



Razi University



Cereal Biotechnology and Biochemistry

Screening of the best rice genotypes obtained from backcrossing for agronomic traits compared to control varieties

Roya Jamalzadeh^{1,2} , Atefeh Sabouri²   & Ali Akbar Ebadi¹ 

¹Rice Research Institute of Iran, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Rasht, Iran.

²Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran.

 Corresponding author. E-mail: a.sabouri@guilan.ac.ir

ABSTRACT

Introduction: Considering the increasing population growth worldwide, including in Iran, increasing the yield and improving the traits and characteristics of landrace and improved rice varieties are among the most important rice research programs. Crossbreeding between local and improved cultivars is a primary strategy employed by breeders to achieve these goals. This study was conducted to evaluate the performance of different breeding lines that are the result of backcrossing in the previous years.

Materials and methods: An experiment was conducted with 36 rice genotypes derived from direct and backcrossing of landrace and improved cultivars, along with four selected control cultivars (Anam, Hashemi, Demsia, and Hasansarai). The experiment was designed as a randomized complete block with three replications at the Rice Research Institute of Iran in Rasht during the 2022 cropping year. Sixteen morphological, phenological, and yield-related traits were evaluated. Data were recorded, and analysis of variance, mean comparison, and cluster analysis were performed after ensuring the assumptions of variance analysis tests were met.

Results: The analysis of variance revealed significant differences among the genotypes for all studied traits, except for the number of spikelets per panicle at the 1% probability level. These differences indicate substantial genetic diversity within the studied collection, necessitating selection within the collection. Based on the mean comparison results, Genotype BC3F4-38-13-1 (line 36) demonstrated a significant yield advantage, averaging 6689 kg/ha compared to the landrace control cultivars. In terms of desirable traits such as short plant stature and early ripening, Genotype BC3F4-15-11-4 (line 23) had the shortest plant height, averaging 84.46 cm. Genotypes BC2F4-37-2 (line 30) and BC2F4-37-3-1 (line 31) exhibited early ripening, with average maturation periods of 102 and 101 days, respectively, significantly earlier than the local control variety Demsia, which had the longest maturation period of 130 days. According to the cluster analysis results of the third group (includes 19 lines), this group exhibited the highest averages for key traits such as the number of filled grains per panicle, panicle length, Number of total grains, panicle fertility percentage, and grain yield. Additionally, they had the lowest number of unfilled grains per panicle. The average yield of this group was calculated to be 13.81% higher than the overall average, with 20.04% fewer unfilled grains. Given the relative superiority of this group in terms of yield and yield components, the best genotypes from this group can be considered in variety introduction experiments as high-yielding new candidate varieties.

Conclusion: Based on the results, several breeding lines had significantly higher grain yield than the control varieties. Additionally, these genotypes exhibited short plant stature and early ripening, which are promising traits. These genotypes can be further investigated in trials to introduce them as new candidate varieties.


Keywords: Cluster analysis, Genetic diversity, Selection.

Article Type: Research Article

Article history: Received: 24 Nov 2023, Revised: 21 Dec 2023, Accepted: 08 Mar 2024, Published online: 27 Mar 2024

Cite this article: Jamalzadeh, R., Sabouri, A. & Akbar Ebadi, A. (2024). Screening of the best rice genotypes obtained from backcrossing for agronomic traits compared to control varieties. *Cereal Biotechnology and Biochemistry*, 3(1), 37-60. DOI: [10.22126/cbb.2024.10905.1076](https://doi.org/10.22126/cbb.2024.10905.1076)



© The Author(s).
 [10.22126/cbb.2024.10905.1076](https://doi.org/10.22126/cbb.2024.10905.1076)

Publisher: Razi University



بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات



شاپا الکترونیکی: ۵۱۷۰-۲۷۸۳

بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات

Homepage: <https://cbb.razi.ac.ir>

غربال برترین ژنوتیپ‌های برنج حاصل از تلاقی برگشتی از لحاظ صفات زراعی در مقایسه با ارقام شاهد

رویا جمالزاده^۱، عاطفه صبوری^۲ و علی اکبر عبادی^۱

^۱ موسسه تحقیقات برنج کشور، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی رشت، ایران.

^۲ گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان، رشت، ایران.

✉ نویسنده مسئول: رایانامه: a.sabouri@guilan.ac.ir

چکیده

مقدمه: با توجه به رشد روز افزون جمعیت در دنیا، در ایران نیز همانند سایر کشورها افزایش عملکرد و بهبود صفات و ویژگی‌های ارقام بومی و اصلاح شده از مهم‌ترین برنامه‌های تحقیقاتی برنج محسوب می‌شود. از این رو انجام تلاقی بین ارقام بومی و اصلاح شده در راستای دستیابی به این هدف همواره در صدر فعالیت‌های به‌نژادگران می‌باشد. این مطالعه با هدف ارزیابی عملکرد رگه‌های درون‌زاد نوترکیب اصلاحی مختلفی که حاصل تلاقی برگشتی در سال‌های گذشته می‌باشد، انجام شد.

مواد و روش‌ها: تحقیق حاضر به منظور ارزیابی ۳۶ ژنوتیپ حاصل از تلاقی مستقیم و برگشتی ارقام بومی و اصلاح شده و چهار رقم شاهد منتخب (آنام، هاشمی، دم‌سیاه و حسن‌سرائی) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه تحقیقاتی موسسه تحقیقات برنج کشور در سال زراعی ۱۴۰۱ به انجام رسید. در این تحقیق صفات موفولوژیکی، فنولوژیکی و همچنین صفات مرتبط با عملکرد مورد ارزیابی قرار گرفت. پس از ثبت داده‌ها، تجزیه واریانس، مقایسه میانگین و تجزیه خوشه-ای پس از اطمینان از برقراری مفروضات تجزیه واریانس انجام شد.

یافته‌ها: نتایج تجزیه واریانس نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها از لحاظ همه صفات مورد مطالعه به استثنای تعداد خوشه‌چه در خوشه در سطح احتمال یک درصد اختلاف معنی‌دار وجود دارد. این تفاوت‌ها دلالت بر وجود تنوع ژنتیکی قابل توجه در مجموعه مورد مطالعه است که لازمه انجام گزینش در یک مجموعه است. بر اساس نتایج مقایسه میانگین ژنوتیپ BC3F4-38-13-1 (رگه ۳۶) با میانگین ۶۶۸۹ کیلوگرم در هکتار در مقایسه با ارقام شاهد بومی، دارای برتری قابل توجهی از نظر عملکرد بود. همچنین از نظر پاکوتاهی و زودرسی که جز صفات مطلوب از دیدگاه به‌نژادی هستند، کوتاه‌ترین ارتفاع بوته با میانگین ۸۴/۴۶ سانتی‌متر مربوط به ژنوتیپ BC3F4-15-11-4 (رگه ۲۳) بود و ژنوتیپ‌های BC2F4-37-2-3 (رگه ۳۰) و BC2F4-37-3-1 (رگه ۳۱) با میانگین ۱۰۲ و ۱۰۱ روز، در مقایسه با رقم شاهد بومی، مانند دم‌سیاه که دارای طولانی‌ترین دوره رسیدگی (۱۳۰ روز) بود، به طور معنی‌داری زودرس‌تر بودند. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای گروه سوم با تعداد ۱۹ رگه، از نظر صفات مهم مثل تعداد دانه پر، طول خوشه، تعداد دانه کل، درصد باروری خوشه، و عملکرد دانه دارای میانگین‌های بالاتر بودند و در مقابل کمترین تعداد دانه پوک را به خود اختصاص دادند. میانگین عملکرد این گروه ۱۳/۸۱ درصد بالاتر از میانگین کل محاسبه شد و ۲۰/۰۴ درصد میانگین تعداد دانه پوک کمتر داشتند. با توجه به برتری‌های نسبی این گروه از لحاظ عملکرد و اجزای عملکرد، می‌توان برترین ژنوتیپ‌های این گروه را در آزمایش‌های معرفی رقم به‌عنوان رقم‌های کاندید جدید پرمحصول مورد بررسی قرار داد.

نتیجه‌گیری: بر اساس نتایج، عملکرد تعدادی از رگه‌های درون‌زاد نوترکیب‌های اصلاحی در مقایسه با ارقام شاهد به‌طور قابل توجهی بالاتر بود. پاکوتاهی رگه‌ها و طول دوره رشد کوتاه، از دیگر مزایای این ژنوتیپ‌ها بود، که می‌توان آن‌ها را در آزمایش‌های معرفی رقم به‌عنوان رقم‌های کاندید جدید مورد بررسی قرار داد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه کلاستر، تنوع ژنتیکی، گزینش.

نوع مقاله: مقاله پژوهشی

نوع مقاله: دریافت: ۱۴۰۲/۰۹/۰۳ اصلاح: ۱۴۰۲/۰۹/۳۰ پذیرش: ۱۴۰۲/۱۲/۱۸ انتشار آنلاین: ۱۴۰۳/۰۱/۰۸

استناد: جمالزاده، ر.، صبوری، ع. و عبادی، ع. ا. (۱۴۰۳). غربال برترین ژنوتیپ‌های برنج حاصل از تلاقی برگشتی از لحاظ صفات زراعی در مقایسه با ارقام شاهد.

DOI: [10.22126/cbb.2024.10905.1076](https://doi.org/10.22126/cbb.2024.10905.1076) ۶۰-۳۷، (۱)۳، بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات، ۲۰۲۴



© نویسندگان.

ناشر: دانشگاه رازی

مقدمه

زیرا ارقام بومی که ارقامی پابند، با خاصیت کودپذیری کم و حساس به بیماری‌ها و خوابیدگی می‌باشند، معمولاً عملکرد پایینی دارند (Rahimzadeh *et al.*, 2007). امروزه تحقیقات نشان دادند که در بسیاری از مناطق کشت برنج، سرعت افزایش عملکرد در حال کاهش می‌باشد (Zhang *et al.*, 2022). بنابراین رشد سریع جمعیت، نابود شدن منابع اصلی و حیاتی و همچنین محدودیت در منابع تولید منجر شده تا محققان به‌نژادی در دنیا در راستای تولید ارقام پرمحصول و با کیفیت و سازگار با محیط‌های دیگر و در مواردی مقاوم به تنش‌های غیرزنده و زنده گام‌های بلندی بردارند و در سال‌های اخیر ارقام پرمحصول زیادی برای مناطق مختلف برنج خیز کشور معرفی شده است (Anonymous, 2024; Garris *et al.*, 2005). در این راستا، دسترسی به ارقام برنج با پتانسیل عملکرد و پایداری بالاتر برای تأمین غذای بیش از پنج میلیارد نفر در سال ۲۰۲۵ از اهداف ضروری و مهم به شمار می‌آید (Khush, 2005). تحقیقات در زمینه به‌نژادی و معرفی ارقام جدید برنج بیش از چندین دهه است که در جهان شروع شده است (Davies, 2003). وقوع "انقلاب سبز" در نتیجه معرفی اولین رقم اصلاح شده برنج در موسسه بین‌المللی تحقیقات برنج¹ IRRI به وقوع پیوست (Hardgrove & Coffman, 2006). پژوهش‌های به‌نژادی برنج در ایران نیز از سال ۱۳۹۹ آغاز شد و از آن زمان تاکنون، بیش از ۶۱ رقم مختلف برنج اصلاح و معرفی شدند (Anonymous, 2024).

برنج (*Oryza sativa* L.) به‌عنوان یکی از مهم‌ترین محصولات زراعی با سطح زیر کشت بیش از ۱۶۲ میلیون هکتار و تولید ۷۸۹ میلیون تن در جهان، نقش مهمی در تأمین نیاز غذایی جوامع بشری دارد (FAO, 2021). امروزه یکی از مهم‌ترین مسائل جوامع بشری، تأمین نیازهای غذایی افراد جامعه است. با افزایش جمعیت جهان و مصرف بیشتر مواد غذایی، جایگاه امنیت غذایی بیش‌تر از گذشته مورد توجه می‌باشد (Mohidem *et al.*, 2022). امنیت غذایی از حقوق اولیه بشر بوده و برای حصول به آن، میزان تولید محصولات غذایی باید تا سال ۲۰۵۰ دو برابر شود، از این‌رو حفظ و پایداری تولید برنج به‌عنوان یک محصول استراتژیک، در شرایط پرچالش فعلی از اهمیت زیادی برخوردار می‌باشد. از سوی دیگر در شرایط آب و هوایی در حال تغییر زمین، افزایش بهره‌وری برنج برای تضمین امنیت غذایی جهانی بسیار حائز اهمیت است (Seeli *et al.*, 2024).

در ایران برنج، از جمله محصولات زراعی راهبردی است که سهم قابل توجهی در سبد غذایی مردم و تأمین کالری آنها دارد، به‌طوری که سرانه مصرف روزانه آن حدود ۱۱۰ گرم گزارش شده است (Abdi *et al.*, 2016). تقاضا برای مصرف برنج در کشور به علت افزایش جمعیت و تغییرات حاصله در رژیم غذایی همچنان رو به افزایش است، به نحوی که همه ساله برای تأمین نیازهای داخلی مقادیر قابل توجهی برنج از خارج وارد می‌گردد. تأمین کمبود برنج از طریق کاشت و برداشت ارقام بومی کافی نمی‌باشد،

¹ International Rice Research Institute

پژوهش‌های زیادی در سطح ملی و بین‌المللی برای شناسایی و معرفی ارقام پایدار و سازگار برنج انجام شده است. در آزمایشی جهت غربال‌گری و مقایسه نه ژنوتیپ برنج، از لحاظ جوانه‌زنی، تعداد پنجه، درصد خوشه‌دهی، عملکرد و کیفیت دانه در نینگشیا^۲ چین مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج نشان داد که در شرایط مدیریتی یکسان، Ningjing 41 و Jingning 32 با دوره رشد مناسب، درصد خوشه‌دهی بالا و پتانسیل عملکرد بالا برای توسعه در منطقه مورد بررسی، برتر از سایر ژنوتیپ‌ها هستند (Li *et al.*, 2017). در ایران نیز در پژوهشی به منظور بهبود ارقام پرمحصول و کیفی با استفاده از تلاقی برگشتی-شجره‌ای، پس از گذشت پنج نسل، رقم قائم و پردیس از بین ۱۳ رگه درونزاد نوترکیب برتر خالص انتخاب و معرفی شد. (Nematzadeh *et al.*, 2011) در آزمایشی دیگری با هدف بهبود ارقام خوش کیفیت با عملکرد و ارتفاع مناسب، تلاقی بین ارقام دم‌سیاه و خزر انجام شد. در سال‌های بعد سه تلاقی برگشتی نیز با رقم دم‌سیاه انجام و در هر نسل ژنوتیپ‌های از نظر کلیه صفات بررسی شدند، نهایتاً از بین ۱۳۴ رگه درون‌زاد نوترکیب لاین‌های RI82-98 و RI82-64 که از عملکرد و ارتفاع مطلوبی برخوردار بودند، به عنوان پتانسیل معرفی ارقام جدید شناسایی شدند (Hosseini Chaleshtori *et al.*, 2014). همچنین رقم گیلانه به عنوان یک رقم جدید که حاصل تلاقی برگشتی دو رقم صالح و آبجی بوجی است، با عملکرد دانه ۵/۲۵ تن در هکتار، و ارتفاع بوته ۱۰۷/۵

باید خاطر نشان نمود، ارقام بومی، با وجود داشتن کیفیت پخت و خوراک مطلوب، به دلیل پتانسیل عملکرد پائین و حساسیت به آفات، بیماری‌ها، خوابیدگی و در مقابل، ارقام اصلاح شده با وجود دارا بودن عملکرد بالا و مقاومت به بیماری‌ها، به دلیل کیفیت پایین به ویژه کیفیت پخت، نمی‌توانند خودکفایی در تولید برنج با کیفیت و عملکرد مطلوب را در پی داشته باشند (Sharifi, 2020). بنابراین اصلاح ارقام برنج برای عملکرد مناسب و کیفیت پخت دانه و بازاری‌پسندی مطلوب، که پایداری و کاهش هزینه تولید برنج و افزایش درآمد کشاورزان را در پی داشته باشد، اجتناب ناپذیر می‌نماید. در سال‌های اخیر روند مطالعه جهت اصلاح ارقام برنج ایرانی برای رفع ضعف‌های عمده آنها، از جمله حساسیت به ورس، عملکرد پایین و حساسیت به بیماری بلاست در ارقام بومی، دیررسی و کیفیت پخت نه چندان مطلوب آن‌ها سرعت گرفت که در نهایت منجر به تولید جمعیت‌های متعدد به‌نژادی پایه، رگه‌های خالص پیشرفته و معرفی ارقام شد (Momeni *et al.*, 2022) از جمله این ارقام می‌توان به ارقام تیس (Erfani Moghadam *et al.*, 2018)، گیلانه (Allahgholipour *et al.*, 2019)، آنام (Allahgholipour & Hosseini Chaleshtori., 2019)، طلوع (Momeni *et al.*, 2020)، کیان (Ebadi *et al.*, 2021)، هلال (Momeni *et al.*, 2021)، اشاره نمود که با هدف تطابق با نیازهای تولیدکننده، مصرف‌کننده و همچنین بازار ارائه شدند.

² Ningxia

زراعی و مورفولوژیکی بر ارقام بومی برتری داشته باشند، شناسایی و برای معرفی به‌عنوان ارقام جدید مورد توجه قرار گیرند.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی پژوهش حاضر، ۴۰ ژنوتیپ برنج شامل ۳۶ رگه درونزاد نوترکیب حاصل از تلاقی مستقیم و برگشتی ارقام بومی و اصلاح‌شده و چهار رقم شاهد (آنام، هاشمی، دم‌سیاه و حسن‌سرایبی) بود، که اطلاعات دقیق این ژنوتیپ‌ها در جدول ۱ ارائه شده است. این پژوهش در بهار و تابستان ۱۴۰۱ در موسسه تحقیقات برنج کشور (رشت) انجام شد. اطلاعات هواشناسی ایستگاه رشت در جدول ۲ قابل مشاهده است. محل آزمایش با مختصات جغرافیایی ۴۹ درجه و ۳۶ دقیقه شرقی و عرض جغرافیایی ۳۷ درجه و ۱۶ دقیقه شمالی و ارتفاع ۷ متری از سطح دریا در منطقه‌ای با خاک سیلتی و pH حدود ۷ واقع شده است. خزانه‌گیری در ۲۴ فروردین و نشاکاری در ۲۴ اردیبهشت ۱۴۰۱ انجام شد. وجین‌کاری و واکاری در ۱۷ خرداد همان سال صورت گرفت.

سانتی‌متر و طول دوره رشد ۱۱۲ روز، ضمن برتری نسبت به والدین خود جزء ارقام زودرس و پاکوتاه محسوب شده و از کیفیت پخت مشابه ارقام بومی ایرانی برخوردار می‌باشد (Allahgholipour et al., 2019). تلاقی ارقام بومی و اصلاح شده و استفاده از ارقام بومی به عنوان والدین جمعیت‌ها، و همچنین بهره‌برداری از آنها به عنوان والد بخشنده برای صفات مطلوبی که دارند، همیشه یکی از ارکان مهمترین برنامه‌های به‌نژادی در برنج است (Lazaridi et al., 2024).

در سال‌های اخیر نیز روش تلاقی برگشتی در ترکیب با فناوری نشانگرهای مولکولی منجر به پیشرفت‌های چشم‌گیری در بهبود ارقام برنج شده است. سیلی و همکاران (Seeli et al., 2024) توانستند با استفاده از روش اصلاح تلاقی برگشتی به کمک نشانگر^۳، سه QTL بزرگ اثر مرتبط با تحمل به تنش خشکی را به یک رقم مشهور اما حساس به خشکی منتقل کنند و در نهایت در بین رگه‌های درونزاد نوترکیب‌های BC₂F₄ به رگه‌های بهبود یافته متحمل به خشکی دست پیدا کنند.

با توجه به لزوم شناسایی و توسعه ژنوتیپ‌های جدید بهبود یافته، در سال‌های گذشته مجموعه‌ای از رگه‌های برنج در مؤسسه تحقیقات برنج کشور در رشت توسعه یافته‌اند که حاصل تلاقی‌های برگشتی ارقام بومی و اصلاح شده هستند. پژوهش حاضر با هدف ارزیابی این رگه‌های درون‌زاد نوترکیب و مقایسه آنها با ارقام شاهد انجام شد تا رگه‌های امیدبخشی که از نظر عملکرد و صفات مهم

³ Marker-assisted backcross breeding

جدول ۱ - ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و شجره آن‌ها

Table 1 – The studied genotypes and their pedigree

شماره	ژنوتیپ	تلاقی	تلاقی برگشتی اول	تلاقی برگشتی دوم	تلاقی برگشتی سوم
No	Genotype	F ₁	BC ₁	BC ₂	BC ₃
1	BC2F4-5-1-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	هاشمی	-
2	BC2F4-5-1-2	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	هاشمی	-
3	BC2F4-5-5-2-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	هاشمی	-
4	BC2F4-11-2-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	هاشمی	-
5	BC2F4-11-7-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	هاشمی	-
6	BC2F4-11-8-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	هاشمی	-
7	BC2F4-11-9-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	هاشمی	-
8	BC2F4-18-2-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	هاشمی	-
9	BC2F4-18-4-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	هاشمی	-
10	BC2F4-18-6-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	هاشمی	-
11	BC3F4-1-3-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	هاشمی	هاشمی
12	BC3F4-4-10-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	هاشمی	هاشمی
13	BC3F3-8-1-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	هاشمی	هاشمی
14	BC2F4-19-1-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	دم‌سیاه	-
15	BC2F4-19-3-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	دم‌سیاه	-
16	BC2F4-19-3-2	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	دم‌سیاه	-
17	BC3F4-15-2-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	دم‌سیاه	دم‌سیاه
18	BC3F4-15-2-2	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	دم‌سیاه	دم‌سیاه
19	BC3F4-15-4-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	دم‌سیاه	دم‌سیاه
20	BC3F4-15-4-2	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	دم‌سیاه	دم‌سیاه
21	BC3F4-15-7-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	دم‌سیاه	دم‌سیاه
22	BC3F4-15-7-2	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	دم‌سیاه	دم‌سیاه
23	BC3F4-15-11-4	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	دم‌سیاه	دم‌سیاه
24	BC3F4-5-5-1	آی آر ۸/طارم محلی	طارم محلی	حسن‌سرائی	حسن‌سرائی

Hasansaraei	Hasansaraei	Tarom-Mahali	Tarom-Mahali/IR8	BC3F4-25-3-1	25
حسن سرائی	حسن سرائی	طارم محلی	آی آر ۸/طارم محلی		
Hasansaraei	Hasansaraei	Tarom-Mahali	Tarom-Mahali/IR8	BC2F4-22-1-1	26
-	صدری	طارم محلی	آی آر ۸/طارم محلی		
-	Sadri	Tarom-Mahali	Tarom-Mahali/IR8	BC2F4-22-1-2	27
-	صدری	طارم محلی	آی آر ۸/طارم محلی		
-	Sadri	Tarom-Mahali	Tarom-Mahali/IR8	BC2F4-37-1-1	28
-	صدری	طارم محلی	آی آر ۸/طارم محلی		
-	Sadri	Tarom-Mahali	Tarom-Mahali/IR8	BC2F4-37-2-2	29
-	صدری	طارم محلی	آی آر ۸/طارم محلی		
-	Sadri	Tarom-Mahali	Tarom-Mahali/IR8	BC2F4-37-2-3	30
-	صدری	طارم محلی	آی آر ۸/طارم محلی		
-	Sadri	Tarom-Mahali	Tarom-Mahali/IR8	BC2F4-37-3-1	31
-	صدری	طارم محلی	آی آر ۸/طارم محلی		
-	Sadri	Tarom-Mahali	Tarom-Mahali/IR8	BC3F4-12-2-1	32
صدری	صدری	طارم محلی	آی آر ۶۴/طارم محلی		
Sadri	Sadri	Tarom-Mahali	Tarom-Mahali/IR64	BC3F4-36-5-1	33
صدری	صدری	طارم محلی	آی آر ۶۴/طارم محلی		
Sadri	Sadri	Tarom-Mahali	Tarom-Mahali/IR64	BC3F4-36-15-1	34
صدری	صدری	طارم محلی	آی آر ۶۴/طارم محلی		
Sadri	Sadri	Tarom-Mahali	Tarom-Mahali/IR64	BC3F4-38-12-1	35
صدری	صدری	طارم محلی	آی آر ۶۴/طارم محلی		
Sadri	Sadri	Tarom-Mahali	Tarom-Mahali/IR64	BC3F4-38-13-1	36
صدری	صدری	طارم محلی	آی آر ۶۴/طارم محلی		
Sadri	Sadri	Tarom-Mahali	Tarom-Mahali/IR64		
-	-	-	-	آنام	37
-	-	-	-	Anam	
-	-	-	-	هاشمی	38
-	-	-	-	Hashemi	
-	-	-	-	حسن سرائی	39
-	-	-	-	Hasansaraei	
-	-	-	-	دمسیاه	40
-	-	-	-	Domsiah	

جدول ۲ - اطلاعات هواشناسی رشت در سال ۱۴۰۱.

Table 2 - Meteorological data of Rasht in 2022

ماه Month	دمای کمینه Minimum temperature (°C)	دمای بیشینه Maximum temperature (°C)	میانگین دما Average temperature (°C)	حداقل رطوبت نسبی (%)	حداکثر رطوبت نسبی (%)	بارندگی Rainfall (mm)
فروردین March	7.78	19.18	13.48	54.81	91.65	40.50
اردیبهشت April	13.22	21.82	17.52	67.77	95.45	40.80
خرداد May	17.76	28.79	23.27	53.23	92.42	7.60
تیر June	20.75	31.47	26.11	51.68	92.23	4.20
مرداد July	21.48	31.82	26.66	57.65	94.16	47.50
شهریور Aug	18.49	31.21	24.85	54.84	94.52	103.20

گیاهچه‌ها در سن حدود چهار هفتگی و به فاصله 20×20 سانتی‌متر و به صورت تک بوته به زمین اصلی منتقل و نشاء شدند.

صفات مورد مطالعه شامل ۱۶ صفت زراعی و مورفولوژیکی بودند که بر اساس دستورالعمل استاندارد اندازه‌گیری صفات مؤسسه تحقیقات بین المللی برنج (IRRI, 2013) انجام شد. ارزیابی‌ها بر روی پنج بوته به عنوان نمونه که به طور تصادفی با حذف اثر حاشیه‌ای انتخاب شده بودند، انجام شد و میانگین آنها به عنوان یک تکرار در نظر گرفته شد. صفت عملکرد دانه که با حذف اثر حاشیه که شامل دو ردیف کناری و دو ردیف نمونه‌برداری بود با رطوبت استاندارد ۱۴ درصد بر حسب کیلوگرم در هکتار اندازه‌گیری شد. همچنین طول خوشه (فاصله گره خوشه اصلی تا نوک خوشه بدون در نظر گرفتن ریشک)، تعداد پنجه در بوته، تعداد خوشه در هر بوته (تعداد پنجه بارور)، وزن صد دانه، تعداد روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی (تعداد روز از زمان خزانه‌گیری تا ظهور ۵۰ درصد خوشه-ها در هر کرت)، تعداد روز تا رسیدگی (تعداد روز از مرحله بذریاشی تا رسیدگی فیزیولوژیک حدود ۸۰ درصد از بوته‌های هر کرت)، طول و عرض برگ پرچم (در ساقه اصلی بوته)، تعداد کل دانه، تعداد دانه پر، تعداد دانه پوک (تعداد دانه‌های پر و پوک و کل در خوشه‌های اصلی)، تعداد خوشه‌چه در خوشه (مجموع تعداد خوشه‌چه در خوشه‌های اصلی)، ارتفاع بوته (سانتی‌متر، بعد از رسیدگی و قبل از برداشت از سطح خاک تا انتهای خوشه بدون در نظر گرفتن ریشک)، طول ساقه (فاصله از سطح زمین تا

کلیه عملیات زراعی از جمله تهیه خزانه و زمین اصلی، کرت‌بندی مزرعه و مراقبت‌های زراعی در خزانه و مزرعه شامل استفاده از پوشش نایلونی برای جلوگیری از سرمازدگی ابتدای بهار و رشد سریع‌تر بذرها و نشاءها، مصرف کودهای شیمیایی، مبارزه با علف‌های هرز (علفکش و وجین)، آبیاری و کنترل آفات و بیماری‌ها از جمله کرم ساقه‌خوار و بلاست در زمان مناسب با توجه به توصیه‌های مؤسسه تحقیقات برنج کشور به شرح زیر انجام شد. شخم در سه مرحله، اولین مرحله در ابتدای زمستان، مرحله دوم به منظور گل‌خرابی و مرحله سوم برای تسطیح زمین انجام شد. قبل از آماده‌سازی بستر، کود شیمیایی به نسبت ۱۸۰ کیلوگرم در هکتار سوپر فسفات تریپل همراه با شخم دوم، ۱۲۰ کیلوگرم در هکتار سولفات پتاسیم به صورت دو مرحله‌ای هنگام وجین اول و دوم، همچنین ۱۳۰ کیلوگرم در هکتار اوره در سه مرحله به ترتیب بعد از نشاء، وجین اول و وجین دوم مصرف شد. برای جلوگیری از سرمای ابتدای بهار و رشد سریع‌تر بذرها، از پوشش نایلونی استفاده شد. برای مبارزه با کرم ساقه‌خوار از سم دیازینون^۴ ۱۰ درصد به نسبت ۱۵ کیلوگرم در هکتار استفاده شد. از سم پرتیلاکلر^۵ به میزان ۱/۵ لیتر در هکتار و سم بن سولفورون^۶ به میزان ۶۰ گرم در هکتار به صورت ترکیب، ۷ روز بعد از نشاکاری استفاده شد. این آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار، در کرت‌هایی به مساحت ۱۶ مترمربع انجام شد و

⁴ Diazinon

⁵ Pretilachlor

⁶ Bensulfuron

امامی و همکاران Pishnamazzadeh Emami *et al.*, 2020) نیز تفاوت‌های معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های برنج از نظر صفات مورد بررسی گزارش شد. ضریب تغییرات در صفات مورد بررسی از ۰/۹۸ برای صفت روز تا رسیدگی، تا ۱۲/۲۱ برای صفت تعداد پنجه بارور متغیر بود که حاکی از دقت قابل قبول آزمایش و اندازه‌گیری‌ها بوده است (جدول ۳). ضریب تغییرات می‌تواند نمایان‌گر میزان تأثیرپذیری یک صفت از محیط نیز باشد و به‌طور کلی انتظار می‌رود هر صفتی که پیچیده‌تر بوده و متغیرهای محیطی تأثیر بیشتری روی آن داشته باشند، دارای ضریب تغییرات بالاتری نیز باشند (Falconer & Mackay, 1996).

ابتدای گره خوشه اصلی برحسب سانتی‌متر)، و درصد باروری خوشه (نسبت تعداد دانه پر به تعداد کل دانه‌ها ضربدر ۱۰۰)، ارزیابی شدند. پس از ثبت داده‌ها و بررسی مفروضات تجزیه واریانس و اطمینان از برقراری مفروضات، تجزیه واریانس و سپس مقایسه میانگین‌ها به روش LSD با استفاده از نرم افزار SAS نسخه ۹.۴ انجام شد. به‌منظور تعیین نوع ژنتیکی و میزان شباهت یا فاصله ژنتیکی و در نتیجه گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر کلیه صفات اندازه‌گیری شده، ابتدا فاصله ژنوتیپ‌ها بر اساس روش فاصله توان دوم اقلیدسی محاسبه شد و سپس تجزیه خوشه‌ای و رسم دندروگرام با نرم افزار SPSS انجام شد

نتایج و بحث

تجزیه واریانس

نتایج تجزیه واریانس نشان داد اختلاف معنی‌دار بین بلوک‌ها در سطح احتمال پنج درصد برای صفات وزن صدانه، تعداد پنجه بارور و در سطح احتمال یک درصد برای صفات روز تاگله‌ی، تعداد پنجه، وزن صدانه و روز تا رسیدگی وجود دارد. سایر صفات اختلاف معنی‌داری نشان ندادند. همچنین نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌ها از لحاظ همه صفات مورد مطالعه به استثنای صفت تعداد خوشه‌چه در خوشه در سطح احتمال یک درصد اختلاف معنی‌دار داشتند که دلالت بر تنوع ژنتیکی بسیار بالا در مجموعه مورد مطالعه از نظر صفات مورد ارزیابی است. بنابراین با توجه به تفاوت‌های موجود امکان‌گزینش برای صفات مورد مطالعه وجود دارد. در پژوهش پیش‌نمازاده

جدول ۳- تجزیه واریانس صفات برای ژنوتیپ‌های برنج مورد مطالعه

Table 3. Analysis of variance of traits for studied rice genotypes

تغییرات منبع	درجه آزادی	میانگین مربعات							
		۵۰ درصد گلدهی	ارتفاع بوته	بوته در پنجه تعداد	خوشه طول	پرچم برگ طو	عرض برگ پرچم	در پر تعداد دانه خوشه	تعداد دانه پوک در خوشه
S.O.V	d.f	Days to 50% flowering	Plant height	Number tiller per plant	Panicle length	Flag leaf length	Flag leaf width	No. filled grain per panicle	Number of unfilled grain per panicle
تکرار Replication	2	8.57**	22.35 ^{ns}	15.17**	3.66 ^{ns}	10.75 ^{ns}	0.0027 ^{ns}	22.08 ^{ns}	2.10 ^{ns}
ژنوتیپ Genotype	39	125.17**	773.54**	9.55**	10.37**	37.47**	0.015**	538.38**	439.31**
خطا Error	78	1.28	15.27	2.42	1.46	3.61	0.004	69.97	2.63
تغییرات ضریب C.V. (%)		1.33	3.64	11.02	4.9	6.96	6.5	11.99	9.59

ns، * و ** به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد.

ns, *, **: Non significant and significant at 0.05 and 0.01 of probability levels, respectively.

ادامه جدول ۳

Table 3- Continued

تغییرات منبع	درجه آزادی	میانگین مربعات							
		Mean of Squares							
		تعداد کل دانه	باروری درصد خوشه	در خوشه تعداد بوته	تعداد خوشه چه در خوشه	عملکرد دانه	دانه صد وزن	تا روز رسیدگی	طول ساقه
S.O.V	d.f	Number of total grains	Panicle fertility	Number of panicles per plant	Number of spikelets Per panicle	Grain Yield	100 grain weight	Days to maturity	Stem length
تکرار	2	46.8 ^{ns}	0.73 ^{ns}	13.50*	0.93 ^{ns}	125559.53 ^{ns}	0.12*	8.57**	8.09 ^{ns}
Replication									
ژنوتیپ	39	299.7**	541.99**	8.05**	0.63 ^{ns}	2005590.40**	0.22**	119.6**	704.3**
Genotype									
خطا	78	66.06	13.54	2.98	0.51	67779.17	0.027	1.28	15.05
Error									
تغییرات ضریب		9.39	4.56	12.21	7.45	5.13	6.12	0.98	4.69
C.V. (%)									

^{ns}، * و ** به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد.

ns, *, **: Non significant and significant at 0.05 and 0.01 of probability levels, respectively.

مقایسه میانگین‌ها

برنج حدود ۱۰۰ تا ۱۱۰ سانتی‌متر است (Nabipour &

Norouzi., 2019). در تحقیق حاضر، کوتاه‌ترین ارتفاع

بوته با میانگین ۸۴/۴۶ مربوط به ژنوتیپ BC3F4-15-

11-4 (رگه ۲۳) بود. نتایج مقایسه میانگین نشان داد ارقام

بومی نسبت به ارقام اصلاح شده دارای ارتفاع بوته

بیش‌تری هستند.

محققین از دیرباز زودرسی را به عنوان یکی از صفات مهم

برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر عنوان نمودند (Little et

al., 1958). به عقیده آن‌ها ارقام زودرس به خاطر توسعه

سریع اندام‌های رویشی و وارد شدن به مرحله زایشی،

امکان تولید عملکرد بیش‌تر را به دلیل استفاده بهینه از

شرایط محیطی از قبیل رطوبت و دما دارند. در مطالعه

حاضر، کوتاه‌ترین دوره رسیدگی به ژنوتیپ‌های BC2F4-

37-2-3، با میانگین ۱۰۲ روز (رگه ۳۰)، و ژنوتیپ

BC2F4-37-3-1، با میانگین ۱۰۱ روز (رگه ۳۱)،

اختصاص داشت. تفاوت دوره رسیدگی این رگه‌ها در

مقایسه با رقم شاهد دم‌سیاه که دارای بیش‌ترین دوره

رسیدگی با میانگین ۱۳۰ روز بود، قابل توجه می‌باشد.

بلندترین طول خوشه با میانگین ۲۹/۴۴ سانتی‌متر و

بیش‌ترین تعداد دانه پر با میانگین ۹۴/۶، مربوط به

ژنوتیپ BC2F4-37-2-2 (رگه ۲۹) بود. همچنین

بالاترین مقدار درصد باروری خوشه برای ژنوتیپ

BC2F4-11-2-1 (رگه ۴) با میانگین ۹۴/۲۵ درصد و

رقم شاهد هاشمی با میانگین ۹۲/۵۴ درصد ثبت شد.

بلندترین طول برگ با میانگین ۳۹/۴۲ سانتی‌متر مربوط

به رقم شاهد دم‌سیاه و بعد از آن به رقم شاهد

نتایج مقایسه میانگین‌ها نشان داد که ژنوتیپ BC3F4-

38-13-1 (رگه ۳۶) با میانگین ۶۶۸۹ کیلوگرم در هکتار

و در رتبه بعد ژنوتیپ BC2F4-11-8-1 (رگه ۶) با

میانگین ۶۴۶۸ کیلوگرم در هکتار دارای بالاترین مقدار

عملکرد بودند (جدول ۴). این رگه‌ها از نظر عملکرد نسبت

به ارقام شاهد بومی برتری قابل توجهی نشان دادند.

عبادی و همکاران (Ebadi et al., 2003) در پژوهشی که

به‌منظور مقایسه ارقام بومی و اصلاح شده انجام دادند

گزارش کردند در ارقام اصلاح شده عملکرد بیش‌تر تحت

تاثیر تعداد پنجه بوده است، ولی در ارقام بومی علاوه بر

تعداد پنجه، صفات وزن هزاردانه و تعداد دانه در خوشه نیز

اثر مستقیم بالایی بر روی عملکرد داشته است. در بسیاری

از تحقیقات نیز تعداد پنجه دارای بیش‌ترین اثر مستقیم بر

عملکرد برنج بوده است.

ارتفاع بوته، یکی دیگر از صفات مهم در ارزیابی صفات

زراعی در برنج است. چراکه از نظر به‌نژادی، پاکوتاهی جز

صفات مطلوب است و ایجاد ارقام پاکوتاه در برنج از

اهمیت بسیاری برخوردار است، به‌طوری‌که علاوه بر ایجاد

مقاومت بیش‌تر در برابر خوابیدگی بوته‌ها، موجب انتقال

سریع مواد غذایی از منبع به مقصد می‌شود (Lanceras

et al., 2004). بعبارت دیگر کاهش ارتفاع معمولاً منجر

به کاهش ورس، افزایش کودپذیری و اعمال آسان‌تر دیگر

مدیریت‌های به‌زراعی می‌شود، لذا پاکوتاهی یکی از اهداف

پژوهش‌گران می‌باشد. بر اساس تحقیقات مختلف، بهترین

ارتفاع بوته برای به حداکثر رساندن میزان فتوسنتز در

برای تشکیل سه گروه است. البته نتایج تجزیه تابع تشخیص برای نقطه برش دندروگرام برای تشکیل هر دو حالت دو و سه گروه، مورد تأیید بود و به این دلیل سه گروه انتخاب شد که بتوان گروه بزرگ‌تر را به دو زیر گروه کوچک‌تر تقسیم کرد. چون ژنوتیپ‌های متعلق به هر زیرگروه شباهت بیشتری به هم دارند می‌توان آنها را با دقت بیشتری مورد مطالعه قرار داد. در مقابل گروه‌بندی به تعداد گروه کمتر، منجر به تشکیل گروه‌های بزرگ‌تری می‌شود که معمولاً تنوع درون گروهی بیشتری دارند.

گروه اول شامل ۱۰ رگه، BC2F4-، BC3F4-25-3-1، BC2F4-37-1-1، BC2F4-5-1-2، BC3F4-12-2-1، BC3F4-15-4-1، BC3F4-15-7-1، BC2F4-18-2-1، BC2F4-18-2-1، BC3F4-15-11-4، BC2F4-19- و BC2F4-19-1-1 و گروه دوم، شامل هر چهار رقم شاهد و هفت رگه BC2F4-37-2-3، BC3F3-8-1-1، BC2F4-37-3-1، BC3F4-5-5-1، BC3F4-15-4-2، BC3F4-15-2-1 و BC3F4-15-7-2 بود. گروه سوم با ۱۹ رگه که دارای بیشترین تعداد در بین سه گروه است، رگه‌های

BC3F4-38-13-، BC2F4-11-8-1، BC2F4-18-4-1، BC2F4-5-، BC2F4-37-2-2، BC2F4-11-9-1، BC2F4-5-2-1، BC2F4-19-3-2، BC2F4-22-1-1، BC3F4-15-2-2، BC2F4-11-7-1، BC2F4-11-2-1، BC3F4-4-10-1، BC3F4-1-3-1، BC3F4-36-5-1، BC2F4-5-1-1، BC2F4-18-6-1، BC2F4-22-1-2، BC3F4-36-15-1 و BC3F4-38-12-1 را به خود اختصاص داد. اعضای هر گروه حاصل از تجزیه خوشه‌ای،

حسن‌سرایبی با میانگین ۳۳/۱۶ سانتی‌متر اختصاص داشت. بیش‌ترین وزن صددانه با میانگین ۳/۴۷ گرم مربوط به ژنوتیپ BC2F4-5-1-2 (رگه ۲) و بیش‌ترین تعداد پنجه با میانگین ۲۰/۵۳ و بیشترین تعداد خوشه در بوته با میانگین ۲۰ خوشه، مربوط به ژنوتیپ-BC2F4-18-6-1 (رگه ۱۰) بود. تعداد پنجه بارور در گیاه به دلیل اینکه دربرگیرنده دانه در خوشه می‌باشد، یکی از اجزای مهم عملکرد محسوب می‌شود و افزایش تعداد دانه پر در خوشه می‌تواند نقش موثری در انتقال کربوهیدرات‌ها از منبع به خوشه‌ها داشته و در نتیجه باعث افزایش عملکرد دانه شود. از طریق افزایش پنجه تا حد متعادل، می‌توان به محصول بیش‌تر و عملکرد بالاتری دست یافت (Tanveer *et al.*, 2009). اما باید در نظر داشت که تعداد پنجه زیاد با ایجاد مشکلاتی نظیر افزایش جمعیت آفات و بیماری‌ها و همچنین افزایش تعداد پنجه‌های نازا و مصرف محصول فتوسنتزی گیاه، باعث کاهش عملکرد خواهد شد (Oladosu 2014).

تجزیه خوشه‌ای

از بین روش‌های مختلف تجزیه‌خوشه‌ای، روش Ward بهترین نتیجه را از لحاظ تفکیک بهتر ژنوتیپ‌ها ارائه داد و لذا نتایج این روش تفسیر شد. همان‌طور که در شکل ۱ نشان داده شده است، با برش دندروگرام در فاصله حدود ۵ واحد ژنوتیپ‌ها به سه گروه تقسیم شدند. نتایج تجزیه تابع تشخیص برای بررسی صحت گروه‌بندی حاصل از تجزیه کلاستر، ۹۷/۵ درصد برآورد شد و اختلاف بین گروه‌ها معنی‌دار بود که بیانگر تأیید نقطه برش دندروگرام

نشان داده شده است. نتایج نشان داد که گروه اول (شامل ۱۰ رگه)، از نظر وزن هزاردانه، و عرض برگ پرچم دارای میانگین بالاتر از دو گروه دیگر قرار دارد. این گروه، کمترین میانگین ارتفاع بوته، تعداد پنجه، طول ساقه و تعداد خوشه در بوته را در بین سه گروه داشتند. گروه دوم که شامل ارقام شاهد به همراه هفت رگه بود، از نظر صفات، ارتفاع بوته، تعداد پنجه، طول برگ، تعداد دانه پوک، تعداد خوشه‌چه در خوشه، طول ساقه، تعداد خوشه در بوته، نسبت به دو گروه دیگر دارای میانگین بالاتر بودند. صفات ارتفاع بوته، تعداد دانه پوک جزء صفاتی هستند که کمتر بودن آنها مطلوب‌تر است، اما این گروه مقادیر بالاتری نسبت به میانگین کل داشتند. در مقابل این گروه برای دو صفت فنولوژیکی تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی و تعداد روز تا رسیدگی کمترین مقادیر را به خود اختصاص دادند. ژنوتیپ‌های BC2F4-37-2-3 و BC2F4-37-3-1 (رگه‌های ۳۰ و ۳۱) با کوتاه‌ترین دوره رسیدگی در این گروه قرار داشتند. گروه سوم (شامل ۱۹ رگه) از نظر صفات مهم مثل تعداد دانه پر، طول خوشه، تعداد دانه کل، درصد باروری خوشه، و عملکرد دانه میانگین‌های بالاتر و در مقابل کمترین تعداد دانه پوک را به خود اختصاص دادند. میانگین عملکرد این گروه ۱۳/۸۱ درصد بالاتر از میانگین کل محاسبه شد و ۲۰/۰۴ درصد میانگین تعداد دانه پوک کمتر داشتند. ژنوتیپ‌های BC2F4-11-8-1 و BC3F4-38-13-1 (رگه‌های ۶ و ۳۶) با بیش‌ترین مقدار عملکرد، در گروه سوم قرار گرفتند. با توجه به برتری‌های نسبی از لحاظ عملکرد و

واجد بیشترین شباهت به هم و اعضای گروه‌های مختلف دارای بیشترین اختلاف از هم بر اساس مجموعه صفات مورد بررسی می‌باشند. در تحقیقات مرتبط با بررسی تنوع ژنتیکی، تجزیه و تحلیل خوشه‌ای یک روش آماری چندمتغیره کارآمد محسوب می‌شود که مدیریت مواد و منابع ژنتیکی موجود را با سازماندهی ارقام مشابه و متفاوت از هم بهینه می‌کند (Rahman *et al.*, 2011; Ghorbani *et al.*, 2011). داشتن اطلاعات حاصل از تجزیه خوشه‌ای، به محقق کمک می‌کند تا در زمان معرفی ارقام جدید، از بین ارقامی که بسیار شبیه به هم هستند تنها یکی را معرفی نمایند. استفاده از این استراتژی مانع از شکست همزمان همه ارقام معرفی شده توسط یک محقق در زمان بروز یک مشکل حاد مانند شیوع یک بیماری یا تنش‌های غیرزیستی می‌شود. بر این اساس، در هنگام معرفی رقم، باید سعی شود که از انتخاب دو رقم جدید هم‌گروه اجتناب شود. از سوی دیگر، در انتخاب دو رگه برای تلاقی و تولید هیبرید یا توسعه یک جمعیت به‌نژادی جدید، باید رگه‌های والدینی مورنظر، بیش‌ترین فاصله ژنتیکی را از هم داشته باشند، تا تفرق حاصل از تلاقی آنها به حداکثر برسد، لذا باید از گروه‌های با بیشترین اختلاف از هم انتخاب شوند (Rahman *et al.*, 2011; Ghorbani *et al.*, 2011; Nabipour & Norouzi, 2019).

جهت ارزیابی ارزش هر یک از خوشه‌ها از نظر صفات اندازه‌گیری شده، میانگین و درصد انحراف میانگین هر یک از خوشه‌ها از میانگین کل محاسبه شد و در جدول ۵

اجزای عملکرد، می‌توان برترین ژنوتیپ‌های این گروه را در آزمایش‌های معرفی رقم به‌عنوان رقم‌های کاندید جدید پرمحصول مورد بررسی قرار داد.

ارزیابی تنوع صفات در برنج و بررسی روابط بین صفات و گروه‌بندی ژنوتیپ‌های برنج توسط محققان دیگری از جمله یزدانی و همکاران (Yazdani *et al.*, 2014)، قلی‌زاده و همکاران (Gholizadeh *et al.*, 2016)، جهانی و همکاران (Jahani *et al.*, 2016) و دانش‌گیلویی و همکاران (Danesh Gilvaei *et al.*, 2017) انجام شده است. دانش‌گیلویی و همکاران (Danesh Gilvaei *et al.*, 2018) با استفاده از تجزیه خوشه‌ای و بر اساس صفات زراعی، ۱۵۰ رگه جمعیت رگه‌های خویش‌آمیخته برنج F_8 حاصل از تلاقی دو رقم غریب و سپیدرود را در چهار خوشه مجزا گروه‌بندی کردند و جوکارفرد و همکاران (Jokarfard *et al.*, 2023) در ادامه بررسی همین جمعیت، ۱۴۱ رگه F_{11} را به سه گروه بزرگ، طبقه‌بندی کردند. آنها گزارش کردند که تنوع ژنتیکی قابل توجهی بین رگه‌های مورد ارزیابی وجود دارد و گزینش رگه‌های برتر از لحاظ عملکرد و صفات زراعی موفقیت‌آمیز خواهد بود.

BC2F4-11-8-1 و BC3F4-38-13-1 (رگه‌های ۶ و ۳۶) با داشتن بیش‌ترین مقدار عملکرد و ژنوتیپ‌های BC2F4-37-2-3 و BC2F4-37-3-1 (رگه‌های ۳۰ و ۳۱) با کوتاه‌ترین دوره رسیدگی به عنوان ژنوتیپ‌های زودرس در این مطالعه انتخاب شدند که می‌توانند برای معرفی رقم در برنامه‌های به‌نژادی بعدی مورد توجه قرار گیرند.

تشکر و قدردانی

این پژوهش مستخرج از طرح تحقیقاتی با شماره ۲۶۷-۱۲-۰۴-۰۴-۰۱۲-۰۱۰ است که بدینوسیله از حمایت مادی و معنوی سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی و مؤسسه تحقیقات برنج کشور تشکر و قدردانی می‌شود. همچنین نگارندگان بر خود لازم می‌دانند از همکاری‌های صمیمانه دانشگاه گیلان سپاسگزاری نمایند.

نتیجه‌گیری

نتایج مطالعه حاضر نشان داد تعدادی از ژنوتیپ‌های برنج حاصل از تلاقی مستقیم و برگشتی ارقام بومی و اصلاح‌شده، در مقایسه با ارقام شاهد برتری‌های نسبی قابل توجهی نشان دادند که بیانگر بهبود صفات یادشده در این ژنوتیپ‌ها می‌باشد. بر اساس نتایج ژنوتیپ‌های

جدول ۴ - مقایسه میانگین ژنوتیپ‌های برنج از لحاظ صفات مختلف

Table 4 – Mean comparison of rice genotypes for different traits

تعداد کل دانه	تعداد دانه پوک در خوشه	در پر تعداد دانه خوشه	عرض برگ پرچم	یرگ طول پرچم	خوشه طول	پنجه تعداد بوته در	ارتفاع بوته	۵۰ درصد گلدهی	شماره ژنوتیپ
Number of total grains	Number of unfilled grains per panicle	Number of filled grain per panicle	Flag leaf width (cm)	Flag leaf length (cm)	Panicle length (cm)	Number of tillers per plant	Plant height (cm)	Days to 50% flowering	Genotype No
80.86 ^{g-m}	18.2 ^{ij}	62.66 ^{j-n}	1.14 ^a	22.42 ^{m-o}	23.12 ^{j-o}	12.86 ^{e-l}	91.73 ^{rs}	78 ^{qr}	1
93.4 ^{b-g}	23.13 ^{f-h}	70.2 ^{c-l}	1.12 ^{ab}	22.32 ^{m-o}	23.73 ^{h-n}	12.86 ^{e-l}	92.46 ^{rs}	78 ^{qr}	2
84.73 ^{f-m}	9 ^{r-t}	75.73 ^{b-j}	0.92 ^{h-l}	30.68 ^{b-e}	27.28 ^{b-d}	11 ^{kl}	122.4 ^d	84 ^{g-i}	3
67.46 ⁿ	3.86 ^v	63.6 ⁱ⁻ⁿ	0.88 ^{kl}	28.05 ^{e-h}	24.66 ^{e-k}	14 ^{d-j}	90.66 st	82 ^{k-n}	4
91.8 ^{c-h}	9.4 ^{p-t}	82.4 ^{a-d}	0.91 ^{i-l}	28.42 ^{d-h}	26.48 ^{b-e}	12.13 ^{i-l}	97.86 ^{o-r}	85 ^{gh}	5
88.13 ^{d-k}	8.73 ^{r-t}	79.4 ^{b-e}	1.02 ^{c-h}	25.99 ^{h-l}	25.64 ^{c-h}	14.6 ^{c-i}	111.93 ^{e-g}	80.33 ^{n-p}	6
104.13 ^{cb}	9.6 ^{p-s}	94.5 ^a	0.96 ^{e-l}	29.08 ^{d-h}	26.49 ^{b-e}	15.46 ^{cd}	114.06 ^e	79.66 ^{o-q}	7
94.66 ^{b-f}	11.93 ^{l-q}	82.73 ^{a-c}	1.02 ^{b-h}	27.5 ^{f-j}	24.28 ^{f-m}	15.06 ^{c-f}	112.06 ^{e-g}	82 ^{k-n}	8
98.26 ^{b-e}	13.2 ^{l-n}	85.06 ^{ab}	1 ^{d-j}	21.6 ^{no}	24.03 ^{g-m}	14.4 ^{c-i}	102.06 ^{j-p}	82.33 ^{j-m}	9
73.13 ^{mn}	8.93 ^{r-t}	64.2 ^{h-n}	0.94 ^{g-l}	20.64 ^o	22.65 ^{m-o}	20.53 ^a	102.73 ^{j-p}	81.66 ^{k-n}	10
121.53 ^a	47.53 ^c	74 ^{b-k}	1.11 ^{a-c}	27.64 ^{e-i}	23.07 ^{k-o}	13.2 ^{d-k}	104.2 ^{h-o}	78 ^{qr}	11
76 ^{j-n}	10.26 ^{p-r}	65.73 ^{f-n}	0.97 ^{d-l}	29.08 ^{d-g}	25.89 ^{b-g}	14.86 ^{c-f}	101.66 ^{j-p}	77.66 ^r	12
79.66 ^{h-n}	20.53 ^{hi}	59.13 ^{l-o}	0.97 ^{d-l}	24.44 ^{j-n}	23.02 ^{k-o}	15.26 ^{c-e}	103.4 ^{i-p}	81 ^{l-o}	13
76.8 ⁱ⁻ⁿ	9.33 ^{q-t}	67.46 ^{e-m}	0.9 ^{j-l}	31.39 ^{b-d}	25.6 ^{c-h}	13.8 ^{d-j}	100.2 ^{n-q}	80.66 ^{m-o}	14
90.86 ^{d-h}	7.6 ^{s-u}	83.26 ^{a-c}	0.95 ^{f-l}	28.63 ^{d-h}	24.88 ^{e-k}	14.26 ^{d-j}	110.46 ^{e-h}	82.66 ^{i-l}	15
84.93 ^{f-m}	9.53 ^{p-s}	75.4 ^{b-j}	1.02 ^{c-h}	26.29 ^{g-k}	27.77 ^{ab}	11.86 ^{j-l}	107 ^{g-l}	92 ^{cd}	16
86.93 ^{d-l}	34.2 ^d	52.73 ^{n-p}	1.02 ^{b-h}	24.92 ^{i-m}	21.9 ^{n-p}	16.8 ^{bc}	99.33 ^{n-q}	90 ^e	17
88.93 ^{d-j}	11.2 ^{n-r}	77.33 ^{b-h}	0.98 ^{d-k}	27.08 ^{f-j}	24.4 ^{f-m}	13.66 ^{d-j}	104.46 ^{h-n}	83 ^{i-k}	18
94.13 ^{b-f}	18.46 ^{ij}	75.66 ^{b-j}	1.05 ^{a-f}	29.05 ^{c-f}	23.11 ^{j-o}	12.33 ^{g-l}	107.46 ^{f-k}	87 ^f	19
75.66 ^{k-n}	29.13 ^e	46.53 ^{op}	1 ^{d-j}	26.27 ^{g-k}	23.16 ^{i-o}	15.06 ^{c-f}	104.93 ^{h-n}	85.33 ^{f-h}	20
83.46 ^{f-m}	57 ^a	26.46 ^q	1.06 ^{a-e}	27.12 ^{f-j}	20.4 ^p	13.66 ^{d-j}	94.04 ^{q-s}	83 ^{i-k}	21

92.73 ^{b-h}	52.8 ^b	39.86 ^{pq}	1.02 ^{b-h}	27.88 ^{e-i}	21.6 ^{op}	13.93 ^{d-j}	105.26 ^{h-n}	82 ^{k-n}	22
84.73 ^{f-m}	23.33 ^{fg}	61.4 ^{k-n}	1.02 ^{c-h}	24.92 ^{i-m}	22.63 ^{m-o}	13.13 ^{d-l}	84.46 ^t	82 ^{k-n}	23
79.66 ^{h-n}	25.26 ^f	54.4 ^{m-o}	0.9 ^{j-l}	32.2 ^{bc}	23.14 ^{j-o}	18.4 ^{ab}	89.2 st	78.66 ^{p-r}	24
81.93 ^{f-m}	11.33 ^{n-r}	70.6 ^{c-l}	0.98 ^{d-j}	23.07 ^{l-o}	24.82 ^{e-k}	14.8 ^{c-g}	113.6 ^{ef}	96 ^b	25
79.6 ^{h-n}	14.46 ^{kl}	65.13 ^{g-n}	1.01 ^{c-i}	22.17 ^{m-o}	25.19 ^{e-h}	14.26 ^{d-j}	90.73 st	92 ^{cd}	26
81.8 ^{f-m}	17.33 ^j	64.46 ^{h-n}	0.98 ^{d-k}	30.05 ^{c-f}	27.46 ^{a-c}	15.2 ^{c-e}	107.66 ^{f-j}	86 ^{fg}	27
73.8 ^{l-n}	6.8 ^{tu}	67 ^{e-m}	1 ^{d-j}	27.48 ^{f-j}	25.4 ^{d-h}	12.26 ^{h-l}	106.4 ^{g-m}	85 ^{gh}	28
105.26 ^b	10.66 ^{n-r}	94.6 ^a	0.98 ^{d-k}	28.23 ^{e-h}	29.44 ^a	10.66 ^l	109.73 ^{e-i}	93 ^c	29
88.8 ^{d-k}	10.46 ^{o-r}	78.33 ^{b-g}	0.87 ^l	28.27 ^{e-h}	24.66 ^{e-l}	14.4 ^{c-i}	104 ^{i-o}	72 ^s	30
79.86 ^{h-n}	12.93 ^{l-o}	66.93 ^{e-m}	0.87 ^l	27.23 ^{f-j}	23.05 ^{k-o}	13.33 ^{d-k}	101.8 ^{j-p}	71 ^s	31
83.66 ^{f-m}	20.8 ^{g-i}	62.86 ⁱ⁻ⁿ	0.91 ^{i-l}	23.24 ^{k-o}	23.73 ^{h-n}	14.66 ^{c-h}	101.26 ^{k-p}	92 ^{cd}	32
85.2 ^{e-m}	16.06 ^{jk}	69.13 ^{d-l}	1.01 ^{c-i}	27.96 ^{e-i}	25.12 ^{e-i}	14 ^{d-j}	109.6 ^{e-i}	92 ^{cd}	33
88 ^{d-k}	13.26 ^{l-n}	78.85 ^{b-f}	0.91 ^{i-l}	27.94 ^{e-i}	25.22 ^{e-h}	12.93 ^{e-l}	121.33 ^d	93 ^c	34
82.73 ^{f-m}	14 ^{k-m}	68.73 ^{e-l}	0.96 ^{e-l}	27.64 ^{e-i}	25.08 ^{e-j}	13.46 ^{d-k}	112.73 ^{e-g}	91 ^{de}	35
85.4 ^{e-m}	12 ^{l-p}	76.33 ^{b-i}	1.06 ^{a-e}	23.79 ^{k-n}	22.69 ^{l-o}	15.06 ^{c-f}	100.73 ^{l-p}	92 ^{cd}	36
89.53 ^{d-i}	13.2 ^{l-n}	76.33 ^{b-i}	1.14 ^a	28.42 ^{d-h}	23.21 ^{i-o}	14.6 ^{c-i}	97.4 ^{p-r}	84.33 ^{gh}	37
76.13 ^{j-n}	5.66 ^{uv}	70.4 ^{c-l}	0.94 ^{g-l}	29.58 ^{c-f}	26.54 ^{b-e}	12.6 ^{f-l}	138.4 ^c	80.66 ^{m-o}	38
86.06 ^{d-m}	11.66 ^{m-q}	74.4 ^{b-k}	1.07 ^{a-d}	33.16 ^b	25.92 ^{b-g}	15.06 ^{c-f}	154.2 ^b	91 ^{de}	39
98.73 ^{b-d}	14.46 ^{kl}	84.26 ^{ab}	1.03 ^{b-g}	39.42 ^a	26.21 ^{b-f}	13.86 ^{d-j}	168.33 ^a	101 ^a	40

در سطح احتمال ۵ درصد اختلاف معنی دار دارند. اطلاعات ژنوتیپها در جدول ۱ ارائه LSD در هر ستون، میانگینهای با حروف متفاوت، بر اساس آزمون شده است

In each column, means followed by different letters are significantly different by LSD test at 5% level. Genotype information is presented in Table 1.

ادامه جدول ۴ -
Table 4 – Continued

باروری خوشه درصد	بوته در خوشه تعداد	عملکرد دانه	طول ساقه	رسیدگی تا روز	دانه صد وزن	شماره ژنوتیپ
Panicle fertility	Number of panicles per plant	Grain yield (kg. ha-1)	Stem length (cm)	Days to maturity	100 grain weight (gr)	Genotype No
77.43 ^{k-n}	12.86 ^{d-h}	5500 ^{e-h}	68.61 ^{op}	108 ^{qr}	2.8 ^{e-i}	1
74.99 ^{l-n}	12.86 ^{d-h}	5109 ^{h-k}	68.73 ^{op}	108 ^{qr}	3.47 ^a	2
89.32 ^{a-e}	11 ^{gh}	5734 ^{d-g}	95.12 ^d	114 ^{h-j}	2.48 ^{k-o}	3
94.25 ^a	15.33 ^{b-d}	5405 ^{f-i}	66 ^{pq}	112 ^{k-n}	2.88 ^{c-g}	4
89.62 ^{a-e}	12.13 ^{f-h}	5936 ^{cd}	71.38 ^{n-p}	115 ^{gh}	2.98 ^{b-f}	5
90.09 ^{a-d}	15.06 ^{b-e}	6468 ^{ab}	86.29 ^{e-g}	33 ^{n-p}	2.7 ^{g-l}	6
90.71 ^{a-d}	15.46 ^{b-d}	5779 ^{c-f}	87.57 ^{ef}	66 ^{o-q}	2.7 ^{g-l}	7
87.11 ^{b-g}	14.73 ^{b-f}	4876 ^{kl}	87.78 ^{ef}	112 ^{k-n}	2.79 ^{e-i}	8
86.6 ^{b-h}	14.4 ^{b-f}	6194 ^{bc}	78.03 ^{j-m}	33 ^{j-m}	2.35 ^{m-p}	9
87.66 ^{b-g}	20 ^a	5525 ^{d-h}	80 ^{g-l}	66 ^{k-n}	2.15 ^p	10
60.85 ^p	13.2 ^{d-h}	5429 ^{e-i}	81.12 ^{g-k}	108 ^{qr}	2.51 ^{j-o}	11
86.47 ^{c-h}	14.73 ^{b-f}	5434 ^{e-h}	75.77 ^{k-n}	107 ^r	2.51 ^{j-o}	12
74.07 ^{mn}	14.53 ^{b-f}	4369 ^{m-o}	80.37 ^{g-l}	111 ^{l-o}	2.43 ^{l-o}	13
87.65 ^{b-g}	14.8 ^{b-f}	4750 ^{k-m}	74.6 ^{l-o}	66 ^{m-o}	2.45 ^{l-o}	14
91.49 ^{a-c}	14.33 ^{c-f}	4973 ^{j-l}	85.58 ^{e-h}	66 ^{i-l}	2.38 ^{m-p}	15
88.71 ^{a-e}	12.93 ^{d-h}	5852 ^{c-e}	79.22 ^{i-m}	122 ^{cd}	2.69 ^{g-l}	16
60.46 ^p	16.8 ^{bc}	3877 ^{q-s}	77.43 ^{j-n}	120 ^e	3.1 ^{b-d}	17
87.26 ^{b-g}	13.66 ^{d-g}	5813 ^{c-f}	80.06 ^{g-l}	113 ^{i-k}	3.03 ^{b-e}	18
80.2 ^{i-l}	12.33 ^{e-h}	4569 ^{l-n}	84.35 ^{e-i}	117 ^f	2.92 ^{b-g}	19
61.18 ^p	15.06 ^{b-e}	4138 ^{o-r}	81.76 ^{f-k}	33 ^{f-h}	3.14 ^{bc}	20
31.66 ^r	13.66 ^{d-g}	4569 ^{l-n}	73.64 ^{m-o}	112 ^{k-n}	3.16 ^b	21

42.32 ^q	14.6 ^{b-f}	3176 ^t	83.66 ^{e-j}	112 ^{k-n}	2.66 ^{g-l}	22
72.36 ^{no}	13.4 ^{d-h}	4870 ^{kl}	61.83 ^q	112 ^{i-k}	2.73 ^{f-k}	23
68.06 ^o	17.2 ^{ab}	4435 ^{m-o}	66.06 ^{pq}	66 ^{p-r}	2.35 ^{m-p}	24
86.2 ^{c-h}	14.4 ^{b-f}	5104 ^{h-k}	88.78 ^e	126 ^b	2.77 ^{e-j}	25
81.79 ^{g-k}	14 ^{c-f}	5852 ^{c-e}	65.54 ^{pq}	122 ^{cd}	2.84 ^{d-h}	26
78.72 ^{j-m}	15.2 ^{b-d}	5571 ^{d-g}	80.17 ^{g-l}	116 ^{fg}	2.25 ^{op}	27
90.73 ^{a-d}	12.26 ^{e-h}	5104 ^{h-k}	81 ^{g-k}	115 ^{gh}	2.83 ^{e-i}	28
89.91 ^{a-d}	10.66 ^h	5751 ^{d-g}	80.29 ^{g-l}	123 ^c	2.74 ^{f-k}	29
88.1 ^{b-f}	14.4 ^{b-f}	4281.3 ^{n-q}	79.34 ^{h-m}	102 ^s	2.8 ^{e-i}	30
83.74 ^{e-j}	13.6 ^{d-g}	4331.7 ^{m-p}	78.74 ^{i-m}	101 ^s	2.82 ^{e-i}	31
74.74 ^{l-n}	14.66 ^{b-f}	5010 ^{i-k}	77.53 ^{j-n}	122 ^{cd}	2.57 ⁱ⁻ⁿ	32
81.08 ^k	14 ^{c-f}	5332 ^{g-j}	84.48 ^{E-i}	122 ^{cd}	2.6 ^{h-m}	33
89.41 ^{a-e}	12.93 ^{d-h}	5599 ^{d-g}	96.11 ^d	121 ^{de}	2.68 ^{g-l}	34
82.66 ^{f-k}	13.06 ^{d-h}	5663 ^{d-g}	87.65 ^{ef}	122 ^{cd}	2.79 ^{e-i}	35
90.52 ^{a-d}	15.06 ^{b-e}	6689 ^a	78.04 ^{j-m}	123 ^c	2.8 ^{e-i}	36
85.23 ^{d-i}	14.6 ^{b-f}	3537 st	74.18 ^{l-o}	33 ^{g-i}	2.48 ^{k-o}	37
92.54 ^{ab}	12.86 ^{d-h}	4310 ^{n-p}	111.85 ^c	66 ^{m-o}	2.76 ^{f-j}	38
86.45 ^{c-h}	15.06 ^{b-e}	3921.7 ^{p-s}	128.27 ^b	115 ^{gh}	2.33 ^{n-p}	39
85.29 ^{d-i}	13.86 ^{d-f}	3766.3 ^{rs}	141.92 ^a	130 ^a	2.61 ^{h-m}	40

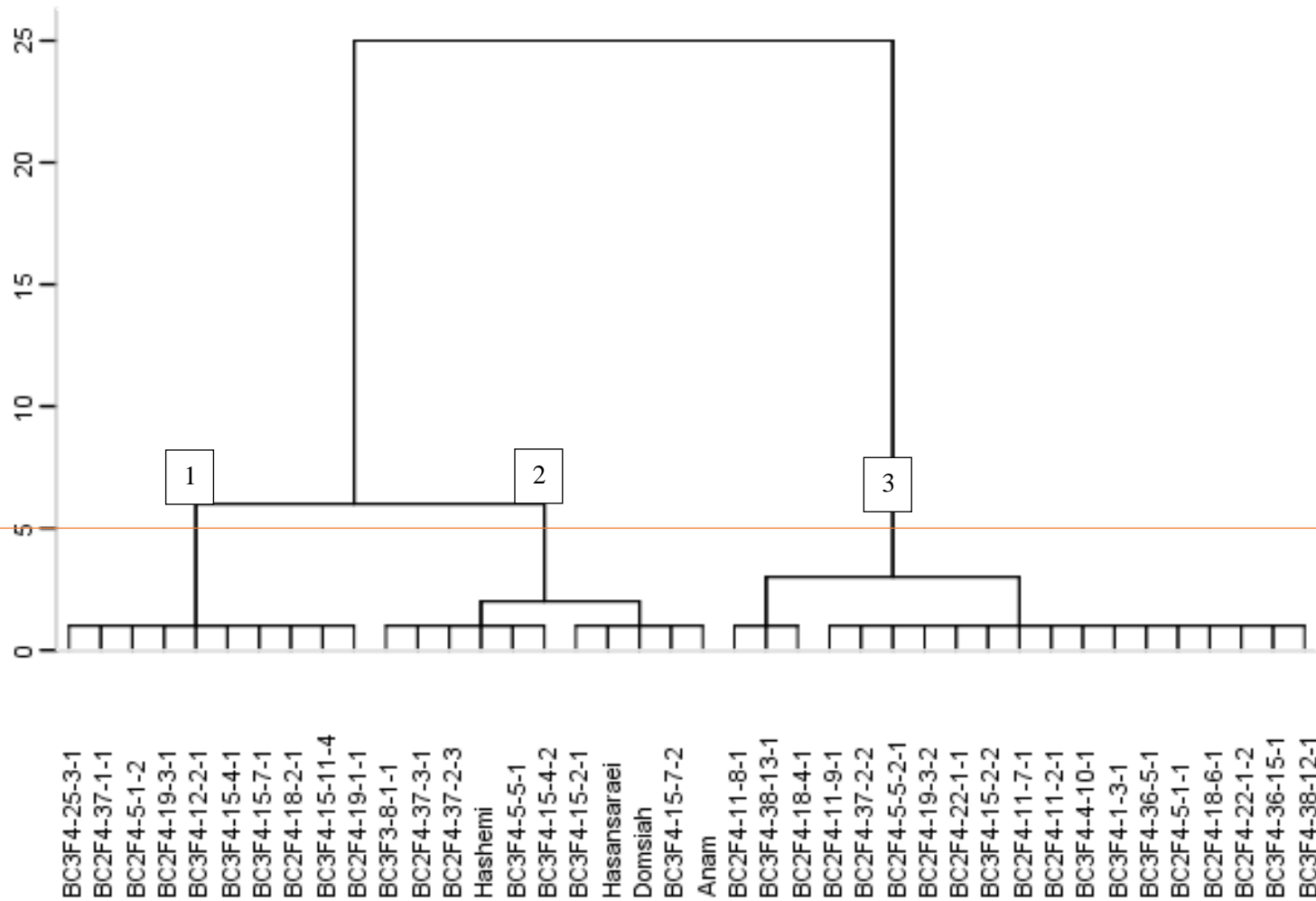
در سطح احتمال ۵ درصد اختلاف معنی‌دار دارند. اطلاعات ژنوتیپ‌ها در جدول ۱ ارائه LSD در هر ستون، میانگین‌های با حروف متفاوت، بر اساس آزمون شده است

In each column, means followed by different letters are significantly different by LSD test at 5% level. Genotype information is presented in Table 1.

خوشه ای تجزیه از حاصل گروه های کل صفات میانگین از انحراف و میانگین - ۵ جدول

Table 5. Average and deviation from the average of all attributes of the groups resulting from cluster analysis

صفت	میانگین ± خطای استاندارد			میانگین کل	درصد انحراف از میانگین کل		
	خوشه ۱	خوشه ۲	خوشه ۳		خوشه ۱	خوشه ۲	خوشه ۳
Trait	Cluster 1	Cluster 2	Cluster 3	Total mean	Cluster 1	Cluster 2	Cluster 3
۵۰ درصد گلدهی Days to 50% flowering	84.83±5.47	83.36±8.58	85.40±5.74	84.70±6.46	0.16	-1.58	0.83
ارتفاع بوته Plant height	102.24±9.56	115.11±26.03	105.43±9.10	107.30±16.08	-4.71	7.28	-1.74
بوته در پنجه تعداد Number of tillers per plant	13.68±1.02	14.85±1.62	13.90±2.11	14.11±1.78	-3.02	5.27	-1.46
خوشه طول Panicle length (cm)	23.86±1.55	23.86±1.71	25.35±1.85	24.57±1.86	-2.88	-2.88	3.18
پرچم برگ طول Flag leaf length (cm)	26.47±2.97	29.25±4.31	26.57±2.99	27.28±3.53	-2.98	7.21	-2.61
عرض برگ پرچم Flag leaf width (cm)	1.00±0.07	0.98±0.08	0.99±0.07	0.99±0.07	1.04	-0.99	0.03
خوشه در پر تعداد دانه Number of filled grain per panicle	66.76±15.99	63.94±14.34	74.59±9.80	69.70±13.39	-4.22	-8.27	7.01
تعداد دانه پوک در خوشه Number of unfilled grains per panicle	18.97±14.77	20.94±13.68	13.54±8.92	16.93±12.10	12.03	23.67	-20.04
تعداد کل دانه Number of total grains	85.74±7.32	84.89±7.33	87.78±12.50	86.48±10.00	-0.85	-1.83	1.51
تعداد خوشه‌چه در خوشه Number of spikelets Per panicle	9.66±0.44	9.81±0.54	9.45±0.38	9.60±0.46	0.61	2.17	-1.58
دانه هزار وزن 100 grain weight (gr)	2.81±0.33	2.68±0.28	2.66±0.23	2.70±0.27	3.96	-0.85	-1.59
رسیدگی تا روز Days to maturity	114.73±5.51	112.73±8.02	115.37±5.79	114.48±6.34	0.21	-1.53	0.77
طول ساقه Stem length (cm)	78.38±8.79	91.23±24.58	80.08±8.50	82.72±15.32	-5.25	10.29	-3.19
عملکرد دانه Grain yield (kg.ha-1)	4893.40±207.37	4013.00±399.63	5764.53±359.24	5065.08±817.64	-3.39	-20.77	13.81
بوته در خوشه تعداد Number of panicles per plant	13.74±0.99	14.78±1.28	13.98±2.02	14.14±1.64	-2.83	4.53	-1.13
باروری خوشه درصد Panicle fertility percentage	77.71±17.61	75.22±15.54	85.42±7.44	80.69±13.44	-3.69	-6.78	5.87
اعضای گروه ۱ Group members 1	BC3F4-25-3-1, BC2F4-37-1-1, BC2F4-5-1-2, BC2F4-19-3-1, BC3F4-12-2-1, BC3F4-15-4-1, BC3F4-15-7-1, BC2F4-18-2-1, BC3F4-15-11-4, BC2F4-19-1-1						
اعضای گروه ۲ Group members 2	Anam, Hashemi, Hasansaraei, Domsiah, BC3F3-8-1-1, BC2F4-37-3-1, BC2F4-37-2-3, BC3F4-5-5-1, BC3F4-15-4-2, BC3F4-15-2-1, BC3F4-15-7-2						
اعضای گروه ۳ Group members 3	BC2F4-11-8-1, BC3F4-38-13-1, BC2F4-18-4-1, BC2F4-11-9-1, BC2F4-37-2-2, BC2F4-5-5-2-1, BC2F4-19-3-2, BC2F4-22-1-1, BC3F4-15-2-2, BC2F4-11-7-1, BC2F4-11-2-1, BC3F4-4-10-1, BC3F4-1-3-1, BC3F4-36-5-1, BC2F4-5-1-1, BC2F4-18-6-1, BC2F4-22-1-2, BC3F4-36-15-1, BC3F4-38-12-1						



بندی ژنوتیپ برنج " جهت گروه Ward ای به روش حداقل واریانس " شکل ۱ - دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه

Figure 1. Dendrogram resulting from cluster analysis using minimum variance "Ward" method to group rice genotype

References

- Abdi, F., Atarodi Kashani, Z., Mirmiran, P., & Estaki, T. 2016. A review of nutritional status in Iranian population. *Journal of Fasa University of Medical Sciences*, 5(2), 159-167. <https://doi.org/10.20286/focsci-020332>. (In Persian).
- Allahgholipour, M., Kavooosi, M., Majidi, F., Yazdani, M., Sharafi, N., & Shafieisabet, H. 2019. Gilaneh, a New Rice Cultivar with Origin of Iranian Landrace Varieties. *Research Achievements for Field and Horticulture Crops*, 7(2), 277-289. doi: 10.22092/rafhc.2019.107933.1045 (In Persian).
- Allahgholipour, M., & Hosseini Chaleshtori, M. 2019. Anam, new variety of rice, publication number 40 Country Rice Research Institute, Frost 56352 – 7/27/98, 12 pages. (In Persian).
- Davies, W. P. 2003. An historical perspective from the green revolution to the gene revolution. *Nutr. Rev.*, 61(6), 124-134. <https://doi.org/10.1301/nr.2003.jun.S124-S134>.
- Danesh Gilevaei, M., Samizadeh Lahiji, H. & Rabiei. B. 2017. Relationship between grain yield and its components and grouping of rice (*Oryza sativa* L.) recombinant inbred lines. *Iranian Journal of Crop Sciences*. 18(3):257 -272. [20.1001.1.15625540.1395.18.3.6.9](https://doi.org/10.1001.1.15625540.1395.18.3.6.9). (In Persian).
- Danesh Gilevaei, M., Samizadeh Lahiji, H. & Rabiei. B. 2018. Grouping of rice (*Oryza sativa* L.) lines based on multivariate analysis under drought stress condition. *Iran. J. Field Crop Sci.* 48(4), 1027-1039. <https://doi.org/10.22059/IJFCS.2017.217039.654188>. (In Persian).
- Ebadi, A.A., Mohaddisi, A., Kavousi, M., Mohammadi, M., Halajian, M.T. & Bagheri, M.M. 2021. Kian, the new drought-tolerant rice cultivar induced by mutation in local varieties. *Baztab TAT*, 4(14), 8-9 (In Persian).
- Ebadi, A.A., Allahgholipour, M. & Hosseini. M. 2003. Path analysis for yield and some important agronomic traits in the two groups of landraces and improved cultivars of rice. *Proceedings of the 7th Iranian agronomy and Plant Breeding Congress, Karaj, Iran.* (In Persian).
- Erfani Moghadam, R., Mohaddisi, A., Nasiri, M., Nouri, M.Z., & Mohammadian, M. 2018. Introduction A high-yielding and high-quality new variety of rice with the proposed name Tisa, Report on the introduction of a new variety of rice. *Publications of the Rice Research Institute of Iran*, 37 pages. (In Persian).
- Falconer, D.S. & Mackay. T.F.C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th Ed. Addison Wesley Longman, Harlow, Essex, UK.
- FAO (Food and Agriculture Organization). 2021. *Statistics: FAOSTAT agriculture*. <http://fao.org/crop/statistics>.
- Garris, A. J., Tai, T. H., Coburn, J., Kresovich, S. & McCouch, S. 2005. Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. *Genetics* 169, 1631-1638. <https://doi.org/10.1534/genetics.104.035642>.
- Gholizadeh, A., Nematzade, G. Oladi M. & Afkhami. A. 2016. Evaluation of green super rice whit high yield and good characteristics. *Appl. Field Crops Res.* 29(1), 54-60. <https://doi.org/10.22092/AJ.2016.109329>. (In Persian).
- Ghorbani, H.R., Samizadeh Lahiji, H.A., Rabiei, B. and Allahgholipour, M., 2011. Grouping different rice genotypes using factor and cluster analyses. *Journal of Agricultural Science and Sustainable Production*, 21(3), 89-111.
- Anonymous, Introducing four new varieties of rice for the 1403 crop season. Retrieved July 23, 2024. From <https://berenj.areeo.ac.ir/fa>
- Hardgrove, T. & Coffman, R. 2006. Breeding history. *Rice Today*, 5(4), 35-39.

- Hosseini Chaleshtori, M., Rahim Soroush, H. Allahgholipour, M. Nahvi, M. Ghodsi M. & Abadi, A.A. 2014. Introducing of two rice pure line with good grain quality of (Khazar/Domsiah). The first International Congress and the 13th Iranian Crop Science and Plant Breeding Congress and 3rd Iranian Seed Science and Technology conference, Seedling and Seed Breeding Research Institute, 4-6 Shahrivar, Karaj, Iran. (In Persian).
- IRRI. Standard Evaluation System for Rice. 2013. 5th ed. International Rice Research Institute: Los Baños, Philippines, 55p.
- Jahani, M., Nematzadeh G. & Mohammadi-Nejad. G. 2016. Assessment of genetic diversity through morphologic characteristics in rice genotypes. *J. Crop Prod.* 9(1), 181-198. <https://doi.org/10.22069/EJCP.2016.2963>. (In Persian).
- Jokarfard, V., Rabiei, B., & Sourilaki, E. 2023. Assessment of genetic variation among F11 generation recombinant inbred lines and identification of rice (*Oryza sativa* L.) promising lines. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 25(1), 55-70. <http://agrobreedjournal.ir/article-1-1291-fa.html>
- Khush, G. S., 2005. What it will take to feed 5.0 billion rice consumers in 2030. *Plant Molecular Biology* 59, 1-6.
- Lanceras, J.C., Griengrai, P., Boonrat, J., & Theerayut, T. 2004. Quantitative trait loci associated with drought tolerance at reproductive stage in rice. *Plant Physiology* 1, 384-399. <https://doi.org/10.1104/pp.103.035527>.
- Lazaridi, E., Kapazoglou, A., Gerakari, M., Kleftogianni, K., Passa, K., Sarri, E., Papatiroopoulos, V., Tani, E. & Bebeli, P.J., 2024. Crop landraces and indigenous varieties: A valuable source of genes for plant breeding. *Plants*, 13(6), p.758. <https://doi.org/10.3390/plants13060758>
- Li, Z., Chen, Y., Zhou, Q., Ma, S. & Wang, S. 2017. Preliminary comparison on characteristics and quality of direct seeding rice in yinbei irrigation areas of Ningxia. *Journal of Crops*, 33(4), 38-43. <https://doi.org/10.16035/j.issn.1001-7283.2017.04.007>.
- Little RR, Hilder GB, & Dawson EH. 1958. Differential effect of dilute alkali on 25 varieties of milled white rice. *Cercal Chemistry* 35, 111-126.
- Mohidem, N.A., Hashim, N., Shamsudin, R., & Che Man, H. 2022. Rice for food security: Revisiting its production, diversity, rice milling process and nutrient content. *Agriculture*, 12 (741), 1-28. <https://doi.org/10.3390/agriculture12060741>.
- Momeni, A., Amoaqali Tabari, M., Khosravi, V., Hosseini Emimi, S.S., Mohammadian, M. Asadi, R. & Khazaei, L. 2020. Tolo, an early mature, dwarf, blast resistant and good cooking quality new rice cultivar. *Research Achievements for Field and Horticulture Crops*. 11(2) :81-95. (In Persian).
- Momeni, A., Tabari Amooghli, M., Khosravi, V., Abadian, H., & Mohammadian, M. 2021. Helal, a new improved variety of early, short and quality rice, analytical scientific report. Publications of the Rice Research Institute of Iran, 41 pages (In Persian).
- Momeni, A., Amooghli Tabari, M., Alamian, F., Abedi Firouzjah, K., Farahmandkanari, S.S., & Khormani, P. 2022. Evaluation of two promising rice lines AHS and DAH in farmers' fields of Mazandaran province. Publications of the Rice Research Institute of Iran, 19 pages. (In Persian).
- Nematzadeh, G., Oladi, M. Kiani G. & Hajipour. A. 2011. Release of New Rice Variety "Ghaem" Via Classical Method. *J Crop Breed.* 3(7), 42-52. <http://jcb.sanru.ac.ir/article-1-103-en.html> (In Persian).
- Nabipour, A.L., & Norouzi. M. 2019. Genetic diversity of agricultural traits in advanced breeding lines of rice (*Oryza sativa*). *Agricultural Plant Breeding Journal*, 11(30), 178-187. <https://doi.org/10.29252/jcb.11.30.178>. (In Persian).
- Oladosu, Y., Rafii, M.Y., Abdullah, N., Abdul Malek, M., Rahim, H.A., Hussin, G., Abdul Latif, M. & Kareem, I. 2014. Genetic variability and selection criteria in rice mutant lines as revealed by

- quantitative traits. *The Scientific World Journal*, 2014(1), p.190531. <http://dx.doi.org/10.1155/2014/190531>
- Pishnamazzadeh Emami, M., Ebadi, A. Mohebalipour, N. Nourafcan H. & Ajali. J. 2020. Grouping rice recombinant inbred lines using cluster and principal component analysis methods. *Cereal Res.* 10(1): 1-17. (In Persian). <https://doi.org/10.22124/CR.2020.16522.1602>
- Rahman, M.M., Hussain, A., Syed, M.A., Ansari, A. & Mahmud, M.A.A. 2011. Comparison among clustering in multivariate analysis of rice using morphological traits, physiological traits and simple sequence repeat markers. *American-Eurasian Journal of Agriculture and Environmental Science*, 11(6), 876-882.
- Rahimzoroush, H., Eshraghi, A. Mohammadsalehi, M. S. Nahvi, M. Allahgholipour, M. Erfani, A. R. Tarang, A. R. Mohaddesi, A. Padasht, F. Eghlidi, A. Loghmani, M. Sheykhhosseinian, A. H. Mehrgan H. & Neyazi. N. 2007. Introduction of new high yielding rice cultivar with good grain quality, Kadous. *Seed and Plant Journal* 22 (4), 559-562. (In Persian).
- Seeli, F. P., Manoharan, M., Ayyenar, B., Kambale, R., Mohanavel, V., Rajagopalan, V. R., Rajagopalan, V.R. Manickam, S. Muthurajan R. & Swaminathan. M. 2024. Genetic Improvement of Drought Tolerance in a Mega-Rice Variety Improved White Ponni through Marker-Assisted Backcross Breeding. *Agriculture*. 14(3):431. <https://doi.org/10.3390/agriculture14030431>
- Sharifi, P. 2020. Evolution, domestication, breeding methods and the latest breeding findings in rice. *Agricultural and Natural Resources Engineering Organization of IRAN*, 254 p. (In Persian).
- Tanveer, U.H., Javaid, A., Shafaqat, N. & Ahmad, A. 2009. Morpho-Physiological response of rice (*Oryza sativa* L.) varieties to salinity stress. *Journal of Botany*, 41(6): 2943-2956.
- Yazdani, M., Kochak, M. & Bagheri. H. 2014. Segregating rice genotypes by cluster analysis procedure at different salt stress condition. *Adv. Environ. Biol.* 8(10), 383-387.
- Zhang, G., Zhang, J., Xu, L., Zhou, Y., Hou, P., Yang, F., Li, W., Liu, Z., Ding, Y. & Li, G. 2022. Study on the nutrient optimal management strategy of high and stable annual yield in the rice-wheat system: A 10-year term experiment. *Agronomy*, 12(698), 1-17. <https://doi.org/10.3390/agronomy12030698>