



## Investigating Genetic Diversity of Imported Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) Genotypes Using Morphological-Phenological Traits

Ebrahim Sourilaki<sup>1</sup> | Babak Rabiei<sup>2✉</sup> | Maryam Hosseini Chaleshtori<sup>3</sup> | Vahid Jokarfard<sup>4</sup>

1. Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran.
2. Corresponding Author, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran. Email: [rabiei@guilan.ac.ir](mailto:rabiei@guilan.ac.ir)
3. Department of Seed Improvement, Rice Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Rasht, Iran. Email: [m.hosseini@areeo.ac.ir](mailto:m.hosseini@areeo.ac.ir)
4. Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran.

### Article Info

**Article type:**  
Research Article

**Article history:**

Received: February 20, 2023  
Received in revised form:  
September 21, 2023  
Accepted: September 24,  
2023  
Published online: March 20,  
2024

**Keywords:**

Dwarfism,  
earliness,  
genetic diversity,  
yield and yield components.

### ABSTRACT

Considering the high production potential of quinoa plant, especially under stressful conditions such as drought and salinity, it is necessary to introduce new and high-yielding genotypes for cultivation in different regions of Iran. The objective of this research was to evaluate the diversity of 26 new and foreign quinoa genotypes in terms of morpho-phenological characteristics. The experiment was carried out in a completely randomized design with three replications in greenhouse of Rice Research Institute of Iran (RRII), Rasht, in 2021. The results of analysis of variance showed that there was a very significant statistical difference among the studied genotypes for all measured traits. Factor analysis using the principal components method identified three main and independent factors that explained 39.19, 24.63, and 15.94%, respectively, and in total about 80% of the total variance. In addition, cluster analysis based on Ward's minimum variance grouped the studied 26 quinoa genotypes into three separate clusters; including 14, 7, and 5 genotypes, which very largely corresponded to grouping of the principal components. In total, the results of the current study showed that among the studied 26 quinoa genotypes, genotype No. 12 with 1000-grain weight, panicle length, and grain yield higher than the other genotypes as well as dwarfism and earliness characteristics was the most valuable genotype of this experiment. Furthermore, genotypes No. 4, 8, 17, and 18 for grain yield, genotypes No. 7, 13, and 15 for earliness, and genotype No. 14 for dwarfism, were the promising genotypes of this research, which can be used to transfer earliness and dwarfism to high-yielding genotypes in future breeding programs.

**Cite this article:** Sourilaki, E., Rabiei, B., Hosseini Chaleshtori, M., & Jokarfard, V. (2024). Investigating genetic diversity of imported quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) genotypes using morphological-phenological traits. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 55(1), 49-61. DOI: [10.22059/ijfcs.2023.355455.654982](https://doi.org/10.22059/ijfcs.2023.355455.654982).





انتشارات دانشگاه تهران

علوم گیاهان زراعی ایران

Homepage: <https://ijfcs.ut.ac.ir/>

شاپا الکترونیکی: ۸۰۸۲-۲۴۲۳

## بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های وارداتی کینوا (*Chenopodium quinoa* Willd) با استفاده از صفات ریختی-فنولوژیکی

ابراهیم سوری لکی<sup>۱</sup> | بابک ربیعی<sup>۲</sup> | مریم حسینی چالشتی<sup>۳</sup> | وحید جوکار فرد<sup>۴</sup>

۱. گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران.

۲. نویسنده مسئول، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران. رایانامه: [rabiei@guilan.ac.ir](mailto:rabiei@guilan.ac.ir)

۳. بخش اصلاح بذر، موسسه تحقیقات برنج کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی (AREEO)، رشت، ایران. رایانامه: [m.hosseini@areeo.ac.ir](mailto:m.hosseini@areeo.ac.ir)

۴. گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران.

اطلاعات مقاله	چکیده
<p><b>نوع مقاله:</b> مقاله پژوهشی</p> <p><b>تاریخ دریافت:</b> ۱۴۰۱/۱۲/۰۱</p> <p><b>تاریخ بازنگری:</b> ۱۴۰۲/۰۶/۳۰</p> <p><b>تاریخ پذیرش:</b> ۱۴۰۲/۰۷/۰۲</p> <p><b>تاریخ انتشار:</b> ۱۴۰۳/۰۱/۰۱</p>	<p>با توجه به توان تولیدی بالای گیاه کینوا، به‌ویژه تحت شرایط تنش مانند خشکی و شوری، معرفی ژنوتیپ‌های جدید و پرمحصول برای کشت در مناطق مختلف کشور ضروری است. هدف از انجام این تحقیق، ارزیابی تنوع تعداد ۲۶ ژنوتیپ جدید و وارداتی کینوا از نظر صفات مورفوفنولوژیکی بود. آزمایش در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار در گلخانه موسسه تحقیقات برنج کشور، رشت در سال ۱۴۰۰ اجرا شد. نتایج حاصل از تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد که تفاوت آماری بسیار معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های بررسی‌شده از نظر کلیه صفات اندازه‌گیری‌شده وجود داشت. تجزیه به عامل‌ها به روش مولفه‌های اصلی، سه عامل اصلی و مستقل شناسایی کرد که به ترتیب ۳۹/۱۹، ۲۴/۶۳ و ۱۵/۹۴ درصد و در مجموع در حدود ۸۰ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه کردند. علاوه‌براین، تجزیه خوشه‌ای بر مبنای روش حداقل واریانس وارد نیز ۲۶ ژنوتیپ مطالعه شده را به سه گروه مجزا شامل ۱۴، ۷ و ۵ ژنوتیپ تفکیک کرد که با گروه‌بندی حاصل از مولفه‌های اصلی تا حدود زیادی مطابقت داشت. در مجموع، نتایج این پژوهش نشان داد که از بین ۲۶ ژنوتیپ ارزیابی‌شده، ژنوتیپ شماره ۱۲ ضمن داشتن وزن هزار دانه، طول خوشه و عملکرد دانه بالاتر از سایر ژنوتیپ‌ها، نسبتاً پاکوتاه و زودرس نیز بود و به‌عنوان ارزشمندترین ژنوتیپ این پژوهش معرفی می‌شود. علاوه بر این، ژنوتیپ‌های ۴، ۸، ۱۷ و ۱۸ از نظر عملکرد دانه، ژنوتیپ‌های ۷، ۱۳ و ۱۵ از نظر زودرسی، و ژنوتیپ ۱۴ از نظر پاکوتاهی، ژنوتیپ‌های امیدبخش این پژوهش بودند که می‌توان از آن‌ها جهت مطالعات به‌نژادی بعدی از جمله انتقال زودرسی و پاکوتاهی به ژنوتیپ‌های پرمحصول استفاده کرد.</p>
<p><b>کلیدواژه‌ها:</b></p> <p>پاکوتاهی، تنوع ژنتیکی، زودرسی، عملکرد و اجزای عملکرد دانه.</p>	

**استناد:** سوری لکی، ا.، ربیعی، ب.، حسینی چالشتی، م.، و جوکار فرد، و. (۱۴۰۳). بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های وارداتی کینوا (*Chenopodium quinoa* Willd) با استفاده از صفات ریختی-فنولوژیکی. *علوم گیاهان زراعی ایران*، ۵۵(۱)، ۴۹-۶۱. DOI: 10.22059/ijfcs.2023.355455.654982



© نویسندگان

ناشر: موسسه انتشارات دانشگاه تهران.

## ۱. مقدمه

جمعیت رو به رشد جهان، نیازمند توسعه کشت و تولید محصولاتی است که علاوه بر عملکرد بالا از کیفیت غذایی مطلوبی نیز برخوردار باشند. در طول سالیان گذشته با توجه به افزایش بی‌رویه جمعیت، تقاضا برای مواد غذایی باکیفیت، به‌طور قابل توجهی افزایش یافته است (Gholizadeh *et al.*, 2016). افزایش تولید محصولات کشاورزی به‌واسطه عملکرد بالای محصولات در مناطق کشت‌شده می‌باشد. با این وجود، بخش بزرگی از جمعیت جهان، به‌ویژه کشورهای در حال توسعه در تامین مواد غذایی باکیفیت با مشکل جدی مواجه هستند. فائو جهت غلبه بر آن، توجه خود را به گیاهان جدید و توسعه‌نیافته که دارای عملکرد بالا و کیفیت مطلوب غذایی، در شرایط مختلف به‌ویژه محیط‌هایی که دارای محدودیت‌هایی مانند کم‌آبی، خشکی و شوری هستند، معطوف کرده است. این محصولات به‌دلیل توان تولیدی بالا به‌طور مستقیم در کاهش گرسنگی اثر می‌گذارند، به‌طوری‌که در سالیان اخیر، کینوا به‌عنوان گیاهی با کیفیت مطلوب غذایی و با توانایی کشت در مناطق دارای محدودیت مورد توجه قرار گرفته است.

گیاه کینوا (*Chenopodium quinoa Willd.*) که به اکوسیستم‌های زراعی متعددی سازگار است، جهت رشد بهینه به طول روز کوتاه و دمای پایین نیاز دارد. این گیاه به شرایط بیابانی، گرم و اقلیم خشک سازگار بوده و دمای ۴- تا ۳۸ درجه سانتی‌گراد را تحمل می‌کند. از طرفی بهترین دما برای رشد بهینه کینوا ۲۷-۲۵ درجه سانتی‌گراد می‌باشد (Bhargava *et al.*, 2016). کینوا به‌دلیل ارزش غذایی بالا و نسبت‌های مناسب اسیدآمینه‌ای بسیار مطلوبی که دارد، توسط سازمان خواروبار جهانی (FAO) شیر خشک مقایسه شده است. برای معرفی نقش و ارزش این گیاه در امنیت غذایی، توسعه مصرف و تولید آن، مجمع عمومی سازمان ملل متحد سال ۲۰۱۳ را به نام سال بین‌المللی کینوا نامگذاری کرد (FAO, 2013).

کینوا گیاهی سنتی است که قدمت ۵۰۰۰ ساله دارد. کینوا بسیار سبک‌تر و خوش‌هضم‌تر از دانه‌های برنج و منبع غنی پروتئین، منیزیم، فیبر، فسفر، ویتامین ب، پتاسیم و دیگر مواد معدنی مانند آهن است. این گیاه به‌طور ویژه برای کسانی که رژیم غذایی دارند و همچنین گیاه‌خواران توصیه می‌شود. مصرف این ماده غذایی به همراه سبزی‌های تازه و مقدار کمی روغن زیتون یک وعده غذایی کامل به‌شمار می‌آید.

امروزه مصرف کینوا در کشورهای بسیار زیادی مرسوم شده است و ما امیدواریم این ماده غذایی بسیار سریع وارد برنامه غذایی ایرانیان نیز شود. هم‌اکنون حدود پنج میلیون هکتار از زمین‌های کشور اعم از اراضی شور و خشک، دست‌نخورده هستند که متوسط بارندگی در آن‌ها گاهی حتی به کمتر از یک میلی‌متر نیز می‌رسد. در اکثر زمین‌های غیر قابل کشت کشور که تا ۲۰ دسی‌زیمنس برمتر شوری در اطراف آن وجود دارد و هیچ گیاهی کشت نمی‌شود، می‌توان این گیاه را که قابلیت تحمل شوری تا ۵۷ دسی‌زیمنس بر متر را دارد کشت کرد (Jacobsen *et al.*, 2003). این گیاه کارایی بالایی در استفاده از آب دارد و می‌تواند خشکی بالا را تحمل کند. به‌طوری‌که عملکرد قابل قبولی در مناطق با بارندگی ۱۰۰ تا ۲۰۰ میلی‌متر را دارا است. بنابراین، با توجه به افزایش رو به رشد نیاز غذایی ایران و خشکسالی‌های اخیر، ضروری است که مناطق کشت‌نشده و مستعد کشاورزی را به گیاه یا گیاهانی اختصاص دارد که مناسب کشت در این شرایط باشند.

Jacobsen *et al.* (2003) در پژوهشی با هدف ارزیابی تنوع ژنتیکی، ۲۳ ویژگی کمی، کیفی و مورفولوژیکی ۷۸ ژنوتیپ کینوا را مورد بررسی قرار دادند. نتایج آن‌ها نشان داد علاوه بر اینکه ارقام مورد بررسی از تنوع قابل توجهی برخوردار بودند، در بین صفات بررسی شده همبستگی مثبت و بالایی بین ارتفاع بوته و وزن خشک با عملکرد دانه وجود داشت. Jéssica (2012) در پژوهشی تنوع بین شش ژنوتیپ کینوا را از نظر صفات مورفولوژیکی بررسی کردند. نتایج آن‌ها نشان داد که ژنوتیپ‌های بررسی شده تفاوت معنی‌داری از نظر صفات بررسی شده از جمله محتوای قند، درصد ساپونین و درصد پروتئین داشتند. Seifati *et al.* (2015) در پژوهشی به بررسی صفات مختلف مورفولوژیکی مرتبط با عملکرد پنج ژنوتیپ کینوا پرداختند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که ژنوتیپ‌ها از نظر شش صفت از ۱۲ صفت اندازه‌گیری شده، تفاوت معنی‌داری داشتند. همچنین همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری بین صفات روز تا ظهور و روز تا رنگی شدن گل‌آذین مشاهده شد. Solimaninya *et al.* (2021) در پژوهشی به بررسی پاسخ برخی از صفات فیزیولوژیکی و مورفولوژیکی ژنوتیپ تیتیکا کینوا در شرایط خشکی پرداختند. نتایج آن‌ها نشان داد که با افزایش تنش

خشکی، کلروفیل a (۳۴ درصد)، کلروفیل b (۱۸۷ درصد) و کارتنوئید برگ افزایش دو برابری نسبت به شاهد داشته، اما وزن خشک اندام هوایی (۳۸ درصد) و سطح برگ (۳۷ درصد) نسبت به شاهد کاهش نشان دادند. بنابراین، از آنجایی که تنوع ژنتیکی و انتخاب از الزامات به‌نژادی است و با توجه به جدیدبودن گیاه کینوا و امکان توسعه کشت آن، مطالعه تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های وارداتی برای انتخاب ارقام جدید، تولید محصول مطلوب، یکنواخت و بازارپسند ضروری به‌نظر می‌رسد. از این‌رو، این پژوهش با هدف ارزیابی میزان تنوع موجود در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر صفات ریختی-فنولوژیکی، تعیین رابطه بین صفات و نقش صفات مختلف در ایجاد تنوع و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس این صفات به اجرا درآمد.

## ۲. روش‌شناسی پژوهش

مواد گیاهی مورد بررسی در این پژوهش شامل ۲۶ ژنوتیپ مختلف کینوا تهیه‌شده از موسسه IPK آلمان بود (جدول ۱). این پژوهش در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار در گلخانه موسسه تحقیقات برنج کشور در سال ۱۴۰۰ اجرا شد. با توجه به اینکه پژوهش مذکور بر پایه کشت گلدانی بود، در ابتدا ۷۸ گلدان به قطر ۳۳/۵ و ارتفاع ۴۰ سانتی‌متر و دارای زهکش انتهایی تهیه شد. سپس هر یک از گلدان‌ها که با استفاده از خاک، کود دامی پوسیده، خاک برگ و پرلیت، به گونه‌ای پر شد که محیط کشت گیاه شامل ۴۵ درصد خاک، ۲۰ درصد کود دامی، ۲۵ درصد پرلیت و ۱۰ درصد خاک برگ باشد. وزن گلدان‌ها با ترازوی حساس ثبت شد تا شرایط کاملاً یکسان باشد. سپس ژنوتیپ‌های مورد نظر در عمق ۲/۵ سانتی‌متری کشت شدند. در مرحله پنج برگی به‌منظور یکسان کردن تعداد بوته‌ها، با تنک کردن گیاهچه‌ها، تراکم بوته‌ها در هر گلدان به گونه‌ای به سه عدد کاهش یافت که بوته‌ها از دیواره گلدان پنج سانتی‌متر فاصله داشتند. شرایط گلخانه شامل میانگین دمای روز و شب به‌ترتیب ۲۵ و ۱۸ درجه سانتی‌گراد، ۱۲ ساعت روشنایی با استفاده از لامپ و نور خورشید و دو بار آبیاری در هفته برای ژنوتیپ‌های کشت‌شده در حال رشد بود (Bagheri, 2018). صفات ارزیابی‌شده در این پژوهش صفات مورفوفنولوژیک مهم کینوا شامل روز تا سه‌برگی، روز تا تشکیل گل‌آذین، روز تا مرحله رنگی‌شدن گل‌آذین، روز تا گرده‌افشانی، روز تا خمیری‌شدن بذر، روز تا شیرینی‌شدن بذر، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، ارتفاع بوته، طول خوشه، تعداد خوشه در بوته، وزن هزار دانه، و عملکرد دانه بود. بعد از ثبت و جمع‌آوری داده‌ها، با استفاده از نرم‌افزار MINITAB Ver. 14، ابتدا نرمال‌بودن داده‌ها بررسی و سپس با استفاده از نرم‌افزار SPSS Ver. 25، ضریب همبستگی ساده بین دو به دوی صفات محاسبه شد. تجزیه واریانس داده‌ها و مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها با استفاده از روش توکی با نرم‌افزار SAS ver. 9.2 انجام شد. تجزیه به‌عامل‌ها به روش مولفه‌های اصلی با چرخش واریانس به‌منظور تحلیل ارتباط بین صفات و رسم بای‌پلات ژنوتیپ‌ها و صفات و تجزیه خوشه‌ای با روش حداقل واریانس وارد جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از نرم‌افزار SPSS انجام شد.

## ۳. نتایج پژوهش و بحث

### ۳-۱. تجزیه واریانس صفات مورد بررسی

نتایج حاصل از تجزیه واریانس داده‌ها (جدول ۲) نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها از نظر سایر صفات بررسی‌شده اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد و صفت روز تا رسیدگی در سطح احتمال پنج درصد وجود دارد که این امر دلالت بر تنوع بالای ژنوتیپ‌های استفاده‌شده در این پژوهش دارد. بنابراین می‌توان از این ژنوتیپ‌ها به‌عنوان منابع با ارزش ژنتیکی بالا و کارایی مطلوب برای دسترسی به ژنوتیپ‌های مناسب و مفید کینوا در برنامه‌های مختلف به‌نژادی بهره برد.

Karimi (2018) در پژوهشی روی شش ژنوتیپ کینوا گزارش کردند که ژنوتیپ‌های مورد نظر برای بیشتر صفات از جمله طول خوشه، وزن هزار دانه، عملکرد دانه و شاخص برداشت تفاوت معنی‌داری در سطح یک درصد داشتند. محققان دیگری نیز در پژوهش‌های خود بر معنی‌داری اثر ژنوتیپ برای بیشتر صفات فنولوژیک و مورفولوژیک تاکید کردند که با نتایج این پژوهش مطابقت داشت (Al-Naggar et al., 2017; Mohyuddin et al., 2019).

جدول ۱. مشخصات ژنوتیپ‌های کینوا مورد مطالعه.

Row	Genotype	Code	Source	No.	Genotype	Code	Source
1	CHEN92	D5082	Chile	14	CHEN198	D9412	Chile
2	CHEN93	D5084	Peru	15	CHEN204	D9434	Peru
3	CHEN94	D5086	Peru	16	CHEN206	D9436	Peru
4	CHEN95	D5087	Bolivia	17	CHEN306	D9789	Bolivia
5	CHEN96	D5088	Peru	18	CHEN216	D9415	Bolivia
6	CHEN97	D5089	Peru	19	CHEN217	D9732	Peru
7	CHEN103	D9311	Chile	20	CHEN218	D9733	Chile
8	CHEN104	D9312	Bolivia	21	CHEN219	D9734	Chile
9	CHEN106	D9314	Chile	22	CHEN220	D9735	Chile
10	CHEN108	D9315	Chile	23	CHEN221	D9736	Chile
11	CHEN115	D9317	Peru	24	CHEN222	D9737	Chile
12	CHEN125	D9319	Bolivia	25	CHEN223	D9738	Chile
13	CHEN127	D9320	Chile	26	CHEN224	D9739	Chile

\* All genotypes were obtained from Gene Bank of Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Leibniz, Germany.

جدول ۲. تجزیه واریانس صفات مورفولوژیکی در ۲۶ ژنوتیپ مورد مطالعه کینوا.

Source of variation	df	Mean square											
		DTL (Day)	DIF (Day)	DIC (Day)	DP (Day)	DM (Day)	DD (Day)	DPM (Day)	PH (cm)	PL (cm)	NPP	TGW (gr)	GY (gr per plant)
Treat	25	2.9**	139.5**	128.1**	1809**	246.7**	218.4**	592.1*	1606.9**	17.8**	241.3**	1.9**	22118.9**
Error	52	1.21	18.99	14.94	26.85	41.42	46.38	312.46	67.29	1.14	12.46	0.01	1003.87
Coefficient of variation (%)	-	9.70	8.45	6.43	7.41	6.50	14.12	14.12	6.73	10.76	14.31	4.95	3.95

\* و \*\*: به ترتیب معنی‌داری در سطوح احتمال پنج و یک درصد. نماد صفات عبارتند از: DTL، روز تا سه‌برگی؛ DIF، روز تا تشکیل گل‌آذین؛ DIC، روز تا رنگی شدن گل‌آذین؛ DP، روزهای تا گرده‌افشانی؛ DM، روز تا مرحله شیرینی شدن؛ DD، روز تا مرحله خمیری شدن؛ DPM، روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی؛ PH، ارتفاع بوته؛ PL، طول خوشه؛ NPP، تعداد خوشه در بوته؛ TGW، وزن هزار دانه و GY، عملکرد دانه.

## ۲-۳. مقایسه میانگین و ضریب همبستگی

نتایج مقایسه میانگین صفات فنولوژیک نشان داد که بیشترین زمان لازم برای سه‌برگی شدن مربوط به ژنوتیپ ۷ با میانگین ۱۳ روز بود و در مقابل، ژنوتیپ‌های شماره ۱۲ و ۱۸ با ۹/۳ روز کمترین مقادیر را برای این صفت داشتند. مقایسه میانگین روز تا تشکیل گل‌آذین ژنوتیپ‌ها نشان داد که ژنوتیپ شماره ۸ با میانگین ۷۲/۳ روز بیشترین و ژنوتیپ ۱۲ با میانگین ۳۸/۳ روز کمترین زمان لازم جهت تشکیل گل‌آذین را داشتند. مقایسه میانگین صفات روز تا رنگی‌شدن گل‌آذین، روز تا گرده‌افشانی، روز تا خمیری و شیری‌شدن دانه نشان داد که ژنوتیپ‌های ۷ و ۸ بالاترین و ژنوتیپ ۱۲ کمترین مدت زمان لازم برای رسیدن به این مراحل از رشد فنولوژیکی را به خود اختصاص دادند. از نظر روز تا رسیدگی فیزیولوژیک که آخرین و مهمترین صفت فنولوژیکی بررسی شده مدنظر ما در این تحقیق بود، ژنوتیپ‌های ۷، ۱۲، ۱۳ و ۱۵ با میانگین کمتر از ۱۱۰ روز از زودرس‌ترین و ژنوتیپ‌های ۱، ۳، ۸، ۱۱، ۱۸ و ۲۰ به ترتیب با میانگین بیشتر از ۱۳۰ روز از دیررس‌ترین ژنوتیپ‌های استفاده‌شده در مطالعه بودند (جدول ۳).

مقایسه میانگین ارتفاع بوته ژنوتیپ‌ها نشان داد که ژنوتیپ شماره ۸ با ارتفاع ۱۴۶/۷ سانتی‌متر بیشترین و ژنوتیپ شماره ۱۴ با ارتفاع ۴۲/۳ سانتی‌متر کمترین ارتفاع بوته در بین ژنوتیپ‌ها را دارا بودند. ژنوتیپ‌های شماره ۱۲ و ۱۸ به ترتیب با میانگین ۲۶ و ۲۵/۷ سانتی‌متر بیشترین طول خوشه و ژنوتیپ شماره ۲ با میانگین ۱۷ سانتی‌متر کمترین طول خوشه اصلی را داشتند. نتایج ضرایب همبستگی جزئی بین صفات نشان داد که رابطه مثبت و بسیار معنی‌داری بین صفات طول خوشه و وزن هزار دانه (۰/۵۰۰) وجود دارد (جدول ۴). وجود همبستگی مثبت و معنی‌دار بین صفات ذکرشده نشان‌دهنده همسوسبودن تغییرات این صفات می‌باشد، به طوری که می‌توان هر یک از این صفات را به‌عنوان نماینده سایر صفات دانست و از طریق مقدار یک صفت به مقادیر نسبی صفات دیگر پی برد (Ochoa & Peralta, 1988). Sourilaki et al. (2022) همبستگی فنوتیپی معنی‌دار، مثبت و بالایی را بین طول خوشه و وزن هزار دانه گزارش کردند که با نتایج این پژوهش مطابقت داشت.

از نظر تعداد خوشه در بوته، ژنوتیپ‌های شماره ۷، ۱۸، ۲۱ و ۲۲ به ترتیب با میانگین ۳۹/۶۷، ۳۹/۳۳، ۳۸/۶۷ و ۳۸/۶۷ بیشترین و ژنوتیپ‌های ۱۹ و ۲۵ به ترتیب با ۹/۶۷ و ۱۶/۳۳ کمترین تعداد خوشه را در بین سایر ژنوتیپ‌ها داشتند (جدول ۳). نتایج ضرایب همبستگی جزئی صفات مورد بررسی نشان داد که همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری بین صفات تعداد خوشه در بوته و ارتفاع بوته (۰/۵۹۹) و روز تا خمیری‌شدن دانه (۰/۴۰۶) وجود داشت (جدول ۴)؛ به طوری که ژنوتیپ‌های با تعداد خوشه بیشتر، دارای ارتفاع بوته بالاتری نیز بودند. آزمایش‌های دیگری نیز وجود همبستگی مثبت و معنی‌داری را بین تعداد خوشه در بوته و ارتفاع بوته در کینوا گزارش کرده‌اند (Kia et al., 2022).

مقایسه میانگین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر وزن هزار دانه نشان داد که ژنوتیپ‌های شماره ۸، ۱۲، ۱۷ و ۱۸ با میانگین ۳/۸۰، ۳/۸۶، ۳/۶۰ و ۳/۶۷ گرم دارای بیشترین مقادیر و ژنوتیپ شماره ۱ و ۲۳ با میانگین ۱/۳۱ و ۱/۳۷ گرم دارای کمترین مقادیر وزن هزار دانه بودند (جدول ۳). از طرفی نتایج ضرایب همبستگی جزئی بین صفات مورد مطالعه نیز ارتباط مثبت و معنی‌داری را بین صفت وزن هزار دانه با عملکرد دانه (۰/۷۵۰) نشان داد (جدول ۴). پژوهشگران دیگری نیز گزارش کردند که بیشترین عملکرد دانه مربوط به ژنوتیپ‌هایی بود که بیشترین وزن هزار دانه را داشتند. همچنین ژنوتیپ‌های با طول دوره رشد طولانی‌تر، به دلیل وجود زمان بیشتر برای ذخیره مواد پرورده، از وزن هزار دانه و عملکرد دانه بیشتری نیز برخوردار هستند. نتایج تعدادی از پژوهشگران از این نظر با نتایج ما مطابقت داشت (Bhargava et al., 2007; Hirich et al., 2014; Mohyuddin et al., 2019).

نتایج مقایسه میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های مورد مطالعه نیز نشان داد که ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۸، ۱۲، ۱۷ و ۱۸ با عملکرد دانه بیش از ۴۵ گرم در بوته بیشترین میزان عملکرد دانه را تولید کردند. از بین این ژنوتیپ‌ها، بیشترین مقدار عملکرد دانه را ژنوتیپ شماره ۱۲ به خود اختصاص داد؛ به طوری که این ژنوتیپ با ۵۴/۵۹ گرم در بوته دارای بالاترین میزان عملکرد دانه و در مقابل کمترین میزان عملکرد دانه مربوط به ژنوتیپ شماره ۲۳ با ۱۹/۱ گرم در بوته بود (جدول ۳). نتایج ضرایب همبستگی جزئی عملکرد دانه نشان داد که صفات وزن هزار دانه، تعداد خوشه در بوته و طول خوشه بیشترین همبستگی مثبت و معنی‌دار را با عملکرد دانه داشتند؛ از این رو، با توجه به نتایج این تحقیق و وجود همبستگی‌های معنی‌دار بین صفات می‌توان جهت اصلاح و بهبود عملکرد دانه، انتخاب‌های غیر مستقیم مثبتی را برای صفات وزن هزار دانه، تعداد خوشه در بوته، طول خوشه و منفی برای صفت روز تا

رنگی شدن گل آذین انجام داد. در برخی از مطالعات عنوان شده است که صفات مورفولوژیک ژنوتیپ‌های کینوا تحت تاثیر ژنوتیپ قرار گرفته است. این موضوع در پژوهش Abbasi (2019) برای صفاتی مانند وزن هزار دانه، ارتفاع بوته و عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های کینوا کاملاً مشهود بود.

### ۳-۳. تجزیه به عامل‌ها

برای معرفی یک رقم جدید زراعی، خصوصیات متعددی در نظر گرفته می‌شود که اکثر آن‌ها با یکدیگر همبستگی بالایی دارند. بدیهی است که ارزش اقتصادی یک رقم به صفات مختلف آن بستگی دارد؛ بنابراین چگونگی انتخاب همزمان چندین صفت با یکدیگر با هدف برآورد حداکثر ارزش اقتصادی همواره مدنظر پژوهشگران به‌نژادی می‌باشد. بنابراین روش تجزیه و تحلیلی که بدون از بین بردن مقدار زیادی از اطلاعات مفید، تعداد صفات را کاهش دهد، برای پژوهشگران از ارزش خاصی برخوردار است. به همین منظور در این پژوهش نیز برای تشخیص توانایی رابطه داخلی یک مجموعه از متغیرهای مشاهده‌شده در تشریح چند متغیر پنهان و غیرقابل مشاهده، تجزیه به عامل‌ها به روش مؤلفه‌های اصلی با چرخش واریماکس برای صفات زراعی مختلف انجام شد. شاخص KMO معادل ۰/۸۳ برآورد شد که نشان‌دهنده مطلوب بودن تجزیه عاملی بود. نتایج نشان داد که سه عامل اصلی و مستقل، ۷۹/۷۶۹ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه می‌کنند. سهمی از واریانس کل که توسط عامل اول توجیه شد معادل ۳۹/۱۹۵ درصد بود که در آن صفات روز تا تشکیل گل آذین (۰/۹۱۳)، روز تا گرده‌افشانی (۰/۹۰۵)، روز تا رنگی شدن گل آذین (۰/۸۹۶)، روز تا خمیری شدن (۰/۸۶۷)، روز تا شیرینی شدن (۰/۸۴۲) و روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی (۰/۶۷۷) همگی با ضرایب عاملی مثبت، بالاترین ضرایب را به خود اختصاص دادند (جدول ۵). همان‌طور که مشاهده می‌شود ضرایب عاملی برای تمامی صفات معنی‌دار موجود در عامل اول مثبت بود که این امر بر هم‌راستابودن اثر این صفات دلالت می‌کند. در مجموع با توجه به همبستگی مثبت صفات فنولوژی ذکر شده با عامل اول، می‌توان این عامل را "عامل فنولوژیک گیاه" نامگذاری کرد (جدول ۵). عامل مستقل دوم ۲۴/۶۳۱ درصد از کل تغییرات را توجیه کرد که در آن صفات وزن هزار دانه (۰/۹۴۰)، عملکرد دانه (۰/۹۳۴) و طول خوشه (۰/۸۸۹) بالاترین ضرایب عاملی را به خود اختصاص دادند. عامل سوم نیز فقط ۱۵/۹۴۴ درصد از کل تغییرات جمعیت را توجیه کرد. در عامل سوم صفات ارتفاع بوته (۰/۷۹۹-)، تعداد خوشه در بوته (۰/۸۷۲) و روز تا سه‌برگی (۰/۵۲۰-) بالاترین ضرایب عاملی را به خود اختصاص دادند (جدول ۵). در واقع افزایش هر کدام از این صفات در راستای افزایش سایر صفات از جمله عملکرد دانه می‌باشد. بنابراین عامل دوم و سوم مجموعاً به‌عنوان "عامل عملکرد و اجزای عملکرد دانه" نامگذاری شد.

Moosavi et al. (2022) در پژوهشی به‌منظور ارزیابی تنوع و کاربرد صفات زراعی، مورفولوژیک و فیزیولوژیک جهت بهبود عملکرد دانه کینوا مشاهده کردند که در مجموع ۷۶ درصد از واریانس کل داده‌ها در ۱۵ صفت بررسی شده، توسط دو عامل مستقل و اصلی توجیه شد. به‌طوری که سهم عامل اول و دوم که عامل عملکرد دانه و فنولوژی نامگذاری شدند، به ترتیب ۴۸ و ۲۸ درصد از واریانس کل داده‌ها بود. نتایج این پژوهش تا حدود زیادی با نتایج تحقیق حاضر مطابقت داشت. با توجه به نتایج تجزیه به عامل‌ها مشاهده می‌شود که بیشتر صفات دارای واریانس مشترک نسبتاً بالایی بودند، بدین مفهوم که سه عامل مستقل شناسایی شده در این تحقیق به‌خوبی توانسته‌اند تنوع موجود در جمعیت مورد مطالعه را شناسایی و توصیف مناسبی از ارتباط بین صفات ارایه دهند. به این ترتیب با توجه به عوامل شناسایی شده در تجزیه به عامل‌ها و با نتایج حاصل از ضرایب همبستگی، می‌توان نتیجه‌گیری کرد که برای افزایش عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های مطالعه‌شده، می‌توان گزینش‌های غیر مستقیمی را از طریق صفات همبسته موجود در عامل دوم و سوم انجام داد، به این ترتیب که در صورت گزینش ژنوتیپ‌های با مقادیر بیشتر عامل دوم و سوم می‌توان به ژنوتیپ‌هایی دست یافت که از نظر عملکرد دانه نسبت به جمعیت اولیه برتری معنی‌داری داشته باشند. نتایج پژوهش‌های قبلی نیز بیانگر ارتباط قوی و مثبت صفات وزن هزار دانه و طول خوشه اصلی با عملکرد دانه بودند (Mhada et al., 2014; Karimi, 2018).

جدول ۳. مقایسه میانگین ۲۶ ژنوتیپ کینوا از نظر صفات مورفوفنولوژیک مورد مطالعه.

Genotype	DTL (Day)	DIF (Day)	DIC (Day)	DP (Day)	DM (Day)	DD (Day)	DPM (Day)	PH (cm)	PL (cm)	NPP	TGW (gr)	GY (gr per plant)
1	12.3ab	49.3b-f	56.0cde	69.7bcd	93.3a-f	104.0a-e	135.7ab	75.3c-f	19.0fgh	19.67d-h	1.31i	26.3jk
2	12.0ab	49.7b-f	60.0cde	72.0bcd	110.3a	116.3ab	127.0ab	67.3d-g	17.0h	20.00c-h	2.72de	40.8ef
3	11.3ab	47.3c-f	57.3cde	65.7cd	99.3a-f	105.0a-e	134.3ab	58.7fg	20.7c-g	20.00c-h	2.66de	38.6fg
4	12.0ab	52.0b-f	57.7cde	65.7cd	101.3a-e	112.3abc	124.0ab	67.7d-g	23.3a-d	20.33b-h	3.45b	48.3bc
5	10.0ab	50.0b-f	57.3cde	64.3cd	90.a-f7	101.7a-e	129.7ab	85.0cde	21.7b-f	19.67d-h	2.80cd	36.6gh
6	9.7ab	56.0bcd	64.3bcd	73.0bcd	97.0a-f	106.0a-e	125.0ab	85.0cde	22.7a-e	28.00a-h	2.82cd	40.3efg
7	13.0a	62.0ab	72.7ab	84.0ab	110.3a	118.0b	105.3b	74.3def	19.7e-h	42.33a	1.83g	23.0kl
8	11.7ab	72.3a	82.7a	92.3a	110.3a	118.0a	166.3a	146.7a	25.0ab	32.00a-g	3.80a	48.3bc
9	10.3ab	49.0b-f	59.7cde	66.7cd	86.0c-f	95.7b-e	121.0ab	66.0d-g	21.7b-f	21.00b-h	2.34f	24.6i
10	12.3ab	54.0b-e	61.0b-e	68.7bcd	107.7ab	112.3abc	124.7ab	70.0def	20.3d-h	18.33e-h	1.69g	31.1kl
11	11.7ab	58.7abc	66.3bc	75.3bc	92.3a-f	111.3a-d	135.0ab	54.7fg	24.7ab	24.00a-h	3.05c	23.3de
12	9.3b	38.3f	50.7e	58.0d	82.3def	90.0de	99.0b	67.7d-g	26.0a	23.33a-h	3.86a	54.5a
13	11.7ab	41.3ef	53.3de	61.0cd	81.0ef	90.0de	103.0b	55.7fg	19.7e-h	13.00gh	1.78g	23.5kl
14	12.0ab	50.3b-f	62.0b-e	68.3bcd	93.0a-f	101.3a-e	131.7ab	42.3g	18.0gh	17.67e-h	1.90g	23.0kl
15	11.7ab	51.3b-f	58.0cde	61.7cd	79.7f	88.3e	106.3b	66.7d-g	22.0b-f	21.67b-h	2.73d	36.7gh
16	12.7ab	57.0b-c	64.7bcd	75.3bc	96.0a-f	101.7a-e	119.7ab	54.0fg	19.7e-h	17.33e-h	1.84g	26.6jk
17	11.3ab	53.3b-e	61.7b-e	76.0abc	101.7a-d	109.0a-e	129.0ab	64.0efg	24.0abc	16.67fgh	3.60ab	46.5cd
18	9.3b	57.7bc	61.3b-e	75.3bc	105.3abc	112.0abc	146.0ab	114.7b	25.7a	39.67ab	3.67ab	50.4b
19	12.0ab	49.0b-f	53.0de	61.0cd	82.0def	93.3cde	118.3ab	54.7fg	23.3a-d	9.67gh	2.91cd	38.8fg
20	10.7ab	51.3b-f	56.0cde	75.3bc	96.7a-f	109.3a-e	136.3ab	78.3c-f	21.0c-g	36.33a-e	2.40ef	29.3ij
21	11.0ab	48.0c-f	59.0cde	69.3bcd	100.0a-f	110.3a-d	128.7ab	101.0bc	20.0d-h	39.33abc	1.79g	23.9kl
22	11.0ab	47.3c-f	55.3cde	75.3bc	92.7a-f	104.0a-e	130.3ab	92.0bcd	21.7b-f	38.67a-d	1.65gh	21.6lm
23	11.7ab	54.7b-e	59.7cde	71.7bcd	95.7a-f	106.7a-e	124.3ab	73.7def	18.0gh	25.67a-h	1.37hi	19.1m
24	12.0ab	42.3def	53.7de	59.7cd	87.3b-f	95.3b-e	110.0b	115.0b	23.0a-e	33.67a-f	3.42b	22.4lm
25	11.0ab	46.3c-f	58.0cde	63.0cd	96.0a-f	104.7a-e	123.7ab	59.7efg	23.3a-d	16.33fgh	2.84cd	33.1hi
26	10.7ab	51.7b-f	60.0cde	68.7bcd	99.3a-f	108.0a-e	121.0ab	91.3bcd	20.0d-h	27.00a-h	1.77g	20.6lm

نمادهای صفات همانند جدول ۲ است. اعداد دارای حروف مشترک در هر ستون براساس آزمون توکی در سطح احتمال یک درصد فاقد اختلاف معنی دار هستند.



جدول ۴. ضرایب همبستگی جزئی بین صفات مورد مطالعه در ۲۶ ژنوتیپ کینوا.

Trait <sup>a</sup>	DPM	DTL	DIC	DIF	DP	NPP	DD	DM	PH	PL	TGW	GY
DPM	1											
DTL	-0.294	1										
DIC	-0.231	-0.071	1									
DIF	0.113	0.188	0.679**	1								
DP	0.386	0.179	0.417*	0.192	1							
NPP	-0.553**	-0.369	-0.198	-0.089	0.519**	1						
DD	0.424*	0.156	-0.114	0.175	-0.035	0.406*	1					
DM	-0.304	-0.081	0.134	-0.154	0.101	-0.276	0.897**	1				
PH	-0.523**	-0.055	0.063	0.126	-0.188	0.599**	-0.396	0.368	1			
PL	-0.098	-0.218	-0.106	0.200	0.059	0.047	0.161	-0.332	0.111	1		
TGW	0.027	0.321	0.300	-0.266	-0.258	0.092	-0.065	0.107	0.272	0.500**	1	
GY	0.001	0.086	-0.243	0.224	0.218	0.559**	0.019	0.063	-0.300	0.040	0.750**	1

نمادهای صفات همانند جدول ۲ است. \* و \*\* به ترتیب معنی‌داری در سطوح احتمال پنج و یک درصد.

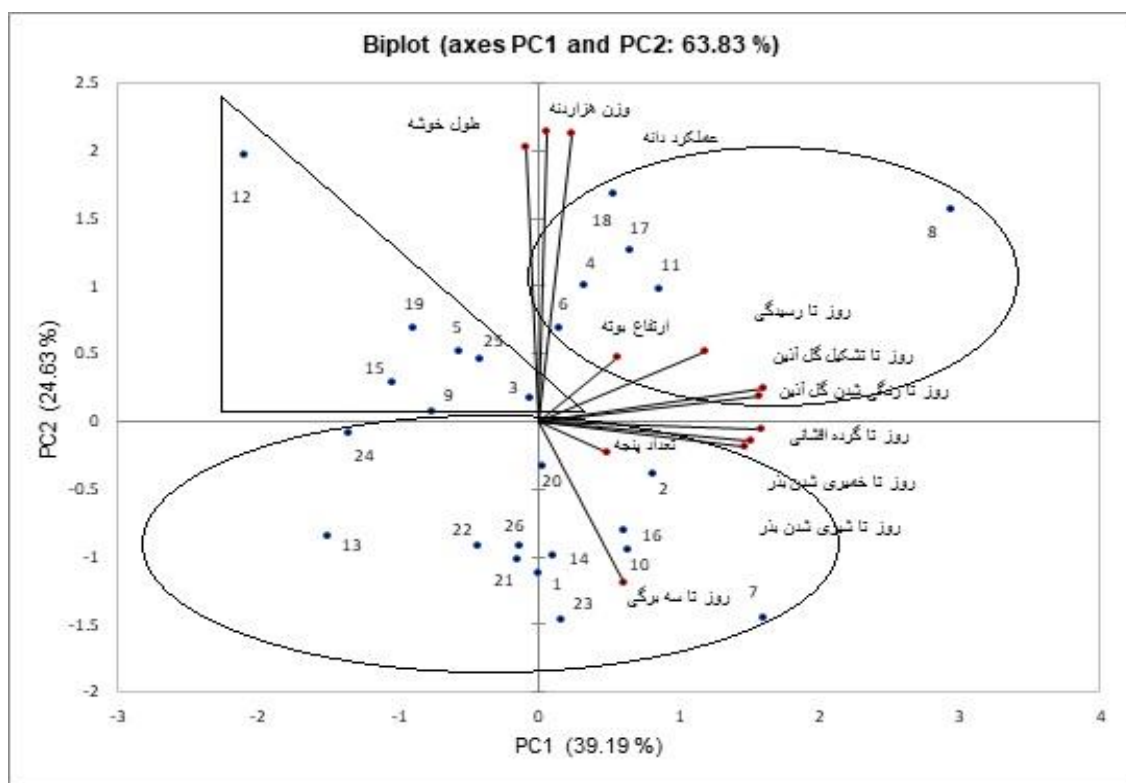
جدول ۵. تجزیه به عامل‌ها برای صفات مورد مطالعه.

Trait <sup>a</sup>	Factor loadings			Communality
	First factor	Second factor	Third factor	
DPM	0.677	0.229	0.231	0.564
DL	0.349	-0.524	-0.520	0.667
DC	0.896	0.079	0.052	0.812
DI	0.913	0.107	0.055	0.849
DP	0.905	-0.028	0.245	0.880
NPP	0.280	-0.101	0.872	0.849
DD	0.867	-0.064	0.195	0.794
DM	0.842	-0.080	0.170	0.745
PH	0.325	0.208	-0.799	0.787
PL	-0.051	0.889	0.203	0.835
TGW	0.034	0.940	0.043	0.886
GY	0.133	0.934	0.123	0.905
Eigen value	4.762	2.951	1.859	-
Variance (%)	39.195	24.631	15.944	-
Cumulative variance (%)	39.195	63.825	79.769	-

نمادهای صفات همانند جدول ۲ است. ضریب عاملی بالای ۰/۵ بدون در نظر گرفتن علامت معنی‌دار در نظر گرفته شده است.

جهت انتخاب ژنوتیپ‌های برتر، نمودار پراکنش حاصل از دو مولفه اول و دوم برای ژنوتیپ‌ها و صفات مورد مطالعه رسم شد (شکل ۱). نمودار پراکنش، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به سه گروه مجزا تفکیک کرد. با توجه به صفات موجود در عامل‌ها، گزینش

در جهت مقادیر کمتر برای عامل اول و مقادیر بیشتر برای عامل دوم سبب دستیابی به ژنوتیپ‌های با عملکرد مطلوب و زودرس در ناحیه دوم نمودار پراکنش می‌شود. بنابراین ژنوتیپ‌های موجود در گروه دوم (۳، ۵، ۹، ۱۵، ۱۹ و ۲۵) ژنوتیپ‌های با عملکرد مطلوب و نسبتاً زودرس و ژنوتیپ ۱۲ به‌عنوان ژنوتیپ پرمحصول و زودرس انتخاب شدند. ژنوتیپ‌های موجود در گروه اول به‌عنوان ژنوتیپ‌های با عملکرد مطلوب و طول دوره رشد زیاد و ژنوتیپ‌های موجود در گروه سوم نیز ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه نامطلوب در این پژوهش بودند. همچنین صفات تعداد خوشه در بوته، طول خوشه و وزن هزار دانه به‌عنوان مطلوبترین صفات هم‌راستا با افزایش عملکرد دانه شناسایی شدند. مقادیر بالای این صفات مطلوب بوده و گزینش آن‌ها منجر به بهبود و افزایش عملکرد دانه خواهد شد. نتایج پژوهش‌های قبلی نیز بیانگر ارتباط قوی و مثبت صفات تعداد خوشه در بوته، طول خوشه و وزن هزار دانه با عملکرد دانه بودند (Afiah et al., 2018 ; Karimi, 2018).



شکل ۱. نمودار پراکنش ژنوتیپ‌ها و صفات مورد مطالعه براساس اولین و دومین مؤلفه اصلی.

#### ۳-۴. تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های کینوا مطالعه‌شده از نظر صفات بررسی‌شده در تحقیق

یکی از روش‌های مهم برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس صفات مختلف ارزیابی‌شده در پژوهش، استفاده از تجزیه خوشه‌ای است. این روش نشان‌دهنده ارتباط بین ژنوتیپ‌ها با هم بوده و ژنوتیپ‌های با ویژگی‌های مشابه را در یک گروه قرار می‌دهد و به‌نژادگران در انتخاب والدین برای برنامه‌های اصلاحی تولید هیبرید کمک شایانی می‌کند (Sirohi & Michaelowa, 2007). در این پژوهش به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از تجزیه خوشه‌ای به روش حداقل واریانس وارد (Ward) استفاده و در نهایت دندروگرام مربوطه در شکل ۲ ارائه شد. نتایج تجزیه خوشه‌ای نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را می‌توان از نظر تشابه صفات و ویژگی‌های مطالعه‌شده در سه خوشه مجزا قرار داد (شکل ۲). خوشه اول شامل ۱۴ ژنوتیپ (۱، ۷، ۹، ۱۰، ۱۳، ۱۴، ۱۶، ۲۰، ۲۱، ۲۲، ۲۳، ۲۴، ۲۵ و ۲۶) می‌باشد که منشا ژنوتیپ‌های این گروه کشور شیلی می‌باشد. این خوشه از نظر تمامی صفات (مورفولوژیک و فنولوژیک) بررسی‌شده بجز صفت روز تا سه برگی و تعداد خوشه در بوته، انحراف از میانگین منفی و مقادیر پایین‌تر از میانگین کل داشت، بنابراین می‌توان این خوشه را خوشه‌ای با ژنوتیپ‌های با عملکرد و اجزای عملکرد دانه نامطلوب و صفات فنولوژیک مطلوب معرفی کرد (جدول ۷).

خوشه دوم شامل هفت ژنوتیپ (۲، ۳، ۵، ۶، ۱۱، ۱۵ و ۱۹) بود که عمدتاً شامل ژنوتیپ‌های با منشا کشور پرو بودند. در این گروه مقادیر صفات عملکرد، وزن هزاردانه، طول خوشه اصلی، روز تا تشکیل گل‌آذین، انحراف از میانگین مثبت و مقادیر بالاتر از میانگین کل را داشتند. در مجموع با توجه به مقادیر بالای عملکرد و صفات مرتبط و تاثیرگذار بر آن می‌توان این خوشه را به‌عنوان خوشه با ژنوتیپ‌های مطلوب عملکردی انتخاب کرد (جدول ۷). خوشه سوم شامل پنج ژنوتیپ (۴، ۸، ۱۲، ۱۷ و ۱۸) بود که ژنوتیپ‌های این گروه عمدتاً از کشور بولیوی بودند. ژنوتیپ‌های قرارگرفته در این خوشه از لحاظ تمامی صفات (مورفولوژیک و فنولوژیک) بررسی شده بجز صفت روز تا سه‌برگی انحراف از میانگین مثبت و مقادیر بالاتری از میانگین کل داشتند؛ به‌طوری‌که از نظر عملکرد دانه و صفات مرتبط و تاثیرگذار بر آن مطلوب و برای صفات فنولوژیکی نامطلوب بودند، بنابراین می‌توان این خوشه را به‌عنوان خوشه عملکردی معرفی کرد (جدول ۷). جهت تایید صحت گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای، تجزیه تابع تشخیص انجام شد. تجزیه تابع تشخیص، صحت گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای را با ۹۶/۲ درصد تایید کرد (جدول ۶).

از آنجایی‌که در به‌نژادی معمولاً تلاقی بین ژنوتیپ‌های دور، نتایج مطلوبتری تولید کرده و نتایج حاصل هتروزیس بیشتری نسبت به والدین نشان می‌دهند، بنابراین براساس نتایج به‌دست‌آمده می‌توان از ژنوتیپ‌های خوشه اول و سوم به‌عنوان والدین جهت ایجاد بیشترین تنوع ژنتیکی در نسل‌های تفرق استفاده کرد و با انجام تلاقی‌های لازم و هدفمند بین آن‌ها، برای اصلاح خصوصیات مهم مرتبط با صفات فنولوژیکی از جمله زودرسی و صفات مورفولوژیک (عملکرد و اجزای آن) در کینوا اقدام کرد.

Seifati *et al.* (2015) در پژوهشی به بررسی برخی صفات مورفولوژیکی مرتبط با عملکرد و زودرسی در ارقام اصلاح‌شده کینوا پرداختند. نتایج آن‌ها نشان داد که براساس دندوگرام جفت گروه‌های نامتوازن، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در سه خوشه طبقه‌بندی شدند. با توجه به میانگین اعداد ماتریس تشابه براساس ضریب اقلیدسی، خط برش در نقطه ۴/۶۴ اقلیدسی مشخص و با استفاده از تابع تشخیص محل صحیح برش دندوگرام در این نقطه تایید شد. در نهایت پس از برش، ژنوتیپ‌های QA1 و QP1 با ژنوتیپ QA2 در یک گروه و ژنوتیپ‌های QP3 و QP2 هرکدام در گروه‌های مجزایی طبقه‌بندی شدند.

Salehi (2020) در پژوهشی به مقایسه عملکرد و اجزای عملکرد ۱۱ لاین مختلف کینوا پرداخت. نتایج آن مطالعه نشان داد که تجزیه خوشه‌ای به روش حداقل واریانس وارد ۱۱ لاین را در سه خوشه قرار داد. لاین یک به‌تنهایی با عملکرد دانه ۱/۵ تن در هکتار و وزن هزار دانه ۴/۷ گرم و کمترین ارتفاع بوته (۳۶ سانتی‌متر) در گروه اول قرار گرفت. لاین‌های ۲، ۳، ۶، ۹ و ۱۰ با بالاترین میانگین عملکرد (۳۷۹ گرم در متر مربع) و کمترین وزن هزار دانه ۲/۶ گرم و بیشترین ارتفاع بوته (۱۰۱ سانتی‌متر) در گروه دوم قرار گرفتند و جزو لاین‌های دیررس محسوب می‌شوند. گروه سوم لاین‌های ۴، ۵، ۷، ۸ و ۱۱ بودند که میانگین عملکرد سه تن در هکتار و وزن هزار دانه ۳/۸ گرم داشتند و جزو لاین‌های میان‌رس محسوب می‌شوند و متوسط روز-درجه رشد (GDD) مورد نیاز این لاین‌ها تا زمان گرده‌افشانی ۹۳۵ بود.

Moosavi *et al.* (2022) در پژوهشی به ارزیابی تنوع و کاربرد صفات زراعی، مورفولوژیک و فیزیولوژیک جهت بهبود عملکرد دانه کینوا روی ۱۶ ژنوتیپ کینوا پرداختند. نتایج آن‌ها نشان داد که ژنوتیپ‌های بررسی‌شده از نظر صفات در سه گروه قرار گرفتند. که خوشه ۱ و ۳ دارای بیشترین فاصله ژنتیکی (۱۰۵/۰۲) با یکدیگر بودند. لذا در برنامه‌های دو رگ‌گیری می‌توان از ژنوتیپ‌های خوشه ۱ و ۳ به‌عنوان والدین جهت ایجاد بیشترین تنوع ژنتیکی در نسل‌های تفرق استفاده کرد.

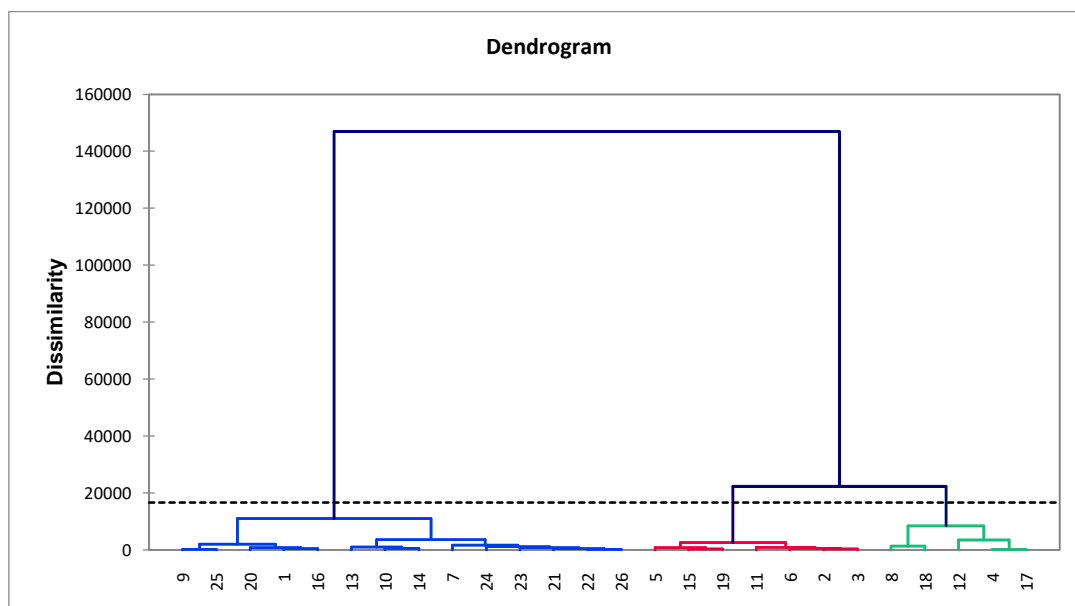
جدول ۶. ارزیابی صحت خوشه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای با استفاده از تجزیه تابع تشخیص.

Number/percentage	Group number			Number of line
	1	2	3	
Number	31	1	0	14
	0	7	0	7
	0	0	5	5
percentage	92.9	7.1	0	100
	0	100	0	100
	0	0	100	100
grouping correctness				96.2%

جدول ۷. میانگین و انحراف از میانگین کل هر یک از گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای.

Cluster	Trait <sup>a</sup>	DTL (Day)	DIF (Day)	DIC (Day)	DP (Day)	DM (Day)	DD (Day)	DPM (Day)	PH (cm)	PL (cm)	NPP	TGW (g)	GY (g per plant)
1	Cluster mean	122.52	11.60	59.36	50.33	69.76	26.17	104.38	95.36	74.90	20.36	2.00	24.78
	deviation from the total mean	-2.68	0.27	-0.70	-1.22	-0.12	1.50	-0.41	-0.31	-1.30	-1.22	-0.54	-8.68
2	Cluster mean	125.10	11.19	59.50	51.71	67.57	20.43	103.14	93.05	67.43	21.71	2.81	30.30
	deviation from the total mean	-0.11	-0.13	-0.56	0.16	-2.31	-4.24	-1.65	-2.62	-8.78	0.14	0.27	5.83
3	Cluster mean	132.87	10.73	62.80	54.73	73.47	26.40	108.27	100.20	92.13	24.80	3.67	49.61
	deviation from the total mean	7.66	-0.59	2.74	3.18	3.58	1.73	3.47	4.53	15.93	3.22	1.14	16.15

نمادهای صفات همانند جدول ۲ است.



شکل ۲. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات مورفولوژیک با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به روش حداقل واریانس وارد (Ward).

#### ۴. نتیجه‌گیری

نتایج پژوهش حاضر تنوع نسبتاً بالایی را برای صفات بررسی‌شده در ۲۶ ژنوتیپ وارداتی کینوا نشان داد. بنابراین می‌توان از این ژنوتیپ‌ها به‌عنوان منابع با ارزش ژنتیکی بالا و کارایی مطلوب برای دسترسی به ژنوتیپ‌های مناسب و مفید کینوا در برنامه‌های مختلف به‌نژادی بهره برد. نتایج ضرایب همبستگی جزئی نشان داد که همبستگی مثبت و معنی‌داری بین صفات مطالعه‌شده با عملکرد دانه وجود دارد؛ بنابراین می‌توان جهت بهبود عملکرد دانه انتخاب‌های غیر مستقیم مثبتی را برای صفات تعداد خوشه در بوته و وزن هزاردانه انجام داد. پراکنش ژنوتیپ‌ها و صفات مورد مطالعه براساس اولین و دومین مؤلفه اصلی، ژنوتیپ‌ها را به سه گروه تقسیم کرد که با نتایج تجزیه خوشه‌ای تا حدود زیادی مطابقت داشت. در نهایت براساس نتایج تجزیه‌های آماری چند متغیره استفاده‌شده در این پژوهش، ژنوتیپ‌های موجود در گروه دوم (۲، ۳، ۶، ۱۱، ۱۵ و ۱۹)، ژنوتیپ‌های با عملکرد مطلوب و نسبتاً زودرس و ژنوتیپ ۱۲ به‌عنوان ژنوتیپ پرمحصول و زودرس انتخاب شدند که می‌توان از آن‌ها جهت مطالعات به‌نژادی بعدی از جمله بررسی سازگاری و پایداری ژنوتیپ‌ها استفاده کرد.

#### ۵. سپاسگزاری

نویسندگان مقاله از پروفسور Andreas Börner استاد مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی لایپزیگ آلمان، گروه بانک ژن IPK که بزرگوارانه کلیه ژنوتیپ‌های کینوا مطالعه‌شده در این تحقیق را فراهم و ارسال کردند و همچنین از مدیریت و کلیه همکاران مؤسسه تحقیقات برنج کشور که شرایط اجرای این پژوهش را فراهم کردند، صمیمانه سپاسگزاری و قدردانی می‌کنند.

## ۶. منابع

- Abbasi, S. (2019). *Evaluation of yield stability and compatibility within some quinoa genotypes (Chenopodium quinoa Willd) in Karaj region*. Master thesis. Faculty of Agriculture Shahed University, Iran.
- Afiah, S.A., Hassan, W.A., & Al Kady, A.M.A. (2018). Assessment of six quinoa (*Chenopodium quinoa Willd.*) genotypes for seed yield and its attributes under Toshka conditions. *Zagazig Journal of Agricultural Research*, 45(6), 2281-2294.
- Al-Naggar, A., Abd El-Salam, R., Badran, A., & El-Moghazi, M.M. (2017). Genotype and drought effects on morphological, physiological and yield traits of quinoa (*Chenopodium quinoa Willd.*). *Asian Journal of Advances in Agricultural Research*, 3(1), 1-15.
- Bagheri, M. (2018). Handbook of quinoa cultivation. *Seed and Plant Improvement Institue*. (In Persian).
- Bhargava, A., Shukla, S., & Ohri, D. (2007). Genetic variability and interrelationship among various morphological and quality traits in quinoa (*Chenopodium quinoa Willd.*). *Field Crops Research*, 101, 104-116.
- Food and Agriculture Organization (2013). *International Year of the Quinoa IYQ-2013*. Retrieved August 07 from <http://www.rlc.fao.org/en/about-fao/iyq-2012/>.
- Gholizadeh, A., Nematzade, G., Oladi, M., & Afkhami, A. (2016). Evaluation of green super rice whit high yield and good characteristics. *Applied Field Crops Research*, 29(1), 54-60. (In Persian).
- Hirich, A., Choukr-Allah, R., & Jacobsen, S.E. (2014). Quinoa in Morocco—effect of sowing dates on development and yield. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 200(5), 371-377.
- Jacobsen, S.E., Mujica, A., & Jensen, C.R. (2003). Resistance of quinoa (*Chenopodium quinoa Willd.*) to adverse, abiotic factors. *Journal of Experience Botany*, 54, 21-21.
- Jésica (2012). Estados, crisis y acumulación: análisis de un marco conceptual para la comprensión de la historia argentina. *OBETS Revista de Ciencias Sociales*, 6(2), 293-328.
- Karimi, S.H. (2018). *Assessing adaptation and diversity of quinoa ecotypes by morphological and SSR markers in different moisture conditions*. Ph.D. Thesis. Faculty of Agriculture Bu-Ali Sina University, Iran.
- Kia, M., Bagheri, N., Babaeian Jelodar, N., & Bagheri, M. (2022). Investigation of morphological and genotypic characteristics of quinoa in Gorgan region. *Journal of Crop Breeding*, 14(43), 145-154. (In Persian).
- Mhada, M., Jellen, E., Jacobsen, S., & Benlhabib, O. (2014). Diversity analysis of a quinoa (*Chenopodium quinoa Willd.*) germplasm during two seasons. *International Journal of Agricultural and Biosystems Engineering*, 8(3), 273-276.
- Mohyuddin, S., Riaz, A., Qamar, A., Ali, S., Hu, C., Wu, L., & Ju, X. (2019). Quinoa is beneficial to the comprehensive nutritional value of potential health. *Pakistan Journal of Science*, 70(2), 69-74.
- Moosavi, S.S., Moradi Rizvandi, R., Abdollahi, M.R., & Bagheri, M. (2022). Evaluation of diversity and application of agronomic, morphological, and physiological traits to improve quinoa (*Chenopodium quinoa Willd.*) grain yield. *Journal of Crop Production and Processing*, 11(4), 53-68. (In Persian).
- Ochoa, J., & Peralta, E. (1988). Evaluación preliminar morfológica y agronomica de 153 entradas de quinua (*Chenopodium quinoa Willd.*) en Santa Catalina, Pichincha. In Actas del VI Congreso Internacional sobre Cultivos Andinos. *Quito, Ecuador* pp. 137-142.
- Rojas, W., Barriga, P., & Figueroa, H. (2003). Multivariate analysis of genetic diversity of Bolivian quinoa germplasm. *Food Reviews International*, 19(1-2), 9-23.
- Salehi, M. (2020). Comparison of yield and yield components in different quinoa lines in autumn rainfed cropping at Gorgan. *Journal of Crop Production*, 13(1), 17-30. (In Persian).
- Seifati, S., Ramezanzpour, S., Soltanloo, H., Salehi, M., & Sepahvand, N. (2015). Study on some morphophenological traits related to yield and early maturity in quinoa cultivars (*Chenopodium quinoa Willd.*). *Journal of Crop Production*, 8(2), 153-169. (In Persian).
- Sirohi, S., & Michaelowa, A. (2007). Sufferer and cause: Indian livestock and climate change. *Climatic Change*, 85(3-4), 285-298.
- Solimaninya, Z., Mohtadi, A., & Movahhedi Dehnavi, M. (2021). Response of some physiological and morphological properties of quinoa (*Chenopodium quinoa Willd.*) by zinc application under drought stress. *Journal of Plant Process and Function*, 10(41), 171-186. (In Persian).
- Souri Laki, E., Rabiei, B., Jokarfard, V., Marashi, H., & Börner, A. (2022). Evaluation of important agronomic traits related to yield and identification of superior quinoa genotypes. *Cereal Research*, 12(1), 99-114. (In Persian).