

بررسی تنوع ژنتیکی در گونه مرتعی بروموس تومنتلوس  
(*Bromus tomentellus*) با استفاده از مطالعات مورفولوژیکی

علیرضا زبرجدی، دانش آموخته کارشناسی ارشد اصلاح نباتات  
دکتر حسین میرزایی‌ندوشن، دانش‌هیأت علمی مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع  
دکتر قاسم کریم‌زاده، عضو هیأت علمی دانشگاه تربیت مدرس

چکیده:

امروزه مطالعه و بررسی توده‌های بومی و گونه‌های وحشی به عنوان منابع ژنتیکی در اصلاح نباتات از اهمیت فوق‌العاده‌ای برخوردار است. در این میان گیاهان مرتعی به دلیل نقششان در تأمین علوفه دامی و همچنین حفاظت منابع آب و خاک کشور، از جنبه‌های مختلف گیاه‌شناختی، اکولوژیکی، به‌زراعی و به‌نژادی مورد توجه قرار گرفته‌اند. بروموس تومنتلوس (*Bromus tomentellus*) یکی از گونه‌های مرتعی فراگیر و خوشخوراک کشور می‌باشد که تاکنون کمتر مورد توجه قرار گرفته است.

به منظور بررسی تنوع ژنتیکی موجود در گونه بروموس تومنتلوس، ۱۲ ژنوتیپ از گونه فوق که در بانک‌ژن گیاهان مرتعی نگهداری می‌شوند و از نقاط مختلف کشور جمع‌آوری شده‌اند از لحاظ ۱۱ صفت مورفولوژیکی مورد مطالعه و بررسی قرار گرفتند. تحقیق فوق با اهداف زیر دنبال گردید:

- بررسی و مطالعه سیمای تنوع ژنتیکی موجود در ۱۲ ژنوتیپ از گونه فوق که از نقاط مختلف کشور جمع‌آوری شده‌اند، از نظر صفات مورفولوژیکی با استفاده از روشهای آماری متعدد جهت استفاده در طرحهای اصلاحی.
- تعیین روابط بین عملکرد و اجزاء آن با بهره‌گیری از روشهای همبستگی ساده بین صفات و تجزیه علیت.

- مقایسه روشهای مختلف آماری چند متغیره در گروه‌بندی ارقام با استفاده از صفات مورفولوژیک.

- گروه‌بندی ژنوتیپها و تعیین فاصله ژنتیکی آنها با استفاده از تجزیه خوشه‌ای جهت استفاده از آنها در برنامه‌های تلاقی.

آزمایش به صورت طرح بلوکهای کامل تصادفی با سه تکرار در مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور اجرا گردید. هر ژنوتیپ در یک کرت به ابعاد ۱×۵ متر کاشته شد، به طوری که فاصله کرتها ۵۰ سانتیمتر و فاصله بین ردیفها در هر کرت ۴۰ سانتیمتر اختیار گردید. نمونه‌برداری از هر کرت به صورت تصادفی و برای هر صفت از ۵ بوته یادداشت‌برداری انجام گرفت.

پس از اجرای آزمایش و یادداشت‌برداریها در زمان مناسب، داده‌ها با استفاده از روشهای مختلف آماری مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند که نتایج به شرح زیر عاید گردیدند:

- تجزیه واریانس براساس کلیه صفات مورفولوژیکی اختلاف بسیار معنی‌داری را میان ژنوتیپها نشان داد، به طوری که ژنوتیپ شماره ۲ با میانگین ۱۰۰ گرم عملکرد ماده خشک در هر متر مربع از سایر ژنوتیپها برتر بود.

- با استفاده از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپها از لحاظ صفات مورفولوژیکی در ۴ طبقه مجزا قرار گرفتند. جهت انجام تلاقی بین آنها بهتر است از ژنوتیپها با حداکثر فاصله ژنتیکی استفاده شود تا بتوان از هتروزیس بهره گرفت.

- همبستگی فنوتیپی زیادی میان صفات مورفولوژیکی و عملکرد مشاهده شد که می‌تواند در انتخاب غیر مستقیم جهت افزایش عملکرد مورد استفاده قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی:

تنوع ژنتیکی، مورفولوژیکی و بروموس تومنلوس.

## مقدمه:

امروزه مطالعه و بررسی توده‌های بومی و گونه‌های وحشی به عنوان منابع ژنتیکی در اصلاح نباتات از اهمیت فوق‌العاده‌ای برخوردار است. در این میان گیاهان مرتعی به دلیل نقششان در تأمین علوفه دامی و همچنین حفاظت منابع آب و خاک کشور، از جنبه‌های مختلف گیاه‌شناختی، اکولوژیکی، به زراعی و به‌نژادی مورد توجه قرار گرفته‌اند. بروموس (*Bromus tomentellus*) یکی از گونه‌های مرتعی فراگیر و خوشخوراک کشور می‌باشد که تاکنون کم‌تر مورد توجه قرار گرفته است. جنس بروموس گروه مجزایی از گراسها است که از لحاظ جغرافیایی گسترش وسیعی دارد و شامل گیاهان یکساله، دو ساله و چند ساله با سطوح پلئیدی مختلف و تپه‌های گوناگون رشدی می‌باشد، به همین جهت زمینه را برای مطالعات مختلف مهیا می‌سازد (۱).

اسمیت (Smith, 1970) معتقد است که این جنس شامل بیش از ۱۰۰ گونه است که در شش دسته یا قسمت گروه‌بندی شده‌اند و یکی از کوچکترین جنسها در تیره گرامینه است که شامل ۱۰ گونه یکساله و بقیه چند ساله هستند (۲).

به لحاظ فراگیر بودن این گونه در عرصه‌های مختلف مرتعی و داشتن ویژگیهای خاصی از قبیل خوشخوراک بودن از نظر دام و مقاومت در برابر آفات و امراض مختلف و همچنین دارا بودن سیستم ریشه‌ان قوی، می‌تواند به‌طور بالقوه در اصلاح نباتات مرتعی به ویژه گونه‌هایی از گندمیان که از نظر پوشش گیاهی مرتعی دارای اهمیت هستند مورد استفاده قرار گیرد. از اولین قدمهایی که در استفاده از توانمندیهای این گونه باید برداشته شود شناخت ویژگیهای مورفولوژیکی آن می‌باشد. بدین منظور روابط بین عملکرد و اجزاء آن با بهره‌گیری از روشهای همبستگی ساده بین صفات و تجزیه علیت تعیین شد و نیز روشهای مختلف آماری چند متغیره در گروه‌بندی ژنوتیپها

بر مبنای صفات مورفولوژیکی مورد مقایسه قرار گرفت و در نهایت گروه‌بندی ژنوتیپها و تعیین فواصل ژنتیکی آنها با استفاده از تجزیه خوشه‌ای انجام پذیرفت.

### مواد و روشها:

۱۲ نمونه از بذرهای جمع‌آوری شده از نقاط مختلف کشور از گونه *Bromus tomentellus* موجود در بانک ژن گیاهان مرتعی و جنگلی وابسته به مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور دریافت گردید (مشخصات این نمونه‌ها در جدول شماره ۱ آورده شده است) و در قالب طرح بلوکهای کامل تصادفی در سه تکرار مورد مطالعه قرار گرفت. برای بررسی صفات مورفولوژیکی در زمان مناسب در هر ردیف تعداد ۵ بوته بعد از حذف حاشیه‌ها به طور تصادفی از بین ۲۰ بوته انتخاب گردید و صفات زیر مورد بررسی قرار گرفتند:

عرض برگ: در هر ردیف تعداد ۵ بوته به طور تصادفی انتخاب گردید و از هر بوته ۵ برگ مورد اندازه‌گیری قرار گرفت.

برای اندازه‌گیری عرض برگ، طول برگ و شمارش تعداد برگ در شاخه و تعداد پنجه، پنج بوته به‌طور تصادفی در هر ردیف انتخاب گردید و از هر پایه تعداد پنج برگ مورد ارزیابی قرار گرفتند.

طول برگ: طول برگ ۵ گیاه به تصادف در هر ردیف اندازه‌گیری شد.

میزان کرکی بودن برگها: با توجه به میزان کرکی بودن برگهای هر ژنوتیپ ارزشی بین ۱ تا ۴ به آنها داده شد.

تعداد برگ در شاخه: بدین منظور نیز از هر ردیف برگهای ۵ گیاه مورد شمارش قرار گرفت.

تعداد پنجه: پنجه‌های حاصل از بوته در هر خط شمرده و یادداشت گردید.

عملکرد در پایه گیاه: محصول بیولوژیکی چند بوته به طور تصادفی در هر خط محاسبه شده و با تقسیم به تعداد بوته‌ها، به عنوان عملکرد بیولوژیکی تک بوته محاسبه و ثبت گردید.

برای تعیین طول و عرض بذر: از بذره‌های جمع‌آوری شده هر ژنوتیپ در هر ردیف تعداد ۲۵ بذر انتخاب و ابعاد آنها یادداشت گردید.

وزن هزار دانه: در هر تکرار از هر ژنوتیپ تعداد ۱۰۰۰ بذر شمارش و وزن آن ثبت گردید.

تاریخ گلدهی: تعداد روزها از زمان کاشت تا شروع گلدهی بوته‌های هر ردیف به عنوان تعداد روز تا گلدهی ثبت گردید.

ویگور گیاه: با توجه به وضعیت ظاهری گیاه در زمان رشد رویشی به هر کدام از ژنوتیپها ارزشی داده شد و به عنوان یک صفت کیفی ثبت گردید.

### روشهای آماری مورد استفاده:

نظر به اینکه یکی از دلایل لازم جهت انجام تجزیه و تحلیلهای تکمیلی در مورد اطلاعات حاصل از اندازه‌گیریهای مورفولوژیکی وجود تفاوت‌های معنی‌دار بین بوته‌ها از نظر ویژگیهای مورد اندازه‌گیری است، ابتدا با استفاده از مدل آماری طرح بلوکهای کامل تصادفی ژنوتیپها با توجه به صفات مورد بررسی مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند تا تفاوت بین توده‌ها مشخص گردد. پس از تأیید اختلاف بین توده‌ها توسط واریانس داده‌ها، با استفاده از روش دانکن به دسته‌بندی ژنوتیپها اقدام گردید. مورد دیگری که در مطالعات بعدی به آن نیاز است بدست آوردن همبستگی میان صفات می‌باشد. ضمن بررسی میزان همبستگی میان توده‌ها و نیز تعیین توده‌هایی که بیشترین و کمترین همبستگی را با یکدیگر دارا بودند، با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

روی کلیه صفات اندازه‌گیری شده ابتدا نقش هر یک از صفات در ایجاد تنوع و بعد مؤلفه‌هایی که بیشترین مقدار از واریانس موجود را در داده‌ها بیان می‌نمودند تعیین گردیدند. با استفاده از دو مؤلفه اصلی اول توده‌های مورد بررسی در یک محور مختصات در مقابل هم پلات شده و با استفاده از سیمای توده‌ها میان آنها دسته‌بندی صورت گرفت. از طرفی برای نشان دادن وضعیت ژنوتیپها از لحاظ مؤلفه‌ها می‌توان نمودار هر یک از مؤلفه‌ها را برای ژنوتیپها رسم نمود.

تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی  $n$  فرد از لحاظ  $p$  صفت در داخل طبقاتی بکار می‌رود که افراد مشابه در داخل طبقات یکسان قرار گیرند. در این تجزیه لازم است که ابتدا معیارهایی برای سنجش تشابه یا عدم تشابه تعریف گردند و بعد بر اساس آنها و بر حسب مورد، ماتریس تشابه یا فاصله را برای مشاهدات محاسبه نمود. قدم نهایی انتخاب یک الگوریتم مناسب برای گروه‌بندی است (۳).  
در این تحقیق از روش UPGMA استفاده گردید.

## نتایج و بحث:

تجزیه واریانس نشان داد که توده‌های مورد بررسی از لحاظ صفات مختلف تنوع مطلوبی را نشان می‌دهند. در جدول شماره ۲ نتیجه تجزیه واریانس ارائه شده است. با توجه به جدول مشاهده می‌شود که در این تیمارها از لحاظ کلیه صفات اختلاف بسیار معنی‌داری وجود دارد. نتایج دسته‌بندی ژنوتیپها به روش دانکن نشان دادند که ژنوتیپ شماره ۲ در صفات ویگور گیاه و طول برگ به ترتیب با میانگین ۴ و ۱۸/۳۸ سانتیمتر برتر از سایر ژنوتیپها می‌باشد. نتایج این دسته‌بندی در جدول شماره ۳ ارائه شده است. به طوری که ملاحظه می‌شود از لحاظ عملکرد ژنوتیپها در پنج گروه قرار می‌گیرند که

تنها دو دسته با یکدیگر همپوشانی دارند. از نظر وزن هزار دانه ژنوتیپها در ۶ گروه قرار می‌گیرند که هیچ‌کدام از گروه‌ها با یکدیگر همپوشانی ندارند.

اوجا و جاسکا (Oja and Jaaska, 1996) تنوع الکتروفورتیکی ۱۰ سیستم آنزیمی را در مکان ژنی ۵ گونه از بروموس مطالعه کردند و نشان دادند که پلی‌پلوئیدهای *B. diandrus*, *B. rubens* و *B. madritensis* هتروزیگوسیتی‌های معین مختلفی را برای چندین ایزو آنزیم نشان می‌دهند که بیانگر آن است که آنها آلپلوئیدهای طبیعی هستند (۴).

مهاجری و راستی (۱۹۹۵) در مطالعه‌ای در مورد درصد و سرعت جوانه‌زنی در گونه بروموس تومنتولوس به این نتیجه رسیدند که درصد و سرعت جوانه‌زنی در دمای ۱۵ الی ۲۰ درجه سانتیگراد برای این گونه بهینه است (۵).

در یک بررسی برای تعیین ارزش غذایی در جنس بروموس که توسط برهان (۱۳۷۰) صورت گرفت نتایج زیر بدست آمد (۶):

نتایج تجزیه علوفه در چهار گونه بروموس شامل:

*Br. tomentosus* و *Br. kopetdaghensis* *Br. tomentellus*, *Bromus stenostachyus* نشان داد که بیشترین مقدار پروتئین خام را گونه *Br. tomentellus* با مقدار ۱۷/۸٪ داشته است و کمترین مقدار را گونه *Br. kopetdaghensis* با مقدار ۱۴/۴٪ دارا بوده است. میزان الیاف خام در گونه *Br. stenostachyus* کمترین مقدار یعنی ۲۴٪ و در گونه *Br. kopetdaghensis* بیشترین مقدار یعنی ۲۶/۶٪ بوده است. گونه‌های *Br. Stenostachyus* و *Br. tomentosus* به ترتیب با ۳/۵۸٪ و ۴/۰۵ کیلو کالری کمترین و بیشترین مقدار انرژی را داشته‌اند. با توجه به اینکه گونه *Br. tomentellus* کمترین مقدار الیاف خام را داشته و با ۰/۱٪ اختلاف با گونه *Br. kopetdaghensis* بعد از این گونه بالاترین میزان پروتئین خام را دارد، می‌توان نظر داد که گونه تومنتولوس

ارزش غذایی بیشتری دارد. هر چند که برای تعیین ارزش غذایی، مشخص نمودن ضریب قابلیت هضم مواد غذایی و نوع مواد سلولزی ضروری است. اینوچ و همکاران (Ainouche et al. 1996) تنوع ژنتیکی درون گونه‌ای را در دو گونه از بروموگراسها شامل *Br. lanceolatus* از آفریقای شمالی و *Br. hordeaceus* از شمال آفریقا و فرانسه را مورد تجزیه و تحلیل قرار دادند. تجزیه و تحلیل ژنتیکی جمعیتها بر اساس پلی مورفیسم‌های آلوزیمی (Alloenzyme) در لوکوس صورت گرفت. اختلافات معین فنوتیپهای هتروزیگوس در هر دو گونه به چشم می‌خورد و نشان می‌دهد که تنوع بیشتری در میان جمعیت‌های *Br. lanceolatus* تنوع همبستگی بیشتری با متغیرهای آب و هوایی داشت. ولی *Br. hordeaceus* همبستگی بالایی بین تنوع ژنتیکی با فاصله جغرافیایی دیده شد. قابل ذکر است که تمایزات ژنتیکی نسبتاً ضعیفی در درون جمعیت‌های هر ناحیه دیده شد (۷).

جدول شماره (۱): مشخصات ژنوتیپ‌های مورد استفاده

ردیف	قوه نامیه	سال جمع آوری	محل جمع آوری	کد
۱	٪۷۲	۱۳۷۳	سدلتیان	۹۲
۲	٪۹۷	۱۳۷۴	اردبیل	۴۰۰
۳	٪۹۲/۵	۱۳۷۴	زنجان	۱۳۰۲
۴	٪۹۸	۱۳۷۴	تبریز	۶۷۷
۵	٪۸۰	۱۳۷۳	سیراچال	۱۲۳
۶	٪۸۵	۱۳۷۳	البرز کرج	۲۰۵
۷	٪۹۰	۱۳۷۴	همندآب‌سرد	۵۲۵
۸	٪۷۰	۱۳۷۵	قزوین	۷۵۴
۹	٪۸۰	۱۳۷۳	البرز کرج	۲۳
۱۰	٪۹۵	۱۳۷۴	حاجی نیک زنجان	۴۹۰
۱۱	٪۷۴	۱۳۷۳	پارک غزال	۷۳
۱۲	٪۸۵	۱۳۷۵	کرمانشاه	۷۷۷



جدول شماره (۲): نتایج تجزیه واریانس صفات مورفولوژیکی در قالب طرح بلوکهای کامل تصادفی

صفت	درجه آزادی	میانگین مربعات	مقدار F	C.V
عرض برگ ( $X_1$ )	۱۱	۰/۰۰۸	۳/۳۷۹ **	٪۱۱/۶۱
عرض بذر ( $X_2$ )	۱۱	۰/۰۰۰	۶/۰۵۳ **	٪۴/۸۶
تعداد برگ ( $X_3$ )	۱۱	۱/۹۶۷	۱۳/۲۰۳ **	٪۶/۲۹
طول برگ ( $X_4$ )	۱۱	۱۵/۲۴۷	۷/۱۹۲ **	٪۱۰/۰۵
تعداد پنجه ( $X_5$ )	۱۱	۰/۹۳۷	۶/۶۲۵ **	٪۵/۱۵
عملکرد ( $X_6$ )	۱۱	۹۸۴/۰۰۴	۳۳/۳۸۱ **	٪۸/۴۳
طول بذر ( $X_7$ )	۱۱	۰/۰۰۹	۳/۵۲۲ **	٪۴/۸۶
وزن هزاردانه ( $X_8$ )	۱۱	۳/۲۳۷	۱۷۰/۴۴۰ **	٪۱/۹۱
تاریخ گلدهی ( $X_9$ )	۱۱	۳۰۰/۰۲۸	۱۱/۱۰۳ **	٪۴/۰۲
ویگور گیاه ( $X_{10}$ )	۱۱	۲/۰۲۲	۱۶۷/۴۶ **	٪۱۶/۱۳
کرکی بودن ( $X_{11}$ )	۱۱	۱/۶۶۷	۴/۸۸۸ **	٪۲۰/۶۱

\*\* اختلاف بسیار معنی دار در سطح احتمال ٪۱

جدول شماره (۳): نتایج دسته بندی میانگین های صفات مورفولوژیکی به روش دانکن در سطح ٪۵

$X_1$	$X_2$	$X_3$	$X_4$	$X_5$	$X_6$
$G_7 = 0.473^a$	$G_7 = 0.473^a$	$G_1 = 7.33^a$	$G_3 = 18.38^a$	$G_4 = 8.00^a$	$G_2 = 100.00^a$
$G_6 = 0.473^a$	$G_6 = 0.473^a$	$G_{12} = 7.33^a$	$G_{10} = 16.83^{ab}$	$G_5 = 8.00^a$	$G_8 = 96.00^a$
$G_8 = 0.463^{ab}$	$G_8 = 0.463^{ab}$	$G_0 = 7.00^{ab}$	$G_9 = 16.61^{abc}$	$G_{12} = 8.00^a$	$G_9 = 77.00^b$
$G_2 = 0.460^{abc}$	$G_2 = 0.460^{ab}$	$G_2 = 6.66^{abc}$	$G_{12} = 10.24^{abcd}$	$G_8 = 7.66^a$	$G_5 = 68.00^{bc}$
$G_3 = 0.443^{abc}$	$G_3 = 0.443^{ab}$	$G_{10} = 6.33^{bcd}$	$G_6 = 15.26^{bcd}$	$G_3 = 7.66^a$	$G_{10} = 63.33^{cd}$
$G_4 = 0.413^{abc}$	$G_4 = 0.413^{ab}$	$G_{11} = 6.00^{cd}$	$G_3 = 15.21^{bcd}$	$G_{11} = 7.33^a$	$G_6 = 60.67^{cd}$
$G_{12} = 0.403^{abc}$	$G_{12} = 0.403^{ab}$	$G_8 = 6.00^{cd}$	$G_7 = 14.00^{cde}$	$G_{10} = 7.00^{abc}$	$G_7 = 60.00^{cd}$
$G_5 = 0.396^{abc}$	$G_5 = 0.396^{ab}$	$G_2 = 5.66^{de}$	$G_{11} = 13.58^{de}$	$G_0 = 7.00^{bcd}$	$G_{12} = 54.00^{de}$
$G_{11} = 0.380^{bcd}$	$G_{11} = 0.380^{abc}$	$G_8 = 5.66^{de}$	$G_8 = 12.84^e$	$G_2 = 7.00^{bcd}$	$G_{11} = 50.00^e$
$G_{10} = 0.376^{bcd}$	$G_{10} = 0.376^{bc}$	$G_5 = 5.66^{de}$	$G_4 = 12.43^e$	$G_6 = 7.00^{cd}$	$G_1 = 49.67^e$
$G_9 = 0.373^{cd}$	$G_9 = 0.373^{bc}$	$G_7 = 5.00^e$	$G_1 = 11.89^e$	$G_1 = 6.66^{cd}$	$G_3 = 49.33^e$
$G_1 = 0.309^d$	$G_1 = 0.309^c$	$G_4 = 5.00^e$	$G_5 = 11.24^e$	$G_7 = 6.33^d$	$G_4 = 54.00^e$

میانگین‌هایی که دارای حروف مشترک هستند با هم اختلاف معنی‌داری ندارند.  
ادامه جدول شماره (۳): نتایج دسته‌بندی میانگین‌های صفات مورفولوژیکی به روش دانکن در سطح

۵٪

X <sub>6</sub>	X <sub>7</sub>	X <sub>8</sub>	X <sub>10</sub>	X <sub>11</sub>
G <sub>12</sub> = 1.143 <sup>a</sup>	G <sub>0</sub> = 8.633 <sup>a</sup>	G <sub>1</sub> = 145.0 <sup>a</sup>	G <sub>2</sub> = 4.00 <sup>a</sup>	G <sub>10</sub> = 3.66 <sup>a</sup>
G <sub>9</sub> = 1.063 <sup>b</sup>	G <sub>10</sub> = 8.56 <sup>a</sup>	G <sub>8</sub> = 143.7 <sup>ab</sup>	G <sub>7</sub> = 3.33 <sup>b</sup>	G <sub>11</sub> = 3.66 <sup>a</sup>
G <sub>11</sub> = 1.063 <sup>b</sup>	G <sub>3</sub> = 8.230 <sup>b</sup>	G <sub>8</sub> = 136.3 <sup>bc</sup>	G <sub>4</sub> = 2.50 <sup>c</sup>	G <sub>3</sub> = 3.33 <sup>ab</sup>
G <sub>10</sub> = 1.063 <sup>b</sup>	G <sub>12</sub> = 7.96 <sup>ab</sup>	G <sub>0</sub> = 135.0 <sup>bc</sup>	G <sub>3</sub> = 2.33 <sup>ab</sup>	G <sub>1</sub> = 3.33 <sup>ab</sup>
G <sub>2</sub> = 1.050 <sup>bc</sup>	G <sub>6</sub> = 7.90 <sup>c</sup>	G <sub>7</sub> = 132.3 <sup>cd</sup>	G <sub>5</sub> = 2.167 <sup>cde</sup>	G <sub>6</sub> = 3.33 <sup>ab</sup>
G <sub>6</sub> = 1.047 <sup>cde</sup>	G <sub>2</sub> = 6.90 <sup>d</sup>	G <sub>11</sub> = 131.0 <sup>cde</sup>	G <sub>6</sub> = 2.00 <sup>cdef</sup>	G <sub>5</sub> = 3.00 <sup>ab</sup>
G <sub>4</sub> = 1.027 <sup>bcd</sup>	G <sub>4</sub> = 6.76 <sup>d</sup>	G <sub>5</sub> = 130.3 <sup>cde</sup>	G <sub>1</sub> = 2.00 <sup>cdef</sup>	G <sub>2</sub> = 2.66 <sup>ab</sup>
G <sub>7</sub> = 1.000 <sup>bcd</sup>	G <sub>7</sub> = 6.70 <sup>d</sup>	G <sub>4</sub> = 124.7 <sup>def</sup>	G <sub>9</sub> = 1.83 <sup>delg</sup>	G <sub>9</sub> = 2.66 <sup>ab</sup>
G <sub>5</sub> = 0.983 <sup>bcd</sup>	G <sub>11</sub> = 6.70 <sup>d</sup>	G <sub>3</sub> = 122.0 <sup>elg</sup>	G <sub>10</sub> = 1.66 <sup>elgh</sup>	G <sub>8</sub> = 2.66 <sup>ab</sup>
G <sub>8</sub> = 0.973 <sup>cde</sup>	G <sub>2</sub> = 6.66 <sup>d</sup>	G <sub>10</sub> = 120.3 <sup>lg</sup>	G <sub>8</sub> = 1.50 <sup>gh</sup>	G <sub>4</sub> = 2.33 <sup>b</sup>
G <sub>1</sub> = 0.963 <sup>de</sup>	G <sub>5</sub> = 5.80 <sup>e</sup>	G <sub>2</sub> = 118.3 <sup>kg</sup>	G <sub>12</sub> = 1.33 <sup>gh</sup>	G <sub>12</sub> = 2.33 <sup>b</sup>
G <sub>3</sub> = 0.960 <sup>e</sup>	G <sub>1</sub> = 5.53 <sup>f</sup>	G <sub>12</sub> = 124.7 <sup>g</sup>	G <sub>11</sub> = 1.16 <sup>b</sup>	G <sub>7</sub> = 1.00 <sup>e</sup>

### نتایج حاصل از بررسی ضرایب همبستگی ساده بین صفات:

جدول شماره ۴ بیانگر همبستگی فنوتیپی دو گانه بین عوامل اندازه‌گیری شده بر روی ۱۲ ژنوتیپ مورد بررسی است.

همان‌طور که مشاهده می‌شود عملکرد علوفه خشک بوته با صفات طول برگ، تاریخ گلدهی و ویگور گیاه همبستگی نسبتاً بالا و معنی‌داری نشان می‌دهد. از طرفی با صفاتی چون طول بذر و میزان کرکی بودن همبستگی منفی و غیر معنی‌داری دارد. همین‌طور برگ با صفات دیگری نظیر طول بذر، وزن هزاردانه و تاریخ گلدهی همبستگی بالایی دارد که قابل تأمل است. همبستگی منفی طول برگ با تاریخ گلدهی

نیز نظر به اینکه هر دو صفت با عملکرد علوفه خشک همبستگی مثبت دارند دارای اهمیت است که باید در تجزیه علیت مورد بررسی قرار گیرد.

جدول شماره (۴): ضرایب همبستگی فنوتیپی میان صفات مورد مطالعه

ردیف	صفت	عرض برگ	عرض بذر	تعداد برگ	طول برگ	تعداد پنجه	عملکرد بوته
۱	عرض برگ	۱					
۲	عرض بذر	-۰/۰۹ <sup>NS</sup>	۱				
۳	تعداد برگ	-۰/۱۱۷	۰/۳۱۶ <sup>NS</sup>	۱			
۴	طول برگ	۰/۲۳۷ <sup>NS</sup>	۰/۰۴ <sup>NS</sup>	۰/۲۵۷ <sup>NS</sup>	۱		
۵	تعداد پنجه	۰/۰۲۴ <sup>NS</sup>	-۰/۰۱۷ <sup>NS</sup>	-۰/۰۱ <sup>NS</sup>	-۰/۲۶۴ <sup>NS</sup>	۱	
۶	عملکرد بوته	۰/۴۰۰ <sup>NS</sup>	۰/۱۴۵ <sup>NS</sup>	-۰/۱۹۱ <sup>NS</sup>	۰/۵۳۳	۰/۱۰۸ <sup>NS</sup>	۱
۷	طول بذر	-۰/۰۴ <sup>NS</sup>	۰/۱۷۰ <sup>NS</sup>	-۰/۲۳۱ <sup>NS</sup>	۰/۶۱۳	۰/۱۱۴ <sup>NS</sup>	-۰/۰۴۱ <sup>NS</sup>
۸	وزن هزاردانه	۰/۱۶۳ <sup>NS</sup>	-۰/۱۲۳ <sup>NS</sup>	۰/۲۳۹ <sup>NS</sup>	۰/۶۹۷	۰/۰۲۴ <sup>NS</sup>	۰/۰۰۳ <sup>NS</sup>
۹	تاریخ گلدهی	۰/۱۶۰ <sup>NS</sup>	۰/۲ <sup>NS</sup>	-۰/۰۳۶ <sup>NS</sup>	-۰/۵۸۵	-۰/۳۶۰ <sup>NS</sup>	۰/۴۲
۱۰	ویگور گیاه	۰/۴۶۵	-۰/۴۱۳ <sup>NS</sup>	-۰/۴۹۱	۰/۲۵۲ <sup>NS</sup>	-۰/۳۶۴ <sup>NS</sup>	۰/۵۱۷
۱۱	کرکی بودن برگ	-۰/۴۲۵	۰/۵۴۷	۰/۴۲۶	۰/۰۳۲ <sup>NS</sup>	۰/۱۵۷ <sup>NS</sup>	-۰/۱۲۷ <sup>NS</sup>

NS اختلاف غیر معنی دار

ادامه جدول شماره (۴): ضرایب همبستگی فنوتیپی میان صفات مورد مطالعه

ردیف	صفت	طول بذر	وزن هزاردانه	تاریخ گلدهی	ویگور گیاه	کرکی بودن برگ
۱۷	طول بذر	۱				
۸	وزن هزاردانه	۰/۴۹۲	۱			
۹	تاریخ گلدهی	-۰/۵۹۵	-۰/۴۰۲ <sup>NS</sup>	۱		
۱۰	ویگور گیاه	-۰/۲۲۳ <sup>NS</sup>	-۰/۲۶۴ <sup>NS</sup>	-۰/۱۹۸ <sup>NS</sup>	۱	
۱۱	کرکی بودن برگ	۰/۰۳۷ <sup>NS</sup>	۰/۱۳۷ <sup>NS</sup>	۰/۰۶۵ <sup>NS</sup>	۰/۴۹۷	۱

NS اختلاف غیر معنی دار

### نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی:

این تجزیه با کمک تمام متغیرها، تعدادی مؤلفه که هیچ ارتباط و همبستگی با هم ندارند بدست می‌دهد و آنگاه مطالعات آماری بعدی در مورد این مؤلفه‌ها صورت می‌پذیرد. ترتیب مؤلفه‌ها به گونه‌ای است که اولین مؤلفه بیشترین تغییرات داده‌ها را در برمی‌گیرد و بین ضرایب ویژه صفاتی که بیشترین مقدار را از نظر قدر مطلق به خود اختصاص می‌دهند بیشترین سهم را در مقدار مؤلفه خواهند داشت. این تجزیه با استفاده از نرم‌افزار MSTATC انجام گرفت که نتایج بدست آمده در جداول شماره ۵ و ۶ آورده شده‌اند.

با توجه به داده‌های حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، دو مؤلفه اصلی اول بیش از ۹۸٪ از تنوع موجود را بیان می‌کند. بنابراین این تعداد مؤلفه برای مطالعات بیشتر آماری بکار گرفته می‌شود. مشاهده می‌شود که اولین مؤلفه ۷۵٪ از تغییرات داده‌ها را شامل می‌شود. در این مؤلفه صفت عملکرد دارای بیشترین مقدار ضریب ویژه (۹۹۵٪) می‌باشد و بعد از آن صفت تاریخ گلدهی ضریب بالایی دارد (۰/۸۷). مؤلفه دوم حدود ۲۳٪ از تغییرات را شامل می‌شود و بیشتر به صفاتی چون تاریخ گلدهی و طول برگ اهمیت می‌دهد. در این مؤلفه تاریخ گلدهی بیشترین ضریب (۰/۹۸۴) را داراست. همچنین ملاحظه می‌گردد که صفات عملکرد و تاریخ گلدهی به ترتیب بیشترین اثرات را در مقدار مؤلفه اول و دوم دارند.

جدول شماره (۵): مقادیر ویژه و میزان واریانس که به وسیله هر یک از مؤلفه‌ها شرح داده می‌شود

مقدار ویژه	واریانس نسبی	واریانس تجمعی مؤلفه
۳۶۳۴/۵ مؤلفه	۷۵/۷۱	۷۵/۷۱ اول
۱۱۰۶/۵ مؤلفه	۲۳/۰۵	۹۸/۷۶ دوم

جدول شماره (۶): ضرایب ویژه برای ۲ مؤلفه اصلی اول

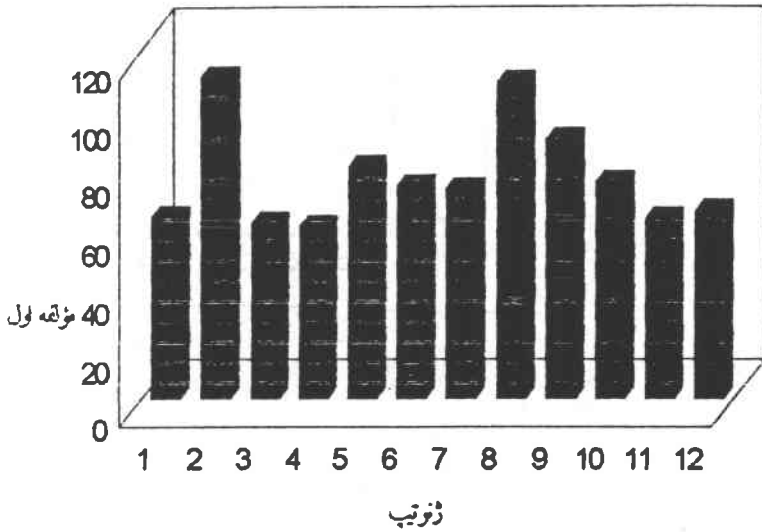
۲	۱	صفت / مؤلفه
-۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	$X_1$ - عرض برگ
۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	$X_2$ - عرض بذر
-۰/۰۰۱	-۰/۰۰۹	$X_3$ - تعداد برگ
-۰/۱۴۸	۰/۰۳۸	$X_4$ - طول برگ
-۰/۰۱۸	۰/۰۰۴	$X_5$ - تعداد پنجه
-۰/۰۸۰	۰/۹۹۵	$X_6$ - عملکرد
-۰/۰۰۳	۰/۰۰۰	$X_7$ - طول بذر
-۰/۰۴۴	-۰/۰۰۱	$X_8$ - وزن هزاردانه
۰/۹۸۴	۰/۰۸۷	$X_9$ - تاریخ گلدهی
-۰/۰۲۰	۰/۰۱۴	$X_{10}$ - ریگور گیاه
۰/۰۰۶	۰/۰۰۵	$X_{11}$ - کرکی بودن

مقادیر مؤلفه‌های اصلی در جدول شماره ۷ ارائه شده‌اند. از روی مقادیر مؤلفه‌ها می‌توان تفاوت بین ژنوتیپها را از نظر مؤلفه‌های مختلف با نمودار نشان داد. به عنوان مثال شکل شماره ۱ تفاوت بین ژنوتیپها را از نظر مؤلفه اصلی اول نشان می‌دهد. با توجه به شکل شماره ۱ ملاحظه می‌شود که ژنوتیپ شماره ۲ در صفات مورفولوژیکی نقش بیشتری در تشکیل مؤلفه اول داشته است. علاوه بر این می‌توان دو مؤلفه اصلی را مقابل هم پلات نمود. با توجه به شکل شماره ۲ مشاهده می‌شود که ژنوتیپ شماره ۲ یا B در منتهی‌الیه محور X ها و نزدیک به آن قرار گرفته است. بنابراین بیشتر به وسیله این مؤلفه توضیح داده می‌شود. در صورتی که ژنوتیپ شماره ۱ بیشتر به وسیله مؤلفه دوم توضیح داده می‌شود. این در حالی است که در ژنوتیپ شماره ۸ هر دو مؤلفه نقش قابل ملاحظه‌ای دارند، ولی سهم مؤلفه دوم اندکی بیشتر است. به این ترتیب انجام انتخاب از میان بوته‌ها با توجه به ۲ مؤلفه ساده‌تر خواهد بود. مؤلفه‌های اصلی با

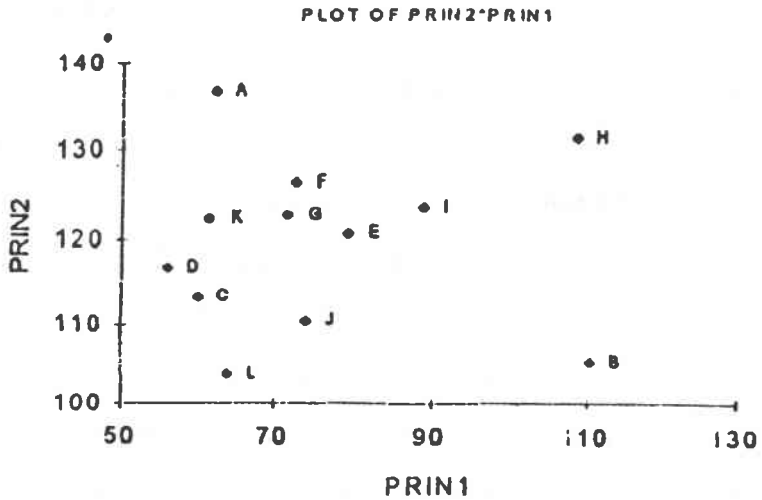
یکدیگر همبستگی ندارند و این به آن معناست که هر مؤلفه جنبه خاصی از داده‌ها را بیان می‌کند. به عنوان مثال مؤلفه دوم به صفات تاریخ گلدهی و طول برگ اهمیت بیشتری داده است. بنابراین اگر مسیر انتخابی به‌نژادگر جهت این دو صفت باشد می‌تواند به تیمارهایی که از نظر این مؤلفه مقدار بیشتری را به خود اختصاص داده‌اند اهمیت زیادتری بدهد، به عنوان مثال با توجه به جدول شماره ۷ ژنوتیپهای ۱ و ۸ بیشتر مورد توجه قرار می‌گیرند.

جدول شماره (۷): مقادیر مؤلفه‌های اصلی برای ژنوتیپهای مورد بررسی

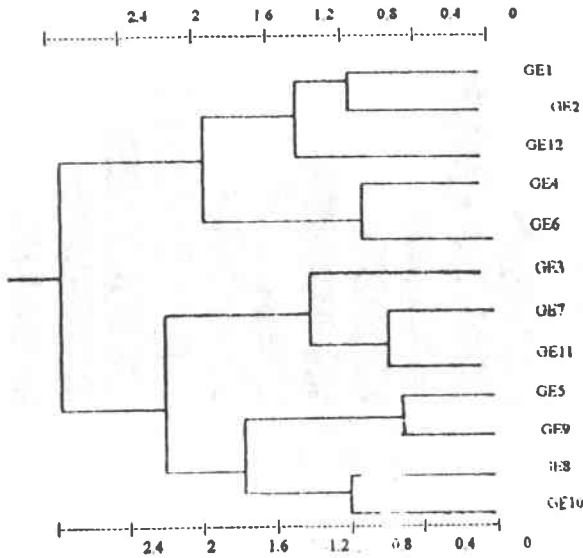
ژنوتیپ	مؤلفه	۱	۲
۱	۶۲/۳۶	۱۳۶/۵۹	
۲	۱۱۰/۴۴	۱۰۵/۲۶	
۳	۶۰/۱۶	۱۱۳/۳۴	
۴	۵۶/۰۰	۱۱۶/۷۸	
۵	۷۹/۳۲	۱۲۰/۷۵	
۶	۷۲/۷۰	۱۲۶/۵۴	
۷	۷۱/۶۸	۱۲۲/۹۰	
۸	۱۰۸/۳۹	۱۳۱/۴۲	
۹	۸۸/۸۷	۱۲۳/۷۲	
۱۰	۷۴/۰۱	۱۱۰/۳۶	
۱۱	۶۱/۵۳	۱۲۲/۴۹	
۱۲	۶۴/۰۲	۱۰۳/۶۵	



نمودار شماره (۱): نمایش مقادیر مؤلفه اول حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی روی داده‌های حاصل از صفات مورفولوژیکی و وضعیت ژنوتیپها



نمودار شماره (۲): رسته‌بند، ژنوتیپها با استفاده از دو مؤلفه اصلی اول



نمودار شماره (۳): دندروگرام مربوط به صفات مورفولوژیکی

### نتایج تجزیه خوشه‌ای:

برای گروه‌بندی ژنوتیپها از لحاظ صفات مختلف به منظور انتخاب والدین در انجام تلاقی و دورگ‌گیری بین والدین جهت ایجاد تنوع یا سایر اهداف، در این طرح از تجزیه خوشه‌ای در مورد تمام صفات و با استفاده از روش UPGMA بهره گرفته شد و در نهایت ۴ گروه بر اساس دندروگرام حاصله تشکیل گردید. دندروگرام مربوط به این تجزیه در نمودار شماره ۳ آورده شده است.

گروه چهارم با داشتن ۴ ژنوتیپ بیشترین تعداد ژنوتیپ را در خود جای داده است و گروه دوم با داشتن ۲ ژنوتیپ کمترین تعداد را دارد. چنانکه از دندروگرام استنباط می‌گردد ژنوتیپهای شماره ۱ و ۲ که در یک زیر دسته مشترک قرار گرفته‌اند بیشترین فاصله را با ژنوتیپهای شماره ۸ و ۱۰ دارند و در چنین مواردی به ویژه وقتی



دسته‌بندی بر مبنای تعداد زیادی از صفات مورفولوژیکی باشد این گونه ژنوتیپها که در دسته‌ای دور از هم قرار می‌گیرند می‌توانند مولد تنوع ژنتیکی مناسبی جهت استفاده در طرحهای اصلاحی باشند، چرا که این گونه ژنوتیپها دارای بیشترین فاصله ژنتیکی بوده و تا جایی که ناسازگارهای حاصل از فاصله ژنتیکی اجازه بدهد می‌توانند تنوع ژنتیکی زیادی را تولید نمایند.

#### منابع:

- ۱- پیمانی فرد، بهرام، مهدی فائزی پور و بهروز ملک‌پور، ۱۳۶۳. معرفی گیاهان مهم مرتعی و راهنمای کشت آنها برای مناطق مختلف ایران. مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، ش ۲۴، ج ۲.
- ۲- برهان، م.ح، ۱۳۷۰. بررسی سیتولوژیک بروموسهای چند ساله البرز مرکزی. پایان‌نامه کارشناسی ارشد اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی کرج، دانشگاه تهران. ۱۲۶ ص.

3- Smith, P. 1970. Taxonomy and nomenclature of the brome-grasses (*Bromus*). Notes Royal Botanical Garden Edinburgh. 39: 361-375.

4- Manly, B.F.J. 1991. Multivariate Statistical Methods a Primer. Chapman and Hall, 158 p.

5- Oje, T. and V. Jaaska, 1996. Isoenzyme data on the genetic divergence and allopolyploidy in the section *genea* of the grass genus *Bromus* (Poaceae). Hereditas-Landskrona. 125: 249-255.

6- Mohajery, A. and MRasti, 1995. Germination temperature for *Bromus tomentellus* boiss and *Eurotia ceratoides* (L). Seed Science and Technology, 23: 241-243.

- 7- Ainouche.M, M.T.Misset and A.Huon, 1996. Patterns of genetic differentiation in two annual Bromegrasses: *Bromus lanceolatus* and *Br. hordeaceus* (Poaceae). *Plant-Systematics-and-Evolution*. 119: 65-98.