها از نظر صفات فنولوژیک و مورفولوژیک از جمله ارتفاع بوته و تعداد گره، تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی و در بوته، تعداد دانه در هر بوته، عملکرد دانه در بوته، عملکرد بیولوژیک تک بوته، درصد روغن و پروتئین مورد ارزیابی قرار گرفتند.

یافته‌ها: بر اساس نتایج حاصل از بررسی پارامترهای آماری در بین کلیه ژنوتیپ‌های وارداتی مورد بررسی در منطقه کرج بیشترین مقدار ضریب تنوع فنوتیپی مربوط به عملکرد دانه تک بوته (۸۴/۲۳)، تعداد غلاف نابارور (۷۵/۸) و تعداد دانه در تک بوته (۷۵/۲۸) و کمترین ضریب تنوع فنوتیپی مربوط به درصد پروتئین (۳/۹۶)، درصد روغن (۴/۲۷) و تعداد روز تا رسیدگی کامل (۹/۳۳) بودند. مقایسه میانگین‌ها برای عملکرد تک بوته در کرج نشان داد که ژنوتیپ‌های Clark curly pubesce، GH 66-6-14، Seedmakers 1-E، Delmar دارای بیشترین عملکرد دانه در بوته به ترتیب ۵۷/۲۸، ۵۱/۲۸، ۴۳/۶ و ۳۷/۰۷ گرم بودند. نتایج تجزیه خوشه نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی برای کلیه صفات مورد ارزیابی به چهار گروه تقسیم‌بندی شدند که گروه ۱، ۲، ۳ و ۴ به ترتیب شامل ۲۳، ۴۹، ۸ و ۹ ژنوتیپ بودند.

نتیجه‌گیری: ژنوتیپ‌های GH 66-6-14، Valder، GH 66-6-6، Seedmakers 1-E، Lee late و Clark curly pubesce از نظر صفات عملکرد و اجزای آن نسبت به شاهدها برتری داشتند و می‌توانند این قابلیت را داشته باشند که در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار گیرند.

واژه‌های کلیدی: دانه‌های روغنی، صفات زراعی، گروه‌بندی

مقدمه

یکی از روش‌های اصلاح نباتات، معرفی ارقام تجاری مناسب از منابع خارجی است. 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 (۵،۱۸). از ارکان اساسی هر برنامه اصلاحی، تنوع و انتخاب می‌باشند که می‌توان با انتخاب صفات مناسب و با استفاده از روش‌های اصلاحی مختلف تنوع مطلوبی را از نظر ژنتیکی در جمعیت حاصل کرد. مطالعه و بررسی‌های علمی در برنامه‌های اصلاحی در زمینه تنوع ژنتیکی این امکان را فراهم می‌آورد تا شناخت ما از جمعیت‌های مورد مطالعه بیشتر شده و از فرسایش ژنتیکی جلوگیری کند و در نهایت به جمع‌آوری و حفاظت نمونه‌های گیاهی کمک شایانی می‌کند (۱۷،۱۹).

سویا گیاهی یکساله از خانواده Fabaceae است که یکی از منابع عمده روغن نباتی و پروتئین گیاهی در دنیا محسوب می‌شود. دانه سویا دارای ۲۵-۲۰ درصد روغن و ۴۵-۳۰ درصد پروتئین است که تحت‌تأثیر عوامل محیطی و ژنوتیپ گیاه می‌باشد (۱۴). ارقام سویا موجود در کشور دارای تنوع بسیار بالایی از نظر صفات کیفی و کمی هستند. با توجه به جایگاه اقتصادی سویا در ایران و جهان و گسترش روزافزون کشت و تولید آن، شناخت توان ژنتیکی نهفته ارقام موجود، از اهمیت زیادی برخوردار می‌باشد. در حقیقت با ارزیابی و بررسی صفات مختلف زراعی، به‌ویژه صفات مهمی که در عملکرد سویا مؤثر می‌باشند، می‌توان در آینده برنامه‌ریزی جهت اصلاح گیاه سویا را دقیق‌تر انجام داد (۳). در ارتباط با بررسی تنوع ژنتیکی در سویا مطالعات مختلفی توسط پژوهشگران در سراسر دنیا انجام شده است. برای مثال، تنوع مورفولوژیکی ۲۰۵ ژنوتیپ سویا از شهر شاندونگ در چین از نظر صفات مختلف مورفولوژیکی بررسی شد (۲۴). نتایج نشان داد که اولین و دومین مولفه اصلی ۳۶/۴۹ درصد و ۱۳/۲۴ درصد از واریانس را به خود اختصاص دادند. به علاوه، ۲۰۵ ژنوتیپ مورد مطالعه در ۳ گروه دسته‌بندی شدند که گروه اول شامل ۱۴۹ ژنوتیپ با طول دوره رشدی و ارتفاع کمتر، تعداد گره و شاخه‌های جانبی کمتر بودند. دومین گروه شامل ۵۴ ژنوتیپ سویا با دوره رشدی طولانی و ارتفاع بوته بیشتر، وزن هزار دانه کمتر و تعداد غلاف و بذر در غلاف بیشتر بود. سومین و آخرین گروه شامل دو ژنوتیپ از نواحی اکولوژیکی ۴ و ۵ با بیشترین طول دوره رشدی، ارتفاع بوته و وزن هزار دانه مشاهده شدند.

در مطالعه دیگر، ۴۷ رقم چینی و ۲۵ رقم از شمال آمریکا بر اساس ۲۵ صفت با هدف بهبود شاخص شباهت فنوتیپی

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.180]

(PS)[1] برای گروه بزرگی از ارقام چینی و شمال آمریکا بر پایه صفات بیوشیمیایی، مورفولوژیکی و زراعی، مقایسه ارقام چینی و شمال آمریکا از طریق آنالیز خوشه مورد ارزیابی قرار گرفتند (۴). نتایج تجزیه خوشه نشان داد که تنوع فنوتیپی بیشتری در بین ارقام چینی نسبت به ارقام شمال آمریکا وجود دارد که بیانگر تمایز چشم‌گیر این دو دسته از ارقام در دو گروه مجزا می‌باشند. در پژوهش دیگر، ۵۴ رقم و لاین خالص وارداتی سویا در یک طرح آگمنت با سه شاهد ویلیامز، کوثر و سحر از نظر صفات مهم زراعی بررسی شدند (۱۲). نتایج خوشه‌بندی ارقام مقاوم بر اساس مقاومت به بیماری، آن‌ها را در ۲ گروه اصلی و ۴ زیرگروه قرار داد. به طور کلی نتایج این پژوهش پیشنهاد کرد که ارقام Amcor 98، Beeson 80، Winchester، Graham و Colfax عملکرد دانه بالاتر و مقاومت به بیماری پوسیدگی فیتوفترایی را نشان دادند.

در مطالعه دیگر، تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های سویا با استفاده از صفات مورفولوژیکی-زراعی و مارکرهای ریزماهواره بررسی شدند (۶). نتایج نشان داد که در میان ژنوتیپ های مورد مطالعه تفاوت معنی‌داری وجود داشت. ۱۳ تا از ۱۴ مارکر ریزماهواره ۴۲ آلل را تکثیر کردند. محتوای چندشکلی از ۰/۵۵ تا ۰/۸۸ متغیر بود. ارتباط ژنتیکی ژنوتیپ‌ها براساس صفات مورفولوژیکی-زراعی با مارکرهای مولکولی مطابقت نداشت. در این راستا، با توجه به اهمیت گیاه سویا، هدف این مطالعه بررسی تنوع ژنتیکی ارقام مختلف سویا از نظر ویژگی‌های مورفولوژیکی-زراعی در استان البرز با استفاده روش تجزیه خوشه‌ای بود. در مطالعه مشابه، ۳۶۴ ژنوتیپ سویا از نظر عملکرد و اجزای عملکرد مورد بررسی قرار گرفتند (۱۷). نتایج بیانگر این حقیقت بود که ژنوتیپ‌های مورد بررسی برای اکثر صفات تنوع مطلوبی نشان دادند زیرا ژنوتیپ‌ها از گروه‌های رسیدگی متفاوت بودند. صفات تعداد غلاف در شاخه فرعی، تعداد شاخه فرعی و تعداد گره نازا در مرحله رشد رسیدگی ضریب تغییرات فنوتیپی بالایی داشتند. درصد روغن و پروتئین و تعداد گره در مرحله شروع تشکیل دانه ضریب تغییرات فنوتیپی پایینی داشتند. در مطالعه مشابه دیگر، ۲۴۲ اکسشن[2] سویا وحشی از ۴ منطقه در استان هیلونجیانگ بر اساس ۶ صفت کیفی و ۸ صفت کمی بررسی شدند. نتایج نشان داد که تنوع بالایی در نمونه‌های مورد مطالعه دیده شد. میزان تنوع فنوتیپی در صفات کیفی شامل ۷۸/۵۱ درصد تیپ وحشی، ۹۰/۵۰ درصد گل ارغوانی، ۳۹/۲۶ درصد برگ سوزنی، ۸۳/۸۸ درصد بذر سیاه، ۵۳/۰۷ درصد ناف قهوه‌ای بودند (۱۰). در مطالعه دیگر، تنوع پروتئین بذر و تنوع ژنتیکی در میان ارقام مختلف سویا ارزیابی شد (۲۳). تفاوت بسیار معنی‌داری در میان ژنوتیپ‌ها از نظر روز تا گلدهی، روز تا رسیدگی، ارتفاع گیاه، تعداد گره‌های بارور در هر بوته، تعداد کل غلاف‌ها، تعداد بذر در غلاف، طول بذر، عملکرد بذر و درصد پروتئین بذر دیده شد.

در پژوهشی، تعداد ۱۲۴ ژنوتیپ سویا با گروه‌های رسیدگی مختلف از نظر ریخت‌شناسی و ویژگی‌های فنولوژیکی مورد ارزیابی قرار گرفتند (۱۳). 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 خوشه 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.

مواد و روش‌ها

این تحقیق در مزرعه موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج انجام شد. عرض جغرافیایی محل انجام آزمایش، ۳۵ درجه و ۴۹ دقیقه شمالی و طول جغرافیایی آن ۵۱ درجه و ۶ دقیقه شرقی بوده و ارتفاع آن از سطح دریا ۱۳۲۱ متر می‌باشد. این منطقه براساس آمار آب و هوایی و منحنی آمبروترمیک به دلیل داشتن ۱۵۰ تا ۱۸۰ روز خشک، جزء مناطق آب و هوایی مدیترانه‌ای گرم و خشک و با داشتن زمستان سرد و مرطوب و تابستان گرم و خشک جزء رژیم رطوبتی خشک محسوب می‌شود. زمین آزمایشی با انجام عملیات زراعی شامل شخم پاییزه و بهاره، دو دیسک عمود بر هم، تسطیح با لندور انجام و کوددهی بر اساس دستورالعمل کشت به میزان ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار سوپر فسفات تریپل، ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار سولفات پتاسیم و اوره در دو مرحله در هر مرحله به میزان ۵۰ کیلوگرم در هکتار انجام شد. بر اساس اطلاعات هواشناسی کرج، متوسط بارندگی منطقه ۲۴۳ میلی‌متر در سال است. ریزش باران عمدتاً در اواخر پاییز و اوایل بهار رخ می‌دهد. میانگین حداکثر درجه حرارت سالانه در تیرماه، ۲۸ درجه سانتی‌گراد و میانگین حداقل درجه حرارت، یک درجه سانتی‌گراد در دی ماه اتفاق می‌افتد. متوسط درجه حرارت منطقه در یک دوره ۳۰ ساله برابر ۱۳/۵ درجه سانتی‌گراد و درجه حرارت خاک ۱۴/۵ درجه سانتی‌گراد است. همچنین، فواصل جوی و پشته ۶۰ سانتی‌متر آماده‌سازی شد. ۱۱۹ ژنوتیپ وارداتی سویا (دریافت شده از بانک ژن گیاهی کشور استرالیا) با چهار شاهد (سامان، کتول، کوثر و سحر) در ۶ بلوک مورد بررسی قرار گرفتند. طول هر بلوک ۲۰ متر بود. هر ژنوتیپ بر روی یک خط ۲ متری با فاصله کاشت بین خطوط ۶۰ سانتی‌متر و فاصله بین بوته روی خط ۵ سانتی‌متر کشت گردید. این پروژه در تاریخ ۲۶ خرداد ماه ۱۳۹۸ کشت و یک روز بعد آبیاری مزرعه آزمایشی انجام شد. مبارزه با علف‌های هرز به روش مکانیکی در چند مرحله صورت پذیرفت و به دلیل عدم مشاهده بیماری و آفت، مبارزه ای در این خصوص صورت نگرفت. این ژنوتیپ‌ها از نظر صفات زراعی و مورفولوژیکی از جمله تعداد روز از کاشت تا هر یک از مراحل شروع گلدهی تا رسیدگی کامل، ارتفاع و تعداد گره، تعداد شاخه‌های فرعی و تعداد غلاف در شاخه

1- Phenotype similarity
2- Accession

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.52547/jcb.14.43.180]

فرعی و در کل بوته، تعداد دانه در هر بوته، درصد روغن و پروتئین، عملکرد دانه در بوته و عملکرد بیولوژیک تک بوته مورد ارزیابی قرار گرفتند. بعد از حذف اثر حاشیه، برای اندازه‌گیری صفات مرتبط با عملکرد از ۵ بوته تصادفی از وسط هر کرت نمونه‌برداری گردید و میانگین آن‌ها برای برآورد این صفات استفاده شد. پس از تجزیه واریانس عملکرد ارقام شاهد در قالب طرح بلوک و مقایسه میانگین به روش LSR[1] و LSI[2] در سطح احتمال ۱ و ۵ درصد، در نهایت بر اساس خصوصیات زراعی و فنولوژیکی ثبت شده ژنوتیپ‌ها، توسط تجزیه خوشه به روش وارد و ضریب تشابه جاکارد ژنوتیپ‌ها گروهبندی شدند تا در برنامه‌های اصلاحی آینده به عنوان والدین تلاقی مورد استفاده قرار گیرند. استانداردسازی نمونه‌ها با استفاده از ضریب YBAR صورت گرفت و کلیه آنالیزهای مربوطه توسط نرم‌افزار SPSS نسخه ۱۵ انجام شد.

نتایج و بحث

از بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی، تعداد ۸۹ ژنوتیپ به مرحله رسیدگی رسیدند بر اساس نتایج حاصل از بررسی پارامترهای آماری، بیشترین مقدار ضریب تنوع فنوتیپی مربوط به عملکرد دانه تک بوته (۸۴/۲۳)، تعداد غلاف نابارور (۷۵/۸) و تعداد دانه در تک بوته (۷۵/۲۸) و کمترین ضریب تنوع فنوتیپی مربوط به درصد پروتئین (۳/۹۶)، درصد روغن (۴/۲۷) و تعداد روز تا رسیدگی کامل (۹/۳۳) بودند (جدول ۱).

نتایج تجزیه واریانس ارقام شاهد برای صفات مورد ارزیابی نشان داد که بین بلوک‌ها اختلاف معنی‌داری وجود ندارد (جدول ۲). نتایج این تحقیق با پژوهش قبلی در ارتباط با عدم اختلاف معنی‌دار بین صفات مربوط به عملکرد و اجزای عملکرد در بین بلوک‌ها هم راستا بود (۹،۲۵). همچنین نتایج مقایسه میانگین بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از لحاظ بعضی از صفات مورد بررسی در جدول ۳ آمده است. مقایسه میانگین‌ها برای میانگین عملکرد تک بوته نشان داد که ژنوتیپ‌های Clark curly pubesce، GH 66-6-14، Seedmakers 1-E، Delmar و Valder دارای بیشترین عملکرد بوته به ترتیب به میزان ۵۷/۲۸، ۵۱/۲۸، ۴۳/۶ و ۳۷/۰۷ گرم بودند که از این ارقام می‌توان به عنوان والدین جهت برنامه‌های دورگ‌گیری استفاده کرد.

جدول ۱- مقادیر پارامترهای آماری صفات مختلف در بین ژنوتیپ های موردبررسی در البرز

Table 1. The statistical parameters of different traits among the genotypes studied in Alborz province

صفات مورد ارزیابی	حداقل	حداکثر	میانگین	درصد ضریب تغییرات
تعداد روز تا گلدهی	۲۵	۸۹	۶۳/۵۱	۱۹/۶۱
تعداد روز تا غلاف‌بندی	۳۹	۹۹	۷۷/۵۹	۱۷/۷۶
تعداد روز تا شروع پر شدن دانه	۵۵	۱۱۵	۹۲/۰۳	۱۴/۵۷
تعداد روز تا پر شدن کامل دانه	۸۳	۱۴۷	۱۱۶/۹۵	۱۱/۳۱
تعداد روز تا شروع رسیدگی	۸۸	۱۵۵	۱۲۴/۴۵	۱۰/۷۲
تعداد روز تا رسیدگی کامل	۱۰۱	۱۶۵	۱۳۵/۷۵	۹/۳۳
ارتفاع (سانتیمتر)	۴۲/۸	۱۸۹/۸	۹۸/۶۷	۲۲/۶۵
تعداد گره	۱۰/۷۵	۲۶/۶	۱۷/۶۹	۱۸/۷۳
تعداد شاخه‌های فرعی	۲/۰۸	۱۷/۴	۷/۸۰	۴۸/۹۴
تعداد غلاف در شاخه فرعی	۶/۸	۶۲	۲۴/۸۴	۳۸/۶۳
تعداد غلاف در تک بوته	۱۴/۶	۹۵/۶	۳۸/۲۴	۳۹/۹۲
تعداد غلاف نابارور	۰	۱۳/۲	۲/۰۳	۷۵/۸۰
تعداد دانه در تک بوته	۱۱/۸	۳۵۰/۴	۹۳/۶۶	۷۵/۲۸
عملکرد بیولوژیک تک بوته (گرم)	۳۰/۳۴	۲۵۰	۹۶/۱۵	۴۸/۵۹
عملکرد دانه تک بوته (گرم)	۰/۴۲	۵۷/۲۸	۱۲/۶۹	۸۴/۲۳
درصد روغن	۱۹/۵۲	۲۳/۵	۲۱/۲۹	۴/۲۷
درصد پروتئین	۳۰/۲	۳۵/۳۷	۳۲/۸۵	۳/۹۶

جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس شاهدها برای صفات مختلف

Table 2. The results of analysis of variance of controls for different traits

		میانگین مربعات							
منابع تغییرات	درجه آزادی	روز تا شروع گادهی	روز تا شروع غلاف‌دهی	روز تا شروع دانه	روز تا پر شدن دانه	ز تا شروع رسیدگی	روز تا رسیدگی کامل	ارتفاع بوته	تعداد گره در بوته
بلوک	۵	۱۱/۳۴^{ns}	۲/۴۰^{ns}	۲۰/۷۴^{ns}	۴/۱۶^{ns}	۱۲/۲۰^{ns}	۲۹/۸۴^{ns}	۱۱۶/۱۰^{ns}	۱۲/۲۵^{ns}
ژنوتیپ	۳	۶۶۶/۸۱**	۴۵۴/۱۱**	۶۸۶/۹۳**	۱۲۰۹/۹۴**	۷۶۱/۷۷**	۶۵۳/۷**	۴۰۲۶/۰۹**	۲۱/۴۲*
خطا	۱۵	۶/۱۱	۲/۶۴	۱۰/۴۹	۱۶/۶۱	۶/۱۱	۱۶/۳۰	۸۰/۱۷	۵/۷۴
ضریب تغییرات		۳/۲۴	۲/۵۴	۴/۰۲	۳/۶۵	۲/۰۴	۱/۹۰	۵/۶۸	۱۷/۲۸

ادامه جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس شاهدها برای صفات مختلف

Continued Table 2. The results of analysis of variance of controls for different traits

		میانگین مربعات							
منابع تغییرات	درجه آزادی	تعداد غلاف در بوته	تعداد شاخه فرعی در بوته	تعداد غلاف نابارور در بوته	تعداد غلاف در شاخه اصلی	تعداد دانه در بوته	عملکرد تک بوته	عملکرد بیولوژیک	درصد روغن	درصد پروتئین
بلوک	۵	۴/۲۲^{ns}	۲/۷۴^{ns}	۰/۶۹^{ns}	۳۳/۲۶^{ns}	۲۶۴/۷۰^{ns}	۳/۶۳^{ns}	۳۳/۵۰^{ns}	۰/۰۶**	۰/۰۸^{ns}
ژنوتیپ	۳	۸۳۸/۲۷**	۱۰/۲۹**	۰/۰۴^{ns}	۳۵۵/۴۹**	۲۵۴۰/۶۵*	۹/۵۷**	۱۵۶۱/۱۱**	۲/۵۲**	۱۷/۹۴**
خطا	۱۵	۱۱/۲۷	۱/۸۱	۰/۵۸	۲۶/۷۶	۵۷۳/۴۰	۱/۵۸	۳۰/۴۷	۰/۰۱	۰/۰۱
ضریب تغییرات		۸/۸۵	۲۲/۷۰	۴۴/۸۶	۲۴/۸۰	۱۴/۲۲	۱۲/۸۵	۹/۲۰	۰/۳۶	۰/۰۱

1- Least significant difference

2- Least significant interval

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.180]

از بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی در منطقه کرج تعداد ۸۹ ژنوتیپ به مرحله رسیدگی رسیدند و گروه‌بندی این ژنوتیپ‌های برداشت شده بر اساس کلیه صفات مورد ارزیابی توسط تجزیه خوشه‌ای انجام پذیرفت (شکل ۱) که نتایج آن به همراه مشخصات این ژنوتیپ‌ها و مقایسه میانگین در جدول ۲ و ۳ آمده است. این ژنوتیپ‌ها بر اساس تجزیه خوشه برای کلیه صفات مورد ارزیابی به چهار گروه تقسیم‌بندی شدند (شکل ۱). در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی در این پروژه، تعداد ۳۰ ژنوتیپ به مرحله رسیدگی نرسیدند که بسیار دیررس بودند و بنابراین از تجزیه‌های انجام شده بر روی سایر ژنوتیپ‌ها حذف شدند اما بعضی از صفات مربوط به هریک از مراحل رشدی این ژنوتیپ‌ها در جدول شماره ۵ آمده است.

نتایج تجزیه خوشه ژنوتیپ‌های مورد بررسی نشان داد که خوشه یک شامل ۲۳ ژنوتیپ بود. این خوشه از نظر صفات روز تا شروع گلدهی و روز تا شروع رسیدگی بیشترین مقدار و از نظر تعداد غلاف در شاخه فرعی، تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در تک بوته، عملکرد دانه و درصد روغن کمترین مقدار را در بین خوشه‌ها به خود اختصاص داده بود (شکل ۲). خوشه دوم شامل ۴۹ ژنوتیپ بود. این خوشه از لحاظ صفت درصد پروتئین نسبت به میانگین این صفات در سایر خوشه‌ها کمترین مقدار را دارا بود.

خوشه سوم شامل ۸ ژنوتیپ بود که از لحاظ صفات ارتفاع بوته، تعداد گره، تعداد شاخه فرعی، تعداد غلاف شاخه فرعی، تعداد دانه در یک بوته، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه و درصد پروتئین بیشترین مقدار را نسبت به میانگین این صفات در سایر خوشه‌ها به خود اختصاص داده بود (شکل ۲). خوشه چهارم شامل ۹ ژنوتیپ بود که از لحاظ صفات تعداد روز تا شروع گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، تعداد گره، تعداد شاخه فرعی و عملکرد بیولوژیک کمترین مقدار و از لحاظ تعداد غلاف در بوته و درصد روغن بیشترین مقدار را نسبت به میانگین این صفات در سایر خوشه‌ها به خود اختصاص داده بود (شکل ۲).

مطالعات متعددی در ارتباط با گروه‌بندی ژنوتیپ‌های سویا بر اساس صفات زراعی و فنولوژیکی صورت گرفته است (۸،۱۵،۱۶،۲۰،۲۲). برای اینکه به‌نژادگر بتواند حداکثر بهره برداری را از برنامه‌های اصلاحی ببرد، ابتدا لازم است تا تنوع موجود در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را ارزیابی نماید و سپس با دورگ‌گیری بین ژنوتیپ‌هایی که از نظر تنوع، تفاوت عمده‌ای با یکدیگر دارند، به هیبریدهای پر محصول و با صفات مطلوب دست یابد (۲). تجزیه خوشه‌ای یکی از روش‌های آماری چندمتغیره است که برای تعیین تنوع بین جوامع مختلف گیاهی، جانوری و دسته‌بندی آن‌ها به گروه های مختلف بر اساس فاصله یا تشابه ژنتیکی مورد استفاده قرار می‌گیرد. این روش حداقل در دو مورد می‌تواند به به نژادگر کمک کند: یکی پیدا کردن گروه‌های واقعی افراد بر اساس تشابه ژنتیکی بین آن‌ها و دیگر کاهش داده‌ها و انتخاب افراد محدودی از هر گروه یا دسته. اما مشکل عمده و اساسی استفاده از روش تجزیه خوشه ای در گروهبندی افراد یا ژنوتیپ‌ها این است که روش‌های بسیار متفاوتی برای انجام این نوع تجزیه توسط محققین مختلف پیشنهاد شده است که در بسیاری از موارد نتایج متفاوتی نیز ارائه می‌دهند. به این ترتیب تشخیص صحت و سقم نتایج حاصل از روش‌های مختلف و گروهبندی‌های حاصل به وسیله محقق، بسیار مشکل و گمراه کننده خواهد بود (۱۱).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.180]

جدول ۳- خصوصیات زراعی ژنوتیپ‌های سویای مورد بررسی

Table 3. The agronomic traits of soybean genotypes studied

نام ژنوتیپ	شماره خوشه	روز تا رسیدگی	روز تا گلدهی	درصد پروتئین	درصد روغن	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	عملکرد تک بوته (گرم)
Bienville	۱	۱۵۸	۸۱	۳۳/۲۱	۲۰/۵۱	۱۱۳/۲	۲۶/۴۹
Bossier	۱	۱۶۵	۸۰	۳۳/۴۶	۲۰/۷۶	۹۵	۰/۴۲
Bragg	۲	۱۳۳	۶۱	۳۲/۱۹	۲۱/۵۷	۱۰۳/۲	۲۲/۵۲
Braxton	۱	۱۴۱	۷۴	۳۲/۵۵	۲۰/۳۱	۱۱۰/۲	۶/۲۳
Cajeme	۲	۱۳۹	۶۸	۳۱/۲۴	۲۱/۵۱	۱۱۴/۶	۸
Centennial	۲	۱۴۰	۶۵	۳۲/۵۶	۲۱/۲۸	۱۰۲/۸	۵/۲۵
CES 414	۱	۱۶۱	۸۱	۳۵/۳۷	۱۹/۵۸	۱۱۱/۴	۷/۷۵
Clark curly pubesce	۳	۱۳۹	۴۴	۳۴/۷۲	۲۱/۳	۹۷/۲	۵۷/۲۸
Clark EE	۲	۱۳۹	۶۱	۳۲/۲۸	۲۲/۶	۹۵/۲	۱۶/۵۸
Clarke Ete	۴	۱۱۶	۵۲	۳۴/۸	۲۰/۲۸	۹۶/۶	۱۹/۸۶
Coker 338	۳	۱۲۴	۶۱	۳۰/۹	۲۲/۹۲	۹۲/۵	۳۳/۱۹
Curtis	۲	۱۲۸	۶۷	۳۳/۵۱	۲۰/۹۶	۸۱/۴	۸/۲۹
Dare	۲	۱۳۹	۵۹	۳۱/۳۸	۲۲/۴۱	۷۹/۸	۷/۲
DEH 124234	۱	۱۴۵	۸۳	۳۴/۲۹	۱۹/۵۲	۱۳۲/۶۷	۱/۲
DEH 124242	۲	۱۴۰	۶۹	۳۳/۶۱	۲۱/۴۸	۱۲۲/۲	۴/۸۹
Delmar	۳	۱۱۳	۵۲	۳۰/۴۳	۲۲/۵۲	۹۵/۸	۳۷/۰۷
Delsta	۱	۱۴۰	۸۹	۳۳/۲۸	۲۰/۰۵	۱۰۴/۲	۹/۵۱
Deltapine 345	۲	۱۳۱	۵۸	۳۳/۰۲	۲۰/۵۸	۸۹/۲	۴/۸
Dickie	۲	۱۳۰	۶۶	۳۰/۲	۲۰/۷	۸۸/۸	۴/۸۷
Disoy	۴	۱۰۱	۳۷	۳۳/۷۹	۲۱/۳۳	۵۰/۲	۶/۵۵
Douglas	۲	۱۱۶	۵۱	۳۲/۷۳	۲۲/۸۹	۶۳/۲	۱۱/۲۲
Dowling	۱	۱۴۹	۸۲	۳۲/۳۴	۲۰/۰۷	۹۲/۸۳	۴/۸۲
Dyer	۲	۱۲۹	۶۰	۳۰/۶۲	۲۱/۷۱	۹۲/۲	۶/۰۹
Dyer A	۲	۱۲۷	۶۱	۳۲/۰۴	۲۱/۰۱	۸۷/۶	۷/۰۴
Eyre	۱	۱۴۷	۸۷	۳۴/۴۱	۲۰/۳	۱۰۶/۶	۷/۴۲
Florida	۱	۱۴۷	۷۷	۳۱/۶۳	۲۰/۵۵	۱۵۲/۲	۲/۴۹
Foster	۲	۱۴۷	۶۸	۳۱/۸۹	۲۱/۲۴	۱۰۷	۵/۰۲
Gail	۲	۱۴۰	۶۴	۳۲/۳۸	۲۱/۵۵	۸۷/۸	۹/۵۸
GH 66-6-14	۳	۱۱۷	۶۲	۳۴/۸۶	۲۰/۳۵	۱۸۹/۸	۵۱/۲۸
GH 66-6-6	۳	۱۳۲	۶۱	۳۴/۶۱	۲۰/۹۸	۱۲۸/۶	۳۳/۱۴
Gordon	۱	۱۴۷	۶۷	۳۴/۰۴	۲۰/۶۶	۱۰۳/۵	۶/۷۸
HGH 1311	۲	۱۳۵	۷۲	۳۰/۷	۲۱/۱۳	۸۶	۱۴/۸۴
Hill	۲	۱۴۶	۶۱	۳۰/۹۱	۲۳/۰۱	۹۵/۸	۱۰/۸۳
Hood 75	۲	۱۴۰	۶۰	۳۳/۳۵	۲۱/۳۴	۹۶/۶	۶/۹۴
Hutcheson	۲	۱۳۸	۶۰	۳۰/۴۹	۲۳/۲۸	۷۷	۱۹/۳۵
Improved hood	۲	۱۳۴	۷۰	۳۲/۶۷	۲۱/۸۹	۵۷/۸	۴/۸۴
Jackson	۱	۱۴۶	۶۵	۳۲/۴۸	۲۰/۵۶	۹۹/۸	۲۲/۱۴
Jeff	۲	۱۴۰	۶۵	۳۲/۱۴	۲۰/۸۵	۱۰۰/۸	۸/۴۲
John alford	۱	۱۴۵	۷۱	۳۱/۷۱	۲۰/۸۶	۱۰۹	۸/۳۵
Kino	۲	۱۴۰	۵۹	۳۳/۰۷	۲۱/۷۲	۸۶/۴	۸/۷۴
Lancer	۲	۱۳۲	۶۹	۳۲/۸۵	۲۰/۲۷	۸۳	۱۲/۵۴
Lee	۲	۱۳۹	۶۰	۳۲/۵۵	۲۱/۹	۷۵/۳۳	۱۱/۹۳
Lee late	۳	۱۳۵	۶۹	۳۴/۵۸	۱۹/۷۴	۸۵/۵	۲۶/۴۱
McNair 600	۲	۱۳۵	۶۹	۳۳/۱۸	۲۰/۸۶	۱۰۸/۶	۲۱/۴۱
Nathan	۲	۱۳۰	۶۰	۳۳/۸	۲۰/۹۶	۱۰۵/۶	۶/۱۴
Nautilus	۲	۱۴۰	۶۳	۳۱/۶۱	۲۱/۳۸	۱۰۰/۴	۱۳/۷۹
LSI 5%		۸/۹	۵/۲۹			۲۶/۰۵	۴/۳۳

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.180]

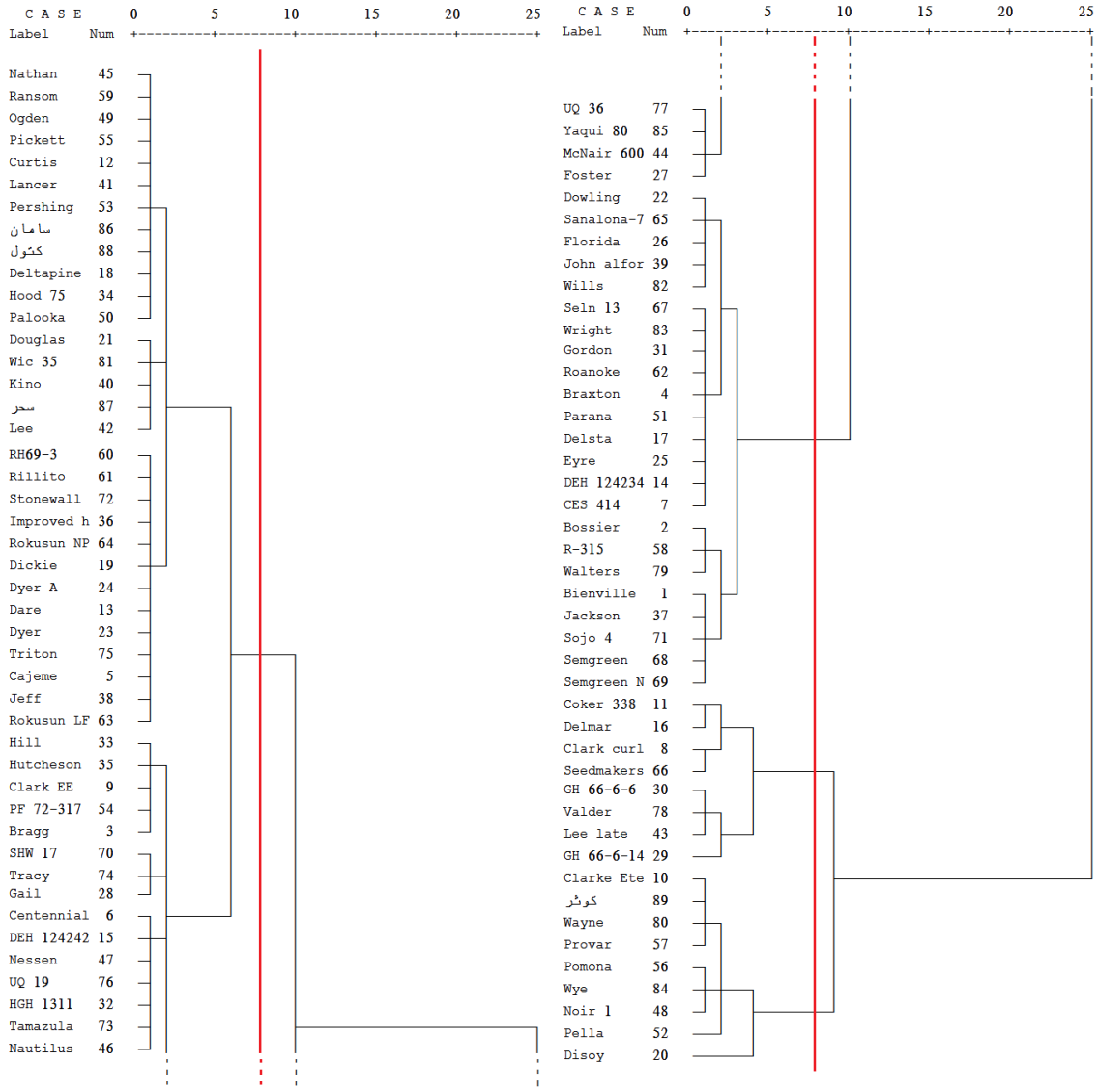
ادامه جدول ۳- خصوصیات زراعی ژنوتیپ‌های سویای مورد بررسی

Countinied Table 3. The agronomic traits of soybean genotypes studied

نام ژنوتیپ	شماره خوشه	روز تا رسیدگی	روز تا گلدهی	درصد پروتئین	درصد روغن	ارتفاع بوته (سانتیمتر)	عملکرد تک بوته (گرم)
Nessen	۲	۱۴۰	۶۸	۳۲/۱۷	۲۰/۰۸	۸۷/۶۷	۷/۶۱
Noir 1	۴	۱۰۴	۲۵	۳۳/۱۶	۲۰/۶۹	۴۲/۸۰	۱۲/۰۴
Ogden	۲	۱۲۹	۶۰	۳۳/۸۱	۲۱/۵۵	۹۲/۶۰	۱۲/۲۹
Palooka	۲	۱۳۱	۷۰	۳۳/۲۶	۲۰/۰۷	۱۳۰/۰۰	۴/۹۱
Parana	۱	۱۴۷	۷۰	۳۳/۲۷	۲۰/۰۵	۹۶/۲۰	۲/۷۱
Pella	۴	۱۱۳	۳۰	۳۱/۶۹	۲۲/۸	۹۱/۲۰	۲۸/۹۳
Pershing	۲	۱۳۱	۵۸	۳۴/۴۶	۲۱/۲۵	۵۳/۲۰	۲/۲۶
PF 72-317	۲	۱۳۲	۶۲	۳۰/۵۴	۲۱/۸۷	۹۴/۴۰	۱۳/۳۸
Pickett	۲	۱۴۱	۶۰	۳۳/۸۴	۲۲/۳۷	۹۰/۸۰	۹/۹۹
Pomona	۴	۱۱۳	۴۶	۳۰/۷۹	۲۲/۲۴	۷۴/۸۰	۱۵/۴۹
Provar	۴	۱۱۱	۳۰	۳۴/۳۱	۲۱/۶۳	۸۳/۰۰	۱۸/۰۰
R-315	۱	۱۴۵	۶۸	۳۲/۶۹	۲۱/۹۴	۱۱۰/۲	۱/۱۴
Ransom	۲	۱۳۲	۶۲	۳۳/۵۷	۲۱/۱۶	۱۰۱/۴	۹/۸۶
RH69-3	۲	۱۲۸	۶۸	۳۱/۸۴	۲۱/۷۹	۹۵/۸۰	۷/۳۱
Rillito	۲	۱۳۵	۷۰	۳۱/۶۶	۲۲/۱۲	۱۰۳/۲۰	۲/۶۸
Roanoke	۱	۱۴۷	۷۰	۳۳/۶۶	۲۱/۱۴	۱۱۸/۸۰	۴/۹۴
Rokusun LFP	۲	۱۴۰	۶۱	۳۲/۵۳	۲۲/۲۷	۱۰۸/۰۰	۱۰/۰۹
Rokusun NP	۲	۱۳۹	۷۴	۳۳/۷۹	۲۱/۱۹	۸۳/۴۰	۹/۷۶
Sanalona-77	۱	۱۴۷	۷۸	۳۲/۴۲	۲۰/۴۶	۱۰۴/۰۰	۸/۶۷
Seedmakers 1-E	۳	۱۱۳	۳۵	۳۴/۸۶	۲۱/۵۳	۹۷/۵	۴۳/۶
Seln 13	۱	۱۵۲	۶۹	۳۳/۲۴	۲۰/۰۶	۱۲۸/۸۰	۱۰/۹۲
Semgreen	۱	۱۴۵	۶۸	۳۳/۷۸	۲۰/۰۲	۹۴/۶۰	۹/۰۲
Semgreen No.2	۱	۱۵۵	۷۴	۳۴/۲۶	۲۰/۴۳	۶۲/۳۳	۸/۸۳
SHW 17	۲	۱۴۵	۷۳	۳۳/۷۴	۲۱/۹۶	۸۰/۰۰	۱۲/۴۲
Sojo 4	۱	۱۴۳	۷۶	۳۴/۶۰	۲۰/۲۹	۱۱۱/۰۰	۲۴/۶۶
Stonewall	۲	۱۳۲	۷۰	۳۳/۵۰	۲۱/۲۸	۹۷/۰۰	۶/۲۴
Tamazula S-80	۲	۱۳۷	۶۹	۳۰/۹۴	۲۱/۰۹	۱۰۶/۸	۱۱/۲۰
Tracy	۲	۱۵۴	۷۲	۳۳/۸۴	۲۱/۶۵	۷۹/۲۰	۱۳/۴۳
Triton	۲	۱۳۰	۵۹	۳۰/۶۱	۲۲/۳۴	۱۰۵/۰۰	۱۲/۵۸
UQ 19	۲	۱۴۲	۷۰	۳۲/۱۰	۲۱/۰۱	۱۱۲/۴۰	۳/۱۲
UQ 36	۲	۱۳۷	۶۹	۳۲/۴۷	۲۲/۱۹	۱۱۷/۰۰	۱۰/۴۰
Valder	۳	۱۲۷	۵۳	۳۴/۴۰	۲۰/۸۰	۱۱۹/۲۰	۳۶/۸۴
Walters	۱	۱۶۴	۶۱	۳۰/۹۱	۲۲/۱۸	۸۹/۴۰	۳/۰۵
Wayne	۴	۱۲۲	۵۳	۳۳/۱۶	۲۲/۷۴	۱۱۴/۴	۱۶/۷۵
Wic 35	۲	۱۲۸	۴۴	۳۲/۷۴	۲۲/۵۴	۹۷/۶۰	۱۴/۲۲
Wills	۱	۱۴۵	۸۷	۳۳/۵۹	۲۰/۷۱	۱۵۴/۰۰	۲/۵۴
Wright	۱	۱۴۹	۷۶	۳۳/۸۶	۱۹/۸۰	۱۰۳/۰۰	۸/۱۷
Wye	۴	۱۰۹	۴۴	۳۰/۹۵	۲۳/۵۰	۵۰/۲۰	۱۷/۱۳
Yaqui 80	۲	۱۳۳	۶۴	۳۳/۶۹	۲۰/۹۴	۱۰۹/۰۰	۱۲/۹۵
سامان	۲	۱۳۳/۸۳	۵۸/۳۳	۳۳/۴۱	۲۱/۶۱	۱۳۷/۵	۱۰/۳۳
سحر	۲	۱۳۵/۱۶	۵۶/۸۳	۳۰/۹۲	۲۲/۵۱	۷۹/۹۳	۸/۲۰
کتول	۲	۱۴۱/۶۶	۶۱/۵	۳۴/۸۳	۲۰/۹۳	۱۲۹/۷	۹/۸۵
کوثر	۴	۱۱۷/۱۶	۳۸/۱۶	۳۴/۲۹	۲۱/۷۸	۱۰۶/۵۷	۷/۷۱
LSI 5%		۸/۹	۵/۲۹			۲۶/۰۵	۴/۳۳

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

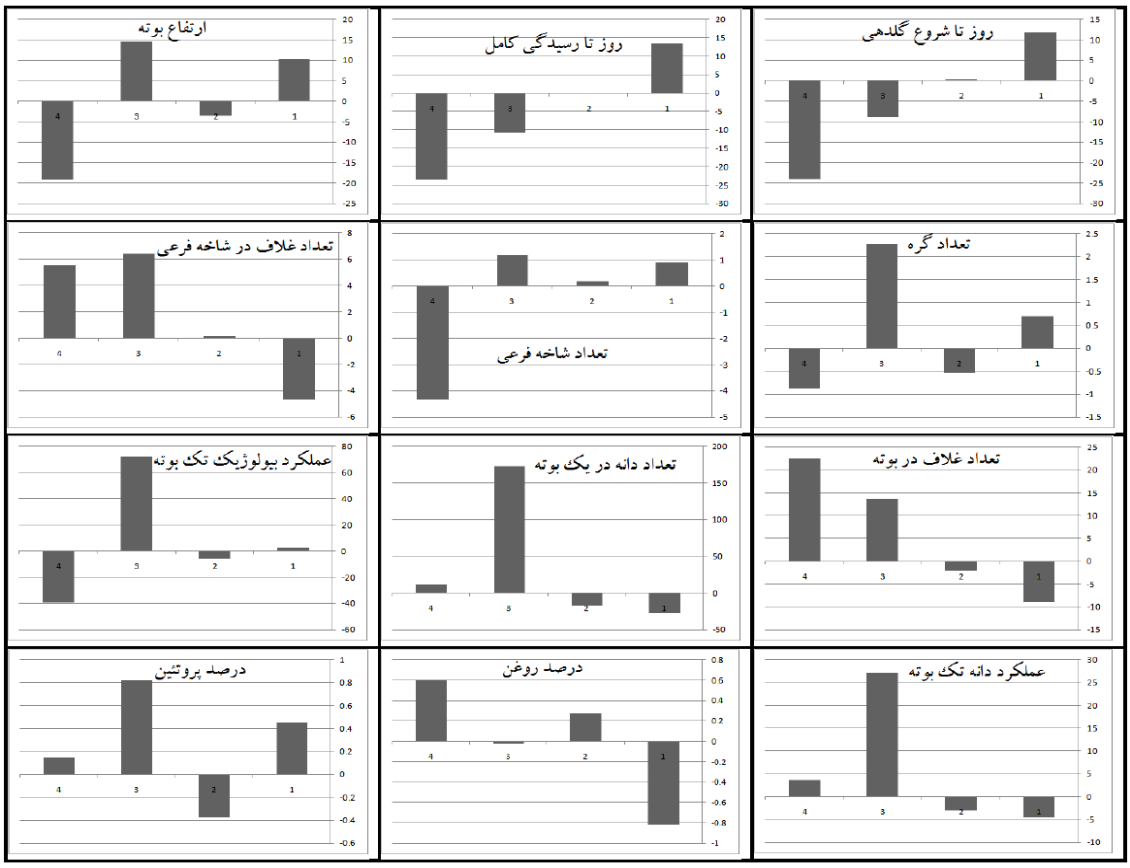
[DOI: 10.52547/jcb.14.43.180]



شکل ۱- تصویر دندروگرام تجزیه خوشه به روش وارد به منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد بررسی
Figure 1. The dendrogram of cluster analysis using ward method in order to grouping of genotypes studied

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.180]



شکل ۲- انحراف استاندارد هر خوشه از میانگین کل برای صفات مختلف بررسی

Figure 2. Standard deviation of each cluster from total mean for different traits

بر اساس نتایج بدست آمده از تجزیه توابع تشخیص، سه تابع تشخیص حدوداً به میزان ۱۰۰ درصد از واریانس کلی را پوشش دادند (جدول ۴). از این رو می‌توان ارقام جدید را به گروه‌های مربوطه منتسب کرد. با استفاده از ضرائب ارائه شده در جدول ۴ می‌توان مقدار عددی را برای هر ژنوتیپ با توجه به صفات مربوطه به آن به دست آورد. از مقایسه این مقدار با مقادیر ارائه شده برای هر گروه و تابع تشخیص، می‌توان ژنوتیپ مذکور را به گروهی منتسب کرد که کم‌ترین فاصله را با آن داشته باشد. با توجه به ضرایب صفات در هر تابع می‌توان به اهمیت نسبی هر صفت در تمایز بین گروه‌ها پی‌برد، به عنوان مثال تعداد غلاف در بوته، تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا غلاف دهی، عملکرد دانه، تعداد غلاف در شاخه فرعی و درصد روغن در این توابع بیشترین تاثیر را داشتند. صحت گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای توسط تابع تشخیص کانونی به روش خطی فیشر ۱۰۰ درصد برآورد شد که نشان می‌دهد تابع تشخیص، تقسیم ژنوتیپ ها در چهار گروه به وسیله تجزیه خوشه‌ای را تایید می‌کند (جدول ۴ و شکل ۳). شفیعی خورشیدی و همکاران (۲۱) با بررسی ۴۹ ژنوتیپ لوبیای معمولی از نظر ۱۴ صفت، این ژنوتیپ ها را توسط تجزیه خوشه‌ای در ۴ گروه دسته‌بندی نمودند و با تابع تشخیص نشان دادند که تمامی ژنوتیپ‌های مورد بررسی به طور صحیحی گروه‌بندی شدند و میزان موفقیت تابع تشخیص برای تمام گروه ها ۱۰۰ درصد بود. خدارحم پور و معتمدی (۷) با بررسی ۲۰ ژنوتیپ یونجه از لحاظ صفات مورفولوژیک و زراعی، توسط تجزیه خوشه ای آنها را در سه گروه دسته‌بندی نمودند و نتایج تابع تشخیص نیز حاکی از این مطلب بود که ۱۰۰ درصد ژنوتیپ‌ها به گروه خود تعلق داشتند.

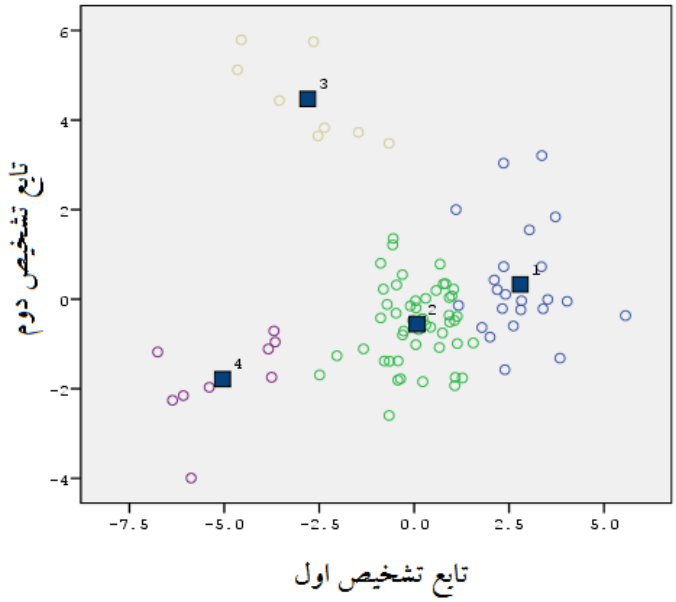
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.180]

جدول ۴- ضرایب استاندارد شده صفات در توابع تشخیص

Table 4. The standardized discrimenant function coefficientsits

صفات	تابع اول	تابع دوم	تابع سوم
تعداد روز تا شروع گلدهی	۰/۴۱	۰/۳۷	-۰/۲۵
تعداد روز تا شروع غلاف‌دهی	-۰/۱۳	-۰/۶۰	۰/۶۵
تعداد روز تا شروع پر شدن دانه	۰/۲۴	۰/۴۲	-۰/۰۸
تعداد روز تا پر شدن کامل	۰/۲۴	-۰/۱۶	-۰/۴۸
تعداد روز تا شروع رسیدگی	۰/۱۸	۰/۱۹	۰/۲۸
تعداد روز تا رسیدگی کامل	۰/۳۵	۰/۰۲	-۰/۲۱
ارتفاع	۰/۱۴	۰/۲۶	۰/۰۰
تعداد گره	-۰/۲۷	-۰/۲۴	-۰/۲۱
تعداد شاخه‌های فرعی	-۰/۰۴	۰/۲۶	۰/۳۱
تعداد غلاف در شاخه‌های فرعی	۰/۲۴	۰/۰۲	۰/۷۲
تعداد غلاف‌های نابارور	۰/۱۹	۰/۰۶	-۰/۲۹
تعداد غلاف در بوته	-۰/۵۵	-۰/۴۲	-۰/۸۲
عملکرد بیولوژیک بوته	۰/۰۷	۰/۳۶	۰/۲۵
عملکرد دانه تک بوته	۰/۱۲	۱/۰۱	۰/۱۴
تعداد دانه در یک بوته	-۰/۲۸	-۰/۰۸	-۰/۱۹
درصد روغن	-۰/۰۸	-۰/۱۰	۰/۶۵
درصد پروتئین	-۰/۰۸	۰/۰۳	۰/۰۹
مقدار ویژه	۵/۵۱	۲/۴۲	۰/۵۱
درصد واریانس	۶۵/۳۰	۲۸/۷۰	۶/۰۰
درصد تجمعی واریانس	۶۵/۳۰	۹۴/۰۰	۱۰۰/۰۰



شکل ۳- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مختلف بر اساس تابع تشخیص

Figure 3. The grouping of genotypes based on discriminant function

جدول ۵- نتایج تابع تشخیص برای صحت گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه

Table 5. The results ofdiscriminant function for correction determination of the genotypes studied grouping

گروه‌بندی			اعضای گروه				جمع کل
			۱	۲	۳	۴	
اصلی	مجموع	۱	۲۳	۰	۰	۰	۲۳
		۲	۰	۴۹	۰	۰	۴۹
		۳	۰	۰	۸	۰	۸
		۴	۰	۰	۰	۹	۹
	درصد	۱	۱۰۰	۰	۰	۰	۱۰۰
		۲	۰	۱۰۰	۰	۰	۱۰۰
		۳	۰	۰	۱۰۰	۰	۱۰۰
		۴	۰	۰	۰	۱۰۰	۱۰۰

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.180]

جدول ۶- ضرایب همبستگی فنوتیپی بین صفات مختلف در ژنوتیپ‌های سویا

Table 6. Phenotypic correlation coefficient of different traits of soybean genotypes

	درصد پروتئین	درصد روغن	تعداد دانه در گیاه	عملکرد دانه	عملکرد بیولوژیک	تعداد غلاف در یک بوته	تعداد غلاف نابارور	تعداد غلاف در شاخه اصلی	تعداد غلاف در شاخه فرعی	تعداد شاخه فرعی	تعداد گره	ارتفاع	رسیدگی کامل	شروع رسیدگی	تشکیل دانه کامل	شروع پر شدن دانه	شروع غلاف دهی	شروع گلدهی
شروع گلدهی	۰/۰۵	-۰/۵۱**	-۰/۳۱**	-۰/۴۰**	۰/۱۷	-۰/۴۷**	-۰/۱۱	-۰/۵۸**	-۰/۱۹	۰/۴۶**	۰/۲۸**	۰/۳۷**	۰/۷۷**	۰/۷۹**	۰/۷۷**	۰/۸۳**	۰/۹۲**	۱/۰۰
شروع غلاف دهی	-۰/۰۴	-۰/۴۵**	-۰/۳۵**	-۰/۴۵**	۰/۱۹	-۰/۴۶**	-۰/۱۳	-۰/۵۷**	-۰/۱۸	۰/۴۷**	۰/۲۴*	۰/۳۷**	۰/۷۴**	۰/۷۶**	۰/۷۱**	۰/۸۷**	۱/۰۰	
شروع پر شدن دانه	-۰/۰۱	-۰/۵۱**	-۰/۲۹**	-۰/۳۷**	۰/۲۵*	-۰/۴۳**	-۰/۲۰	-۰/۴۹**	-۰/۲۱*	۰/۴۱**	۰/۲۹**	۰/۴۱**	۰/۶۶**	۰/۷۰**	۰/۶۶**	۱/۰۰		
تشکیل دانه کامل	۰/۰۷	-۰/۴۳**	-۰/۳۳**	-۰/۳۹**	۰/۰۹	-۰/۵۲**	-۰/۱۶	-۰/۵۰**	-۰/۳۴**	۰/۳۳**	۰/۱۱	۰/۳۱**	۰/۸۶**	۰/۹۰**	۱/۰۰			
شروع رسیدگی	۰/۰۶	-۰/۴۵**	-۰/۳۳**	-۰/۳۹**	۰/۱۱	-۰/۴۸**	-۰/۱۲	-۰/۵۱**	-۰/۲۸**	۰/۳۶**	۰/۱۵	۰/۳۱**	۰/۹۵**	۱/۰۰				
رسیدگی کامل	۰/۰۷	-۰/۳۶**	-۰/۳۲**	-۰/۳۷**	۰/۰۷	-۰/۴۸**	-۰/۱۳	-۰/۵۵**	-۰/۲۴*	۰/۳۵**	۰/۱۴	۰/۲۵*	۱/۰۰					
ارتفاع	۰/۲۲*	-۰/۳۴**	۰/۱۳	۰/۱۴	۰/۲۶*	-۰/۰۳	-۰/۱۹	-۰/۰۶	۰/۰۲	۰/۲۹**	۰/۵۷**	۱/۰۰						
تعداد گره	۰/۱۴	-۰/۲۵*	۰/۲۰	۰/۲۵*	۰/۳۱**	۰/۲۴*	۰/۰۲	۰/۱۳	۰/۲۶*	۰/۴۷**	۱/۰۰							
تعداد شاخه فرعی	۰/۰۳	-۰/۲۹**	۰/۰۹	-۰/۰۱	۰/۳۹**	۰/۰۶	۰/۰۷	-۰/۲۶*	۰/۳۴**	۱/۰۰								
تعداد غلاف در شاخه فرعی	۰/۰۴	۰/۰۶	۰/۳۶**	۰/۳۳**	۰/۲۶*	۰/۸۱**	۰/۳۰**	۰/۲۹**	۱/۰۰									
تعداد غلاف در شاخه اصلی	۰/۱۸	۰/۱۴	۰/۳۴**	۰/۴۲**	۰/۱۱	۰/۸۰**	۰/۲۵*	۱/۰۰										
تعداد غلاف نابارور	۰/۰۳	-۰/۰۷	-۰/۰۶	-۰/۰۹	-۰/۰۲	۰/۳۵**	۱/۰۰											
تعداد غلاف در یک بوته	۰/۱۳	۰/۱۲	۰/۴۳**	۰/۴۶**	۰/۲۳*	۱/۰۰												
عملکرد بیولوژیک	۰/۱۸	-۰/۲۰	۰/۴۹**	۰/۴۱**	۱/۰۰													
عملکرد دانه	۰/۱۸	۰/۱۲	۰/۹۳**	۱/۰۰														
تعداد دانه در گیاه	۰/۱۱	۰/۱۱	۱/۰۰															
درصد روغن	-۰/۵۴**	۱/۰۰																
درصد پروتئین	۱/۰۰																	

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.180]

با توجه به جدول ۶ مشاهده می‌شود که عملکرد دانه با تعداد غلاف در بوته بیشترین همبستگی (۰/۴۶) را داشت و بعد از تعداد غلاف در بوته، صفات تعداد غلاف در شاخه اصلی (۰/۴۲)، عملکرد بیولوژیک (۰/۴۱)، تعداد غلاف در شاخه فرعی (۰/۳۳) و تعداد گره (۰/۲۵) دارای بیشترین همبستگی مثبت با عملکرد دانه بودند. این نتایج با یافته‌های مسعودی و همکاران (۱۷) مطابقت دارد و نشان دهنده این است که برای افزایش عملکرد باید به این صفات و صفات دیگری که همبستگی بالا با عملکرد دانه دارند (۱۷)، توجه خاص شود. بین صفت ارتفاع گیاه و صفات فنولوژیکی از جمله شروع گلدهی، شروع غلاف‌دهی، شروع تشکیل بذر، تشکیل بذر کامل، شروع رسیدگی و رسیدگی کامل همبستگی‌های مثبت و معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد مشاهده شد که با آزمایشات قبلی تطابق زیادی داشت و نشان می‌دهد که ارقام دیررس ارتفاع بیشتری نسبت به ارقام زودرس دارند (۱). عملکرد بیولوژیک نیز دارای بیشترین همبستگی با تعداد شاخه‌های فرعی (۰/۳۹) و بعد از آن با تعداد گره (۰/۳۱)، ارتفاع (۰/۲۶)، شروع پر شدن دانه (۰/۲۵) و تعداد غلاف در تک بوته (۰/۲۳) داشت که با قبلی تطابق زیادی دارد و نشان می‌دهد که با افزایش تعداد گره در بوته، تعداد غلاف‌ها افزایش می‌یابد و این افزایش باعث افزایش تعداد دانه در بوته و در نتیجه افزایش وزن بوته می‌شود. همبستگی بین درصد روغن و پروتئین دانه منفی و معنی‌دار بود که این نتایج با اکثر قریب به اتفاق آزمایش‌های مربوط به درصد روغن و پروتئین مطابقت داشت (۸،۲۳). به طور خلاصه، نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که برای گزینش ژنوتیپ‌های سویا با عملکرد بالاتر باید به صفات اجزای عملکرد از جمله تعداد غلاف در بوته (شاخه‌های اصلی و فرعی) و تعداد گره توجه ویژه‌ای گردد. به‌علاوه، با توجه به خودگشنی بالای ۹۸ درصد در گیاه سویا و پایین بودن تنوع ژنتیکی آن، نیاز مبرم به ارزیابی ژنوتیپ‌های مختلف با گروه‌های رسیدگی مختلف و استفاده از این ژنوتیپ‌ها در بلوک‌های دورگ‌گیری جهت بهبود صفات زراعی می‌باشد.

منابع

1. Arshad, M., N. Ali and A. Ghafoor. 2006. Character correlation and path coefficient in soybean Glycine max (L.) Merrill. Pakistan Journal of Botany, 38(1): 121.
2. Boros, L., A. Wawer and K. Borucka. 2014. Morphological, phenological and agronomical characterisation of variability among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) local populations from The National Centre for Plant Genetic Resources: Polish Genebank. Journal of Horticultural Research, 22(2): 123-130.
3. Carter, J.r., T.E. Nelson, R.L. Sneller, C.H. and Z. Cui. 2004. Genetic diversity in soybean, Soybeans: Improvement, Production, and Uses, 16: 303-416.
4. Cui, Z., T.E. Carter, J.W. Burton and R. Wells. 2001. Phenotypic diversity of modern Chinese and North American soybean cultivars. Crop Science, 41(6): 1954-1967.
5. Ghorbanzadeh Neghab, M. 2015. Study of genetic diversity and relationships among quantitative and qualitative traits in different soybean (*Glaycine max* L.) cultivars. Journal of Oil Plant Production, 2(1): 29-41.
6. Khatab, I.A., A.R. Morsy, W.M. Fares and T. Kumamaru. 2016. Genetic diversity of soybean genotypes revealed by agro–morphological and SSR markers. Journal of the Faculty of Agriculture, Kyushu University, 61(1): 79-87.
7. Khodarahmpour, Z. and M. Motamedi. 2016. Study of genetic diversity of alfalfa (*Medicago sativa* L.) genotypes via multivariate analysis. Journal of Crop Breeding, 8(19): 163-169 (In Persian).
8. Ghanbari, S., A. Nooshkam, B.A. Fakheri and N. Mahdinezhad. 2018. Assessment of yield and yield component of soybean genotypes (*Glycine max* L.) in north of Khuzestan. Journal of Crop Science and Biotechnology, 21(5): 435-441.
9. Hosseinpor, H., O. Alishah, A. Mohammadi and E. Hezarjaribi. 2012. Correlation analysis of agronomic traits, morphological and phonological 30 soybean lines Golestan province. Journal of Cop Breeding, 3(7): 1-10 (In Persian).
10. Li, W., M. Peng, Z. Wang, Y. Bi, M. Liu, L. Wang, Di. Shufeng, L. Jianxin, C. Fan, G. Yang, D. Yu. 2021. The Evaluation of agronomic traits of wild soybean accessions (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.) in Heilongjiang Province, China. Agronomy, 11(3): 586.
11. Long, J., J. Zhang, X. Zhang, J. Wu, H. Chen, P. Wang, Q. Wang and C. Du .2020. Genetic diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm resources in Chongqing, evidenced by morphological characterization. Frontiers in Genetics, 11: 697.
12. Majidian, P., B. Masoudi and H. Sadeghi garmarodi. 2019. Preliminary evaluation of imported cultivars and pure lines of soybean (*Glycine Max* L.). Based on agronomic traits and resistance to phytophthota rot. Journal of Crop Breeding, 11(30): 98-107 (In Persian).
13. Majidian, P., S.A. Dalili, B. Masoudi and H. Sadeghi Garmaroodi. 2021. Investigation of morphological and phonological diversity of some imported soybean (*Glycine max* L.) cultivars using principle component analysis. Journal of Crop Bredding, 13(38): 46-59 (In Persian).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.52547/jcb.14.43.180]

14. Malek, M.A., M.Y. Rafii, S.S. Afroz, U. K. Nath and M. Mondal. 2014. Morphological characterization and assessment of genetic variability, character association, and divergence in soybean mutants. The Scientific World Journal, 1-12.
15. Malik, M.F.A., M. Ashraf, A.S. Qureshi and M.R. Khan. 2011. Investigation and comparison of some morphological traits of the soybean populations using cluster analysis. Pakistan Journal of Botany, 43(2): 1249-1255.
16. Marconato, M.B., E.M. Pereira, Silva, F.M. Bizari, E.H. Pinheiro, J.B. Mauro, A.O. and S. H. Unêda-Trevisoli. 2016. Genetic divergence in a soybean (*Glycine max*) diversity panel based on agro-morphological traits. Genetics and molecular research, 15: 1-10.
17. Masoudi, B., M.R. Bihamta, H.R., Babaei and S.A. Peyghambari. 2008. Evaluation of genetic diversity for agronomic, morphological and phonological traits in soybean. Seed and Plant, 24(3): 413-427 (In Persian).
18. Miladinovic, J., J.W. Burton, S.B. Tubic, D. Miladinovic, V. Djordjevic and V. Djukic. 2011. Soybean breeding: comparison of the efficiency of different selection methods. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 35(5): 469-480.
19. Morovati, I., A. Kordenaeej and H. Babaei. 2021. Evaluation of drought tolerance indices in soybeans. Journal of Crop Breedinh, 13(37): 109-118 (In Persian).
20. Morsy, A.R., A.M. Elmanzlawy and H.A. Eraky. 2019. Agro-Morphological characterization and evaluation of genetic diversity using microsatellite markers for some soybean genotypes. Zagazig Journal of Agricultural Research, 46(4): 971-983.
21. Shafee Khorshidi, M., M.R. Bihamta, F. Khialparast and M.R. Naghavi. 2013. Assessment of genetic variation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes under drought condition using cluster and canonical discriminant analysis. Journal of Crop Breeding, 4(10): 1-17 (In Persian).
22. Shilpashree, N., S.N. Devi, D.C. Manjunathagowda, A. Muddappa, S.A. Abdelmohsen, N. Tamam, H. Elansary, K. Zin El-Abedin, A.M.M. Abdelbacki and V. Janhavi. 2021. Morphological characterization, variability and diversity among vegetable soybean (*Glycine max* L.) genotypes. Plants, 10(4): 671.
23. Thapa, P., K. H. Dhakal, R. and Darai A. Shrestha. 2019. Seed Protein Diver-sity Assessment and Genetic Diversity among Different Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] Accession. Journal of Agronomy and Agricultural Science, 2(009).
24. Zeinali, H., E. Hezarjaribi, M.R. Ahmadi. 2002. Evaluation of genetic correlation of seed oil with some important agronomic traits in soybean through path analysis. Iranian Journal of Agricultural Science, 33(4): 699-705 (In Persian).
25. Zhang, L.F., W. Li, C.J. Wang, R. Xu and H.Y. Dai. 2006. Morphological diversity of soybean germplasm resources in Shandong [J]. Journal of Plant Genetic Resources, 4.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.180]

Evaluation of Genetic Phenological and Morphological in Different Soybean Cultivars in Alborz Province

Parastoo Majidian[1], Bahram Masoudi[2], Hamid Sadeghi Garmaroudi[3] and Seyed Alireza Dalili[4]

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: p.majidian@areeo.ac.ir; parastoomajidian63@gmail.com)
2- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Research Department, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research Education and Extension Organization, Karaj, Iran
3- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Research Department, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research Education and Extension Organization, Karaj, Iran
4- Assistant Professor, Plant Protection Research Department, Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Sari, Iran
Received: 18 December, 2021 Accepted: 30 April, 2022

Extended Abstract

Introduction and Objective: Soybean is one of important oil seed crops through the world due to its high protein and oil contents. In order to evaluation the genetic diversity of this plant concerning to its compatibility to different climate conditions, the divergenet population in order to perform breeding programs is of great importance following by introduction of new cultivars. Thus, introduction of new cultivars is one of significant and available ways of plant breeding which facillitate to targeting in this issue

In order to determine the exist genetic diversity in new soybean germplams and to explain for future breeding programs, 119 new soybean genotypes (from Australia gene bank) Awere assessed according to augmented experiment with four control samples (Saman, Katol, Kosar and Sahar cultivars).

Material and Methods: To determine genetic diversity among the new soybean germplasm and achive information in direction of further breeding programs, 119 new imported genotypes (gene bank of Australia) were analyzed based on augmented design with four control samples (Saman, Ktol, Kosar, and Sahar). Each genotype was cultivated on 2 meters' line. The genotypes studied were evaluated based on morphological and phenological traits including number of days from plantation to flowering time to maturing, plant heighth, number of nodes, number of lateral shoots, plant yield, oil and protein percent.

Results: Based on obtained results from statistical parameters among all imported genotypes in Karaj region, the highest phenotypic variation coefficient was related to plant yield (84.23), number of null capsules (75.8) and the number of seeds per plant (75.28), and also the lowest phenotypic coefficient of variation was related to protein percentage (3.96), oil percentage (4.27) and the number of days to complete maturity (9.33). The mean comparison showed that the genotypes including Clark curly pubesce, GH 66-6-14, Seedmakers 1-E and Delmar had the highest seed yield per plant. The results of cluster analysis showed that the evaluated genotypes for all traits studied divided into four groups which the one, two, three and four groups contained 23, 49, 8 and 9 genotypes respectively.

Conclusion: The genotypes of GH 66-6-14, GH 66-6-6, Valder, Seedmakers 1-E, Lee late and Clark curly pubesce showed the highest yield and its component than control samples and could be able to be used in further breeding programs.

Keywords: Agronomical traits, Clustering, Oil seed crops

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.180]