



بررسی برخی صفات مورفولوژیک مرتبط با عملکرد و زودرسی در ارقام اصلاح شده کینوا (*Chenopodium quinoa*)

سیدابراهیم سیفتی^۱، *سیده ساناز رمضانپور^۲، حسن سلطانلو^۲

معصومه صالحی^۳ و نیاز علی سپهوند^۴

^۱دانشجوی دکتری و دانشیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، ^۲استادیار مرکز ملی تحقیقات شوری یزد، ^۳استادیار موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج تاریخ دریافت: ۹۳/۱۰/۸ ؛ تاریخ پذیرش: ۹۴/۴/۱۶

چکیده

سابقه و هدف: کینوا (*Chenopodium quinoa*, Willd) از خانواده‌ی تاج خروسیان، گیاهی با قدمتی بیش از ۵۰۰۰ سال، بومی منطقه آند در بولیوی، شیلی و پرو و دارای دانه‌های گرد و ریز است. کینوا در ترکیبات مختلف غذایی بعنوان غذا استفاده می‌شود، همچنین نحوه طبخ دانه‌های آن بصورت پلو مشابه برنج بوده و در کشورهای آمریکای جنوبی بنام برنج اینکا معروف است. ارزش غذایی بسیار بالای دانه یا بذر کینوا موجب مقایسه آن توسط سازمان خواروبار جهانی با شیر خشک گردیده است. باتوجه به کارایی‌ها و قابلیت تحمل کینوا به شوری و خشکی، مهمترین عاملی که کینوا را مناسب برای کشت در مناطق خشک و بیابانی مستعد کشت، می‌نماید، زودرسی آن است، چراکه در انتهای دوره رشد، خشکی یک مشکل مهم برای کینوا محسوب می‌شود، زودرسی یک استراتژی مهم برای کاهش اثرات آن است.

مواد و روش‌ها: جهت شناسایی ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا و زودرس از بین ژنوتیپ‌های موجود، ۵ ژنوتیپ گیاه جدید کینوا شامل ژنوتیپ‌های Ames13724، Ames13737، PI665272 و PI510550، PI634919 در گلخانه تحقیقاتی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان در قالب طرح کاملاً تصادفی با ۵ تکرار کشت و صفات مختلف مورفولوژیک مرتبط با عملکرد (وزن هزاردانه، ارتفاع گیاه، طول ساقه، تعداد خوشه در گل‌آذین اصلی، قطر

*نویسنده مسئول: ramezanpours@gau.ac.ir

ساقه) و زودرسی (روز تا جوانه‌زنی، روز تا چهار برگی، روز تا تشکیل گل‌آذین، روز تا مرحله رنگی شدن گل‌آذین، روز تا گرده افشانی، زمان شیر شدن بذر، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک) مورد بررسی قرار گرفت.

یافته‌ها: نتایج تجزیه واریانس نشان داد ژنوتیپ‌ها برای ۶ صفت از ۱۲ صفت اندازه‌گیری شده دارای تفاوت معنی‌داری بود. براساس ضرایب همبستگی، بیشترین سطح همبستگی مثبت معنی‌دار بین روز تا ظهور و روز تا رنگی شدن گل‌آذین می‌باشد. نتایج ماتریس فاصله اقلیدسی نشان داد ژنوتیپ QA1 با QP1 و نیز QA1، QA2 و QP1 با یکدیگر کمترین و ژنوتیپ QA1 با QP3 بیشترین فاصله ژنتیکی را داشت. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، ۳ مؤلفه را مشخص نمود که در مجموع ۹۶/۶ درصد از تنوع موجود در بین داده‌ها را توجیه نمود. مؤلفه اول (عملکرد) ۴۵/۵ درصد، مؤلفه دوم (جوانه‌زنی)، ۴۰/۴ درصد و مؤلفه سوم (ارتفاع)، ۱۰/۷ درصد از کل واریانس داده‌ها را توجیه نمود.

نتیجه‌گیری: براساس نتایج تجزیه خوشه‌ای، دو صفت وزن هزاردانه و روز تا شیر شدن به‌عنوان مهم‌ترین صفات موثر بر انتخاب ژنوتیپ‌های کینوا جهت اصلاح ژنوتیپ‌های زودرس و با عملکرد بیشتر، شناسایی شدند. براساس نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نیز مشخص گردید که ژنوتیپ‌های QA1، QA2 و QP1 به‌عنوان سه ژنوتیپ مناسب در برنامه‌های اصلاح بذر و ژنوتیپ QP2 که صفات رویشی در آن حایز اهمیت بود، می‌تواند به‌عنوان ژنوتیپ مناسب جهت برنامه‌های علوفه‌ای در نظر گرفته شود.

واژه‌های کلیدی: کینوا، صفات مورفولوژیک، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی.

مقدمه

کینوا (*Chenopodium quinoa*, Willd) از خانواده تاج‌خروسیان^۱ می‌باشد. این گیاه با قدمتی بیش از ۵۰۰۰ سال، بومی منطقه آند در بولیوی، شیلی و پرو و دارای دانه‌های گرد و ریز است. کینوا در ترکیبات مختلف غذایی و یا مجزا بعنوان غذا استفاده می‌شود، همچنین نحوه طبخ دانه‌های آن بصورت پلو مشابه برنج بوده و در کشورهای آمریکای جنوبی بنام برنج اینکا معروف است (۳). کینوا از نظر ژنتیکی گیاهی آلوتراپلوئیدی ($2n=4x=36$) است که در بیشتر صفات کیفی، از خود رفتار دیپلوئیدی نشان می‌دهد و از گروه گیاهان مسیر فتوستتیز^۲ کربنه^۲ می‌باشد (۵ و ۱۴). این گیاه معمولاً خودگشن است اما دگرگرده‌افشانی در آن به میزان ۱۰ تا ۱۵ درصد رخ می‌دهد. گیاهی دولپه، یکساله با ساقه مستقیم و برگ‌های پهن متناوب و رنگ‌های متنوع گل‌آذین، برگ و بذر است که این تنوع در رنگ، ناشی از حضور بتاسیانین است. ارتفاع کینوا به‌طور متوسط از ۲۰ تا ۳۰۰ سانتی‌متر متفاوت است و دانه‌ها شبیه ارزن که در گل‌آذین‌های بزرگ شبیه سورگوم، تولید می‌شود (۸ و ۱۳).

ارزش غذایی بسیار بالای دانه کینوا موجب مقایسه آن توسط سازمان خواروبار جهانی^۳ با شیر خشک گردیده است. دانه‌های کینوا محصول اصلی این گیاه است. بذور کینوا به‌طور متوسط دارای ۱۶ درصد پروتئین هستند که بالاتر از مقدار پروتئین در بذر سایر غلات است. از سوی دیگر، پروتئین کینوا دارای کیفیت بالایی است که این گیاه را به معیارها و استانداردهای فائو به‌منظور تغذیه انسان‌ها، نزدیک کرده است. مقدار اسیدآمینه‌های لیزین، متیونین و سیستئین در پروتئین کینوا بالا است، به نحوی که این گیاه را نسبت به غلات (از نظر اسیدآمینه لیزین) و حبوبات (از نظر اسیدآمینه‌های متیونین و سیستئین) برتری داده است (۱). مزیت اصلی استفاده از بذر کینوا به‌عنوان یک مکمل غذایی در صنعت آرد، پاسخگویی کینوا به تقاضای رو به رشد بین‌المللی برای محصولات فاقد گلوتن می‌باشد. عملکرد بالقوه کینوا در صورتی که کلیه شرایط مطلوب برای آن فراهم باشد، بسته به رقم و منطقه کشت، ۶-۱/۵ تن در هکتار گزارش شده است (۳). به‌منظور بررسی فنوتیپی و فیزیولوژیکی ارقام کینوا، آنها را براساس پارامترهای رنگ گیاه قبل از گلدهی، رنگ گیاه بعد از رسیدگی فیزیولوژیکی،

1- Amaranthaceae

2- C3 Plants

3- FAO

شکل پانیکول، تراکم پانیکول، رنگ دانه، قطر دانه، چرخه رویشی، وزن صددانه و محتوای پروتئین بذر تقسیم بندی می‌نمایند (۱۲).

در مطالعه‌ای که در موسسه مرکزی باغبانی گیاهان نیمه گرمسیری در سال ۲۰۰۶ انجام گرفت، ۲۹ ژنوتیپ کینوا با دو ژنوتیپ از گونه‌های سلمه‌تره، با استفاده از روش تجزیه خوشه‌ای و تجزیه نسل‌ها برای ۱۲ صفت مورفولوژیک و ۷ صفت کیفی مورد بررسی قرار گرفتند. در این بررسی صفات روز تا گل‌آذین، ارتفاع گیاه و قطر ساقه بیشترین ضریب تأثیر را داشتند (۲). در بررسی دیگری، تنوع ژنتیکی ۲۸ ژنوتیپ کوهستانی^۱ و ۳۱ ژنوتیپ ساحلی^۲ کینوا با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره^۳ بررسی گردید. در مجموع ۱۵۰ آلل کشف شده در بین ژنوتیپ‌های موجود، به‌طور متوسط ۷/۵ آلل در هر لوکوس موجود بود. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه براساس تجزیه به مولفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای در دو گروه ژنوتیپ‌های شمالی و ژنوتیپ‌های جنوبی قرار گرفتند (۴).

با توجه به کارایی‌ها و قابلیت تحمل کینوا به شوری و خشکی، مهمترین عاملی که کینوا را مناسب برای کشت در مناطق خشک و بیابانی مستعد کشت، می‌نماید، زودرسی آن است، چراکه در انتهای دوره رشد، خشکی یک مشکل مهم برای کینوا محسوب می‌شود و زودرسی یک استراتژی مهم برای کاهش اثرات آن است. زودرسی همچنین علاوه براینکه احتمال خطر یخ‌زدگی و سرمای بالا که اکثراً در مناطق خشک اتفاق می‌افتد را کاهش می‌دهد، برای تولید بیوماس کافی در طی فصل رشد، زمانی که رطوبت کافی در دسترس باشد، نیز عامل مهمی خواهد بود (۷).

اگرچه بسیاری از کشورهای اروپایی، اقدام به شناسایی و یا اصلاح ارقام زودرس کینوا نموده‌اند، اما در این مطالعه سعی شده تا با اندازه‌گیری و یادداشت‌برداری صفات فیزیولوژیکی مرتبط با عملکرد و زودرسی، علاوه بر شناسایی ارقام با عملکرد بالاتر و صفات مطلوب‌تر، ارقام زودرس از بین ارقام موجود شناسایی و جهت ادامه برنامه‌های اصلاحی استفاده شوند.

1- Altipelano accession
2- Coastal Chilean accession
3- Microsatellite markers

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی شامل بذور ۵ ژنوتیپ گیاه جدید کینوا (جدول ۱) دارای تنوع رسیدگی و عملکرد (۹) از مرکز ملی تحقیقات شوری یزد تهیه گردید. این آزمایش در سال ۱۳۹۲، در گلخانه تحقیقاتی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان در قالب طرح کاملاً تصادفی با ۵ تکرار انجام شد.

جدول ۱. نام ژنوتیپ، مبدا پیدایش و شناسه پنج ژنوتیپ کینوا مورد مطالعه

Table 1. Genotype, Origin and code for 5 studied Quinoa genotypes

ردیف Cultivar No.	ژنوتیپ‌ها Accession	مبدا پیدایش Origin	شناسه Code
1	Ames13737	نیومکزیکو New México	QA1
2	Ames13724	نیومکزیکو New México	QA2
3	PI634919	شیلی Chile	QP1
4	PI510550	پرو Perú	QP2
5	PI665272	استرالیا Australia	QP3

برای هر ژنوتیپ، ۵ گلدان با قطر ۲۶ سانتی‌متر و ارتفاع ۲۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. خاک هر گلدان شامل مخلوط شن و هوموس (نسبت ۱:۲) تهیه گردید. تجزیه خاک گلدان نشان داد که در دمای ۲۵ درجه سانتیگراد، خاک گلدان حاوی ۵۰/۵ درصد شن، ۱۶ درصد رس و ۳۳/۵ درصد سیلت است. همچنین شوری خاک در این دما نیز $EC_e = 4/75$ dS/m بود. بعد از آبیاری گلدان‌ها و رسیدن به رطوبت مطلوب، در هر تکرار دو بذر در عمق ۲ سانتی متری خاک کشت گردید. میانگین دمای محیط ۲۰-۲۵ درجه سانتی‌گراد و برای شروع جوانه‌زنی، دمای خاک ۱۸-۲۴ درجه سانتی‌گراد تنظیم گردید. گلدان‌ها هر ۷-۵ روز و بسته به نیاز رطوبتی، آبیاری شدند.

به منظور تأمین نیاز غذایی گیاه از محلول غذایی هوگلند و فسفریتاس استفاده شد. همچنین جهت تأمین دوره نوری مورد نیاز گلدهی کینوا به میزان ۱۰ تا ۱۲ ساعت در روز، از یک لامپ ۴۰۰ واتی

اُسرام^۱ در گلخانه استفاده شد تا در روزهای ابری، روشنایی واحد تحقیقاتی فراهم شود. در زمان گرده افشانی، جهت جلوگیری از دگر گرده افشانی و خلوص بذور حاصل، گل آذین های اصلی با پاکت های کاغذی پوشانده شد.

یادداشت برداری صفات مختلف از مرحله شروع جوانه زنی آغاز و تا انتهای مرحله رشد و رسیدگی فیزیولوژیکی ادامه یافت. این یادداشت برداری ها شامل روز تا جوانه زنی، روز تا دو برگگی، روز تا تشکیل گل آذین، روز تا مرحله رنگی شدن گل آذین، روز تا گرده افشانی، زمان شیرگی شدن بذر، روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، وزن هزار دانه، ارتفاع گیاه، طول ساقه، تعداد خوشه در گل آذین اصلی، قطر ساقه بود که همه این صفات با عملکرد و زودرسی گیاه در ارتباط هستند.

پس از یادداشت برداری و جمع آوری داده ها، با استفاده از نرم افزار MINTAB 14، ابتدا نرمال بودن داده ها بررسی و سپس با استفاده از نرم افزارهای SPSS version 20، همبستگی ساده براساس ضرایب پیرسون و اسپیرمن، تجزیه واریانس داده های نرمال شده بر اساس طرح کاملاً تصادفی، محاسبه آماره های توصیفی و مقایسه میانگین داده های اصلی با استفاده از آزمون حداقل تفاوت معنی دار^۲ در سطح احتمال ۵ درصد (جدول ۴)، تجزیه به مؤلفه های اصلی و تجزیه خوشه ای انجام شد.

به منظور طبقه بندی ژنوتیپ ها و یافتن والدین تلاقی، با استفاده از داده های مربوط به ارزیابی صفات مورفوفنولوژیکی، تجزیه خوشه ای بر اساس روش جفت گروه های نامتوازن با استفاده از میانگین های ریاضی^۳ انجام گرفت. برای این تجزیه، پس از استاندارد کردن داده ها براساس نمره سیگمایی (Z)، ماتریس فاصله بین ژنوتیپ ها براساس ضریب فاصله اقلیدسی محاسبه شد (جدول ۵).

نتایج و بحث

نتایج آمار توصیفی و تجزیه واریانس (جدول ۲) نشان دادند که ژنوتیپ های مورد بررسی برای ۶ صفت از ۱۲ صفت اندازه گیری شده دارای تفاوت معنی داری بودند.

1- OSRAM

2- LSD Test

3- Unweight Pair Group Method with Arithmetic Averages (UPGMA)

جدول ۲. تجزیه واریانس ۱۲ صفت مورفوفنولوژیک پنج ژنوتیپ کینوا مورد مطالعه

Table 2. ANOVA of 12 Morphophenological traits for the 5 studied Quinoa genotypes

صفات		صفات											
Traits		Traits											
وزن هزار دانه (گرم) 1000-GW	روز تا رسیدگی فیزیولوژیک Days to Physiological maturity	روز تا شیری شدن بذر Days to milky stage	قطر ساقه (سانتی متر) Stem Diameter (cm)	تعداد خوشه در گل آذین اصلی Ear No. per main Inflorescence	روز تا گرده افشانی Days to pollination	روز تا رنگی شدن گل آذین Days to Inflorescence Coloring	ارتفاع ساقه (سانتی متر) Stem Height (cm)	ارتفاع گیاه (سانتی متر) Plant Height (cm)	روز تا تشکیل گل آذین Days to Inflorescence Formation	روز تا چهاربرگی شدن Days to four Leaves stage	جوانه زنی (روز) Germination (days)	درجه آزادی Df	منابع تغییرات S.O.V
13.50**	3.30 ^{ns}	14.86**	3.11**	0.91 ^{ns}	2.85 ^{ns}	7.98**	2.75 ^{ns}	2.45	11.16**	3.32 ^{ns}	14.28**	4	ژنوتیپ Genotype
0.16	213.64	15.20	0.35	15.90	22.28	18.57	106.49	124.36	13.64	1.12	0.23	19	خطا Error
27.96	18.22	17.25	10.91	25.31	11.72	15.42	15.16	14.23	16.83	11.92	24.15	CV%	ضریب تغییرات

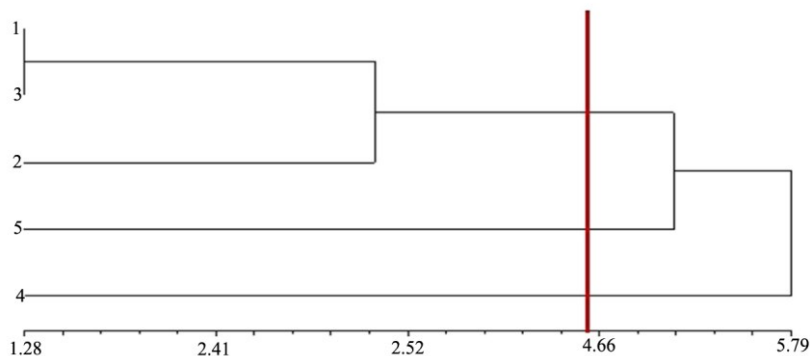
نتایج مقایسه میانگین صفات برای پنج ژنوتیپ مورد مطالعه در جدول (۳) ارائه شده است. براساس این نتایج، برای صفات جوانه زنی و روز تا چهاربرگی اختلاف معنی داری بین ژنوتیپ QP2 نسبت به سایر ژنوتیپها وجود داشت، به طوری که این ژنوتیپ مدت زمان بیشتری برای جوانه زنی و رسیدن به مرحله چهاربرگی نیاز دارد. این موضوع با توجه به این که این ژنوتیپ با ۳ ژنوتیپ QA1، QA2 و QP1 در صفت روز تا تشکیل گل آذین اختلاف معنی داری ندارد، نمی تواند دلالت بر دیررس بودن این ژنوتیپ نسبت به سه ژنوتیپ دیگر داشته باشد، اما حداقل مبین این است که این ژنوتیپ فاز رویشی خود را در مدت زمان بیشتری کامل می نماید.

البته مشاهدات ظاهری نیز حاکی از این بود که علاوه بر اینکه دوره رشد زایشی این ژنوتیپ همزمان با سه ژنوتیپ دیگر به پایان رسید اما اندازه بذور بسیار ریزتر از بذور مادری این ژنوتیپ بود. اما در صفت روز تا تشکیل گل آذین ژنوتیپ QP3 نسبت به سایر ژنوتیپها دارای اختلاف معنی دار بوده و مدت زمان بیشتری را برای رسیدن به این مرحله طی نمود که مبین دیررسی این ژنوتیپ است. به طوری که در ظاهر نیز این اختلاف به طور چشمگیری مشخص بود و حتی بوته ها مقدار بذر کمتر و ریزتری نیز داشتند. برای صفات ارتفاع گیاه و ارتفاع ساقه نیز اختلاف معنی داری بین ژنوتیپها نشان داده نشد.

صفت قطر ساقه نیز در بین ژنوتیپ‌ها تفاوت معنی‌دار نشان داد، به طوری که ژنوتیپ QP2 کمترین قطر ساقه را نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها داشت. دو ژنوتیپ QP2 و QP3 برای صفت زمان شیری شدن، نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها اختلاف معنی‌دار نشان دادند و دیرتر به مرحله شیری شدن رسیدند که این اختلاف می‌تواند دلیل بر دیررسی این دو ژنوتیپ باشد. (جدول ۴). در صفت زمان رسیدن به مرحله رسیدگی فیزیولوژیک نیز بین ژنوتیپ QP3 با سایر ژنوتیپ‌ها اختلاف معنی‌داری مشاهده شد و این ژنوتیپ بیشترین زمان تا رسیدگی فیزیولوژیک را طی نموده است. مهمترین صفت مرتبط با عملکرد، یعنی وزن هزار دانه نیز در بین ژنوتیپ‌ها دارای اختلاف معنی‌دار بود. در این صفت، ژنوتیپ‌های QA1، QA2 و QP1 دارای بیشترین وزن هزاردانه و ژنوتیپ QP2 کمترین وزن هزاردانه را داشتند. براساس نتایج به‌دست آمده بیشترین همبستگی منفی و معنی‌دار بین وزن هزاردانه با روز تا شیری شدن (در سطح ۰/۵٪) مشاهده شد بطوریکه با افزایش مدت زمان کشت تا شیری شدن، دانه‌ها در زمان بلوغ کوچکتر شده و حتی قوه نامیه خود را نیز تا حد زیادی از دست دادند، که این موضوع در بذور ژنوتیپ QP3 به وضوح مشخص بود. این نتیجه با مطالعات حسن منیر (۹) نیز مطابقت داشت. اما بیشترین سطح همبستگی مثبت و معنی‌دار بین روز تا ظهور گل‌آذین و روز تا رنگی شدن گل‌آذین (۱۰۰ درصد همبستگی) بود که البته دو صفت اخیر یعنی روز تا ظهور گل‌آذین و روز تا رنگی شدن گل‌آذین که از صفات مهم و مرتبط با زودرسی هستند، همبستگی مثبت، بالا و معنی‌داری (در سطح ۰/۱٪) با صفت روز تا رسیدگی فیزیولوژیک (۰/۹۷٪) داشتند. که این نتیجه نیز با مطالعات برگوا و همکاران (۲) و نیز منیر و بصرا (۱۰) تایید شده بود. همچنین براساس نتایج جدول همبستگی، صفت تعداد خوشه در هر گل‌آذین همبستگی منفی بالا و معنی‌داری (در سطح ۵٪) با روز تا چهار برگی دارد. بنابراین با افزایش زودرسی، تعداد خوشه در گل‌آذین اصلی کاهش و با کاهش تعداد خوشه در گل‌آذین اصلی با توجه به همبستگی مثبت با وزن هزاردانه (۰/۵۴٪)، می‌توان انتظار افزایش وزن هزاردانه را در ژنوتیپ‌های زودرس داشت.

جدول ۳- مقایسه میانگین ۱۲ صفت مورفولوژیک پنج ژنوتیپ کینوا مورد مطالعه به روش حداقل تفاوت معنی دار
 Table 3. Comparison of means of 12 morphological traits for 5 studied Quinoa genotypes by LSD method
 میانگین صفات Mean of Traits

صفات Traits	ژنوتیپها Genotypes	روز تا رسیدگی فیزیولوژیک Days to Physiological maturity	روز تا شیری شدن پدرب Days to Milky stage	قطر ساقه (سانتی متری) Stem Diameter (cm)	تعداد خیرشده در گل آذین اصلی Ear No. per main Inflorescence	روز تا گرده افشانی Days to pollination	روز تا رنگی شدن گل آذین Days to Inflorescence Coloring	ارتفاع ساقه (سانتی متری) Stem Height (cm)	ارتفاع گیاه (سانتی متری) Plant Height (cm)	روز تا تشکیل گل آذین Days to Inflorescence Formation	روز تا چهاربرگی شدن Days to four leaves stage	خیرشده (روز) Germination (days)
3 ^a ± 0	QA1	90 ^b ± 0	38 ^b ± 0	6.5 ^a ± 0.16	17 ^a ± 1.10	45 ^{ab} ± 0	40 ^b ± 0	81.2 ^{ab} ± 1.23	94.9 ^a ± 1.16	35 ^b ± 0	10 ^b ± 0	3 ^b ± 0
3.16 ^a ± 0.34	QA2	86.4 ^b ± 9.60	34.2 ^b ± 3.80	6.54 ^a ± 0.47	16.4 ^a ± .89	41.4 ^b ± 4.60	37.8 ^b ± 4.20	67.6 ^b ± 6.61	77 ^b ± 7.39	32.4 ^b ± 3.60	10 ^b ± 1	3.36 ^b ± 0.40
3 ^a ± 0	QP1	90 ^b ± 0	39 ^b ± 0	6.4 ^a ± 0.06	15.2 ^{ab} ± 0.48	46 ^b ± 0	41 ^b ± 0	81.9 ^{ab} ± 1.78	93.2 ^{ab} ± 1.90	36 ^b ± 0	10 ^b ± 0	3 ^b ± 0
1.6 ^c ± 0.12	QP2	91.4 ^b ± 6.60	46 ^a ± 0	5.5 ^b ± 0.19	12.8 ^{ab} ± 0.97	48 ^{ab} ± 0	38 ^b ± 0	72.3 ^{ab} ± 1.84	81.3 ^{ab} ± 1.82	33 ^b ± 0	12 ^a ± 0	5 ^a ± 0
2.24 ^b ± 0.16	QP3	115.8 ^{ab} ± 8.20	51 ^a ± 0	6.7 ^a ± 0.21	16.6 ^{ab} ± 3.34	51 ^a ± 0	51 ^a ± 0	86.5 ^b ± 7.12	92.5 ^{ab} ± 7.53	46 ^a ± 0	10.4 ^b ± 0.24	3.4 ^b ± 0.24



شکل ۱. گروه‌بندی ۵ ژنوتیپ کینوا بر اساس ۱۲ صفت مورفوفنولوژیک با استفاده از فاصله اقلیدوسی و روش جفت گروه‌های نامتوازن با استفاده از میانگین‌های ریاضی

Figure 1. Clustering of 5 Quinoa genotypes based on 12 morphophenological traits by Euclidian distance and UPGMA algorithm

تجزیه خوشه‌ای: گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از سه روش جفت گروه‌های نامتوازن با استفاده از میانگین‌های ریاضی، پیوستگی کامل ۱ و پیوستگی منفرد ۲ انجام و دندروگرام هر یک ترسیم گردید (شکل ۱). سپس با استفاده از ضریب کوفتیک همبستگی بین ماتریس تشابه و دندروگرام اندازه‌گیری و روش جفت گروه‌های نامتوازن با استفاده از میانگین‌های ریاضی با بالاترین ضریب همبستگی (۰/۹۱) انتخاب شد.

بر اساس دندروگرام جفت گروه‌های نامتوازن با استفاده از میانگین‌های ریاضی، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در ۳ خوشه یا کلاستر 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 دندروگرام 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.

نتایج ماتریس تشابه براساس ضریب فاصله اقلیدسی (جدول ۵) نیز مبین این نکته بود که به ترتیب ژنوتیپ QA1 با QP1 (۱/۲۸) و QA1، QA2 و QP1 با یکدیگر (۳/۲۴ و ۳/۴۴) کمترین فاصله ژنتیکی را دارند. بیشترین فاصله ژنتیکی نیز مربوط به ژنوتیپ QA1 با QP3 (۶/۷۰) می‌باشد.

1- Complete Linkage

2- Single Linkage

جدول ۵. ماتریس فاصله پنج ژنوتیپ کینوای مورد مطالعه بر اساس ضریب فاصله اقلیدسی

Table 5. Distance matrix of 5 studied Quinoa by Euclidian distance coefficient

ژنوتیپ genotypes	QA1	QA2	QP1	QP2	QP3
QA1	0				
QA2	3.24	0			
QP1	1.28	3.44	0		
QP2	5.83	5.38	5.24	0	
QP3	4.52	6.45	4.32	6.70	0

این گروه‌بندی با نتایج بدست آمده از تجزیه واریانس مطابقت دارد بطوریکه ژنوتیپ‌های QA1 و QP1 تقریباً در تمام صفات اندازه‌گیری شده مشابه یکدیگر هستند و همچنین ژنوتیپ‌های QA1 و QA2 که هردو از یک مبدا جغرافیایی هستند در یک گروه قرار گرفتند. هر یک از ژنوتیپ‌های QP2 و QP3 براساس نتایج تجزیه واریانس و نیز مقایسه میانگین‌ها نیز تفاوت‌های معنی‌داری با هم و با سه ژنوتیپ دیگر نشان دادند بنابر این در گروه‌های جداگانه‌ای قرار می‌گیرند.

صفات تعداد خوشه در بوته و وزن هزاردانه در ژنوتیپ‌های گروه یک بیشتر از میانگین کل گروه‌ها بود و با توجه به ارتباط این صفات با عملکرد دانه می‌توان این ژنوتیپ‌ها را به عنوان ژنوتیپ-های مطلوب برای صفات مرتبط با عملکرد دانه در نظر گرفت. همچنین میانگین صفات رویشی روز تا جوانه‌زنی و روز تا ۴ برگی در گروه ۲ که متعلق به ژنوتیپ QP2 می‌باشد از میانگین سایر گروه‌ها بیشتر است. در گروه سه که متعلق به ژنوتیپ QP3 می‌باشد سایر صفات دارای بیشترین میانگین هستند. بنابراین در اهداف اصلاحی به‌عنوان والدین تلاقی با توجه به نتایج تجزیه خوشه‌ای می‌توان والدین را انتخاب نمود.

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی: از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی جهت کاهش تعداد متغیرهای اولیه، تشریح و توصیف تنوع کل موجود در یک جامعه و تبیین سهم صفات در تنوع کل استفاده می‌شود (۱۱). این تجزیه که براساس ۱۲ صفت در ژنوتیپ‌های کینوا انجام شد، ۳ مؤلفه را مشخص نمود که در مجموع ۹۶/۶ درصد از تنوع موجود در بین داده‌ها را توجیه نمودند (جدول ۶). برای تعیین ضرایب ماتریس مؤلفه، مؤلفه‌هایی که ریشه مشخصه آنها از یک بیشتر بود، انتخاب شدند (۱۱). مجموع مقادیر ویژه

1- Principal Component Analysis

برابر با کل واریانس داده‌ها (۱۶) است و مقدار ویژه برای یک مؤلفه اصلی، سهم واریانس آن مؤلفه را از واریانس کل نشان می‌دهد. مؤلفه اول که عملکرد نامیده شد، به تنهایی ۴۵/۵ درصد از کل تنوع را تبیین نمود و ۵۱/۱ از تغییرات توسط دو بردار دیگر توجیه گردید. در مؤلفه اول، وزن هزاردانه در جهت مثبت و روز تا شیری شدن به ترتیب در جهت منفی بیشترین تأثیر را داشتند. بنابراین هرگونه افزایش در مؤلفه اول ممکن است منجر به افزایش وزن هزاردانه و در نهایت عملکرد شود. مؤلفه دوم که مؤلفه جوانه‌زنی نام گرفت، ۴۰/۴ درصد از کل واریانس داده‌ها را توجیه نمود. در این مؤلفه بزرگترین ضرایب مثبت به ترتیب متعلق به صفات روز تا جوانه‌زنی و روز تا چهاربرگی در جهت مثبت بود در حالی که در جهت منفی صفات طول ساقه، ارتفاع گیاه و روز تا تشکیل گل‌آذین به ترتیب بیشترین ضرایب عاملی را داشتند. مؤلفه سوم با نام مؤلفه ارتفاع، ۱۰/۷ درصد از کل واریانس داده‌ها را توجیه نمود بطوریکه در این مؤلفه بزرگترین ضرایب مثبت به ترتیب در صفت ارتفاع گیاه و نیز بزرگترین ضرایب منفی در صفات قطر ساقه و تعداد گل‌آذین مشاهده شد (جدول ۷).

جدول ۶. مقدار ویژه، میزان واریانس نسبی و تجمعی برای سه مؤلفه اصلی بر روی صفات مورفوفنولوژیک پنج ژنوتیپ کینوا

Table 6. Eigenvalue, Proportion and Cumulative variance for 3 principal components of morphophenological traits in 5 studied Quinoa genotypes

مؤلفه‌ها			
components			
سوم	دوم	مؤلفه اول	
Third comp.	Second comp.	First comp.	
1.72	6.45	7.28	مقدار ویژه Eigenvalue
10.70	40.40	45.50	واریانس نسبی Proportion Variance
96.60	85.90	45.50	واریانس تجمعی Cumulative Variance

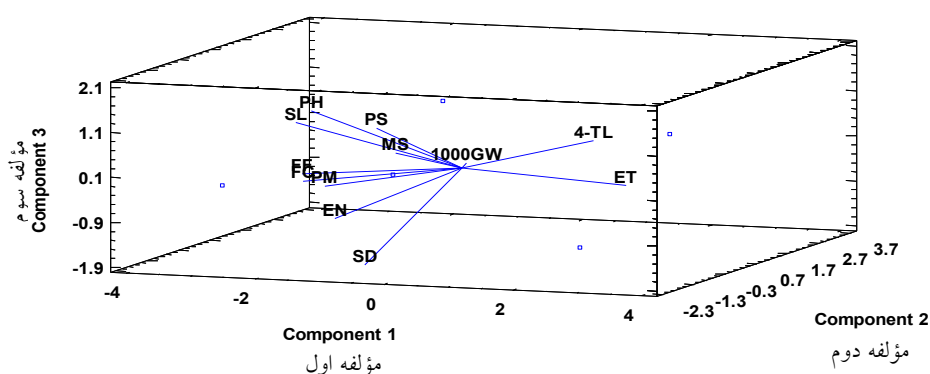
جدول ۷. ضرایب همبستگی برای سه مؤلفه اصلی حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی روی صفات مورفولوژیک پنج ژنوتیپ کینوا

Table 7. Correlation coefficients of 3 principal components based on morphophenological traits in 5 quinoa genotypes

مؤلفه components			صفات Traits
سوم Third comp.	دوم Second comp.	مؤلفه اول First comp.	
-0.141	0.368	-0.106	جوانه‌زنی (روز) Germination (days)
0.163	0.314	-0.193	روز تا چهاربرگی شدن Days to four Leaves stage
-0.047	-0.311	-0.225	روز تا تشکیل گل آذین Days to Inflorescence Formation
0.430	-0.319	0.004	ارتفاع گیاه (سانتی‌متر) Plant Height (cm)
0.318	-0.337	-0.112	ارتفاع ساقه (سانتی‌متر) Stem Height (cm)
-0.099	-0.312	-0.218	روز تا رنگی شدن گل آذین Days to Inflorescence Coloring
0.243	-0.135	-0.326	روز تا گرده‌افشانی Days to pollination
-0.231	-0.295	0.197	تعداد خوشه در گل آذین اصلی Ear No. per main Inflorescence
-0.531	-0.215	0.084	قطر ساقه (سانتی‌متر) Stem Diameter (cm)
0.078	-0.091	-0.356	زمان شیری شدن بذر (روز) Milky stage (days)
-0.129	-0.256	-0.274	روز تا رسیدگی فیزیولوژیک Days to Physiological maturity
0.058	-0.042	0.363	وزن هزار دانه (گرم) 1000-GW

با در نظر گرفتن همبستگی صفات مختلف با وزن هزاردانه و زودرسی (روز تا تشکیل گل آذین و رسیدگی فیزیولوژیک)، در برنامه‌های اصلاحی لازم است تا مؤلفه‌های اول و دوم بالا در نظر گرفته شود تا صفات با همبستگی مثبت با وزن هزاردانه و صفات دارای همبستگی بالا با زودرسی در ژنوتیپ‌ها، افزایش یابد. ژنوتیپ‌های QA1 و QA2 به ترتیب بیشترین اهمیت را در مؤلفه اول داشتند و

سایر ژنوتیپ‌ها در درجه دوم اهمیت قرار دارند. در تشکیل مؤلفه دوم حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به ترتیب ژنوتیپ‌های QP2 و QP1 و همچنین ژنوتیپ‌های QA1 و QP1 در تشکیل مؤلفه سوم حاصل از این تجزیه به ترتیب دارای بیشترین اهمیت هستند. سه مؤلفه اصلی جهت رسم نمودار پراکندگی ژنوتیپ‌ها (شکل ۲ و ۳) استفاده شدند که در آن وجود سه گروه در تجزیه خوشه‌ای مورد تأیید و ژنوتیپ‌ها در سه خوشه اصلی قرار گرفتند. به طوری که ژنوتیپ‌های QA1(1)، QA2 (2) و QP1(3) در خوشه اول و ژنوتیپ‌های QP2(4) و QP3(5) هر کدام در خوشه‌های متفاوت دیگر قرار داشتند.



شکل ۳. دسته‌بندی ۱۲ صفت مورفوفنولوژیک ۵ ژنوتیپ کینوا مورد مطالعه بر اساس سه مؤلفه اصلی

Figure 3. Grouping of 12 morphophenological traits of 5 studied Quinoa genotypes based on 3 principal components

1000GW: وزن هزار دانه (گرم)، PH: Plant Height، ارتفاع گیاه (سانتی‌متر)، SH: Stem Height، ارتفاع ساقه (سانتی‌متر)، 4-TL: Days to Four Leaves stage، روز تا ۴ برگ، PS: Days to pollination، روز تا گرده افشانی، ET: Germination (days)، روز تا جوانه‌زنی، MS: Days to Milky Stage، روز تا شیرینی شدن، FF: Days to Inflorescence Formation، روز تا تشکیل گل‌آذین، PM: Days to Physiological Maturity، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، FC: Days to Inflorescence Coloring، روز تا رنگی شدن گل‌آذین، SD: Stem Diameter، قطر ساقه (سانتی‌متر)، EN: Ear No. in main Inflorescence، تعداد خوشه در گل‌آذین اصلی

نتیجه گیری کلی

تنوع ژنتیکی ۵ ژنوتیپ کینوا براساس ۱۲ صفت مورفولوژیک و فیزیولوژیک یادداشت برداری شده با استفاده از تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بررسی شدند و مشخص شد که دو صفت وزن هزاردانه و روز تا شیری شدن بیشترین تاثیر را بر مؤلفه‌های اصلی داشته و براساس مشاهدات تجزیه خوشه‌ای، این دو صفت موثرترین صفات در گروه‌های ۱ و ۲ بودند بنابراین به‌عنوان مهمترین صفات موثر بر انتخاب ژنوتیپ‌های کینوا جهت اصلاح ژنوتیپ‌های زودرس و با عملکرد بیشتر، در ۲ ژنوتیپ از ۵ ژنوتیپ مورد مطالعه، شناسایی شدند. براساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نیز ژنوتیپ‌های QA1، QA2 و QP1 به‌عنوان سه ژنوتیپ مناسب در برنامه‌های اصلاحی متناسب با عملکرد دانه انتخاب شدند. این سه ژنوتیپ همچنین در یک خوشه قرار گرفته بودند که نمایانگر قرابت ژنتیکی این سه می‌باشد. ژنوتیپ QP2 نیز که صفت جوانه‌زنی به‌عنوان موثرترین صفت در آن شناسایی شد و صفات رویشی در آن حایز اهمیت بودند، را می‌توان به‌عنوان ژنوتیپ مناسب برای تغذیه دام (علوفه) مد نظر قرار داد، این ژنوتیپ به تنهایی در خوشه دوم قرار داشت.

از آنجا که ترکیب محتوای ساپونین کم با زودرسی، کلید موفقیت در بهبود و اصلاح ارقام کینوا در آمریکای شمالی، اروپا و آسیا محسوب می‌شود و نیز اهمیت زودرسی در زمین‌هایی با آب یا خاک شور، انتظار می‌رود از دستاوردهای این تحقیق جهت استفاده در برنامه‌های آتی اصلاحی کینوا برای متحمل سازی ارقام زودرس پیشنهاد شده در شرایط شور و همچنین برنامه‌های اصلاحی جهت کاهش محتوای ساپونین آنها، استفاده شود.

سپاسگزاری

از دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، بخاطر حمایت مالی از این تحقیق، تشکر و قدردانی می‌شود.

منابع

1. Abugoch, L., Castro, E., Tapia, C., Añón, M.C., Gajardo, P., and Villarroel, A. 2009. Stability of Quinoa Flour Proteins (*Chenopodium quinoa*. Willd.) During Storage, Int. J. of Food Sci. and Technol. 44(10): 2013-2020.
2. Bhargava A, Shukla, S., and Ohri, D. 2006. *Chenopodium quinoa*—an Indian perspective. Ind. Crop Prod. 23:73–87.
3. FAO. 2011. Quinoa; an ancient crop to contribute to world food security. 63p.

4. Fuentes, F.F., Martinez, E.A., Hinrichsen, P.V., Jellen, E.N., and Maughan, P.J. 2009. Assessment of genetic diversity patterns in Chilean quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) germplasm using multiplex fluorescent microsatellite markers. *Conserv Genet.*, 10:369-377.
5. Gangopadhyay, G., Das, S., and Mukherjee, K.K. 2002. Speciation in *Chenopodium* in West Bengal, India. *Genet. Res. Crop Evol.* 49: 503–510.
6. Johnson, D.L. and Ward, S.M. 1993. Quinoa. In: J. Janick and J.E. Simon (eds.), *new crops*. Wiley, New York. p. 219-221.
7. Jacobsen, S.E. 2003. The world wide potential for quinoa (*Chenopodium quinoa*, Willd.). *Food Rev Int.*, 19: 167-177.
8. Mujica, A. 1994. Andean grains and legumes. In: Hermando, B. and J.L. Leon (Eds.). *Neglected Crops: 1492 from a different perspective*. FAO, Rome, Italy, 26:131-148.
9. Munir, H. 2011. Introduction and assessment of quinoa (*Chenopodium quinoa* WILLD.) as a potential climate proof grain crop. University of Agriculture, Faisalabad, Pakistan. P: 233.
10. Munir, H. and Basra, S.M.A. 2010. Introduction of *Chenopodium quinoa* Willd. In Pakistani Perspective. III world congress of quinoa. 16-19March, Orruro-Potosi, Bolivia. P: 82.
11. Pearson, K. 1901. On lines and planes of closest fit to systems of points in space. *Phil Mag Lett.* 2: 559–572.
12. Rojas, W., Barriga, P., and Figueroa, H. 2003. Multivariate analysis of genetic diversity of Bolivian quinoa germplasm. *Food Rev. Int.* 9:167-177.
13. Tapia, M. 1990. *Cultivos Andinos Subexplotados*. FAO, Roma, Italia. 204 p
14. Wilson, H.D. and Heiser, C.B. 1979. The origin and evolutionary relationships of 'Huauzontle (*Chenopodium nuttalliae* Safford), domesticated chenopod of Mexico. *Am. J. Bot.* 66(2): 198–206.

