

تنوع ژنتیکی و روابط بین عملکرد و اجزای عملکرد ژنوتیپ‌های اسفرزه (*Plantago ovate*)

محمدحسین فتوکیان^{۱*}، مهدیه ارشدی بیدگلی^۲

۱- دانشیار، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شاهد، تهران، ایران (fotokian@shahed.ac.ir).

۲- دانشجوی دکتری رشته ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، گروه علوم زراعی و اصلاح نباتات، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران، پاکدشت، ایران.

چکیده

به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی و ارتباط بین عملکرد و اجزای عملکرد گیاه دارویی اسفرزه، آزمایشی در قالب طرح کاملاً تصادفی بر روی ۱۷ ژنوتیپ با ۱۰ تکرار اجرا شد و ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مهم ارتفاع بوته، طول گل آذین، طول سنبله، تعداد سنبله بارور، تعداد سنبله نابارور، تعداد کل سنبله، تعداد دانه در سنبله، طول برگ، تعداد برگ، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت ارزیابی شدند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها از لحاظ تمامی صفات مورد مطالعه اختلاف معنی‌دار وجود دارد. نتایج تجزیه خوشه‌ای براساس مربع فاصله اقلیدوسی و روش وارد، ژنوتیپ‌ها را در سه خوشه قرار داد و صحت نتایج تجزیه خوشه‌ای با استفاده از تجزیه تابع تشخیص به طور کامل تایید شد. بر اساس نتایج تجزیه علیت، عملکرد بیولوژیک بیشترین اثر مستقیم را بر عملکرد دانه داشت.

کلمات کلیدی: اسفرزه، تجزیه علیت، تجزیه کلاستر، تنوع ژنتیکی.

مقدمه

با توجه به اهمیت گیاهان دارویی در تأمین سلامت جامعه و ایجاد تنوع کشت در سیستم‌های کشاورزی، تحقیق در ارتباط با شناسایی و معرفی گونه‌های قابل کشت اهمیت زیادی دارد (۱). گیاهان دارویی و معطر در مقایسه با سایر گیاهان زراعی، اراضی زراعی کمی را به خود اختصاص می‌دهند اما دارای تعداد بالایی از گونه‌های گیاهی دارای بیشترین تنوع در صفات و خصوصیات بیولوژیکی می‌باشند. از آنجایی که به‌نژادی، فرصتی را برای سازگار نمودن گونه‌هایی با تنوع بیشتر و متناسب با تقاضای مصرف‌کنندگان فراهم می‌کند، بنابراین به‌نژادگران تلاش می‌کنند تا با بهره‌برداری از تنوع ژنتیکی موجود میان گیاهان دارویی، اصلاح میانگین تولید و پایداری اکولوژیکی را هدف‌گیری نمایند. با این حال، زمانی که تعدادی از این گونه‌ها از حالت وحشی به سمت کشت اصولی و هدفمند کشیده شوند، اولین مرحله برای همسانی ژنتیکی و بررسی قابلیت تکثیر، گزینش می‌باشد (۲). اسفرزه (*Plantago ovata*) متعلق به تیره بارهنگ (*Plantaginaceae*) از گیاهان دارویی ارزشمند است و به علت وجود خواص موسیلاژی در دانه، از آن در داروهای ضد سرفه، ضد التهاب، مسهل (داروی تجارتي پسیلیوم) و محرک ایمنی استفاده می‌شود (۳). بنابراین شناسایی شاخص‌های موثر بر عملکرد این گیاه دارویی و استفاده از آن در برنامه‌های به‌نژادی و به‌زراعی می‌تواند در افزایش تولید موثر باشد (۴)، در نتیجه هدف از این تحقیق به کارگیری روش‌های آماری مختلف برای بررسی اهمیت نسبی اجزای

عملکرد دانه و صفات رشدی در تعیین عملکرد دانه و نیز شناخت ژنوتیپ‌های اسفرزه با عملکرد بالا، جهت استفاده در برنامه‌های به‌نژادی است.

مواد و روش‌ها

در این آزمایش ۱۶ ژنوتیپ اسفرزه که از چهار منطقه استان گلستان شامل قره‌ماخر، اینچه برون، مرتع آرامگاه و روستای دوزاولوم جمع‌آوری شده بود به همراه یک ژنوتیپ شاهد با منشا افغانستانی در قالب طرح کاملاً تصادفی با ده تکرار در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه شاهد در سال ۱۳۹۵ مورد بررسی قرار گرفت. بذرها در داخل کرت‌هایی شامل دو ردیف به طول چهار متر و فاصله ردیف پنجاه سانتی‌متر در محل داغاب و در شیارهایی به طول یک تا دو سانتی‌متر کشت شدند. میزان تراکم بوته در حد مطلوب تنظیم و مبارزه با علف‌های هرز با توجه به نیاز در مراحل مختلف رشد صورت گرفت. ژنوتیپ‌ها از لحاظ صفات ارتفاع بوته، طول گل آذین، طول سنبله، تعداد سنبله بارور، تعداد سنبله نابارور، تعداد کل سنبله، تعداد دانه در سنبله، طول برگ، تعداد برگ، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت مورد ارزیابی قرار گرفتند. به منظور تعیین روابط بین صفات و شناسایی عوامل موثر در عملکرد دانه از تجزیه ضرایب مسیر بر مبنای ضرایب همبستگی ژنتیکی استفاده گردید. در تجزیه خوشه‌ای از ضریب مربع فاصله اقلیدوسی برای تعیین فواصل بین ژنوتیپ‌ها و از روش وارد (ward) برای ترسیم دندروگرام استفاده شد. صحت نتایج تجزیه خوشه‌ای با تجزیه تابع تشخیص انجام گرفت. کلیه آنالیزهای آماری با نرم‌افزار SPSS نسخه ۲۲ انجام گرفت.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس (جدول ۱) نشان داد که ژنوتیپ‌ها از لحاظ تمامی صفات دارای اختلاف خیلی معنی‌داری بودند؛ که این امر نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی مناسب و قابل توجه بین ژنوتیپ‌ها از لحاظ صفات مورد مطالعه است که امکان بررسی کامل‌تر و شناسایی تفاوت‌های ژنتیکی را ممکن می‌سازد. وجود تنوع ژنتیکی مناسب در بین مواد گیاهی مورد مطالعه می‌تواند به‌نژادگر را در کشف روابط بین صفات یاری کرده و کارایی انتخاب را نیز بالا ببرد (۵ و ۶).

جدول ۱- نتایج تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه

| میانگین مربعات (MS) | | | | | | | | | | | | |
|---------------------|------------|-------------|-------------|-----------|-------------------|---------------------|----------------|---------------------|----------|-----------|-------------|-----------------|
| منابع تغییرات | درجه آزادی | ارتفاع بوته | طول گل آذین | طول سنبله | تعداد سنبله بارور | تعداد سنبله نابارور | تعداد کل سنبله | تعداد دانه در سنبله | طول برگ | تعداد برگ | عملکرد دانه | عملکرد بیولوژیک |
| ژنوتیپ | ۱۶ | ۳۵/۸۳۵** | ۳۰/۵۰۲** | ۰/۶۵۰** | ۵/۹۹۰** | ۵/۳۲۶** | ۱۲/۱۶۸** | ۵۹۹/۲۶۵** | ۲۵/۴۰۵** | ۱۵/۶۱۹** | ۰/۸۵۵** | ۰/۵۱۹** |
| خطا | ۱۵۳ | ۴/۲۹۷ | ۳/۷۲۶ | ۰/۱۶۹ | ۲/۸۱۴ | ۱/۸۹۳ | ۵/۱۳۶ | ۶۸/۸۹۸ | ۴/۸۵۰ | ۶/۳۲۷ | ۰/۰۱۸ | ۰/۲۳۷ |

** نشان دهنده معنی‌داری در سطح یک درصد

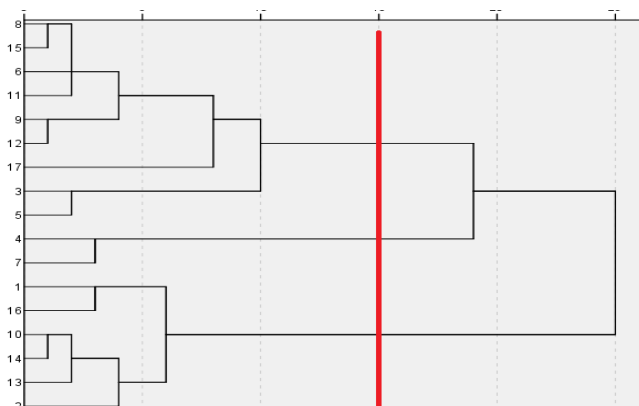
با توجه با اینکه همبستگی ساده نمی‌تواند گویای روابط علت و معلولی باشد بنابراین از تجزیه علیت برای بیان روابط علت و معلولی و تاثیر اثرات مستقیم و غیر مستقیم صفات وارد شده به مدل رگرسیونی توسط رگرسیون گام به گام استفاده می‌شود. برای این منظور با استفاده از مدل رگرسیونی گام به گام صفات کم تاثیر و یا بی تاثیر از مدل حذف گردیدند و عملکرد دانه به عنوان متغیر وابسته، و سایر صفات به عنوان متغیر مستقل انتخاب شدند، نهایتاً سه صفت عملکرد بیولوژیک، شاخص

برداشت و تعداد برگ به عنوان صفات تاثیر گذار وارد مدل شدند که ۹۷/۵۰ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کردند. از میان سه صفت وارد شده به مدل رگرسیونی صفت عملکرد بیولوژیک دارای بیشترین میزان همبستگی با عملکرد دانه می‌باشد (جدول ۲) و بیشترین میزان اثر مستقیم را در میان تمامی صفات به خود اختصاص داده است (۱/۱۸۰) که تقریباً قسمت اعظم اثرات کل (۰/۸۴۵) را نیز شامل شده است و این مطلب گواه این می‌تواند باشد که با فرض ثابت در نظر گرفتن سایر متغیرها، سبب افزایش عملکرد دانه خواهد شد. همچنین ضریب تبیین بالا به همراه همبستگی بالایی که با عملکرد دانه دارا می‌باشد بار دیگر بیان کننده تاثیر بالای این صفت بر عملکرد دانه بوده و از اینرو می‌توان از آن برای انتخاب در جهت افزایش عملکرد دانه استفاده نمود که با نتایج نادری و همکاران (۷) مطابقت داشت. شاخص برداشت دارای تاثیر قابل توجهی بر عملکرد دانه بوده است که با توجه به اثر مستقیم متوسط و ضریب تبیین مناسب آن می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی جهت افزایش عملکرد دانه مورد بررسی جدی واقع شود. تاثیر منفی عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت از طریق یکدیگر و افزایش اثر منفی مجموع اثرات نشان‌دهنده این موضوع می‌باشد که تنها دو صفت مذکور به طور مستقیم افزایش‌دهنده عملکرد می‌باشند و از طریق غیر مستقیم عملکرد دانه را کاهش می‌دهند و این موضوع از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. مقدار ضریب همبستگی تعداد برگ با عملکرد دانه به صورت کلی بیانگر تاثیر متوسط این صفت بر عملکرد دانه می‌باشد اما اثر مستقیم تعداد برگ بر عملکرد دانه منفی و معنی‌دار بوده و سبب کاهش عملکرد دانه شده است و اثر غیر مستقیم از طریق عملکرد بیولوژیک بر روی عملکرد دانه سبب شده است تا این اثر منفی (اثر مستقیم تعداد برگ) بر عملکرد دانه خنثی شود. همچنین دارای اثر غیر مستقیم ۰/۱۵۸- از طریق شاخص برداشت بر عملکرد دانه بوده که سبب کاهش مجموع اثرات مستقیم و غیرمستقیم به ۰/۴۰۲ شده و نهایتاً به عنوان سومین صفت وارد شده به مدل دارای همبستگی متوسطی با عملکرد دانه می‌باشد.

جدول ۲- تجزیه علیت برای صفت عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های اسفرزه

| متغیرهای مستقل | اثر مستقیم | اثر غیر مستقیم از طریق | | | همبستگی با متغیر وابسته | ضریب تبیین |
|-----------------|------------|------------------------|-------------|-----------|-------------------------|------------|
| | | عملکرد بیولوژیک | شاخص برداشت | تعداد برگ | | |
| عملکرد بیولوژیک | ۱/۱۸۰** | - | -۰/۱۹۲ | -۰/۰۹۴ | ۰/۸۴۵** | ۰/۸۶۱ |
| شاخص برداشت | ۰/۴۸۶** | -۰/۴۶۶ | - | ۰/۰۵۶ | ۰/۱۱۶ | ۰/۹۶۷ |
| تعداد برگ | -۰/۱۷۱* | ۰/۶۵۰ | -۰/۱۵۸ | - | ۰/۴۰۲** | ۰/۹۷۵ |
| اثر باقیمانده | | | | ۰/۱۵۸ | | |

در تجزیه خوشه‌ای ۱۷ ژنوتیپ مورد بررسی، که در آن فواصل بین لاین‌ها با مربع فاصله اقلیدوسی و ترسیم دندروگرام (شکل ۱) به روش وارد انجام گرفت، ژنوتیپ‌های اسفرزه در ۳ خوشه یا کلاستر گروه‌بندی شدند (جدول ۳).



شکل ۱. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای

نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای نشان داد که ژنوتیپ‌های ۸، ۱۶، ۶، ۱۱، ۹، ۱۲، ۱۷، ۳، ۵، ۴، ۷ در خوشه اول، ژنوتیپ‌های ۱۳، ۱۴، ۱۰، ۱۶، ۱ در خوشه دوم و تنها ژنوتیپ ۲ در خوشه سوم قرار گرفت. همچنین با توجه به میانگین خوشه‌ها از نظر صفات بررسی شده، خوشه ۱ در مقایسه با سایر خوشه‌ها از نظر تمامی صفات به جز ارتفاع بوته، طول دم گل آذین، تعداد سنبله نابارور و شاخص برداشت نسبت به سایر خوشه‌ها دارای برتری بود و از آنجایی که اکثر این صفات مربوط به عملکرد و اجزای عملکرد بودند، بنابراین می‌توان گزینش بیشتری را بر روی این ژنوتیپ‌ها انجام داد. صحت گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای با استفاده از تجزیه تابع تشخیص به طور کامل مورد تایید قرار گرفت.

جدول ۳- میانگین و اشتباه معیار صفات مورد بررسی در گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای

| خوشه | تعداد ژنوتیپ در هر خوشه | اسامی ژنوتیپ‌ها | ارتفاع بوته | طول گل آذین | طول سنبله | تعداد سنبله بارور | تعداد سنبله نابارور | تعداد کل سنبله |
|------|-------------------------|-------------------------------------|-------------|-------------|------------|-------------------|---------------------|----------------|
| ۱ | ۱۰ | ۸، ۱۶، ۶، ۱۱، ۹، ۱۲، ۱۷، ۳، ۵، ۴، ۷ | ۱۴/۸۷۵±۱/۱۸ | ۱۳/۰۱۷±۱/۰۷ | ۱/۸۵۰±۰/۲۶ | ۴/۹۸۳±۰/۶۲ | ۱/۴۶۷±۲/۲۴ | ۶/۴۰۰±۱/۰۴ |
| ۲ | ۶ | ۱، ۱۶، ۱۰، ۱۴، ۱۳ | ۱۷/۸۱۰±۱/۳۴ | ۱۵/۶۵۵±۱/۲۶ | ۲/۱۸۵±۰/۱۷ | ۵/۸۶۰±۰/۶۷ | ۱/۶۹۰±۰/۷۶ | ۷/۵۲۰±۱/۰۱ |
| ۳ | ۱ | ۲ | ۱۸/۱۰۰ | ۱۶/۳۰۰ | ۲/۰۰۰ | ۴/۷۰۰ | ۲/۳۰۰ | ۷/۰۰۰ |
| کل | ۱۷ | | ۱۶/۷۹۱±۱/۸۹ | ۱۴/۷۶۲±۱/۷۵ | ۲/۰۵۶±۰/۲۵ | ۵/۴۸۲±۰/۷۷ | ۱/۶۴۷±۰/۸۳ | ۷/۰۹۴±۱/۱۰ |

خوشه سوم به دلیل اینکه تنها شامل یک لاین است فاقد اشتباه معیار می‌باشد.

ادامه جدول ۳-

| خوشه | تعداد ژنوتیپ در هر خوشه | اسامی ژنوتیپ‌ها | تعداد دانه در سنبله | طول برگ | تعداد برگ | عملکرد دانه | عملکرد بیولوژیک | شاخص برداشت |
|------|-------------------------|-------------------------------------|---------------------|------------|-------------|-------------|-----------------|-------------|
| ۱ | ۱۰ | ۸، ۱۶، ۶، ۱۱، ۹، ۱۲، ۱۷، ۳، ۵، ۴، ۷ | ۳۸/۰۱±۴/۳۵ | ۹/۲۷۵±۰/۶۳ | ۱۸/۲۰۰±۱/۱۹ | ۰/۳۳۵±۰/۰۶ | ۰/۷۷۵±۰/۱۵۶ | ۴۴/۵۰۷±۴/۹۳ |

۳,۵۰۴,۷

| | | | | | | | | |
|-------------|------------|------------|-------------|-------------|-------------|---------------|----|----|
| ۴۲/۱۲۶±۴/۵۷ | ۱/۱۴۸±۰/۱۳ | ۰/۴۷۳±۰/۶۶ | ۱۹/۴۸۰±۱/۱۳ | ۱۱/۹۳۰±۱/۱۶ | ۴۸/۲۹۰±۴/۱۸ | ۱,۱۶,۱۰,۱۴,۱۳ | ۶ | ۲ |
| ۴۵/۵۴۳ | ۰/۷۸۴ | ۰/۳۴۲ | ۱۸/۶۰۰ | ۱۰/۶۰۰ | ۳۴/۵۰۰ | ۲ | ۱ | ۳ |
| ۴۳/۱۶۷±۴/۵۹ | ۰/۹۹۵±۰/۲۳ | ۰/۴۱۷±۰/۹۲ | ۱۸/۹۷۶±۱/۲۵ | ۱۰/۹۱۵±۱/۵۹ | ۴۳/۸۸۲±۶/۷۷ | | ۱۷ | کل |

خوشه سوم به دلیل اینکه تنها شامل یک لاین است فاقد اشتباه معیار می باشد.

منابع مورد استفاده

1. Ariyo, O.J., Pkenova, M.E., Fatokun. C.A., 1986. Plant character correlations and path analysis of pod yield in okra *Euphytica*, 36, pp.677-686.
2. Diepenbrock, W., 2000. Yield analysis of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Field Crops Research*, 67: 35-49.
3. Franz, C., 2006. Breeding aspects of medicinal plants. development and production. International symposium on chamomile research, Presov, Slovakia, 7-10 June.
4. Najafi, F., Razvan Moghaddam, P., 2001. The Effect of Different Irrigation and Density Regimes on Yield and Agronomic Characteristics of *Plantago ovata* (*Plantago ovata* Forssk.) *Agricultural Sciences and Industries*, 16: 59-67.
5. Singh, D., Chand, S., Anvar, M., Patra, D., 2003. Effect of organic and inorganic amendment on growth and nutrient accumulation by isabgol (*Plantago ovata*) in sodic soil under greenhouse condition. *J. Med. Aroma. Plant Science*. 25: 414-419.

Genetic diversity and relationship between yield and yield components of *plantago ovate* genotypes

Abstract

In order to study of variation and correlation between yields and yield components in *Plantago ovate* genotypes, an experiment was investigated through completely randomize design with 10 replications. Genotypes were evaluated for important traits of plant height, inflorescence height, spike height, number of fertile spikes, number of infertile spikes, total number of spikes, number of grains per spike, leaf height, leaf number, grain yield, biological yield and harvest index. On the basis of variance analysis results, the differences among genotypes were statistically significant for all traits. Cluster analysis based on the square Euclidean distance and Ward's method, classified genotypes in three clusters and the accuracy of the results of clustering using discriminant analysis was confirmed completely. According to the path analysis, biological yield had the highest direct effect on seed yield per plant.

Keywords: *plantago ovate*, Path analysis, Cluster analysis, Genetic diversity.