

تنوع ژنتیکی در جمعیت لاین‌های اینبرد برنج حاصل از تلاقی برگشتی با رقم هاشمی

سیده سهیلا زربافی^۱ ✉ | مریم حسینی چالشتی^۲

۱. سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، موسسه تحقیقات برنج کشور، رشت، ایران. رایانامه: szarbafi@phd.guilan.ac.ir

۲. سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، موسسه تحقیقات برنج کشور، رشت، ایران. رایانامه: m.hosseini@areeo.ac.ir

چکیده

برنج یکی از مهم‌ترین غلات دنیا و غذای اصلی جمعیت وسیعی از مردم است؛ از این رو شناسایی و بهره‌گیری از تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌ها در بهبود عملکرد و کیفیت محصول اهمیت زیادی دارد. مطالعه حاضر به ارزیابی تنوع ژنتیکی ۱۴۴ لاین اینبرد حاصل از تلاقی برگشتی رقم هاشمی و لاین IR67418-110-32222 پرداخت و ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورفولوژیکی و عملکردی مرتبط با هدف اصلاحی مورد بررسی قرار گرفتند. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار و اندازه‌گیری ده صفت مورفولوژیکی و عملکردی انجام شد. نتایج نشان داد که جمعیت مورد مطالعه از تنوع ژنتیکی قابل توجهی برخوردار است و تمامی صفات مورد بررسی تفاوت‌های معنی‌دار ژنتیکی داشتند ($P < 0.01$). عملکرد دانه بین ۱/۴۳ تا ۶/۴۲ تن در هکتار با میانگین ۴/۴۵ تن در هکتار متغیر بود. چهار عامل اصلی شناسایی شده، ۷۶/۹۷ درصد از واریانس کل صفات را تبیین کردند و تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها را به دو گروه متمایز تقسیم نمود. ژنوتیپ‌های دارای طول خوشه بلندتر، تعداد دانه پر بیشتر و مساحت برگ پرچم وسیع‌تر، عملکرد بالاتری داشتند. به طور کلی، این مطالعه نشان داد که استفاده از روش‌های چندمتغیره ابزاری مؤثر برای شناسایی ژنوتیپ‌ها با ترکیب مطلوب صفات هدف اصلاحی و انتخاب والدین مناسب در برنامه‌های اصلاحی است. جمعیت مورد بررسی می‌تواند به عنوان منبع ارزشمند ژنتیکی برای توسعه ارقام برنج با عملکرد بالا و کیفیت مطلوب مورد استفاده قرار گیرد.

کلیدواژه‌ها: انتخاب چند معیاره، صفات کمی، عملکرد دانه، لاین‌های اصلاحی، منابع ژنتیکی.

Genetic Diversity in Backcross Inbred Rice Lines Derived from Hashemi

Abstract

Rice is one of the most important cereals in the world and serves as a staple food for a large portion of the global population. Therefore, identifying and utilizing genetic diversity among genotypes is crucial for improving yield and grain quality. The present study evaluated the genetic diversity of 144 backcross inbred lines (BILs) derived from a cross between the Hashemi variety and the IR67418-110-32222 line, focusing on morphological and yield-related traits associated with the breeding objective. The experiment was conducted using a randomized complete block design (RCBD) with three replications, and ten morphological and yield traits were measured. The results revealed that the population possessed considerable genetic diversity, and all traits exhibited significant genetic differences ($P < 0.01$). Grain yield ranged from 1.43 to 6.42 t ha⁻¹, with an average of 4.45 t ha⁻¹. The four identified principal components explained 76.97% of the total trait variance, and cluster analysis divided the genotypes into two distinct groups. Genotypes with longer panicles, a higher number of filled grains per panicle, and larger flag leaf areas exhibited higher grain yields. Overall, the findings demonstrated that multivariate analyses are effective tools for identifying genotypes with desirable combinations of target traits and selecting suitable parents for breeding programs. The studied population can serve as a valuable genetic resource for developing high-yielding rice cultivars with desirable grain quality.

Keywords: Breeding lines, Genetic resources, Grain yield, Multivariate selection, Quantitative traits.

۱. مقدمه

برنج در بسیاری از کشورها به عنوان جزء اصلی رژیم غذایی و منبع مهم درآمد شناخته می شود. این گیاه در بیش از ۱۰۰ کشور کشت می شود و آسیا حدود ۸۷ درصد سطح زیر کشت و ۹۰ درصد مصرف جهانی را به خود اختصاص می دهد. برنج سرشار از انرژی است و تقریباً ۶۲ درصد کالری روزانه و ۴۶ درصد پروتئین در رژیم غذایی افراد عادی را تشکیل می دهد (FAO, 2018). برنج در سید غذایی مردم ایران نیز جایگاه ویژه ای دارد؛ به گونه ای که قسمت بزرگی از غذای مردم به خصوص در استان های شمالی به برنج اختصاص یافته است. در ایران ارقام متنوعی از برنج کشت می شود. سطح زیر کشت ارقام برنج در کل کشور معادل ۷۹۲۵۴۳ هکتار با میزان برداشت ۳۴۸۵۶۱۰ تن برآورد شده است (Ministry of Agriculture Jihad, 2024). با توجه به افزایش روزافزون جمعیت دنیا، نیاز غذایی به برنج رو به افزایش است. لذا پایداری تولید برنج نه تنها یک موضوع اجتماعی-اقتصادی است، بلکه یک شاخص اساسی برای ثبات سیاسی و فرهنگی است. بنابراین، هدف اصلی اصلاح کنندگان نبات باید توسعه واریته های متناسب با شرایط آب و هوایی و همچنین بهبود عملکرد باشد. با این حال، ویژگی پیچیده پلی ژنتیکی عملکرد، که تحت تأثیر سایر صفات است، اصلاح کنندگان برنج را برای انتخاب مستقیم آن دچار معضل می سازد. از این رو بسیار مهم است که بدانیم عملکرد چگونه با سایر ویژگی های زراعی و کیفی مرتبط است (Debsharma *et al.*, 2020; Nath, 2015). طیف گسترده ای از اقلیم های کشاورزی، شرایط فیزیولوژیکی، خاک و هیدرولوژیکی، کشور را به یک موقعیت عالی برای کشت انواع برنج با ویژگی های فنوتیپی و ژنتیکی متمایز تبدیل کرده است. کشف این تنوع موجود در ژرم پلاسما برنج مطمئناً منجر به شناسایی ژن های جدید و افزایش پیشرفت در اصلاح برنج می شود (Thomson *et al.*, 2007). قبل از انتخاب روش اصلاحی کاربردی در برنج، دانستن عدم تشابه مورفوژنتیکی در صفات مختلف مرتبط با عملکرد ضروری است. توسعه ارقام جدید برنج به وجود تنوع ژنتیکی کافی و آگاهی از وراثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی صفات وابسته است (Begna & Teressa, 2024). ویژگی هایی مانند ضرایب تنوع ژنتیکی و فنوتیپی، وراثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی جنبه های بیومتریکی مناسبی برای ارزیابی تنوع و سازگاری ژنتیکی هستند. ضرایب تنوع ژنوتیپی و فنوتیپی امکان ارزیابی دامنه تنوع را فراهم می کنند و وراثت پذیری همراه با پیشرفت ژنتیکی، سود ژنتیکی بالقوه را برآورد می کند (Onyia *et al.*, 2017; Tuhina-Khatun *et al.*, 2015). همچنین تجزیه همبستگی به اصلاحگران در انتخاب غیرمستقیم صفات مؤثر بر عملکرد کمک می کند (Hannan *et al.*, 2020).

برای ارزیابی ژنوتیپ ها و شناسایی روابط میان صفات مختلف عملکردی و مورفولوژیکی، روش های آماری چندمتغیره ابزارهای مؤثری محسوب می شوند. این روش ها به محققان کمک می کنند تا تنوع موجود در ژنوتیپ ها را به صورت کمی تحلیل کرده، ژنوتیپ ها را طبقه بندی کنند و الگوهای پیچیده داده ها را آشکار سازند (Sharifi, 2018). یکی از پرکاربردترین این روش ها، تحلیل مولفه های اصلی (PCA: Principle Component Analysis) است که قادر است داده های دارای چندین صفت وابسته و همبسته را تحلیل کند و آن ها را به مجموعه ای از متغیرهای جدید و متعامد به نام مولفه های اصلی تبدیل نماید (Tuhina-Khatun *et al.*, 2015; Worede *et al.*, 2014). تجزیه به مولفه های اصلی کمک می کند تا الگوهای پنهان در داده ها آشکار

شوند، تکراری بودن اطلاعات حذف گردد و اهمیت هر بعد برای توضیح تنوع موجود در مجموعه داده‌ها کمی شود (Habib *et al.*, 2005). همچنین، تحلیل خوشه‌ای (Cluster Analysis) یکی دیگر از ابزارهای رایج برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس شباهت‌ها و تفاوت‌های مورفولوژیکی، عملکردی یا فیزیولوژیکی است. این روش امکان شناسایی گروه‌هایی از ژنوتیپ‌ها با صفات مطلوب را فراهم می‌کند و می‌تواند به انتخاب والدین مناسب در برنامه‌های هیبریداسیون کمک نماید (Abdelsalam *et al.*, 2014; Elyasi *et al.*, 2025). تحلیل‌های چندمتغیره علاوه بر خلاصه‌سازی داده‌ها، الگوهای همبستگی را مشخص کرده و صفات کلیدی مؤثر بر عملکرد را شناسایی می‌کنند. ترکیب این روش‌ها با آمارهای بیومتریک مانند تنوع ژنتیکی و وراثت‌پذیری، ابزار قدرتمندی برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر فراهم می‌سازد.

مطالعات اخیر نشان داده‌اند که روش‌های چندمتغیره در شناسایی گروه‌های ژنتیکی متمایز، تعیین صفات کلیدی مؤثر بر عملکرد و انتخاب والدین مناسب بسیار مؤثر هستند (Rabiee *et al.*, 2025; Zarbafi *et al.*, 2019a, b). به ویژه، پژوهش‌های مختلف بر روی برنج (Abdelsalam *et al.*, 2025; Prakash *et al.*, 2024; Worede *et al.*, 2014) نشان داده‌اند که استفاده از روش‌های چندمتغیره نظیر تجزیه عاملی و خوشه‌ای، ابزاری مؤثر برای تبیین ساختار پیچیده روابط میان صفات مورفولوژیکی، فیزیولوژیکی و عملکردی است. این رویکردها با کاهش ابعاد داده و شناسایی صفات کلیدی مؤثر بر عملکرد، امکان گزینش هدفمند ژنوتیپ‌های برتر را برای برنامه‌های به‌نژادی فراهم می‌سازند. علاوه بر این، تحلیل‌های چندمتغیره در این مطالعات موجب شناسایی گروه‌های ژنتیکی متمایز و تبیین الگوهای همبستگی میان اجزای عملکرد شده‌اند که نقش مهمی در درک پایه ژنتیکی تنوع و بهبود انتخاب والدین در برنامه‌های اصلاحی ایفا می‌کند. از این رو، بهره‌گیری از چنین تحلیل‌هایی می‌تواند مسیر بهبود کارایی انتخاب و افزایش بهره‌وری در اصلاح برنج را هموار سازد.

با توجه به اهمیت شناسایی تنوع موجود در ژرم‌پلاسم برنج و نقش کلیدی اجزای عملکرد در بهبود واریته‌های پرمحصول، نیاز به بررسی دقیق روابط میان صفات عملکردی و مورفولوژیکی احساس می‌شود. روش‌های آماری چندمتغیره مانند تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تحلیل خوشه‌ای ابزارهای مناسبی برای طبقه‌بندی ژنوتیپ‌ها و شناسایی صفات کلیدی مؤثر بر عملکرد محسوب می‌شوند. از این رو، هدف از پژوهش حاضر ارزیابی ژنوتیپ‌های برنج از نظر صفات عملکرد و اجزای آن با استفاده از روش‌های چندمتغیره و شناسایی ژنوتیپ‌هایی با ترکیب مطلوب صفات هدف اصلاحی برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی آینده است.

۲. روش‌شناسی پژوهش

مواد گیاهی مورد استفاده در این تحقیق شامل جمعیت ژنتیکی از لاین‌های اینبرد تلاقی برگشتی (BILs: Backcross Inbred Lines) بود. این جمعیت شامل ۱۴۴ لاین BC₂F₄ حاصل از تلاقی رقم هاشمی (والد تکراری) و لاین IR67418-110-32222 (والد دهنده) بود. رقم هاشمی در مؤسسه تحقیقات برنج کشور (رشت) خالص‌سازی و برای تولید طبقات بذری به‌صورت رسمی ثبت و گواهی شده است؛ از این رو در این پژوهش از نسخه خالص‌شده و ثبت‌شده‌ی رقم هاشمی به‌عنوان والد تکراری استفاده شد. لاین IR67418-110-32222 به‌عنوان والد دهنده صفات عملکردی مورد نظر را وارد جمعیت نمود. هدف از انتخاب این جمعیت، بهره‌گیری از تنوع بالای صفات کمی و کیفی در نتاج حاصل از تلاقی والدین بود؛ چرا که والدین انتخابی از نظر صفات کیفی و کمی مطلوب و دارای تنوع بالا بودند. رقم هاشمی از ارقام محلی با کیفیت پخت مطلوب است که به‌طور گسترده در شمال کشور کشت می‌شود و لاین IR67418-110-32222 حاصل از تلاقی 3-4-278-IR6287-2-6-146-IR59645 و معرفی‌شده توسط مؤسسه تحقیقات بین‌المللی برنج (IRRI) به‌عنوان والد دهنده استفاده شد. هدف اصلی تلاقی برگشتی، انتقال ویژگی‌های مورفولوژیکی (ارتفاع بوته، طول خوشه، مساحت برگ پرچم، دوره گلدهی و رسیدگی) و عملکردی (عملکرد دانه،

تعداد خوشه در بوته، تعداد خوشه‌چه و دانه پر در خوشه، وزن هزار دانه) مطلوب از لاین IR67418-110-32222 به رقم هاشمی بود تا نتاج حاصل، علاوه بر حفظ کیفیت پخت رقم هاشمی، دارای بهبود در صفات مورفولوژیکی و عملکرد دانه باشند. آزمایش در موسسه تحقیقات برنج کشور، با طول و عرض جغرافیایی 36° و 37° شرقی و $16'$ شمالی و ارتفاع ۷ متر پایین‌تر از سطح دریای آزاد اجرا شد. بافت خاک سیلتی رسی با pH حدود ۷ بود. خصوصیات خاک محل آزمایش در جدول ۱ ارائه شده است.

جدول ۱. ویژگی‌های خاک زراعی محل آزمایش

واکنش خاک (pH)	هدایت الکتریکی (dS/m)	کربن آلی (درصد)	نیترژن کل (درصد)	فسفر قابل جذب (mg.kg^{-1})	پتاسیم قابل جذب (mg.kg^{-1})	رس (درصد)	سیلت (درصد)	شن (درصد)	بافت
۷/۱۳	۲/۴	۲/۵۱	۰/۲۱	۱۱	۱۱۰	۴۲	۴۴	۱۴	سیلتی رسی

لاین‌های اینبرد و والدین و ارقام شاهد در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کشت شدند. هر کرت 3×3 متر بود و گیاهچه‌ها در سن حدود ۴ هفته‌ای و به فاصله 20×20 سانتی‌متر به صورت تک‌بوته نشاء شدند. تغذیه گیاهچه‌ها با کود اوره و فسفات آمونیوم انجام شد و مدیریت آب و کنترل آفات و علف‌های هرز مطابق روش‌های متداول مزرعه انجام شد. در این مطالعه، ده صفت کمی شامل عملکرد دانه، تعداد خوشه در بوته، تعداد خوشه‌چه در خوشه، تعداد دانه پر در خوشه، وزن هزار دانه، ارتفاع بوته، طول خوشه، روز تا ۵۰٪ گلدهی، روز تا رسیدگی و مساحت برگ پرچم، براساس دستورالعمل استاندارد ارزیابی صفات در برنج (SES: Standard Evaluation System) و در زمان مناسب ارزیابی و ثبت شدند (International Rice Research Institute, 2002).

برای محاسبه مؤلفه‌های واریانس از داده‌های طرح بلوک‌های کامل تصادفی، تجزیه واریانس بر اساس مدل آماری زیر انجام شد (Falconer & Mackay, 1996; Singh & Chaudhary, 1985):

$$Y_{ij} = \mu + G_i + R_j + e_{ij}$$

که در آن:

Y_{ij} : مقدار مشاهده‌شده صفت بای ژنوتیپ i در تکرار j ؛

μ : میانگین کل،

G_i : اثر ژنوتیپ،

R_j : اثر تکرار،

و e_{ij} : خطا.

بر اساس نتایج تجزیه واریانس، مؤلفه‌های واریانس به صورت زیر برآورد شدند (Allard, 1999):

$$\sigma_g^2 = \frac{MS_g - MS_e}{r}$$

$$\sigma_e^2 = MS_e$$

که در آن:

σ_g^2 : واریانس ژنوتیپی،
 σ_e^2 : واریانس محیطی (خطا)،
 MS_g : میانگین مربعات ژنوتیپ‌ها،
 MS_e : میانگین مربعات خطا،
 و r : تعداد تکرارها.

بر این اساس، واریانس فنوتیپی کل به صورت زیر محاسبه شد:

$$\sigma_{ph}^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2$$

وراثت‌پذیری عمومی (H^2) از نسبت واریانس ژنوتیپی به فنوتیپی به دست آمد:

$$H^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_{ph}^2}$$

در جمعیت‌های اینبرد، واریانس ژنتیکی عمدتاً از نوع افزایشی است، از این رو، وراثت‌پذیری خصوصی (h^2) تقریباً نصف وراثت‌پذیری عمومی در نظر گرفته شد (Allard, 1999; Singh & Chaudhary, 1985).

برای تجزیه و تحلیل داده‌ها از نرم‌افزارهای SAS نسخه ۹ (SAS Institute, 2002) جهت تحلیل واریانس و مقایسه میانگین‌ها، SPSS نسخه ۲۴ (IBM SPSS Statistics, 2016) برای محاسبه همبستگی، تجزیه به عامل‌ها و تجزیه خوشه‌ای استفاده شد. نقشه حرارتی روابط همبستگی بین صفات مورفولوژیکی و عملکردی با استفاده از زبان برنامه‌نویسی Python نسخه ۳،۱۳ (Python Software Foundation, 2025) ترسیم شد تا الگوهای همبستگی بین ژنوتیپ‌ها و صفات به صورت بصری نمایش داده شود. ژنوتیپ‌های با خصوصیات برتر و متنوع جهت آزمایش‌های ناحیه‌ای و بررسی پایداری عملکرد در سال‌های آینده انتخاب شدند.

۳. یافته‌های پژوهش و بحث

۳-۱. آماره‌های توصیفی

آماره‌های توصیفی صفات مورفولوژیکی و عملکردی (جدول ۲) وجود تنوع ژنتیکی قابل توجه میان لاین‌های مورد مطالعه را نشان داد. ارتفاع بوته در دامنه ۷۶/۸۹ تا ۱۵۰/۷۸ سانتی‌متر و میانگین ۱۱۲/۷ سانتی‌متر متغیر بود. زمان گلدهی و رسیدگی نیز به ترتیب با دامنه تغییرات ۳۵/۶۷ و ۴۲ روز و میانگین‌های ۹۹/۰۹ و ۱۲۹/۹۱ روز، بیانگر حضور ژنوتیپ‌های زودرس، میان‌رس و دیررس در جمعیت است.

در میان اجزای عملکرد، تعداد خوشه در بوته، طول خوشه، تعداد خوشه‌چه و دانه پر در خوشه، همگی دامنه تغییرات بالایی داشتند که نشان‌دهنده اختلاف ژنتیکی معنی‌دار بین لاین‌هاست. وزن هزاردانه و مساحت برگ پرچم نیز تنوع قابل توجهی را نشان دادند. عملکرد دانه لاین‌ها دامنه ۱/۴۳ تا ۶/۴۲ تن در هکتار و میانگین ۴/۴۵ تن در هکتار را نشان داد که بیانگر وجود تفاوت ژنتیکی قابل توجه در پتانسیل تولید است. این نتایج تأکید می‌کند که جمعیت مورد مطالعه دارای پتانسیل بالایی برای انتخاب ژنوتیپ‌هایی با ترکیب مطلوب صفات مورفولوژیکی و عملکردی در برنامه‌های اصلاحی برنج است.

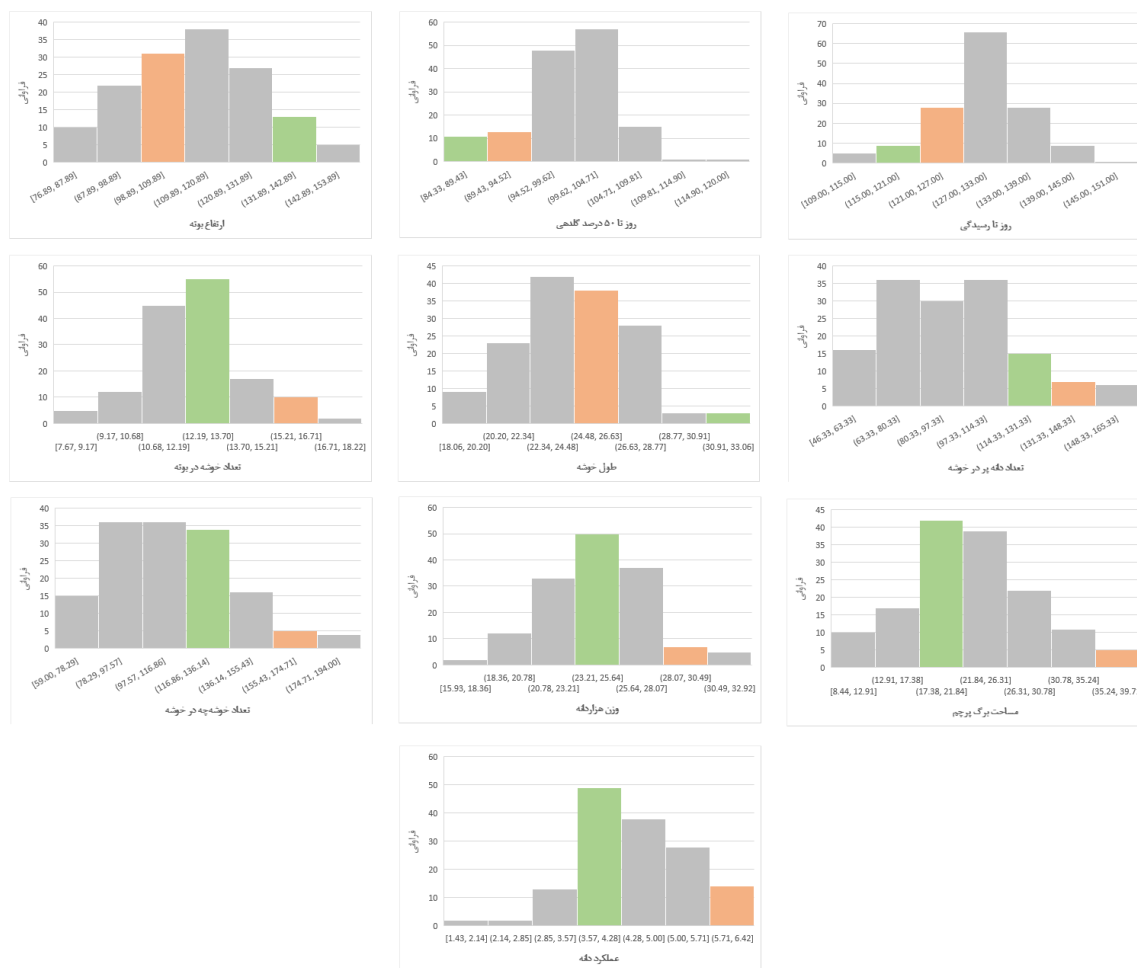
جدول ۲. آماره‌های توصیفی صفات عملکردی و اجزای عملکرد

صفات	حداقل	حداکثر	دامنه تغییرات	میانگین	اشتباه معیار
ارتفاع بوته	۷۶/۸۹	۱۵۰/۷۸	۷۳/۸۹	۱۱۲/۷۰	۱/۳۶

روز تا ۵۰٪ گلدهی	۸۴/۳۳	۱۲۰/۰۰	۳۵/۶۷	۹۹/۰۹	۰/۴۸
روز تا رسیدگی	۱۰۹/۰۰	۱۵۱/۰۰	۴۲/۰۰	۱۲۹/۹۱	۰/۵۵
تعداد خوشه در بوته	۷/۶۷	۱۸/۲۲	۱۰/۵۶	۱۲/۵۱	۰/۱۵
طول خوشه	۱۸/۰۶	۳۳/۰۶	۱۵/۰۰	۲۴/۵۶	۰/۲۳
تعداد دانه پر در خوشه	۴۶/۳۳	۱۶۵/۳۳	۱۱۹/۰۰	۹۳/۶۰	۲/۱۰
تعداد خوشه‌چه در خوشه	۵۹/۰۰	۱۹۴/۰۰	۱۳۵/۰۰	۱۱۲/۴۷	۲/۲۵
وزن هزاردانه	۱۵/۹۳	۳۲/۹۲	۱۶/۹۹	۲۴/۴۳	۰/۲۴
مساحت برگ پرچم	۸/۴۴	۳۹/۷۱	۳۱/۲۷	۲۲/۶۶	۰/۵۲
عملکرد دانه	۱/۴۳	۶/۴۲	۵/۰۰	۴/۴۵	۰/۰۷

۳-۲. توزیع فراوانی صفات

توزیع فراوانی صفات در لاین‌های جمعیت مورد بررسی نشان داد که همه صفات مورد مطالعه پیوسته هستند. برخی صفات شامل ارتفاع بوته، تعداد خوشه در بوته، طول خوشه، وزن هزاردانه و مساحت برگ پرچم، دارای توزیع نرمال بودند، در حالی که تعداد دانه پر در خوشه، تعداد خوشه‌چه در خوشه و عملکرد دانه به سمت ویژگی‌های والد هاشمی تمایل داشتند (شکل ۱). این گرایش به والد هاشمی ناشی از تلاقی برگشتی با این والد است و نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی قابل توجه در جمعیت می‌باشد. پیوسته بودن توزیع داده‌ها همچنین تأیید می‌کند که صفات مورد نظر کمی بوده و تحت کنترل چندین ژن هستند که به‌طور مستقل یا جمعی بر بیان ویژگی‌ها اثر می‌گذارند.



شکل ۱. توزیع فراوانی لاین‌های خویش آمیخته نو ترکیب برای صفات عملکرد و اجزای عملکرد

ستون‌های با رنگ سبز نشان‌دهنده والد هاشمی و ستون‌های با رنگ نارنجی نشان‌دهنده والد IR67418-110-32222 می‌باشد.

مطالعات قبلی نیز نشان داده‌اند که صفات مورد بررسی در این تحقیق صفات کمی بوده و تحت کنترل چندین ژن قرار دارند (Sabouri *et al.*, 2012; Liu *et al.*, 2011). این یافته‌ها با نتایج مطالعات پیشین همسو است و به اصلاح‌کنندگان برنج کمک می‌کند تا درک بهتری از پایه ژنتیکی صفات مختلف داشته و مسیرهای بهبود و انتخاب مناسب را در برنامه‌های اصلاح نژاد شناسایی کنند.

۳-۳. تجزیه واریانس

تجزیه واریانس صفات عملکرد و اجزای عملکرد دانه برنج نشان داد که میانگین مربعات تیمارها برای تمامی صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود، که بیانگر تفاوت ژنتیکی قابل توجه بین ژنوتیپ‌ها است (جدول ۳). ضریب تغییرات بین ۰/۹۸ درصد برای صفت روز تا رسیدگی تا ۸/۳۳ درصد برای تعداد خوشه در بوته متغیر بود که دقت و قابل اعتماد بودن آزمایش را تأیید می‌کند.

واریانس ژنوتیپی، تنوع صفات را به دلیل تفاوت‌های ژنتیکی نشان می‌دهد و واریانس فنوتیپی شامل تغییرات ناشی از ژنتیک و محیط است. بیشترین ضرایب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی مربوط به مساحت برگ پرچم، تعداد دانه پر در خوشه، تعداد خوشه‌چه در خوشه و عملکرد دانه بود که نشان‌دهنده تأثیر بالای عوامل ژنتیکی در این صفات است. این صفات با تنوع ژنتیکی بالا، قابلیت اصلاح بیشتری از طریق گزینش دارند.

وراثت‌پذیری عمومی نشان‌دهنده سهم واریانس ژنتیکی در تغییرات فنوتیپی است و در اغلب صفات بالای ۹۰ درصد بود. کمترین وراثت‌پذیری ۸۸/۴۹ درصد برای تعداد خوشه در بوته گزارش شد. این مقادیر نشان می‌دهد که تغییرات فنوتیپی بیشتر ناشی از تفاوت‌های ژنتیکی است و سهم عوامل محیطی حدود ۱۰ درصد برآورد می‌شود. بر این اساس، وراثت‌پذیری خصوصی نیز برآورد گردید و نتایج نشان داد که این مقادیر تقریباً نصف وراثت‌پذیری عمومی هستند، زیرا بخش عمده واریانس ژنتیکی در جمعیت اینبرد از نوع افزایشی است. به طور کلی، بالا بودن هر دو نوع وراثت‌پذیری نشان می‌دهد که بخش عمده‌ی تغییرات مشاهده‌شده ناشی از تفاوت‌های ژنتیکی میان لاین‌ها است و سهم عوامل محیطی در مقایسه کمتر می‌باشد. بنابراین، اصلاح ژنتیکی به ویژه در صفات با وراثت‌پذیری بالا، راهکار مؤثری برای بهبود کیفیت و کمیت محصول برنج است (Chaudhary *et al.*, 2025; Dewi *et al.*, 2023).

جدول ۳. تجزیه واریانس صفات عملکرد و اجزای عملکرد

میانگین مربعات											
منابع تغییرات	درجه آزادی	ارتفاع بوته	روز تا ۵۰٪ گلدهی	روز تا رسیدگی	تعداد خوشه در بوته	طول خوشه	تعداد دانه پر در خوشه	تعداد خوشه‌چه در خوشه	وزن هزاردانه	مساحت برگ پرچم	عملکرد دانه
بلوک	۲	۱۸۱۴/۰۲**	۲۸/۳۰**	۲۱/۷۲**	۵۵/۶۷**	۰/۷۵ ^{ns}	۵۷۲/۸۶**	۶۲۱/۷۴**	۳۱/۳۴**	۲/۱۱ ^{ns}	۰/۱۶*
تیمار	۱۴۵	۸۱۴/۸۲**	۹۸/۸۹**	۱۳۴/۰۶**	۹/۳۸**	۲۳/۵۴**	۱۹۳۰/۸۲**	۲۲۱۰/۲۷**	۲۴/۹۷**	۱۱۸/۶۴**	۲/۴۲**
اشتباه آزمایشی	۲۹۰	۴۷/۲۳	۱/۴۳	۱/۶۳	۱/۰۸	۲/۱۹	۱۰/۹۳	۱۱/۶۰	۰/۸۱	۰/۹۱	۰/۰۳
ضریب تغییرات (درصد)		۶/۰۹	۱/۲۰	۰/۹۸	۸/۳۳	۶/۰۳	۳/۵۳	۳/۰۲	۳/۶۹	۴/۲۱	۴/۴۶
واریانس ژنوتیپی		۲۵۵/۸۶	۳۲/۴۹	۴۴/۱۴	۲/۷۷	۷/۱۲	۶۳۹/۹۶	۷۳۲/۸۹	۸/۰۵	۳۹/۲۴	۰/۸۰
واریانس فنوتیپی		۲۷۱/۶۱	۳۲/۹۶	۴۴/۶۹	۳/۱۳	۷/۸۵	۶۴۳/۶۱	۷۳۶/۷۶	۸/۳۲	۳۹/۵۵	۰/۸۱
ضریب تغییرات ژنوتیپی (CV _g)		۱۴/۱۹	۵/۷۵	۵/۱۱	۱۳/۲۹	۱۰/۸۶	۲۷/۰۳	۲۴/۰۷	۱۱/۶۲	۲۷/۶۵	۲۰/۰۷
ضریب تغییرات فنوتیپی (CV _{ph})		۱۴/۶۲	۵/۷۹	۵/۱۵	۱۴/۱۳	۱۱/۴۰	۲۷/۱۰	۲۴/۱۳	۱۱/۸۱	۲۷/۷۵	۲۰/۲۰
وراثت‌پذیری عمومی (درصد)		۹۴/۲۰	۹۸/۵۵	۹۸/۷۸	۸۸/۴۹	۹۰/۷۰	۹۹/۴۳	۹۹/۴۸	۹۶/۷۶	۹۹/۲۳	۹۸/۷۶
وراثت‌پذیری خصوصی (درصد)		۴۷/۱۰	۴۹/۲۸	۴۹/۳۹	۴۴/۲۴	۴۵/۳۵	۴۹/۷۲	۴۹/۷۴	۴۸/۳۸	۴۹/۶۲	۴۹/۳۸

ns, *, ** به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪

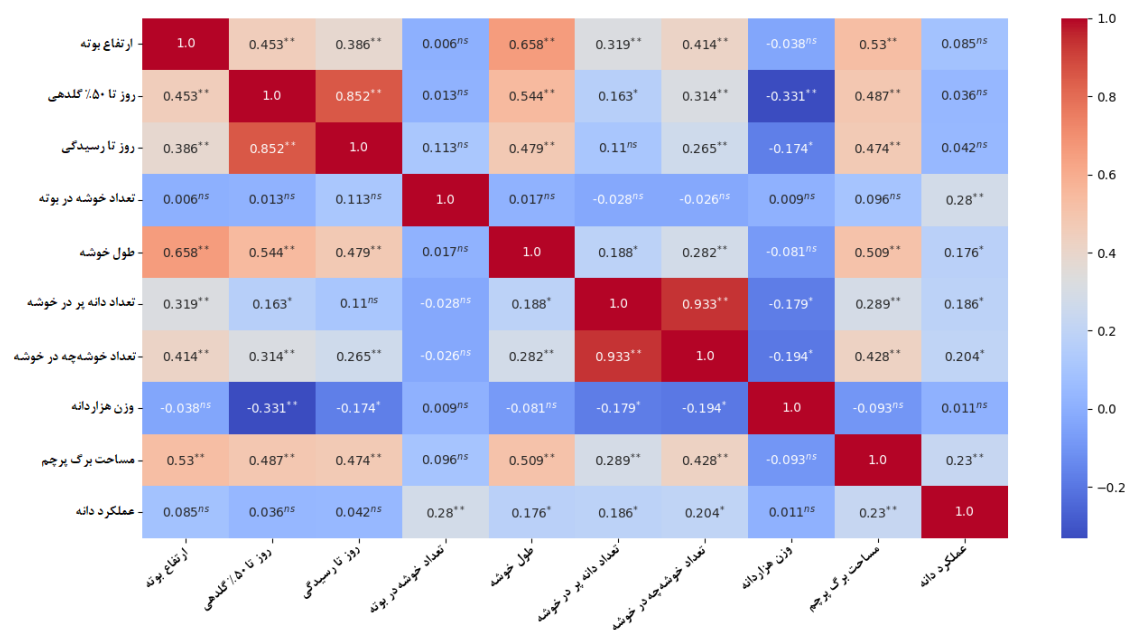
۳-۴. ضرایب همبستگی فنوتیپی

تجزیه همبستگی فنوتیپی بین صفات عملکرد و اجزای عملکرد بر اساس ضریب همبستگی پیرسون انجام شد (شکل ۲) تا روابط بین صفات مختلف و تأثیرات بالقوه آنها بر یکدیگر مشخص شود. بالاترین همبستگی فنوتیپی مثبت و معنی دار بین تعداد دانه پر در خوشه و تعداد خوشه‌چه در خوشه ($r = 0.933$) مشاهده شد. جایگاه دوم و سوم بیشترین همبستگی فنوتیپی مثبت و معنی دار متعلق به همبستگی بین صفات روز تا ۵۰٪ گلدهی و روز تا رسیدگی ($r = 0.852$) و ارتفاع بوته و طول خوشه ($r = 0.658$) بود، که با نتایج Heera *et al.* (2023) و Rathod *et al.* (2023) همسو است و نشان می‌دهد صفات گلدهی و رسیدگی معمولاً به طور متناسب با یکدیگر تغییر می‌کنند.

ارتفاع بوته با بسیاری از صفات شامل روز تا ۵۰٪ گلدهی، روز تا رسیدگی، طول خوشه، تعداد دانه پر و تعداد خوشه‌چه در خوشه و مساحت برگ پرچم همبستگی مثبت و معنادار داشت، که بیانگر تأثیر رشد رویشی بر تأخیر فنولوژیک است. طول خوشه نیز با تعداد دانه پر، تعداد خوشه‌چه و عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنادار داشت، که نشان می‌دهد طول خوشه نقش مستقیم در افزایش عملکرد دانه‌ها دارد. مساحت برگ پرچم نیز با طول خوشه و تعداد خوشه‌چه در خوشه همبستگی مثبت و معنی داری داشت و می‌تواند با افزایش سطح فتوسنتز و ذخیره مواد غذایی در دانه مرتبط باشد. عملکرد دانه با تعداد خوشه در بوته، طول خوشه، تعداد دانه پر و تعداد خوشه‌چه در خوشه و مساحت برگ پرچم همبستگی مثبت و معنادار داشت، در حالی که وزن هزاردانه تأثیر مستقیم قابل توجهی بر عملکرد دانه نشان نداد، که با نتایج Kayastha *et al.* (2022) و Russinga *et al.* (2020) همخوانی دارد.

اگرچه در بسیاری از مطالعات، صفات فنولوژیکی نظیر روز تا گلدهی و روز تا رسیدگی به دلیل افزایش دوره رشد و تجمع مواد فتوسنتزی، همبستگی مثبتی با عملکرد دانه نشان داده‌اند (Mamun *et al.*, 2022; Bist *et al.*, 2025)، اما در این مطالعه چنین رابطه‌ای مشاهده نشد. این موضوع می‌تواند ناشی از تأثیر شرایط محیطی محل آزمایش، از جمله دمای بالاتر و محدودیت رطوبتی در مراحل انتهایی رشد باشد که مانع بهره‌برداری مؤثر لاین‌های دیررس از دوره رشد طولانی‌تر شده است. علاوه بر این، ترکیب ژنتیکی متفاوت لاین‌های تلاقی برگشتی و سهم بالای صفات اجزای عملکرد نظیر تعداد خوشه و دانه پر در خوشه در تعیین عملکرد نهایی، می‌تواند علت کاهش یا نبود همبستگی معنی دار بین صفات فنولوژیکی و عملکرد دانه در جمعیت مورد مطالعه باشد.

به طور کلی، این تحلیل نشان می‌دهد که بسیاری از صفات عملکردی به طور معنادار بر یکدیگر تأثیر دارند. به ویژه تعداد خوشه در بوته، طول خوشه و تعداد دانه پر در خوشه نقش کلیدی در تعیین عملکرد دانه دارند. این اطلاعات می‌تواند در انتخاب ژنوتیپ‌هایی با ترکیب مطلوب صفات کلیدی عملکردی و برنامه‌های اصلاحی برای بهبود عملکرد دانه مورد استفاده قرار گیرد.



شکل ۲. نقشه حرارتی ضرایب همبستگی بین صفات عملکرد و اجزای عملکرد

اعداد داخل سلول‌ها ضرایب همبستگی پیرسون را نشان می‌دهند. رنگ‌ها شدت و جهت همبستگی را نمایش می‌دهند. ns, * و ** به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪

۳-۵. تجزیه به عامل‌ها

تجزیه به عامل‌ها با استفاده از روش مؤلفه‌های اصلی و چرخش واریماکس برای صفات عملکرد و اجزای عملکرد دانه برنج انجام شد (جدول ۴). شاخص کایزر-مایر-الکین (KMO: Kaiser-Meyer-Olkin) معادل ۰/۹۲ برآورد شد که نشان‌دهنده کفایت نمونه‌گیری و مناسب بودن داده‌ها برای تجزیه عاملی بود. بر اساس نتایج، چهار عامل اصلی شناسایی شد که در مجموع ۷۶/۹۷ درصد از واریانس کل صفات را تبیین کردند.

عامل اول با بار عاملی بالا برای صفاتی مانند ارتفاع بوته (۰/۷۶۶)، روز تا ۵۰٪ گلدهی (۰/۷۸۳)، روز تا رسیدگی (۰/۷۶۹)، طول خوشه (۰/۸۲۷) و مساحت برگ پرچم (۰/۷۰۶) همراه بود که در مجموع توانست ۳۰/۶۵ درصد از واریانس کل را توجیه کند. این عامل بازتاب‌دهنده ویژگی‌های رشدی و زمان‌بندی گلدهی و رسیدگی ژنوتیپ‌ها بود. از دیدگاه اصلاحی، این عامل می‌تواند برای شناسایی و انتخاب لاین‌هایی که دارای رشد متعادل و زمان‌بندی مناسب برای شرایط مختلف محیطی هستند مورد استفاده قرار گیرد.

عامل دوم که ۲۰/۶۱ درصد از واریانس کل را توضیح داد، بیشترین بار عاملی را در تعداد دانه پر در خوشه (۰/۹۵۹) و تعداد خوشه‌چه در خوشه (۰/۹۲۱) داشت. این عامل به عنوان شاخصی از توان باروری و ظرفیت تولیدی ژنوتیپ‌ها قابل تفسیر است. از دیدگاه اصلاحی، ژنوتیپ‌هایی که بار عاملی بالایی در این عامل دارند، می‌توانند به عنوان والدین مطلوب در برنامه‌های به‌نژادی برای افزایش تعداد دانه و بهبود عملکرد مورد استفاده قرار گیرند. مطالعات پیشین نیز گزارش کرده‌اند که انتخاب والدین بر اساس بار عاملی بالا در صفات کلیدی، منجر به بهبود کارایی انتخاب و افزایش عملکرد در برنج می‌شود (Al Galib et al., 2025; Islam et al., 2024).

عامل سوم ۱۳/۰۷ درصد از واریانس کل را توجیه نمود و بیشترین بار عاملی آن مربوط به عملکرد دانه (۰/۷۵۵) و تعداد خوشه در بوته (۰/۸۳۰) بود. این عامل به طور مستقیم با اجزای تعیین کننده عملکرد دانه مرتبط است. بارهای منفی مشاهده شده برای صفاتی نظیر ارتفاع بوته و روز تا گلدهی نشان می دهد که بین رشد رویشی و زایشی تعادل منفی وجود دارد. از منظر اصلاحی، انتخاب لاین هایی با بار عاملی بالا در این عامل می تواند به شناسایی ژنوتیپ هایی با کارایی بالاتر در تبدیل منابع فتوسنتزی به دانه کمک کند (Hasan et al., 2022).

عامل چهارم که ۱۲/۶۵ درصد از واریانس کل را تبیین کرد، بار عاملی بالایی در وزن هزاردانه (۰/۸۵۸) داشت. این عامل نمایانگر ویژگی های فیزیکی و اندازه دانه ها بود. از دیدگاه اصلاحی، ژنوتیپ های برتر در این عامل به ویژه برای برنامه هایی که به دنبال بهبود کیفیت بذر، بازارپسندی و ارتقای ارزش غذایی برنج هستند، اهمیت دارند.

به طور کلی، نتایج تجزیه عاملی نشان داد که صفات مورد بررسی در چهار گروه عمده قابل طبقه بندی اند: صفات رشدی و زمان بندی، صفات باروری، اجزای مستقیم عملکرد دانه و ویژگی های فیزیکی دانه. این طبقه بندی ضمن روشن ساختن ساختار همبستگی بین صفات، امکان شناسایی ژنوتیپ هایی با ترکیب مطلوب صفات کلیدی بر اساس شاخص های چندگانه را فراهم می کند. بنابراین می توان از نتایج این تحلیل در برنامه های اصلاحی برای گزینش لاین هایی با ترکیب مطلوب صفات، به ویژه در راستای افزایش عملکرد و بهبود کیفیت دانه برنج، بهره گرفت. یافته های مشابه در مطالعات پیشین نشان داده اند که تجزیه و تحلیل عاملی، ابزار مؤثری برای آشکارسازی روابط پیچیده بین صفات مورفولوژیکی و عملکردی است (Singh et al., 2025). به طور خاص، این مطالعه نشان داد که صفات رشدی، باروری و ویژگی های فیزیکی دانه، هر یک به عنوان مولفه های جداگانه، سهم متفاوتی در تعیین عملکرد نهایی برنج دارند، که این الگو با نتایج تحلیل عاملی جمعیت مورد مطالعه در این تحقیق همسو است.

جدول ۴. تجزیه به عامل ها برای صفات عملکرد و اجزای عملکرد

صفات	بار عاملی				واریانس مشترک (درصد)
	عامل اول	عامل دوم	عامل سوم	عامل چهارم	
ارتفاع بوته	۰/۷۶۶	۰/۳۰۰	-۰/۰۴۸	۰/۱۸۳	۷۱/۲
روز تا ۵۰٪ گلدهی	۰/۷۸۳	۰/۰۱۳	-۰/۰۲۴	-۰/۰۵۰۷	۸۷/۱
روز تا رسیدگی	۰/۷۶۹	-۰/۰۶۷	۰/۰۶۵	-۰/۰۴۲۴	۷۸/۰
تعداد خوشه در بوته	۰/۰۲۱	-۰/۱۳۹	۰/۸۳۰	-۰/۰۹۸	۷۱/۸
طول خوشه	۰/۸۲۷	۰/۱۱۴	۰/۰۳۸	۰/۰۸۳	۷۰/۵
تعداد دانه پر در خوشه	۰/۱۰۴	۰/۹۵۹	۰/۰۳۶	-۰/۰۹۲	۹۴/۰
تعداد خوشه چه در خوشه	۰/۲۶۹	۰/۹۲۱	۰/۰۴۵	-۰/۱۳۰	۹۴/۰
وزن هزاردانه	-۰/۰۰۳	-۰/۱۸۰	۰/۰۲۱	۰/۸۵۸	۷۶/۸
مساحت برگ پرچم	۰/۷۰۶	۰/۲۷۶	۰/۱۹۳	۰/۰۰۳	۶۱/۲
عملکرد دانه	۰/۰۸۹	۰/۲۳۹	۰/۷۵۵	۰/۱۲۹	۶۵/۱
واریانس (%)	۳۰/۶۴۸	۲۰/۶۰۸	۱۳/۰۷۱	۱۲/۶۴۵	

۳-۶. تجزیه خوشه‌ای

گروه‌بندی لاین‌های مورد مطالعه بر اساس صفات عملکرد و اجزای عملکرد، با استفاده از روش UPGMA و ضریب فاصله اقلیدسی انجام شد (شکل ۳). بررسی دندروگرام نشان داد که با توجه به بیشترین فاصله بین مراحل ادغام متوالی، لاین‌های مورد مطالعه قابلیت تفکیک به دو گروه مجزا با ویژگی‌های درون‌گروهی مشابه و تفاوت‌های برون‌گروهی قابل توجه را دارند. نتایج تجزیه تابع تشخیص برای ارزیابی صحت گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای نشان داد که ضریب همبستگی کوفتیک برابر ۰/۸۸ بوده و بیانگر صحت مناسب گروه‌بندی لاین‌ها بر اساس صفات عملکرد و اجزای عملکرد دانه است. مقادیر ویلکس لامبدا و کای اسکوتر نشان‌دهنده میزان تفاوت بین گروه‌ها و ویژگی‌هایی هستند که برای شناسایی آن‌ها استفاده شده‌اند. مقدار پایین ویلکس لامبدا و مقدار بالای کای اسکوتر بیانگر تمایز معنادار و قوی بین گروه‌ها بوده و درجه معنی‌داری نیز نشان می‌دهد که تفاوت‌ها از نظر آماری قابل اعتماد هستند (جدول ۵).

برای بررسی ژنوتیپ‌های موجود در هر گروه، میانگین صفات مختلف و درصد انحراف از میانگین کل (PDT: Percentage deviation from the total mean) هر خوشه محاسبه شد (جدول ۶). تعداد ۶۸ ژنوتیپ در گروه اول و ۷۸ ژنوتیپ در گروه دوم قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های گروه اول از نظر بیشتر صفات شامل طول خوشه، تعداد دانه‌های پر در خوشه، تعداد خوشه‌چه در خوشه، مساحت برگ پرچم و عملکرد دانه، انحراف مثبت نسبت به میانگین کل داشتند. لاین امیدبخش IR67418-110-32222 نیز در این گروه قرار گرفت.

اگرچه ژنوتیپ‌های گروه اول از نظر صفات تعداد خوشه در بوته و وزن هزار دانه دارای انحراف منفی نسبت به میانگین کل بودند، اما میزان این انحراف بسیار جزئی بود. اختلاف میانگین دو گروه برای سایر صفات، از جمله دوره رسیدگی، بسیار کم و نزدیک به یکدیگر بود و تفاوت جزئی میان دو گروه در صفت ارتفاع بوته مشاهده شد. ژنوتیپ‌های گروه دوم از نظر صفات تعداد خوشه‌چه و دانه پر در خوشه، مساحت برگ پرچم و عملکرد دانه، انحراف قابل توجهی در جهت منفی نسبت به میانگین کل داشتند که نشان‌دهنده عملکرد پایین آن‌ها از نظر صفات مذکور بود. والد هاشمی نیز در گروه دوم قرار گرفت.

تجزیه خوشه‌ای نشان داد که جمعیت لاین‌های اینبرد دارای ساختار ژنتیکی قابل تفکیک است، به‌طوری که ژنوتیپ‌ها بر اساس الگوهای عملکرد و اجزای عملکرد به دو گروه اصلی تقسیم شدند. این تفکیک بیانگر وجود ترکیب‌های ژنتیکی متفاوت در جمعیت است و اهمیت آن در اصلاح نژادی در این است که گروه‌های با عملکرد بالاتر می‌توانند به عنوان منابع والدین برای افزایش کارایی انتخاب مورد استفاده قرار گیرند.

آنچه اهمیت دارد، این است که صفات مختلف مانند طول خوشه، تعداد دانه پر و مساحت برگ پرچم نقش کلیدی در شکل‌دهی به ساختار خوشه‌ای داشته‌اند. این موضوع نشان می‌دهد که عملکرد برنج نه تنها تحت تأثیر یک صفت منفرد، بلکه ناشی از تعامل چندین ویژگی مرتبط است، و انتخاب ژنوتیپ‌ها باید به صورت چندمعیاره انجام شود تا ترکیب بهینه‌ای از صفات عملکردی و رشدی حفظ شود.

یافته‌های مشابه در مطالعات پیشین نشان داده‌اند که خوشه‌بندی ژنتیکی می‌تواند تنوع موجود در جمعیت اصلاحی برنج و سایر غلات را به خوبی آشکار کند و انتخاب والدین با ترکیب صفات مطلوب را تسهیل نماید (Rabiee *et al.*, 2025; Shrestha *et al.*, 2019b). این دیدگاه تأکید می‌کند که بهره‌گیری از تحلیل خوشه‌ای به عنوان یک ابزار استراتژیک در برنامه‌های اصلاحی، امکان دستیابی به نسل‌های با عملکرد بالاتر و سازگاری بهتر با محیط را فراهم می‌آورد.

پذیرفتنی است

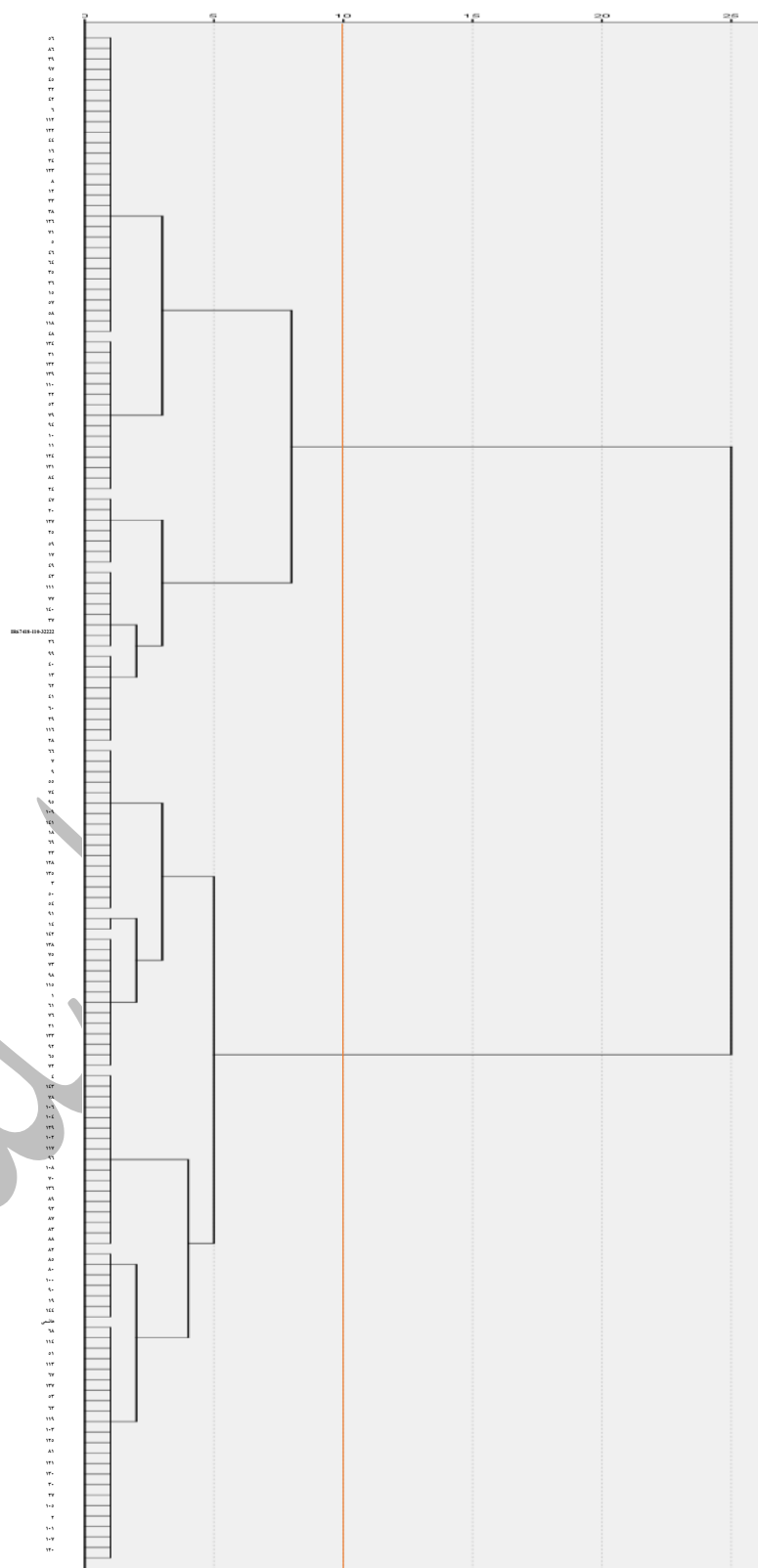
جدول ۵. تجزیه تابع تشخیص جهت ارزیابی صحت گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای برای صفات عملکرد و اجزای عملکرد

شماره گروه‌ها	ویلکس لامبدا	کای اسکوئر	درجه معنی‌داری
۲	۰/۳۱۰	۱۶۲/۷۳۱	۰/۰۰۰

جدول ۶. میانگین و درصد انحراف از میانگین کل خوشه‌ها برای صفات عملکرد و اجزای عملکرد

گروه	تعداد ژنوتیپ‌ها	ارتفاع بوته	روز تا ۵۰٪ گلدهی	روز تا رسیدگی	تعداد خوشه در بوته	طول خوشه	تعداد دانه پر در خوشه	تعداد خوشه‌چه در خوشه	وزن هزاردانه	مساحت برگ پرچم	عملکرد دانه	
۱	۶۸	۱۱۹/۶۸۵	۱۰۰/۸۲۸	۱۳۱/۵۷۸	۱۲/۳۴۰	۲۵/۲۱۲	۱۱۴/۶۴۵	۱۳۵/۴۶۱	۲۴/۰۱۱	۲۵/۴۸۸	۴/۶۳۰	
		۶/۱۹۳	۱/۷۵۵	۱/۲۸۵	-۱/۳۸۹	۲/۶۴۰	۲۲/۴۸۱	۲۰/۴۴۰	-۱/۷۰۷	۱۲/۴۹۰	۴/۱۲۷	
۲	۷۸	۱۰۶/۶۲۰	۹۷/۵۷۳	۱۲۸/۴۵۳	۱۲/۶۶۵	۲۳/۹۹۸	۷۵/۲۵۸	۹۲/۴۳۰	۲۴/۷۹۲	۲۰/۱۹۱	۴/۲۸۶	
		PDT	-۵/۳۹۹	-۱/۵۳۰	-۱/۱۲۱	۱/۲۱۱	-۲/۳۰۱	-۱۹/۵۹۹	-۱۷/۸۱۹	۱/۴۸۸	-۱۰/۸۸۹	-۳/۵۹۸
		میانگین کل	۱۱۲/۷۰۵	۹۹/۰۸۹	۱۲۹/۹۰۹	۱۲/۵۱۴	۲۴/۵۶۴	۹۳/۶۰۳	۱۱۲/۴۷۲	۲۴/۴۲۸	۲۲/۶۵۸	۴/۴۴۶

PDT: درصد انحراف از میانگین کل



شکل ۳. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای صفات عملکرد و اجزای عملکرد

۴. نتیجه گیری

مطالعه حاضر نشان داد که جمعیت لاین‌های اینبرد حاصل از تلاقی رقم هاشمی و لاین IR67418-110-32222، یک بستر مناسب برای بهبود عملکرد و کیفیت دانه برنج فراهم می‌کند. تحلیل‌های چندمتغیره و آماری امکان شناسایی ارتباطات پیچیده بین صفات مورفولوژیکی و عملکردی را فراهم ساخت و نشان داد که عملکرد دانه تنها نتیجه یک صفت منفرد نیست، بلکه ناشی از تعامل همزمان چندین عامل رشدی، باروری و فیزیولوژیکی است. این یافته با مطالعات مشابه در جمعیت‌های اصلاحی برنج در سایر نقاط جهان همسو است، جایی که همبستگی مثبت بین اجزای عملکرد و قابلیت انتخاب هدفمند ژنوتیپ‌ها مورد تأکید قرار گرفته است (Zarbafe & Ebadi, 2024; Shrestha *et al.*, 2021; Zarbafe *et al.*, 2019b).

تحلیل عاملی نشان داد که صفات رشدی و زمان‌بندی گلدهی، توان باروری و اجزای مستقیم عملکرد دانه، هر یک به طور جداگانه نقش مؤثری در تعیین عملکرد نهایی دارند و در عین حال با یکدیگر همپوشانی دارند. این دیدگاه، اهمیت انتخاب ژنوتیپ‌هایی را که ترکیبی از ویژگی‌های رشدی متعادل، ظرفیت باروری بالا و کیفیت دانه مطلوب دارند، برجسته می‌کند. یافته‌های این تحقیق در راستای نتایج Anilkumar *et al.* (2025) و Muvunyi *et al.* (2022) است که نشان داده‌اند گزینش چندمعیاره در اصلاح نژادی، کارایی بیشتری نسبت به انتخاب مبتنی بر یک صفت دارد و به بهبود همزمان کمیت و کیفیت محصول منجر می‌شود.

نتایج خوشه‌بندی نیز مؤید وجود ساختار ژنتیکی قابل تفکیک در جمعیت بود، به طوری که ژنوتیپ‌هایی با ویژگی‌های عملکردی مطلوب در گروهی متمرکز شدند و می‌توانند به عنوان والدین هدفمند در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار گیرند. این امر نشان می‌دهد که شناسایی گروه‌های ژنتیکی و استفاده از آن‌ها در انتخاب والدین می‌تواند فرآیند اصلاح را کارآمدتر کرده و به تولید ارقام برتر با عملکرد و کیفیت بالاتر منجر شود. مطالعات پیشین بر روی جمعیت‌های مختلف اصلاحی برنج نیز نشان داده‌اند که شناسایی گروه‌های ژنتیکی و خوشه‌بندی ژنوتیپ‌ها، انتخاب والدین هدفمند را تسهیل کرده و می‌تواند به تولید ارقام برتر با ترکیب صفات مطلوب منجر شود (Abdelsalam *et al.*, 2025; Al Galib *et al.*, 2025).

به طور کلی، یافته‌های این مطالعه اهمیت ترکیب صفات مورفولوژیکی، اجزای عملکرد و ویژگی‌های فیزیکی دانه را در بهبود عملکرد نهایی و کیفیت محصول برنج روشن می‌سازد. این نتایج تأکید می‌کنند که اصلاح ژنتیکی موفق نیازمند ارزیابی جامع و انتخاب چندمعیاره است که تنوع ژنتیکی، وراثت‌پذیری و روابط بین صفات را در نظر بگیرد. همچنین، یافته‌های این مطالعه می‌توانند مسیرهای تحقیقات آینده را برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر و طراحی برنامه‌های اصلاحی هدفمند فراهم سازند.

در نهایت، نتایج حاصل از این تحقیق نشان می‌دهد که جمعیت اینبرد نوترکیب مورد مطالعه یک منبع ارزشمند برای بهبود عملکرد و کیفیت برنج است و کاربرد روش‌های چندمتغیره در تحلیل داده‌های ژنتیکی و مورفولوژیکی، ابزاری کلیدی برای توسعه ارقام برتر و ارتقای بهره‌وری و ارزش غذایی محصول فراهم می‌کند. این یافته‌ها می‌تواند به اصلاح‌کنندگان برنج کمک کند تا استراتژی‌های اصلاحی هدفمند و کارآمدی را طراحی کنند که با شرایط محیطی متنوع سازگار بوده و همزمان کیفیت و کمیت محصول را ارتقا دهند.

حمایت مالی

این پژوهش با حمایت مالی بنیاد ملی علم ایران (INSF: Iran National Science Foundation) و وزارت علوم، تحقیقات و فناوری ایران (MSRT: Ministry of Science, Research and Technology) تحت کد طرح ۴۰۲۰۲۷۷ انجام شد.

قدردانی

نویسندگان مراتب سپاس و قدردانی خود را از مؤسسه تحقیقات برنج کشور (RRII: Rice Research Institute of Iran) برای حمایت‌های فنی و همکاری‌های علمی اعلام می‌کنند.

۵. منابع

- Abdelsalam, K. M. H., Shaalan, A. M., AbouEl-Soud, G. M., El-Dalil, M. A. E., Marei, A. M., Abd El-Moneim, D., El-Banna, A. A. A., Lamloom, S. F. & Abdelghany, A. M. (2025). Comprehensive quality profiling and multivariate analysis of rice (*Oryza sativa* L.) cultivars: Integrating physical, cooking, nutritional, and micronutrient characteristics for enhanced varietal selection. *BMC Plant Biology*, 25, 492. <https://doi.org/10.1186/s12870-025-06438-5>
- Al Galib, M. A., Farzana, S., Chakrobarty, T., Islam, M. Z., Shirazy, B. J., Rahman, M. A., Imran, S., Tahjib-Ul-Arif, M. & Rhaman, M. S. (2025). Multivariate analysis for identifying high-yielding rice cultivars based on seed yield and morphological traits. *Discovery Plants*, 2, 256. <https://doi.org/10.1007/s44372-025-00345-7>
- Allard, R. W. (1999). *Principles of plant breeding* (2nd ed.). John Wiley & Sons.
- Anilkumar, C., Sah, R. P., Azharudheen, T. P. M., Behera, S., Mohanty, S. P., Anandan, A., Marndi, B. C. & Samantaray, S. (2025). Integrating multi-trait genomic selection with simulation strategies to improve grain yield and parental line selection in rice. *Annals of Applied Biology*, 186(2), 216-227. <https://doi.org/10.1111/aab.12964>
- Bist, D. R., Chapagae, P., Rawal, R., Bist, G., & Bohara, R. (2025). Multivariate analysis of yield and phenotypic diversity in rainfed rice (*Oryza sativa* L.) landraces from Gokuleshwor, Baitadi, Nepal. *Discover Agriculture*, 3, 167. <https://doi.org/10.1007/s44279-025-00288-3>
- International Rice Research Institute. (2002). *Standard evaluation system for rice*. Manila, Philippines: International Rice Research Institute.
- Begna, T. & Teressa, T. (2024). Genetic variability and its benefits in crop improvement: A review. *Middle East Journal of Agriculture Research*, 13(1), 128-136. <http://dx.doi.org/10.36632/mejar/2024.13.1.6>
- Chaudhary, N., Patel, V. P., Pandya, H., Rana, V. B., Patel, V. B., Saha, S., Gohil, V., Patel, D. P., Prajapati, M. R., Patel, R. K., Modha, K. G. & Baria, K. G. (2025). Estimation of narrow-sense heritability and genetic advance for yield and component traits in rice (*Oryza sativa* L.). *International Journal of Advanced Biochemistry Research*, SP-9(8), 773–778. <https://doi.org/10.33545/26174693.2025.v9.i8SI.5256>
- Debsharma, S. K., Disha, R. F., Ahmed, M. M. E., Khatun, M., Ibrahim, M. & Aditya, T. L. (2020). Assessment of genetic variability and correlation of yield components of elite rice genotypes (*Oryza sativa* L.). *Bangladesh Rice Journal*, 24, 21-29. <http://dx.doi.org/10.3329/brj.v24i1.53237>
- Dewi, P. S., Widiyawati, I., Cahyani, W. & Ferrawati, K. (2023). Estimation of heritability and genetic advance for morphological and physiological traits in rice (*Oryza sativa* L.) under heat stress. In S. B. Sulistyo (Ed.), *Proceedings of the 3rd International Conference on Sustainable Agriculture for Rural Development (ICSARD 2022) (Advances in Biological Sciences Research*, Vol. 30, pp. 251–260). Atlantis Press. https://doi.org/10.2991/978-94-6463-128-9_26
- Elyasi, S., Abdollahi, S. & Mollasadeghi, V. (2014). Cluster analysis of 24 genotypes of modified rice according to qualitative and quantitative traits. *Bulletin of Environment, Pharmacology and Life Sciences*, 3(8), 109-111.
- Falconer, D. S. & Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to quantitative genetics* (4th ed.). Longmans Green, Harlow, Essex, UK.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2018). *FAOSTAT database*. FAO. <http://www.fao.org/faostat>
- Habib, S. H., Bashir, M. K., Khalequzzaman, M., Ahmed, M. S. & Rashid, E. S. M. H. (2005). Genetic analysis and morphophysiological selection criteria for traditional biroin Bangladesh rice germplasms. *Journal of Biological Sciences*, 5(3), 315-318. <https://doi.org/10.3923/jbs.2005.315.318>
- Hannan, A., Rana, M. R. I., Hoque, M. N. & Sagor, G. H. M. (2020). Genetic variability, character association and divergence analysis for agro-morphological traits of local rice (*Oryza sativa* L.) germplasm in

- Bangladesh. *Journal of Bangladesh Agricultural University*, 18, 289-299. <https://doi.org/10.5455/JBAU.84906>
- Hasan, N. A., Rafii, M. Y., Harun, A. R., Alif, N. S., Mazlan, N., & Abdullah, S. (2022). Genetic analysis of yield and yield contributing traits in rice (*Oryza sativa* L.) BC₂F₃ population derived from MR264 × PS2. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 36(1), 184–192. <https://doi.org/10.1080/13102818.2022.2060760>
- Heera, P.K., Ram, M. & Murali, S. (2023). Studies on correlation and path coefficient for yield and its contributing traits in rice (*Oryza Sativa* L.). *International Journal of Environment and Climate Change*, 13(8), 1305-1320. <https://doi.org/10.9734/ijec/2023/v13i82077>
- IBM Corp. (2016). *IBM SPSS Statistics for Windows* (Version 24.0) [Computer software]. Armonk, NY: IBM Corp.
- Islam, M. A., Hasan, M. M., Hossain, M. A., Haque, M. A., Siddique, M. N. A., Shamsuddoha, M., Habib, M. A., & Risha, S. S. (2024). Identification and evaluation of high-performing advanced germplasm of rice through morphological and breeding value analysis. *Discovery Agriculture*, 2, 126. <https://doi.org/10.1007/s44279-024-00143-x>
- Kayastha, P., Chand, H., Barsha, K. C., Pandey, B., Magar, B. R., Bhandari, J., Lamichhane, P., Baduwal, P. & Poudel, M. R. (2022). Correlation coefficient and path analysis of yield and yield attributing characters of rice (*Oryza sativa* L.) genotypes under reproductive drought stress in the Terai region of Nepal. *Archives of Agriculture and Environmental Science*, 7 (4), 564-570, <https://dx.doi.org/10.26832/24566632.2022.0704013>
- Liu, X., Wan, X., Ma, X. & Wan, J. (2011). Dissecting the genetic basis for the effect of rice chalkiness amylose content protein content and rapid viscosity analyzer profile characteristics on the eating quality of cooked rice using the chromosome segment substitution line population across eight environments. *Genome*, 54, 64-80. <https://doi.org/10.1139/g10-070>
- Mamun, M. A. A., Mannan, M. A., & Karim, M. A. (2022). Location specific field performance of Aman rice cultivars in tidal flood prone ecosystem of Bangladesh. *Agronomy Research*, 20(S1), 1014–1025. <https://doi.org/10.15159/AR.22.072>
- Ministry of Agriculture Jihad. (2024). *Agricultural statistics yearbook, Volume I: Field crops – Crop year 2022–2023*. Tehran: Ministry of Agriculture Jihad, Deputy of Economic Planning, Center for Statistics, Information Technology, and Communication. (In Persian)
- Muvunyi, B. P., Zou, W., Zhan, J., He, S. & Ye, G. (2022). Multi-trait genomic prediction models enhance the predictive ability of grain trace elements in rice. *Frontiers in Genetics*, 13, 883853. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.883853>
- Nath, N. C. (2015). Food security of Bangladesh: Status, challenges and strategic policy options. *Bangladesh Journal of Political Economy*, 31(2), 189-250.
- Onyia, V. N., Okechukwu, E. C., Atugwu, A. I. & Akpan, N. M. (2017). Genetic variability studies on twelve genotypes of rice (*Oryza sativa* L.) for growth and yield performance in south eastern Nigeria. *Notulae Scientia Biologicae*, 9(1), 110-115. <http://dx.doi.org/10.15835/nsb919980>
- Prakash, S., Reddy, S. S., Chaudhary, S., Vimal, S. C., & Kumar, A. (2024). Multivariate analysis in rice (*Oryza sativa* L.) germplasms for yield attributing traits. *Plant Science Today*, 11(1), 64–75. <https://doi.org/10.14719/pst.2231>
- Python Software Foundation. (2025). *Python (Version 3.13)* [Computer software]. <https://www.python.org>
- Rabiee, M., Zarbafi, S. S. & Amiri Oghan, H. (2025). Identifying superior rapeseed genotypes for post-rice cultivation through multivariate analysis. *International Journal of Plant Production*, Advance online publication. <https://doi.org/10.1007/s42106-025-00374-y>
- Rathod, M.R., Jadhav, A.B., Chavhan M.V. & Pawar, A.V. (2023). Correlation studies in rice (*Oryza sativa* L.) genotypes for yield and its yield contributing traits. *The Pharma Innovation Journal*, 12(7), 1529-1531.
- Russinga, A.M., Srividhya, A., Reddy, V.L.N. & Latha, P. (2020). Correlation studies on yield and yield contributing traits in rice (*Oryza sativa* L.). *Indian Journal of Pure & Applied Biosciences*, 8(5), 531-538. <http://dx.doi.org/10.18782/2582-2845.8334>
- Sabouri, A., Rabiei, B., Toorchi, M., Aharizad, S. & Moumeni, A. (2012). Mapping quantitative trait loci (QTL) associated with cooking quality in rice (*Oryza sativa* L.). *Australian Journal of Crop Science*, 6(5), 808-814.

- SAS Institute. (2002). *The SAS system for Windows: Release 9.0*. [Computer software]. Cary, NC: SAS Institute.
- Sharifi, P. (2018). Genetic diversity of rice mutant genotypes using multivariate methods. *Journal of Plant Physiology and Breeding*, 8(1), 111-124. <https://doi.org/10.22034/jppb.2018.9513>
- Shrestha, J., Subedi, S., Singh Kushwaha, U. K. & Maharjan, B. (2021). Evaluation of growth and yield traits in rice genotypes using multivariate analysis. *Heliyon*, 7(9), e07940. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e07940>
- Singh, A., Mishra, T., Mishra, S., Verma, A. K. & Chauhan, R. S. (2025). Morphological and yield trait analysis of gamma-irradiated Kalanamak rice: Based on the insights from M₄ and M₅ generations. *Journal of Applied Biology & Biotechnology*, 13(5), 79-83. <https://doi.org/10.7324/JABB.2025.230535>
- Singh, R. K. & Chaudhary, B. D. (1985). *Biometrical methods in quantitative genetic analysis* (2nd ed.). Kalyani Publishers.
- Thomson, M. J., Septiningsih, E. M., Suwardjo, F., Santoso, T. J., Silitonga, T. S. & McCouch, S. R. (2007). Genetic diversity analysis of traditional and improved Indonesian rice (*Oryza sativa* L.) germplasm using microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 114, 559-568. <https://doi.org/10.1007/s00122-006-0457-1>
- Tuhina-Khatun, M., Hanafi, M. M., Rafii Yusop, M., Wong, M. Y., Salleh, F. M. & Ferdous, J. (2015). Genetic variation, heritability, and diversity analysis of upland rice (*Oryza sativa* L.) genotypes based on quantitative traits. *BioMed Research International*, 2015, 290861. <https://doi.org/10.1155/2015/290861>
- Worede, F., Sreewongchai, T., Phumichai, C. & Sripichitt, P. (2014). Multivariate analysis of genetic diversity among some rice genotypes using morpho-agronomic traits. *Journal of Plant Sciences*, 9(1), 14-24. <http://dx.doi.org/10.3923/jps.2014.14.24>
- Zarbafi, S. S. & Ebadi, A. A. (2024). Investigation of correlations among traits associated with leaf blast disease in rice genotypes. In Proceedings of 18th Iranian National & 4th International Crop Sciences Congress, 10-12 September, Ferdowsi University, Mashhad, pp. 1830-1833. (In Persian)
- Zarbafi, S. S., Rabiei, B. & Ebadi, A. A. (2019a). Screening rice (*Oryza sativa* L.) genotypes for susceptibility and tolerance to leaf blast under artificial inoculation in field conditions. *Cereal Research*, 9(3), 193-206. <https://doi.org/10.22124/c.2019.13802.1506> (In Persian)
- Zarbafi, S. S., Rabiei, B., Ebadi, A. A. & Ham, J. H. (2019b). Statistical analysis of phenotypic traits of rice (*Oryza sativa* L.) related to grain yield under neck blast disease. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 126(3), 293-306. <https://doi.org/10.1007/s41348-019-00230-y>

Genetic Diversity in Backcross Inbred Rice Lines Derived from Hashemi

Abstract

Introduction

Rice (*Oryza sativa* L.) is one of the world's most important cereal crops, serving as a staple food for billions of people and providing a primary source of income for many agricultural communities. It is cultivated in over 100 countries, with Asia accounting for the majority of production and consumption. Rice contributes substantially to daily caloric and protein intake, supplying approximately 60% of daily caloric intake and nearly 50% of dietary protein in many regions (FAO, 2018). With the increasing global population, rising food demand, and climate variability, developing high-yielding, high-quality, and environmentally adaptable rice varieties has become essential for global food security and sustainable agriculture. Grain yield is a complex polygenic trait influenced by multiple morphological, physiological, and quality characteristics, which complicates direct selection in breeding programs (Debsharma *et al.*, 2020; Nath, 2015). Understanding the relationships among yield and related traits is therefore critical for effective breeding. The exploration of genetic and phenotypic diversity within rice germplasm provides opportunities to identify superior genotypes and develop improved varieties, providing valuable resources for breeding programs (Thomson *et al.*, 2007). Evaluating this variability using biometric parameters such as genetic and phenotypic variation, heritability, and expected genetic advance allows breeders to select traits with the greatest potential impact on yield and performance (Begna & Teressa, 2024). Multivariate statistical analyses, including principal component and cluster analyses, are effective tools for quantifying genetic diversity, revealing hidden patterns

among traits, and guiding the selection of superior genotypes (Sharifi, 2018). These methods reduce data dimensionality, clarify complex trait interactions, and help prioritize traits for breeding programs, enabling more efficient improvement of rice varieties. In this context, the present study aimed to evaluate a population of rice genotypes in terms of agronomic and yield-related traits using multivariate statistical methods, with the goal of identifying genotypes possessing optimal combinations of traits for use in future breeding programs.

Materials and Methods

A total of 144 backcross inbred lines (BILs, BC₂F₄) derived from a cross between Hashemi (recurrent parent, with superior cooking quality) and IR67418-110-32222 (donor parent, contributing desirable agronomic traits) were evaluated. The study aimed to combine the high-quality traits of Hashemi with improved morphological and yield-related characteristics from the donor parent. The experiment was conducted under field conditions in a randomized complete block design with three replications. Seedlings were transplanted at a spacing of 20 × 20 cm, and standard agronomic practices, including fertilization, irrigation, and pest and weed management, were applied. Ten quantitative traits were measured following the Standard Evaluation System (SES) for rice (IRRI, 2002): grain yield, panicles per plant, spikelets per panicle, filled grains per panicle, 1,000-grain weight, plant height, panicle length, flag leaf area, days to 50% flowering, and days to maturity. Data were analyzed using SAS 9 (SAS Institute, 2002) for analysis of variance and mean comparisons, SPSS 24 (IBM SPSS Statistics, 2016) for correlation, factor, and cluster analyses, and Python 3.13 (Python Software Foundation, 2025) for heatmap visualization of trait associations. Superior and diverse genotypes were identified for potential use in future breeding programs.

Results and Discussion

Descriptive statistics revealed wide variation among the BIL genotypes for all evaluated traits, including plant height, panicle length, panicles per plant, spikelets per panicle, flag leaf area, 1,000-grain weight, filled grains per panicle, and grain yield. The broad ranges observed for flowering and maturity times indicated the presence of early-, medium-, and late-duration genotypes within the population. Frequency distributions for most agronomic and yield-related traits were continuous and near-normal, suggesting polygenic inheritance and sufficient quantitative variation for effective selection. Analysis of variance showed significant differences among genotypes for all traits. Combined with the high heritability estimates, this indicated that much of the observed variation was genetically controlled. Correlation analysis revealed significant positive associations between grain yield and traits such as panicles per plant, flag leaf area, spikelets per panicle, filled grains per panicle, and panicle length, highlighting their value as indirect selection criteria. In contrast, the correlations between flowering traits and grain yield were small and non-significant, likely due to environmental conditions during the late growth stages and the stronger contribution of yield-component traits to final productivity. Factor analysis extracted four major components explaining 76.97% of the total variation, corresponding to growth and phenology, reproductive capacity, yield-defining traits, and grain physical characteristics. Cluster analysis grouped the genotypes into two groups: Group I contained high-yielding lines with superior values for major yield components, whereas Group II, which included the recurrent parent Hashemi, exhibited lower performance for yield-related traits. The cophenetic correlation coefficient of 0.88 confirmed the robustness of the clustering pattern. Overall, the results indicate that grain yield in the BIL population is governed by multiple interacting traits, and traits such as panicle length, filled grains per panicle, and flag leaf area are key indicators for identifying superior lines for breeding programs.

Conclusion

The findings of this study demonstrated that the backcross-derived inbred population developed from Hashemi and IR67418-110-32222 provides a valuable genetic resource for improving both grain yield and quality in rice. Multivariate analyses confirmed that grain yield resulted from the combined influence of multiple morphological and reproductive traits rather than any single attribute, underscoring the need for multi-trait selection strategies. The clear genetic variation revealed through variance analysis, factor structure, and clustering further indicated the presence of distinct groups of superior genotypes that can serve as promising parents in future breeding programs. Overall, the study highlights the importance of integrating morphological traits, yield components, and grain characteristics when selecting elite genotypes. These results provide practical guidance for breeders aiming to develop high-performing and high-quality rice cultivars adapted to diverse environments and support the continued use of multivariate approaches to accelerate breeding efficiency.

Keywords: Backcross inbred lines, Genetic diversity, Grain yield components, Multivariate analysis, Rice breeding, Superior genotypes.