

مطالعه صفات زراعی و گیاه شناسی با استفاده از روش های آماری چند متغیره در ژنوتیپهای سویا (*Glycine max* L.)

Evaluation of agronomy and botanical traits using multivariate statistical methods in Soybean (*Glycine max* L.) genotypes

Hamid reza babaei*

۱. استادیار پژوهش در بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مشهد، ایران، (نگارنده مسئول)

تاریخ دریافت: ۹۷/۰۸/۱۵ تاریخ پذیرش: ۹۹/۰۱/۳۱ - شناسانه برنمود رقمی: 10.22092/aj.2019.124022.1362

چکیده

بابائی، ح. ر.، مطالعه صفات زراعی و گیاه شناسی با استفاده از روش های آماری چندمتغیره در ژنوتیپهای سویا (*Glycine max* L.)
نشریه پژوهش های کاربردی زراعی دوره ۳۳ - شماره ۱- پیاپی ۱۲۶ بهار ۱۳۹۹ صفحه: ۲۲-۰۱

سویا (*Glycine max* L.) یکی از گیاهان روغنی مهم در دنیا است که سهم عمده ای در تامین روغن و پروتئین خوراکی انسان و دام دارد. این پژوهش با هدف بررسی تنوع ژنتیکی ژرم بلاسم داخلی سویا در سال ۱۳۹۲ در کرج انجام گردید. بدین منظور زمین آزمایشی با انجام عملیات معمول زراعی آماده و ۳۵۴ ژنوتیپ در قالب یک طرح آشیانه ای به هفت گروه شامل چهار گروه ۵۱ تایی و سه گروه ۵۰ تایی تقسیم و بذر هر ژنوتیپ در دو ردیف سه متری با دو تکرار در مزرعه کشت گردید. در طول فصل رشد و زمان برداشت ژنوتیپها از نظر خصوصیات زراعی، مورفولوژیکی و فنولوژیکی ارزیابی شدند. تجزیه واریانس براساس طرح آشیانه ای نشان داد که بین گروه های ژنوتیپی از حیث کلیه صفات مورد بررسی و بین ژنوتیپهای داخل گروه از حیث صفات عملکردی، طول دوره پر شدن دانه و تعداد روز تا گلدهی اختلاف معنی دار وجود دارد. بیشترین ضریب تنوع صفات برای عادت رشدی (۵۵٪)، عملکرد دانه (۴۰٪)، بدست آمد. دامنه تغییرات صفات عملکرد دانه ۲۵/۷ - ۲/۱ گرم، طول دوره رشد ۱۲۶ - ۸۶ روز، و وزن صد دانه ۲۴/۷ - ۶/۸ گرم بود. تجزیه کلاستر ژنوتیپها را در چهار کلاستر قرار داد که اغلب ژنوتیپها در کلاستر ۱ دیررس و رشد نامحدود، در کلاستر ۲ رشد محدود با دوره رشد متوسط، در کلاستر ۳ پرمحصول و زودرس و در کلاستر ۴ اغلب کم ارتفاع و کم محصول، رشد نیمه محدود بودند. الگوی پراکنش ژنوتیپها توسط نمودار دو مولفه صفات فنولوژیکی (PC1) و مولفه عملکردی (PC2) تطابق خوبی با نتایج تجزیه خوشه ای داشت.

واژه های کلیدی: عملکرد، اجزاء عملکرد، مراحل رشد زایشی، تجزیه خوشه ای و تجزیه به مولفه های اصلی.

مقدمه :

(Masoudi *et al.*, 2014) خصوصیات زراعی و مورفولوژیکی ۳۶۴ ژنوتیپ سویا از گروه های رسیدن (VI-۰۰) از تیپ های رشدی مختلف را ارزیابی نمود. نتایج بیانگر تنوع فنوتیپی بالای صفات مورد بررسی بود. تجزیه خوشه ای بر اساس عملکرد و اجزای آن، ژنوتیپ ها را در سه گروه قرار داد. توابع تشخیص حاصل از این سه گروه در حدود ۱۰۰٪ از واریانس بین ژنوتیپ ها را تبیین کردند که تعداد دانه در بوته، عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک مهم ترین صفات برای تشخیص این گروه ها بودند. (Danaei, 1998) ۴۰۰ ژنوتیپ از ژرم پلاسم داخلی و خارجی سویا را از حیث صفات زراعی و گیاه شناسی مورد ارزیابی قرار داد. تجزیه خوشه ای به روش UPGMA بر اساس کلیه صفات مورد بررسی ژنوتیپ ها را در ۱۰ گروه و بر اساس صفات مراحل رشدی گیاه در هفت گروه قرار داد. (Li *et al.* 1998) در یک بررسی ۱۸ صفت زراعی، عملکرد و اجزاء عملکرد ۸۹ رقم سویا را مورد ارزیابی قرار داده و با استفاده از تجزیه به مؤلفه های اصلی نشان دادند که ۶ مؤلفه ۸۸ درصد از کل واریانس داده ها را توجیه می کنند. (Park *et al.*, 2000) برای تعیین خصوصیات زراعی موثر در عملکرد در سویا با استفاده از تجزیه به مؤلفه های اصلی نشان دادند که تعداد غلاف در بوته در مرحله شروع دانه بندی اولین مؤلفه موثر بر روی عملکرد دانه می باشد که با تجمع ماده خشک در مراحل اولیه رشد زایشی نیز همبستگی دارد. در حالی که مؤلفه دوم شامل تعداد دانه در غلاف و شاخص برداشت و مؤلفه سوم مربوط به وزن صد دانه بود.

کشاورزی متداول در طی قرون متمادی باعث کاهش تنوع در گیاهان زراعی شده است از حدود ۳۰۰۰ گونه گیاهی خوراکی شناسایی شده تنها ۳۰ گونه منابع عمده تغذیه مردم جهان را تشکیل می دهند. علاوه بر کاهش تنوع بین گونه ای در گیاهان، اصلاح گیاهان زراعی از طریق ایجاد جمعیت ها و ارقام سازگار، انتخاب ژنوتیپ های برتر و ایجاد ارقام محلی یکنواخت نیز موجب کاهش تنوع درون گونه ای شده است (Houssman *et al.*, 2004). کاهش تنوع بین و درون گونه ای در گیاهان زراعی خطر شیوع بیماری ها و آفات را افزایش داده است. ایجاد مقاومت در گیاهان زراعی در برابر آفات، بیماریها و تنش های محیطی بستگی زیادی به تنوع ژنتیکی دارد. سویا (*Glycine max* L.) یکی از منابع عمده روغن و پروتئین گیاهی در دنیا محسوب می شود که دارای ۱۸-۲۳ درصد روغن و ۳۰-۴۰ درصد پروتئین است (Smith and Huyser, 1987). سویا همچنین مهم ترین لگوم دانه ای جهان بشمار می رود که در میان گیاهان روغنی رتبه اول را از نظر تولید و سطح زیر کشت به خود اختصاص داده (FAO, 2017). عوامل مختلفی مانند حساسیت به آفات، بیماریها و تنش های مختلف محیطی و غیره باعث محدود شدن عملکرد دانه در سویا شده است. برای غلبه بر این محدودیت ها لازم است منابع ژنتیکی مختلف ارزیابی و صفات مطلوب در آنها شناسایی شوند تا بتوان از آنها جهت اصلاح سویا بهره برد (Moe & Girdthai, 2013).

GP 499 به دلیل صفات مطلوب زراعی انتخاب شدند و ژنوتیپ GP 499 به عنوان ژنوتیپ ممتاز از نظر بسیاری از صفات زراعی از جمله عملکرد دانه، تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در بوته، ارتفاع بوته و تعداد گره در ساقه، وزن صد دانه، شاخص برداشت و زمان رسیدن شناسائی شد. پژوهش حاضر با هدف ارزیابی خصوصیات مهم زراعی و گیاهشناسی و گروه بندی ۳۵۴ ژنوتیپ از ژرم پلاسما سویا موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج بر اساس برخی صفات موثر در اصلاح عملکرد دانه انجام گردیده است.

روش تحقیق

به منظور ارزیابی خصوصیات مهم زراعی، مرفولوژیکی و فنولوژیکی و گروه بندی ۳۵۴ ژنوتیپ از ژرم پلاسما داخلی سویا موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج این پژوهش در سال ۱۳۹۲ در مزرعه تحقیقاتی موسسه انجام گردید. در ابتدا زمین آزمایشی با انجام عملیات زراعی معمول (شخم، دو بار دیسک، کوددهی و ایجاد ردیف‌های ۶۰ سانتی متری) آماده گردید. سپس ۳۵۴ ژنوتیپ در قالب یک طرح آشیانه‌ای به هفت گروه شامل چهار گروه ۵۱ تایی و سه گروه ۵۰ تایی تقسیم و بذر هر ژنوتیپ در دو ردیف سه متری با دو تکرار در مزرعه کشت گردید. پس از سبز شدن، تراکم بوته بر اساس ۲۰ بوته در متر مربع تنک گردید. در طول فصل رشد از خصوصیات مهم فنولوژیکی شامل تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا غلاف‌بندی، تعداد روز تا شروع پرشدن دانه، تعداد روز تا پرشدن کامل دانه،

(Mahbob et al, 2015) در بررسی ۲۸ ژنوتیپ سویا از گروه‌های مختلف رسیدن بیشترین ضرایب تغییرات فنوتیپی را به ترتیب برای صفات عملکرد دانه (۳۳٪)، تعداد شاخه جانبی (۳۱٪)، ارتفاع بوته (۲۷٪)، تعداد غلاف در بوته (۲۵٪) و بیشترین ضریب پیشرفت ژنتیکی را به ترتیب برای عملکرد دانه (۶۴٪)، تعداد شاخه جانبی (۵۹٪)، ارتفاع بوته (۵۵٪) و تعداد دانه در بوته (۵۱٪) گزارش کردند. تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌ها را در پنج گروه قرار داد. (Habtegebriel, 2018) به منظور بررسی تنوع ژنتیکی ۲۴ ژنوتیپ سویا با مبدا متفاوت، ۱۸ خصوصیت زراعی و مرفولوژیکی را مورد ارزیابی قرار داد. تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌ها در هفت گروه قرار داد. تجزیه علیت نشان داد که صفات تعداد روز تا رسیدن کامل، ارتفاع بوته و تعداد گره در ساقه اصلی، تعداد غلاف در بوته و دانه در بوته، وزن بیوماس و وزن صد دانه اثر مثبت مستقیم بر روی عملکرد داشته‌اند. (Joshi et al, 2018) با هدف مطالعه تنوع ژنتیکی ژرم پلاسما سویا بانک ژن گیاهی (NBPGR) و انتخاب ژنوتیپ‌های با ارزش جهت برنامه‌های به نژادی، ۱۲۰ ژنوتیپ از کشورهای مختلف را از نظر خصوصیات زراعی و مرفولوژیکی مورد ارزیابی قرار داد. تجزیه کلاستر به روش سلسه مراتبی ژنوتیپ‌ها را در نه گروه قرار داد. الگوی پراکنش ژنوتیپ‌ها در کلاسترها نشان داد که تنوع ژنتیکی تطابق خوبی با تنوع جغرافیائی ندارد. در این بررسی برخی ژنوتیپ‌ها از جمله CAT 2891، CAT 2809، CAT 165، CAT 2824، JS 20-80، CAT 1788، JS 2430 و

۰/۵ برای رشد نیمه محدود و صفر (۰) برای رشد محدود منظور گردید. برای اندازه گیری ارتفاع بوته میانگین ارتفاع پنج بوته نرمال از محل طوقه تا انتهای بوته در زمان رسیدن، برای تعداد گره در ساقه میانگین تعداد گره در ساقه اصلی پنج بوته نرمال در زمان رسیدن، برای تعداد غلاف در بوته میانگین تعداد غلاف ها در پنج بوته نرمال در زمان رسیدن، برای تعداد شاخه فرعی میانگین تعداد شاخه های فرعی در پنج بوته نرمال در زمان رسیدن محاسبه و ثبت شد. برای تعیین تعداد دانه در بوته میانگین تعداد دانه در پنج بوته نرمال و برای تعداد دانه در غلاف میانگین تعداد دانه در غلاف پنج بوته نرمال در زمان رسیدن محاسبه و ثبت گردید. برای تعیین عملکرد دانه تک بوته پس از برداشت محصول بر اساس میانگین وزن دانه پنج بوته نرمال و وزن صد دانه پس از شمارش صد دانه سالم توسط دستگاه بذر شمار و توزین آن تعیین گردید. پس از اندازه گیری و جمع آوری کلیه صفات، تجزیه واریانس بر روی داده های مربوطه توسط نرم افزار SAS براساس موازین طرح آشیانه ای انجام گردید. جهت بررسی تنوع ژنتیکی نیز میانگین دو تکرار برای هر ژنوتیپ محاسبه و پس از استاندارد نمودن داده ها برای گروه بندی ژنوتیپ ها از تجزیه خوشه ای به روش سلسله مراتبی وارد^۱ توسط نرم افزار SPSS استفاده شد. پس از گروه بندی ژنوتیپ ها میانگین، حداقل، حداکثر و ضریب تغییرات یا تنوع بر اساس رابطه (۱) برای هر گروه و کل ژنوتیپ ها محاسبه و با یکدیگر مقایسه گردید.

تعداد روز تا شروع رسیدن، تعداد روز تا رسیدن کامل، طول دوره پرشدن دانه و عادت رشد گیاه یادداشت برداری شد. صفات فنولوژیکی به روش ذیل یادداشت برداری و ثبت گردید:

برای روز تا شروع گلدهی با شمارش تعداد روز از اولین آبیاری تا شروع گلدهی در ۷۵٪ بوته ها، برای روز تا شروع غلافدهی با شمارش تعداد روز از اولین آبیاری تا تشکیل غلاف پنج میلی متری در ۷۵٪ بوته ها، برای روز تا شروع پرشدن دانه با شمارش تعداد روز از اولین آبیاری تا تشکیل دانه سه میلی متری در ۷۵٪ بوته ها، برای طول دوره پر شدن دانه با شمارش تعداد روز از شروع تا پایان دوره پر شدن دانه، برای روز تا پرشدن کامل دانه با شمارش تعداد روز از اولین آبیاری تا پرشدن کامل غلاف ها در ۷۵٪ بوته ها، برای تعداد روز تا شروع رسیدن با شمارش تعداد روز از اولین آبیاری تا تغییر رنگ غلاف ها در ۷۵٪ بوته ها، برای روز تا رسیدن کامل با شمارش تعداد روز از اولین آبیاری تا رسیدن کامل در ۹۰٪ بوته ها و برای شاخص دوره زایشی بر اساس نسبت طول دوره زایشی به کل دوره رشد بدست آمد. در این بررسی عادت رشد براساس سه تیپ رشدی بشرح ذیل ارزیابی شد: ۱ - تیپ رشد نامحدود که رشد رویشی گیاه پس از شروع رشد زایشی تا مرحله رسیدن ادامه دارد. ۲ - تیپ رشد نیمه محدود که رشد رویشی گیاه پس از شروع رشد زایشی با روند کندی تا زمان رسیدن گیاه ادامه می یابد و ۳ - تیپ رشد نامحدود که رشد رویشی گیاه پس از شروع رشد زایشی کاملاً متوقف می شود. برای تجزیه آماری نیز عدد ۱ برای رشد نامحدود،

تغییرات تعداد غلاف در بوته به عنوان یکی از اجزا مهم عملکرد از ۱۱/۹ تا ۱۰۳/۲ متغیر بود. دامنه تغییرات وزن صد دانه به عنوان یکی دیگر از اجزا مهم عملکرد از ۶/۴ تا ۲۴/۷ گرم متغیر بود. دامنه تغییرات عملکرد دانه از حداقل ۲/۱ تا حداکثر ۲۴/۷ گرم در بوته در ژنوتیپ‌ها متغیر بود. از ۱۷ خصوصیت مورد بررسی ۱۰ خصوصیت ضریب تنوع (تغییرات) کمتر از ۱۵٪ داشتند. بیشترین ضریب تنوع ۰/۵۵ مربوط به صفت عادت رشدی بود. عملکرد دانه با ضریب تنوع ۰/۴۰ و تعداد دانه در بوته ۰/۳۸ و تعداد غلاف در بوته ۳۳٪ در رتبه دوم تا چهارم قرار گرفتند و کمترین ضریب تنوع ۰/۰۷ مربوط به نسبت شاخص طول دوره زایشی یا نسبت طول دوره زایشی به کل دوره رشد بود (جدول ۳). تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها را در چهار گروه قرار داد که گروه اول تا چهارم به ترتیب دارای ۱۶۷، ۴۹، ۴۲ و ۹۶ ژنوتیپ بودند (شکل ۱). بر اساس شاخص‌های آماری بیشترین میانگین تعداد روز تا گلدهی، غلافبندی، شروع پرشدن دانه، پرشدن کامل دانه، شروع رسیدن و رسیدن کامل به ترتیب با ۳۸ روز، ۵۳ روز، ۶۶ روز، ۸۴ روز، ۹۳ روز و ۱۰۷ روز متعلق به کلاستر ۱ بود. حداکثر تعداد روز تا گلدهی، غلافبندی، شروع پرشدن دانه، پرشدن کامل دانه، شروع رسیدن و رسیدن کامل نیز با ۵۴ روز، ۶۸ روز، ۸۳ روز، ۱۰۱ روز، ۱۱۱ روز و ۱۲۶ روز متعلق به کلاستر ۱ بود (جدول ۲). در حالیکه کمترین میانگین تعداد روز تا گلدهی ۳۶ روز، غلافبندی ۴۳ روز، شروع پرشدن دانه ۵۴ روز، پرشدن کامل دانه ۷۴ روز، شروع رسیدن

$$PCV = \frac{\sqrt{\sigma^2}}{\mu} \quad \text{رابطه (۱)}$$

که $\sqrt{\sigma^2}$ = جذر واریانس

صفت و μ = میانگین صفت هستند.

جهت بررسی صحت و اعتبار گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای نیز از تجزیه به مولفه‌های اصلی و نمودار دو بعدی دو مولفه اول و دوم توسط نرم افزار GenStat استفاده شد. Hierarchical (Ward) - ۱

نتیجه و بحث

نتیجه تجزیه واریانس بیانگر اختلاف معنی‌دار بین گروه‌های ژنوتیپی از حیث کلیه صفات مورد بررسی و بین ژنوتیپ‌های داخل گروه از حیث تعداد روز تا گلدهی، طول دوره پر شدن دانه و شاخص طول دوره زایشی، ارتفاع بوته، تعداد گره در ساقه، تعداد شاخه فرعی، تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در بوته و وزن صد دانه بود (جدول ۱). دامنه طول دوره رشد (تعداد روز تا رسیدن) ژنوتیپ‌ها از ۸۷ تا ۱۲۶ روز متغیر بود که نشان می‌دهد ژنوتیپ‌های مورد بررسی متعلق به گروه‌های ۰ تا III می‌باشند (جدول ۲). دامنه طول دوره پر شدن دانه از ۱۳ تا ۲۹ روز متغیر بود. نسبت طول دوره زایشی به کل دوره رشد در ژنوتیپ‌ها از حداقل ۰/۴۷ تا حداکثر ۰/۷۱ متغیر بود. میانگین عادت رشد ۰/۷۷ بود. با توجه به اینکه در تجزیه داده‌ها عدد "۱" برای رشد نامحدود و عدد "۰" برای رشد محدود منظور شد. بنابراین میانگین ۰/۷۷ بیانگر این است که اغلب ژنوتیپ‌ها رشد نامحدود بوده‌اند. دامنه تغییرات ارتفاع بوته از حداقل ۲۴/۴ تا حداکثر ۱۲۰ سانتی‌متر متغیر بود. دامنه

برای طول دوره پرشدن دانه را گزارش کرده‌اند (Hanway & Weber, 1971; Gay *et al.*, 1980; Egli *et al.*, 1984). اغلب به‌نژادگران در راستای افزایش عملکرد بطور ناخواسته طول دوره پرشدن دانه را هم افزایش داده‌اند (McBlain & Hume, 1981; Boerma & Ashley, 1988; Shiraiwa & Hashikawa, 1995; Kumudini *et al.*, 2001).

بالاترین میانگین نسبت طول دوره زایشی به کل دوره رشد (RP/ GP) به میزان ۰/۶۴ و ۰/۶۳ به ترتیب متعلق به کلاستر ۳ و ۴ بودند. ژنوتیپ‌های کلاستر ۱ با وجود اینکه دارای بیشترین شمار تعداد روز تا مراحل مختلف زایشی بودند اما میانگین این نسبت ۰/۵۹ و حداقل آن ۰/۴۷ نیز متعلق به این کلاستر بود (جدول ۲). مقادیر همبستگی نسبت (RP/ GP) با تعداد روز تا مراحل مختلف زایشی نیز منفی و معنی‌دار بوده که موید نتایج تجزیه خوشه‌ای است (جدول ۳). (Egli, 1994) ایگلی در یک بررسی نشان داد که طول دوره گلدهی و تشکیل غلاف نسبت به طول دوره رویشی در ژنوتیپ‌های مختلف بندرت تغییر می‌کند. اما با افزایش دوره رشد از ۸۰ به ۱۳۴ روز این دوره ۱۳ روز طولانی‌تر شده است.

از لحاظ تیپ رشدی اغلب ژنوتیپ‌های کلاستر ۱ و کلیه ژنوتیپ‌های کلاستر ۳ دارای تیپ رشد نامحدود، اغلب ژنوتیپ‌های کلاستر ۲ دارای تیپ رشد محدود و ۰/۶۷ ژنوتیپ‌های کلاستر ۴ رشد نامحدود بودند (جدول ۲).

در کلاستر ۱ میانگین ارتفاع بوته ۵۶ cm بود که بالاتر از میانگین ارتفاع بوته بقیه کلاسترها

۸۲ روز و رسیدن کامل ۹۳ روز متعلق به ژنوتیپ‌های کلاستر ۴ بود و حداقل تعداد روز تا گلدهی ۲۵ روز، شروع پرشدن دانه ۴۹ روز، پرشدن کامل دانه ۶۹ روز نیز متعلق به کلاستر ۴ بود (جدول ۲). حداقل تعداد روز تا غلافبندی ۳۸ روز متعلق به کلاستر ۳ و حداقل تعداد روز تا شروع رسیدن ۷۶ روز متعلق به کلاستر ۳ و ۴ و حداقل تعداد روز تا رسیدن کامل با ۶۰ روز متعلق به کلاستر ۲ بود (جدول ۲). میانگین طول دوره پرشدن دانه در کل از ۱۸ تا ۲۱ روز متغیر بود. دو کلاستر ۱ و ۲ دارای کمترین میانگین طول دوره پرشدن دانه (۱۸ روز) و کلاستر ۳ دارای بیشترین دوره پرشدن دانه (۲۱ روز) بودند. همانطور که ذکر شد بیشترین تعداد روز تا مراحل مختلف زایشی متعلق به کلاستر ۱ بود، اما کمترین میانگین طول دوره پرشدن دانه و حداقل طول دوره پرشدن دانه با ۱۳ روز نیز متعلق به کلاستر ۱ بود. (Zeiger *et al.*, 1982; Egli, 1994) در دو بررسی جداگانه بر روی مراحل زایشی ارقام مختلف سویا نتیجه‌گیری کردند که در ژنوتیپ‌هایی با دوره رشد بیش از ۱۰۰ روز (متوسط‌رس و دیررس) طول دوره پرشدن دانه تقریباً ثابت بوده و با افزایش دوره رشد این دوره طولانی‌تر نمی‌شود. اما در ژنوتیپ‌های زودرس با دوره رشد کمتر از ۱۰۰ روز این دوره کوتاه‌تر می‌شود. طول دوره پرشدن دانه تحت کنترل ژنتیکی است و با گزینش مستقیم قابل تغییر و اصلاح می‌باشد (Metz *et al.*, 1984, 1985; Salado-Navarro *et al.*, 1985; Smith & Nelson, 1987; Pfeiffer & Egli, 1988) بسیاری از محققین تنوع ژنتیکی

نامحدود نیز مثبت و معنی‌دار بود (جدول ۳). در واقع ژنوتیپ‌های رشد نامحدود نسبت به رشد محدود تعداد گره بیشتری داشتند. تعداد گره در ساقه اصلی متأثر از دو عامل محیطی و گروه رسیدن ارقام است. معمولاً ارقام دیررس تعداد گره بیشتری دارند (Jiang & Egli, 1993). در حالیکه تاخیر در کاشت باعث کوتاه‌تر شدن دوره رویشی و کاهش تعداد گره می‌شود (Egli & Bruening, 2000). بیشترین میانگین تعداد غلاف در بوته ۱۰۵/۷ عدد و حداکثر ۱۰۵/۲ عدد متعلق به کلاستر ۳ بود. با وجود اینکه کلاستر ۱ دارای بیشترین میانگین تعداد روز تا مراحل مختلف زایشی بود اما میانگین تعداد غلاف در بوته در این کلاستر ۳۲/۳ عدد و حداقل ۱۱/۹ عدد بود. همبستگی بین تعداد غلاف در بوته با تعداد روز تا مراحل مختلف زایشی منفی و معنی‌دار بود. در حالیکه همبستگی تعداد غلاف در بوته با تعداد گره در ساقه مثبت بود (جدول ۳). گزارش مستندی که بیانگر ارتباط افزایش طول دوره گلدهی و غلافدهی با افزایش تعداد گل و غلاف باشد وجود ندارد (Egli & Bruening, 2000; Kantolic & Slafer, 2001, 2005). در واقع تعداد غلاف در بوته بستگی به تعداد گره در ساقه دارد نه تعداد روز تا مراحل مختلف رشد زایشی، زیرا غلاف‌ها از محل مریستم گره‌ها بوجود می‌آیند. بنابراین منطقی است که با افزایش تعداد گره تعداد غلاف هم افزایش پیدا کند. در حالیکه با افزایش طول دوره رشد ممکن است فقط ارتفاع بوته و فاصله میان‌گره‌ها افزایش پیدا کند و تعداد گره‌ها ثابت بماند که در اینصورت تعداد غلاف هم تغییر نخواهد کرد

بود. بیشترین ارتفاع بوته ۱۱۹/۹ cm و حداقل ۲۴/۴ cm نیز به ترتیب در ژنوتیپ‌های کلاستر اول و چهارم بودند. همبستگی بین ارتفاع بوته با تعداد روز تا هر یک از مراحل مختلف زایشی (شروع گلدهی، غلاف‌بندی، شروع پر شدن دانه، پر شدن کامل دانه، شروع رسیدن و رسیدن کامل) نیز مثبت و معنی‌دار بوده که با نتایج تجزیه خوشه‌ای همخوانی دارد (جدول ۳). دلیل این موضوع این است که با افزایش طول دوره رشدی (روز تا رسیدن کامل) طول دوره رویشی نیز افزایش می‌یابد. لازم به ذکر است در تیپ رشد محدود با شروع گلدهی، رشد رویشی کاملاً متوقف می‌شود. بنابراین تعداد روز تا شروع گلدهی بیانگر طول دوره رویشی نیز هست. در تیپ رشد نیمه محدود رشد رویشی با روند کندی ادامه می‌یابد اما بخش عمده رشد رویشی مربوط به قبل از شروع گلدهی است و در تیپ رشد نامحدود همزمان با ورود گیاه به مراحل زایشی رشد رویشی همچنان ادامه داشته و ارتفاع بوته به عنوان یکی از شاخصه‌های مهم رشد رویشی افزایش می‌یابد. از طرف دیگر از آنجا که مراحل زایشی همبستگی بالایی با همدیگر دارند (جدول ۳)، با ارتفاع بوته نیز همبستگی خواهند داشت. بیشترین میانگین تعداد گره در ساقه اصلی با ۱۳/۱ عدد متعلق به گروه ۳، حداکثر تعداد گره ۱۷ عدد در کلاستر ۱ و حداقل ۸ عدد در کلاستر ۴ بود. همبستگی تعداد گره در ساقه نیز همانند ارتفاع بوته با تعداد روز تا مراحل مختلف زایشی مثبت و معنی‌دار بود که نتایج تجزیه خوشه‌ای را تأیید نمود (جدول ۳). همبستگی تعداد گره با عادت رشد

و این یک خصوصیت کاملاً ژنتیکی است. بیشترین میانگین تعداد شاخه فرعی ۳/۱ عدد و حداکثر ۶/۳ عدد متعلق به کلاستر ۳ بود. در کلاستر ۱ که ژنوتیپها از طول دوره رشد بالاتری برخوردار بودند میانگین و حداکثر تعداد شاخه فرعی به ترتیب ۲/۸ و ۵/۳۲ عدد بود. همبستگی تعداد شاخه فرعی با تعداد روز تا هر یک از مراحل زایشی پائین ولی معنی دار بود (جدول ۳). در واقع تعداد شاخه فرعی ارتباطی با دیررسی یا زودرسی ندارد. در عوض همبستگی تعداد شاخه فرعی با تعداد غلاف در بوته مثبت و معنی دار است (جدول ۳). زیرا بسیاری از غلافها در محل گرههای شاخههای جانبی تشکیل می شود و بنابراین با افزایش تعداد شاخه فرعی تعداد غلاف نیز افزایش پیدا می کند. بیشترین میانگین وزن صد دانه ۱۳/۸ گرم متعلق به کلاستر ۳ و حداکثر وزن صد دانه ۲۴/۷ گرم و حداقل ۶/۴ گرم هر دو متعلق به کلاستر ۱ بودند.

بیشترین میانگین تعداد دانه در بوته ۱۰۱/۴ عدد متعلق به کلاستر ۳ بود. حداکثر تعداد دانه در بوته ۱۹۱/۸ عدد و حداقل ۲۱/۲ عدد به ترتیب متعلق به کلاسترهای ۳ و ۱ بودند. بیشترین میانگین تعداد دانه در غلاف ۲ عدد متعلق به کلاستر ۳، حداکثر تعداد دانه در غلاف دانه ۳/۳ و حداقل ۰/۶ عدد به ترتیب متعلق به کلاسترهای ۱ و ۴ بودند.

بیشترین میانگین عملکرد تک بوته ۱۴/۴ گرم متعلق به کلاستر ۳ و کمترین میانگین عملکرد دانه ۷/۴ گرم در بوته متعلق به کلاستر ۲ بود. حداکثر عملکرد تک بوته ۲۵/۷ گرم و

حداقل ۲/۱ گرم به ترتیب متعلق به کلاسترهای ۳ و ۱ بودند. همبستگی عملکرد دانه با ارتفاع بوته، تعداد گره، وزن صد دانه، تعداد دانه در غلاف و بوته مثبت و معنی دار بود (جدول ۴). برخی بررسیها نشان می دهد که با افزایش طول دوره پرشدن دانه عملکرد دانه و شاخص برداشت افزایش می یابد (Egli, 2004). ولی در بررسی حاضر این موضوع تأیید نشد. شواهدی وجود دارد که سرعت رشد دانه از نظر ژنتیکی ارتباط مستقیمی با اندازه دانه و همزمان ارتباط معکوسی با تعداد گل و تعداد غلاف در بوته دارد. بنحویکه که گزینش برای دانههای بزرگتر منجر به کاهش تعداد دانه شده و تاثیر معنی داری روی عملکرد دانه نخواهد گذاشت (Jiang & Egli., 1993, Egli, 1998, 2006). اندازه دانه دومین جزء عملکرد است که بسته به منشاء تنوع (ژنتیکی یا محیطی) ممکن است عملکرد را تحت تاثیر قرار دهد یا بی تاثیر باشد. زمانی که عامل تنوع اندازه دانه، ژنتیکی بوده و مرتبط با سرعت رشد دانه باشد تغییری در عملکرد ایجاد نمی شود. زیرا با افزایش سرعت رشد دانه از طرفی اندازه دانه افزایش می یابد و از طرف دیگر باعث کاهش تعداد دانه در بوته می شود و بدین ترتیب تغییر محسوسی در عملکرد دانه ایجاد نمی شود (Egli and Zhen-wen, 1991). در حالیکه اگر عامل تنوع ژنتیکی مرتبط با طول دوره پرشدن دانه باشد معمولاً با عملکرد دانه نیز مرتبط خواهد بود (Egli, 1998).

تجزیه به مولفه های اصلی نشان داد که پنج مولفه نخست به ترتیب ۳۲/۵، ۱۸/۱، ۹/۸، ۷/۹۸

از تجزیه خوشه‌ای دارد. بر اساس نحوه پراکنش ژنوتیپ‌ها همچنین می‌توان ژنوتیپ‌های دلخواه با طول دوره رشد مشخص و عملکرد قابل قبول برای برنامه‌های به‌نژادی انتخاب نمود.

نتیجه‌گیری کلی

تنوع قابل توجهی برای صفات مهم زراعی در ژنوتیپ‌های مورد بررسی مشاهده شد. بطوریکه بیشترین ضریب تنوع به ترتیب برای صفات عادت رشدی (۵۵٪)، عملکرد دانه (۴۰٪)، و تعداد دانه در بوته (۳۸٪)، دامنه تغییرات مهم ترین صفات به ترتیب برای عملکرد دانه ۲۵/۷ - ۲/۱ گرم، طول دوره رشد ۱۲۶ - ۸۶ روز، طول دوره پر شدن دانه ۲۹ - ۱۳ روز، شاخص طول دوره زایشی ۰/۷۱ - ۰/۴۷، تعداد دانه در بوته ۱۹۲ - ۲۱/۲ عدد، وزن صد دانه ۲۴/۷ - ۶/۸ گرم بود. تجزیه کلاستر ۳۵۴ ژنوتیپ را در چهار کلاستر قرار داد که در کلاستر ۱، اغلب ژنوتیپ‌ها دیررس رشد نامحدود و دارای ارتفاع بیشتر، در کلاستر ۲ اغلب رشد محدود، زودرس، دارای ارتفاع متوسط، در کلاستر ۳ اغلب ژنوتیپ‌ها دارای عملکرد و تعداد دانه در بوته بالا و دوره رشد طولانی‌تر و در کلاستر ۴ اغلب ژنوتیپ‌ها کم ارتفاع، رشد نیمه محدود، خیلی زودرس و کم عملکرد بودند. همچنین با توجه به نحوه پراکنش ژنوتیپ‌ها در نمودار دوبعدی مولفه‌های عملکرد و مراحل رشدی می‌توان ژنوتیپ‌های GN 1130، GN 1028، GN 1040، GN 2129 و GN 2122 را به دلیل داشتن پتانسیل عملکرد و تعداد دانه در بوته بالا، زودرسی (گروه رسیدن I) و تیپ رشد نامحدود به عنوان ژنوتیپ‌های برتر جهت استفاده در

و ۷/۵ درصد و در کل ۷۶/۲۹ درصد از واریانس تغییرات داده‌ها را توجیه نمودند و دارای مقادیر ویژه بیشتر از یک بودند (جدول ۴). اولین مولفه با توجه به اینکه برای تعداد روز تا گلدهی، غلاف‌بندی، شروع پر شدن دانه، پر شدن کامل دانه، شروع رسیدن، رسیدن کامل و ارتفاع بوته دارای ضرایب مثبت بالا و برای شاخص طول دوره زایشی (RP/GP)، تعداد غلاف در بوته و عملکرد دانه دارای ضرایب منفی بالا بوده، می‌توان به عنوان "مولفه مراحل زایشی" نامید (جدول ۳). دومین مولفه نیز با توجه به اینکه برای صفات عملکرد دانه، تعداد دانه در غلاف و بوته، تعداد شاخه فرعی، تعداد غلاف در بوته، تعداد گره در ساقه، ارتفاع بوته و تیپ رشد نامحدود دارای ضرایب مثبت و بالا بوده می‌توان به عنوان "مولفه عملکردی" نامید (جدول ۴). سه مولفه دیگر ویژگی‌های دیگری از صفات را بیان می‌کردند که سهم هر یک از آنها کمتر از ۱۰٪ واریانس کل بود و اهمیت کمتری دارند. از آنجا که عملکرد دانه و طول دوره رشد ارقام زراعی از اهمیت کاربردی بیشتری برخوردارند لذا دو مولفه اول و دوم که بیانگر این دو ویژگی بودند و علاوه بر مقادیر ویژه بالا دارای سهم بیشتری از واریانس کل تغییرات بودند برای تشکیل نمودار دو بعدی مورد استفاده قرار گرفت. این نمودار نشان داد که ژنوتیپ‌ها در چهار گروه تقریباً مجزا با اندکی همپوشانی در چهار ناحیه قرار گرفته‌اند (شکل ۲). مقایسه این چهار گروه با چهار گروه حاصل از تجزیه خوشه‌ای نشان داد که پراکنش ژنوتیپ‌ها توسط نمودار دو بعدی تطابق خوبی با نتیجه گروه‌بندی حاصل

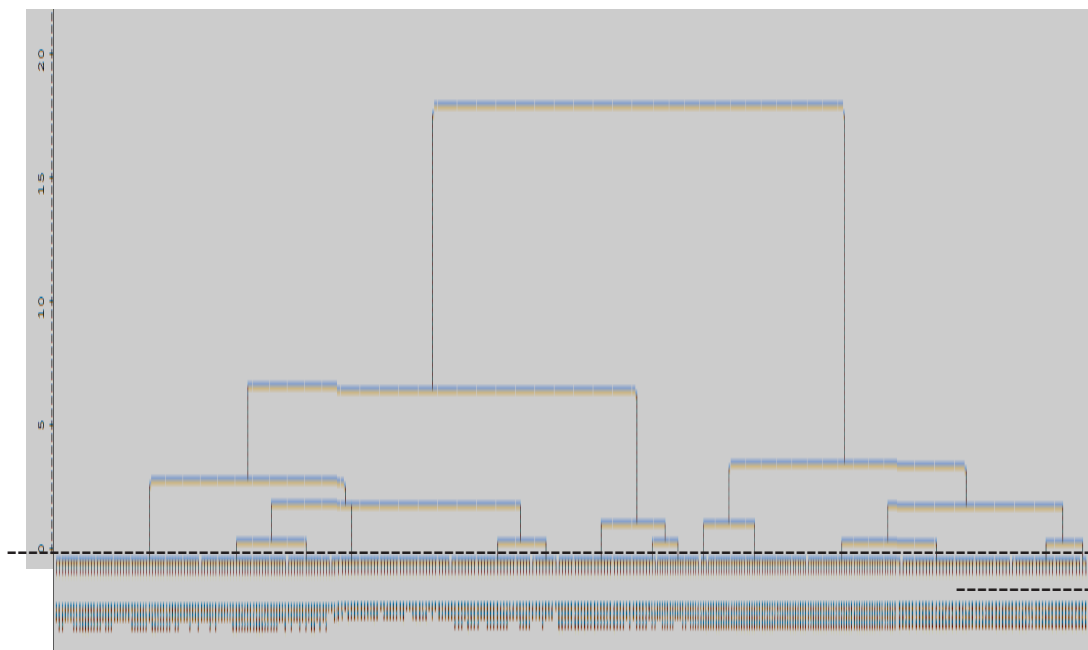
برنامه های اصلاحی انتخاب نمود.

جدول ۱) تجزیه واریانس صفات زراعی و گیاه شناسی ژنوتیپ های مورد بررسی (کرج-۱۳۹۲)
Table 1- Analysis of variance for the agronomic and botanical traits of the studied genotypes (Karaj-2013)

منابع تغییر	درجه آزادی	روز تا گلدهی	روز تا شروع غلافدهی	روز تا شروع پر شدن دانه	روز تا پایان پر شدن دانه	روز تا رسیدن فیزیولوژیک	روز تا رسیدن کامل	طول دوره پر شدن دانه	طول دوره زایشی / طول کل دوره رشد
Source of variation	df	Days to flowering (R1)	Days to podding (R3)	Days to start of seed filling (R5)	Days to end of seed filling (R6)	Days to physiologic maturity (R7)	Days to maturity (R8)	Length of Seed filling duration (R6-R5)	Ratio of reproductive duration to length of growth period
گروه Set	6	2304.9**	4990.7**	3101.0**	2278.8**	5279.9**	5279.9**	161.0**	0.133**
(گروه) ژنوتیپ Genotype/ Set	347	28.4*	20.9 ns	52.2 ns	45.7 ns	63.0 ns	63.0 ns	16.5 *	0.002*
(گروه) تکرار Replication /Set	8	3.4	5.0	8.2	37.3	10.9	10.9	42.5	0.001
تکرار × (مجموعه) ژنوتیپ Genotype/Set X Rep.	396	27.7	25.8	60.7	59.0	68.3	68.3	14.8	0.002

منابع تغییر	درجه آزادی	ارتفاع بوته	تعداد گره در ساقه	تعداد غلاف در بوته	تعداد شاخه فرعی	صنکله و دانه	وزن صد دانه	تعداد دانه در بوته
Source of variation	df	Plant height	No.nod of stem	No. of pods per plant	No. of branches	Seed yield	100-seed weight	No. of seeds per plant
گروه Set	6	2397.9**	30.6**	3231.6**	1.8**	391.9**	64.0**	16920.8**
(گروه) ژنوتیپ Genotype/ Set	347	226.3**	6.2**	243.7*	1.3**	22.7*	8.5*	994.6*
(گروه) تکرار Replication /Set	8	49.3	5.5	497.7	2.6	19.9	9.8	2463.0
تکرار × (مجموعه) ژنوتیپ Genotype/Set X Rep.	396	54.3	2.7	145.1	0.5	18.8	1.8	650.5

ادامه جدول ۱) تجزیه واریانس صفات زراعی و گیاه شناسی ژنوتیپ های مورد بررسی (کرج-۱۳۹۲)
Continue Table 1- Analysis of variance for the agronomic and botanical traits of the studied genotypes (Karaj-2013)



شکل ۱ - نمودار خوشه‌ای حاصل از گروه‌بندی ۳۵۴ ژنوتیپ سویا بر اساس صفات زراعی و گیاه‌شناسی
Figure 1) Dendrogram of 354 soybean genotypes based on the agronomic and botanical traits

جدول ۲ - شناسه های آماری در گروه های چهار گانه حاصل از تجزیه خوشه ای و کل جمعیت

Table 2). Statistical indexes in four-group clusters derived from cluster analysis and overall population

خصوصیات Traits	گروه ۱ Cluster 1			گروه ۲ Cluster 2			گروه ۳ Cluster 3			گروه ۴ Cluster 4			کل جمعیت Overall population							
	Mean	Max	Min	CV(%)	Mean	Max	Min	CV(%)	Mean	Max	Min	CV(%)	Mean	Max	Min	CV(%)				
روز تا گلدهی Day to flowering	38	54	27	0.12	35	42	27	0.10	30	34	26	0.07	30	38	25	0.09	34	54	25	0.15
روز تا غلافدهی Day to podding	53	68	44	0.08	50	57	45	0.07	43	47	38	0.05	43	51	39	0.05	49	68	38	0.12
روز تا شروع پرشدن دانه Day to start seed filling	66	83	57	0.07	63	71	55	0.07	54	61	50	0.05	54	63	49	0.06	61	83	49	0.12
روز تا پایان پرشدن دانه Day to end of seed Filling	84	101	76	0.06	81	91	74	0.05	75	82	70	0.04	74	85	69	0.05	80	101	69	0.08
روز تا رسیدن فیزیولوژیک Day to physiologic maturity	93	111	83	0.06	91	107	82	0.06	83	90	76	0.04	82	94	76	0.05	89	111	76	0.08
روز تا رسیدن کامل Day to maturity	107	126	95	0.05	102	118	87	0.11	93	104	89	0.03	93	109	85	0.05	101	126	87	0.09
طول دوره پرشدن دانه Length of seed filling duration	18	27	13	0.14	18	29	14	0.17	21	25	14	0.12	20	29	14	0.13	19	29	13	0.15
نسبت طول دوره زایشی به کل دوره رشد Ratio of reproductive duration to length of growth period	0.59	0.71	0.47	0.08	0.62	0.70	0.53	0.05	0.64	0.69	0.6	0.04	0.63	0.70	0.55	0.04	0.61	0.71	0.47	0.07
*عادت رشدی Growth habit	0.99	1	0	0.11	0.02	1.00	0.00	0.07	1.00	1.00	1.0	0.00	0.67	1.00	0.00	0.71	0.77	1.00	0.00	0.55

*عدد 1 بیانگر عادت رشدی نامحدود و عدد 0 عادت رشدی محدود است
* = Value "1" represent indeterminate growth type and value "0" determinat growth type

ادامه جدول ۲ - شاخص‌های آماری در کل جمعیت و گروه‌های چهارگانه حاصل از تجزیه خوشه‌ای
-Continued. Table 3. Statistical indexes in four-group clusters derived from cluster analysis and overall population

صفات Traits	گروه ۱ Cluster 1			گروه ۲ Cluster 2			گروه ۳ Cluster 3			گروه ۴ Cluster 4			کل جمعیت Overall population							
	Mean	Max	Min	Mean	Max	Min	Mean	Max	Min	Mean	Max	Min	Mean	Max	Min	CV(%)				
ارتفاع بوته Plant Height	56.0	119.9	26.7	0.20	50.0	75.5	37.2	0.19	48.0	62.8	35.4	0.13	42.3	62.4	24.4	0.16	50.5	119.9	24.4	0.22
تعداد گره در ساقه No. of nodes per stem	12.9	17.0	8.7	0.13	12.0	15.8	8.9	0.11	13.1	15.5	11.3	0.09	11.7	16.0	8.0	0.10	12.5	17.0	8.0	0.12
تعداد غلاف در بوته No. of pods per plant	32.3	94.5	11.9	0.30	30.3	59.9	17.1	0.26	51.7	103.2	30.7	0.31	36.2	58.8	23.1	0.20	35.4	103.2	11.9	0.33
تعداد شاخه No. of branches	2.8	5.3	0.9	0.28	2.7	4.4	1.0	0.26	3.1	6.3	1.6	0.29	2.3	3.9	1.2	0.24	2.7	6.3	0.9	0.29
وزن صد دانه 100 seed weight	13.4	24.7	6.4	0.16	13.1	17.0	9.6	0.14	13.8	21.3	10.3	0.17	13.3	18.1	8.5	0.14	13.4	24.7	6.4	0.15
تعداد دانه در بوته No. of seed per plant	61.3	146.9	21.2	0.36	55.2	112.7	22.3	0.38	101.4	191.8	65.2	0.25	62.1	118.2	22.0	0.25	65.4	191.8	21.2	0.38
تعداد دانه در غلاف No. of seed per pod	1.9	3.3	0.6	0.22	1.8	2.6	1.0	0.23	2.0	3.1	1.5	0.15	1.8	3.0	0.6	0.22	1.9	3.3	0.6	0.22
عملکرد تک بوته Seed yield per plant	8.2	20.2	2.1	0.36	7.4	18.6	2.1	0.44	14.4	25.7	7.9	0.26	8.8	16.4	3.2	0.24	9.0	25.7	2.1	0.40

جدول ۳. مقادیر همبستگی ساده صفات در ژنوتیپ های مورد بررسی

Table 4. Simple correlation values between the traits of the studied genotypes

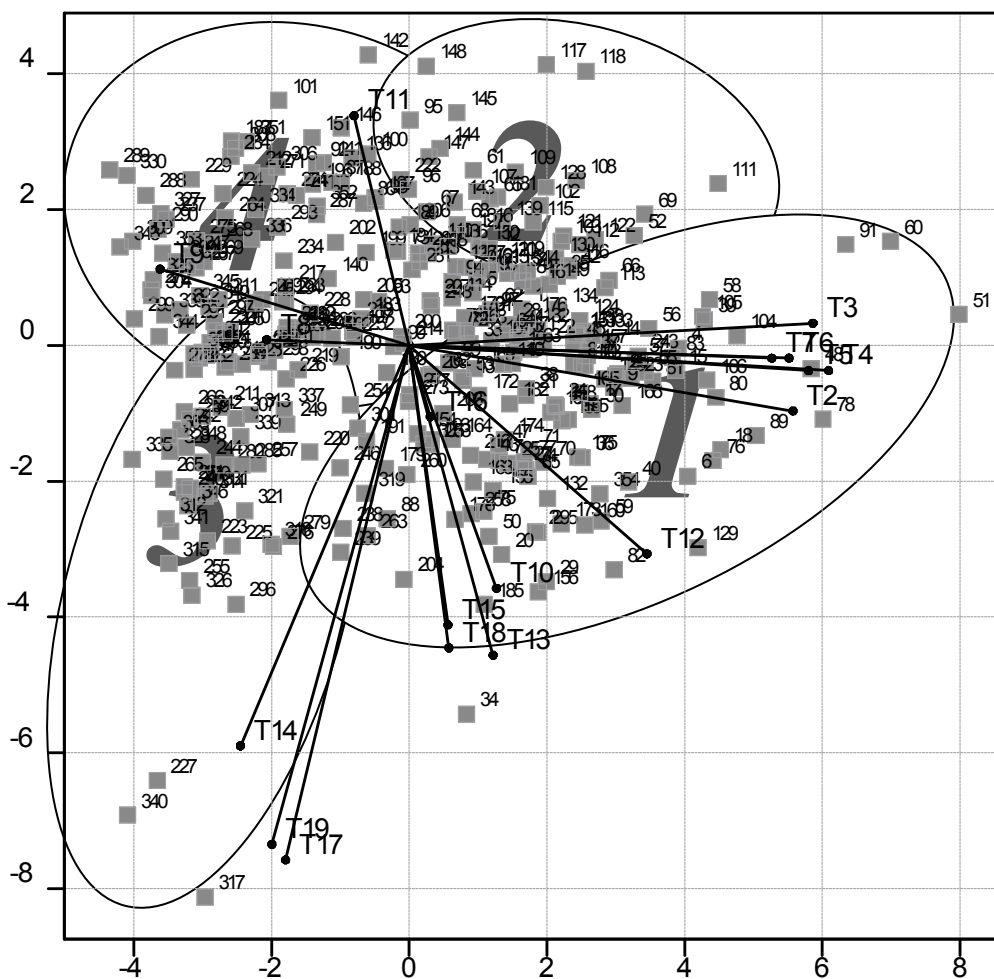
DSF	DSP	DSS	DES	DPM	DCM	DFP	RP/GP	GH	PH	NN	NP	NB	SW	SP	NSP	SY
DSF = 1.00	0.79**	0.76**	0.71**	0.66**	0.63**	-0.30**	-0.86**	0.15**	0.37**	0.12*	-0.23**	0.11*	-0.15**	0.01	-0.10	0.21**
DSP = 0.79**	1.00	0.87**	0.83**	0.73**	0.68**	-0.30**	-0.54**	0.14**	0.40**	0.15**	-0.31**	0.15**	-0.32**	-0.02	-0.27**	-0.02
DSS = 0.87**	0.87**	1.00	0.91**	0.84**	0.77**	-0.43**	-0.43**	0.13**	0.50**	0.20**	-0.27**	0.14**	-0.23**	0.05	-0.20**	0.05
DES = 0.91**	0.84**	0.91**	1.00	0.87**	0.77**	-0.03	-0.34**	0.16**	0.48**	0.20**	-0.24**	0.11*	-0.22**	0.02	-0.19**	0.02
DPM = 0.87**	0.77**	0.87**	0.87**	1.00	0.82**	-0.12**	-0.20**	0.09	0.48**	0.14**	-0.25**	0.05	-0.20**	0.06	-0.17**	0.08
DCM = -0.18**	0.77**	0.87**	0.87**	0.82**	1.00	-0.18**	-0.28**	0.12	0.39**	0.09	-0.25**	0.07	-0.19**	0.06	-0.16**	0.10
DFP = 0.32**	0.77**	0.87**	0.87**	0.82**	1.00	-0.18**	-0.28**	0.01	-0.18**	-0.07	0.14**	-0.10	-0.19**	0.10	-0.16**	0.10
RP/GP = 0.32**	0.77**	0.87**	0.87**	0.82**	1.00	-0.18**	-0.28**	0.01	-0.18**	-0.07	0.14**	-0.10	-0.19**	0.10	-0.16**	0.10
GH = 0.32**	0.77**	0.87**	0.87**	0.82**	1.00	-0.18**	-0.28**	0.01	-0.18**	-0.07	0.14**	-0.10	-0.19**	0.10	-0.16**	0.10
PH = 0.21**	0.77**	0.87**	0.87**	0.82**	1.00	-0.18**	-0.28**	0.01	-0.18**	-0.07	0.14**	-0.10	-0.19**	0.10	-0.16**	0.10
NN = 0.21**	0.77**	0.87**	0.87**	0.82**	1.00	-0.18**	-0.28**	0.01	-0.18**	-0.07	0.14**	-0.10	-0.19**	0.10	-0.16**	0.10
NP = 0.21**	0.77**	0.87**	0.87**	0.82**	1.00	-0.18**	-0.28**	0.01	-0.18**	-0.07	0.14**	-0.10	-0.19**	0.10	-0.16**	0.10
NB = 0.26**	0.77**	0.87**	0.87**	0.82**	1.00	-0.18**	-0.28**	0.01	-0.18**	-0.07	0.14**	-0.10	-0.19**	0.10	-0.16**	0.10
SW = 0.26**	0.77**	0.87**	0.87**	0.82**	1.00	-0.18**	-0.28**	0.01	-0.18**	-0.07	0.14**	-0.10	-0.19**	0.10	-0.16**	0.10
SP = 0.28**	0.77**	0.87**	0.87**	0.82**	1.00	-0.18**	-0.28**	0.01	-0.18**	-0.07	0.14**	-0.10	-0.19**	0.10	-0.16**	0.10
NSP = 0.28**	0.77**	0.87**	0.87**	0.82**	1.00	-0.18**	-0.28**	0.01	-0.18**	-0.07	0.14**	-0.10	-0.19**	0.10	-0.16**	0.10
SPY = 0.28**	0.77**	0.87**	0.87**	0.82**	1.00	-0.18**	-0.28**	0.01	-0.18**	-0.07	0.14**	-0.10	-0.19**	0.10	-0.16**	0.10

جدول ۴) تجزیه به مولفه‌های اصلی صفات زراعی و گیاه‌شناسی ژنوتیپ‌های مورد بررسی

Table 5. Principal component analysis for the agronomic and botanical traits of the studied genotypes

صفات*	traits	مولفه اول First component	مولفه دوم second component.	مولفه سوم Third component	مولفه چهارم Fourth component	مولفه پنجم Fifth component
1	DSF	0.87	0.11	0.01	-0.24	-0.29
2	DSP	0.91	-0.04	0.05	0.07	-0.14
3	DSS	0.95	0.04	0.11	0.04	0.02
4	DES	0.90	0.04	0.06	0.23	0.14
5	DPM	0.86	0.02	0.12	0.17	0.26
6	DCM	0.82	0.02	0.07	0.09	0.17
7	DFP	-0.32	-0.01	-0.14	0.41	0.25
8	RP/GP	-0.56	-0.13	0.07	0.42	0.56
9	GH	0.20	0.42	-0.84	0.14	-0.03
10	PH	0.54	0.36	0.07	0.12	0.33
11	NN	0.19	0.54	0.18	0.23	0.22
12	NP	-0.38	0.69	0.24	0.35	-0.20
13	NB	0.09	0.48	0.26	0.32	-0.38
14	SW	0.05	0.12	-0.13	-0.43	0.59
15	SP	-0.28	0.89	0.20	-0.07	-0.05
16	NSP	0.09	0.52	-0.01	-0.62	0.15
17	SPY	-0.31	0.86	0.14	-0.19	0.13
مقادیر ویژه						
	Igen value	5.86	3.33	1.76	1.44	1.35
	وارianس نسبی (%)	32.5	18.5	9.8	7.98	7.5
	وارianس تجمعی (%)	32.5	51.1	60.8	68.8	76.3
	روز تا شروع گلدهی			روز تا رسیدن کامل		تعداد گره در ساقه
DSF =	Day to start flowering		DCM =	Day to maturity	NN =	No. of nodes per stem
	روز تا غلافدهی			طول دوره پرشدن دانه		تعداد غلاف در بوته
DSP =	Day to start Podding		DFP =	Length of seed filling duration	NP =	No. of pods per plant
	روز تا شروع پرشدن دانه			عملکرد دانه		تعداد شاخه
DSS =	Day to start seed filling		SY =	Seed Yeild per plant	NB =	No. of branches
	روز تا پایان پرشدن دانه			عادت رشدی		وزن صد دانه
DES =	Day to end of seed filling		GH =	Growth habit	SW =	100 seed weight
	روز تا رسیدن فیزیولوژیک			ارتفاع بوته		تعداد دانه در بوته
DPM =	Day to Physiological maturity		PH =	Plant Height	SP =	No. of seed per plant
	تعداد دانه در غلاف			نسبت دوره زایشی به کل دوره رشد		
NSP =	No. of seed per pod		RP/GP =	Ratio of reproductive duration to length of growth period		

Principal Component Biplot



شکل ۲) نمودار دو بعدی صفات و پراکنش ژنوتیپ ها بر مبنای مولفه های اصلی اول و دوم

Figure 2. Two-dimensional diagram of the traits and distribution of the genotypes based on the first and second principal components

جدول ۵ - کد ژرم پلاسم و مبدا ژنوتیپ های مورد بررسی

Table 5- Germplasm code and origin of the studied genotypes

ردیف Row	کد ژرم پلاسم Germplasm code	مبدا Origin	ردیف Row	کد ژرم پلاسم Germplasm code	مبدا Origin	ردیف Row	کد ژرم پلاسم Germplasm code	مبدا Origin	ردیف Row	کد ژرم پلاسم Germplasm code	مبدا Origin
1	GN 1008	Yugoslavia	41	GN 1044	China	81	GN 1118	USA	121	GN 2150	USA
2	GN 1017	Yugoslavia	42	GN 1103	China	82	GN 1119	USA	122	GN 2151	USA
3	GN 1018	Yugoslavia	43	GN 1104	China	83	GN 1131	USA	123	GN 2155	USA
4	GN 1021	Yugoslavia	44	GN 1110	China	84	GN 1144	USA	124	GN 2155	USA
5	GN 1022	Yugoslavia	45	GN 1115	China	85	GN 1148	USA	125	GN 2156	USA
6	GN 1027	Yugoslavia	46	GN 1122	China	86	GN 1149	USA	126	GN 2160	USA
7	GN 1094	Yugoslavia	47	GN 1123	China	87	GN 1154	USA	127	GN 2160	USA
8	GN 1097	Yugoslavia	48	GN 1140	China	88	GN 1159	USA	128	GN 2172	USA
9	GN 1100	Yugoslavia	49	GN 1146	China	89	GN 1160	USA	129	GN 3005	USA
10	GN 1101	Yugoslavia	50	GN 1161	China	90	GN 1162	USA	130	GN 3006	USA
11	GN 1102	Yugoslavia	51	GN 1163	China	91	GN 1164	USA	131	GN 3008	USA
12	GN 1105	Yugoslavia	52	GN 1166	China	92	GN 1167	USA	132	GN 3010	USA
13	GN 1125	Yugoslavia	53	GN 1168	China	93	GN 2002	USA	133	GN 3013	USA
14	GN 1129	Yugoslavia	54	GN 1170	China	94	GN 2021	USA	134	GN 3017	USA
15	GN 1132	Yugoslavia	55	GN 1173	China	95	GN 2027	USA	135	GN 3018	USA
16	GN 1135	Yugoslavia	56	GN 1174	China	96	GN 2030	USA	136	GN 3019	USA
17	GN 1156	Yugoslavia	57	GN 2120	China	97	GN 2048	USA	137	GN 3020	USA
18	GN 1157	Yugoslavia	58	GN 2122	China	98	GN 2049	USA	138	GN 3022	USA
19	GN 1171	Yugoslavia	59	GN 2171	China	99	GN 2052	USA	139	GN 3036	USA
20	GN 1177	Yugoslavia	60	GN 3030	China	100	GN 2059	USA	140	GN 3037	USA
21	GN 2001	Yugoslavia	61	GN 3032	China	101	GN 2079	USA	141	GN 3039	USA
22	GN 2057	Yugoslavia	62	GN 1005	USA	102	GN 2080	USA	142	GN 3040	USA
23	GN 2063	Yugoslavia	63	GN 1016	USA	103	GN 2082	USA	143	GN 3041	USA
24	GN 2118	Yugoslavia	64	GN 1029	USA	104	GN 2085	USA	144	GN 3042	USA
25	GN 2129	Yugoslavia	65	GN 1030	USA	105	GN 2090	USA	145	GN 3045	USA
26	GN 2145	Yugoslavia	66	GN 1032	USA	106	GN 2093	USA	146	GN 3046	USA
27	GN 2145	Yugoslavia	67	GN 1035	USA	107	GN 2094	USA	147	GN 3047	USA
28	GN 2146	Yugoslavia	68	GN 1039	USA	108	GN 2095	USA	148	GN 3048	USA
29	GN 2166	Yugoslavia	69	GN 1058	USA	109	GN 2099	USA	149	GN 3050	USA
30	GN 2167	Yugoslavia	70	GN 1066	USA	110	GN 2113	USA	150	GN 3051	USA
31	GN 1052	Russia	71	GN 1067	USA	111	GN 2114	USA	151	GN 3053	USA
32	GN 1178	Russia	72	GN 1072	USA	112	GN 2127	USA	152	GN 3054	USA
33	GN 1179	Russia	73	GN 1076	USA	113	GN 2130	USA	153	GN 3059	USA
34	GN 1180	Russia	74	GN 1081	USA	114	GN 2134	USA	154	GN 3061	USA
35	GN 1181	Russia	75	GN 1090	USA	115	GN 2135	USA	155	GN 3062	USA
36	GN 1182	Russia	76	GN 1096	USA	116	GN 2136	USA	156	GN 3066	USA
37	GN 1183	Russia	77	GN 1111	USA	117	GN 2137	USA	157	GN 2125	Australia
38	GN 2117	Russia	78	GN 1112	USA	118	GN 2138	USA	158	GN 2176	Taiwan
39	GN 2173	Russia	79	GN 1116	USA	119	GN 2147	USA	159	GN 2177	Taiwan
40	GN 2170	Egypt	80	GN 1117	USA	120	GN 2149	USA	160	GN 3072	Taiwan

ادامه جدول ۵ - کد ژرم پلاسما و مبدأ ژنوتیپ های مورد بررسی

-Continue Table 5. Germplasm code and origin of the studied genotypes

ردیف Row	کد ژرم پلاسما Germplasm code	مبدأ Origin	ردیف Row	کد ژرم پلاسما Germplasm code	مبدأ Origin	ردیف Row	کد ژرم پلاسما Germplasm code	مبدأ Origin	ردیف Row	کد ژرم پلاسما Germplasm code	مبدأ Origin
161	GN 1001	Unknown	201	GN 1059	Unknown	241	GN 1128	Unknown	281	GN 2064	Unknown
162	GN 1002	Unknown	202	GN 1060	Unknown	242	GN 1130	Unknown	282	GN 2065	Unknown
163	GN 1003	Unknown	203	GN 1061	Unknown	243	GN 1133	Unknown	283	GN 2066	Unknown
164	GN 1004	Unknown	204	GN 1062	Unknown	244	GN 1134	Unknown	284	GN 2069	Unknown
165	GN 1006	Unknown	205	GN 1063	Unknown	245	GN 1136	Unknown	285	GN 2073	Unknown
166	GN 1007	Unknown	206	GN 1064	Unknown	246	GN 1137	Unknown	286	GN 2074	Unknown
167	GN 1009	Unknown	207	GN 1065	Unknown	247	GN 1138	Unknown	287	GN 2075	Unknown
168	GN 1010	Unknown	208	GN 1068	Unknown	248	GN 1139	Unknown	288	GN 2077	Unknown
169	GN 1011	Unknown	209	GN 1069	Unknown	249	GN 1141	Unknown	289	GN 2078	Unknown
170	GN 1012	Unknown	210	GN 1070	Unknown	250	GN 1142	Unknown	290	GN 2083	Unknown
171	GN 1013	Unknown	211	GN 1073	Unknown	251	GN 1143	Unknown	291	GN 2084	Unknown
172	GN 1014	Unknown	212	GN 1074	Unknown	252	GN 1145	Unknown	292	GN 2086	Unknown
173	GN 1015	Unknown	213	GN 1075	Unknown	253	GN 1147	Unknown	293	GN 2087	Unknown
174	GN 1019	Unknown	214	GN 1077	Unknown	254	GN 1150	Unknown	294	GN 2088	Unknown
175	GN 1020	Unknown	215	GN 1078	Unknown	255	GN 1151	Unknown	295	GN 2089	Unknown
176	GN 1023	Unknown	216	GN 1079	Unknown	256	GN 1152	Unknown	296	GN 2091	Unknown
177	GN 1024	Unknown	217	GN 1080	Unknown	257	GN 1153	Unknown	297	GN 2092	Unknown
178	GN 1025	Unknown	218	GN 1082	Unknown	258	GN 1155	Unknown	298	GN 2096	Unknown
179	GN 1028	Unknown	219	GN 1083	Unknown	259	GN 1158	Unknown	299	GN 2097	Unknown
180	GN 1031	Unknown	220	GN 1085	Unknown	260	GN 1165	Unknown	300	GN 2098	Unknown
181	GN 1033	Unknown	221	GN 1086	Unknown	261	GN 1169	Unknown	301	GN 2112	Unknown
182	GN 1034	Unknown	222	GN 1087	Unknown	262	GN 1172	Unknown	302	GN 2119	Unknown
183	GN 1036	Unknown	223	GN 1088	Unknown	263	GN 1175	Unknown	303	GN 2123	Unknown
184	GN 1037	Unknown	224	GN 1089	Unknown	264	GN 1176	Unknown	304	GN 2124	Unknown
185	GN 1038	Unknown	225	GN 1091	Unknown	265	GN 2004	Unknown	305	GN 2126	Unknown
186	GN 1040	Unknown	226	GN 1092	Unknown	266	GN 2005	Unknown	306	GN 2128	Unknown
187	GN 1041	Unknown	227	GN 1093	Unknown	267	GN 2006	Unknown	307	GN 2133	Unknown
188	GN 1042	Unknown	228	GN 1095	Unknown	268	GN 2007	Unknown	308	GN 2139	Unknown
189	GN 1043	Unknown	229	GN 1098	Unknown	269	GN 2009	Unknown	309	GN 2142	Unknown
190	GN 1046	Unknown	230	GN 1099	Unknown	270	GN 2012	Unknown	310	GN 2143	Unknown
191	GN 1047	Unknown	231	GN 1106	Unknown	271	GN 2013	Unknown	311	GN 2143	Unknown
192	GN 1048	Unknown	232	GN 1107	Unknown	272	GN 2016	Unknown	312	GN 2144	Unknown
193	GN 1049	Unknown	233	GN 1108	Unknown	273	GN 2023	Unknown	313	GN 2148	Unknown
194	GN 1050	Unknown	234	GN 1109	Unknown	274	GN 2024	Unknown	314	GN 2153	Unknown
195	GN 1051	Unknown	235	GN 1113	Unknown	275	GN 2028	Unknown	315	GN 2154	Unknown
196	GN 1053	Unknown	236	GN 1114	Unknown	276	GN 2033	Unknown	316	GN 2157	Unknown
197	GN 1054	Unknown	237	GN 1120	Unknown	277	GN 2039	Unknown	317	GN 2158	Unknown
198	GN 1055	Unknown	238	GN 1121	Unknown	278	GN 2056	Unknown	318	GN 2159	Unknown
199	GN 1056	Unknown	239	GN 1124	Unknown	279	GN 2058	Unknown	319	GN 2161	Unknown
200	GN 1057	Unknown	240	GN 1126	Unknown	280	GN 2061	Unknown	320	GN 2162	Unknown

ادامه جدول ۵ - کد ژرم پلاسم و مبدأ ژنوتیپ های مورد بررسی

-Continue Table 5. Germplasm code and origin of the studied genotypes

ردیف Row	کد ژرم پلاسم Germplasm code	مبدأ Origin	ردیف Row	کد ژرم پلاسم Germplasm code	مبدأ Origin	ردیف Row	کد ژرم پلاسم Germplasm code	مبدأ Origin	ردیف Row	کد ژرم پلاسم Germplasm code	مبدأ Origin
321	GN 2163	Unknown	329	GN 3034	Unknown	337	GN 3011	Unknown	345	GN 2175	Iran
322	GN 2164	Unknown	330	GN 3016	Nigeria	338	GN 3038	Unknown	346	GN 1084	Japan
323	GN 3001	Unknown	331	GN 3055	Unknown	339	GN 2121	Iran	347	GN 2029	Japan
324	GN 3002	Unknown	332	GN 3056	Unknown	340	GN 2140	Iran	348	GN 2062	Japan
325	GN 3060	Unknown	333	GN 3057	Unknown	341	GN 2141	Iran	349	GN 3028	Japan
326	GN 3012	Unknown	334	GN 3058	Unknown	342	GN 2152	Iran	350	GN 3029	Japan
327	GN 3015	Unknown	335	GN 3052	Unknown	343	GN 2165	Iran	351	GN 3075	Unknown
328	GN 3033	Unknown	336	GN 3004	Unknown	344	GN 2174	Iran	352	GN 3076	Unknown
									353	GN 3077	Unknown
									354	GN 3078	Unknown

Reference:

- Boerma, H.R. and Ashley, D.A. 1988. Canopy photosynthesis and seed-fill duration in recently developed soybean cultivars and selected plant introductions. *Crop Science* 28, 137–140.
- Danaei, M. 1998. Evaluation of soybean germplasm and grouping it based on yield, yield component and maturity group in Karaj region. MSc. Thesis, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modarres University, Tehran, Iran.
- Egli, D.B., Orf, J.H. and Pfeiffer, T.W. 1984. Genotypic variation for duration of seed fill in soybean. *Crop Science* 24, 587–592.
- Egli, D.B. (1994) Cultivar maturity and reproductive growth duration in soybean. *Journal of Agronomy and Crop Science* 173, 249–254.
- Egli, D.B. 1998. Seed biology and the yield of grain crops. CAB International, Wallingford, UK. pp. 178,. ISBN 0-85199-241-2.
- Egli, D.B. and Bruening, W.P. 2000. Potential of early-maturing soybean cultivars in late plantings. *Agronomy Journal* 92, 532–537.
- Egli, D.B. 2004. Seed-fill duration and yield of grain crops. *Advances in Agronomy* 83, 243–279.
- Egli, D.B. 2006. The role of the seed in the determination of yield of grain crops. *Australian Journal of Agricultural Research* 57, 1237–1247.
- Egli, D.B. and Zhen-wen, Y. 1991. Crop growth rate and seed number per unit area in soybean. *Crop Science* 31, 439–442.
- Fehr, W. R., and Caviness, C. E., 1977. Stages of soybean development. Special Report 87. Available at Web site <http://lib.dr.iastate.edu/specialreports> (accessed 1 Jun 2019).
- Food and Agriculture Organization (FAO). 2017. The FAOSTAT Database. Available at Web site <http://faostat.fao.org/default.aspx> (accessed 5 September 2017).
- Gay, S., Egli, D.B. and Reicosky, D.A. 1980. Physiological aspects of yield improvement in soybeans. *Agronomy Journal* 72, 387–391.
- Habtegebriel, M.H., 2018. Path analysis, Genetic variability and correlation studies for soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) for grain yield and secondary traits at Asosa, Western Ethiopia. *Greener Journal of Plant Breeding and Crop Science* .Vol. 6(3), pp. 35-46, 2018
- Hanway, J.J. and Weber, C.R. 1971. Dry matter accumulation in eight soybean (*Glycine max* L. Merrill) varieties. *Agronomy Journal* 63, 227–230.
- Hausmann, B.I., Parzies. H. K., Presterl. T., Susic. Z. and Miedaner. T. 2004. Plant genetic resources in crop improvement. *Plant Genetic Resources*. 2 (1),

3-21.

- Jiang, H. and Egli, D.B. 1993. Shade induced changes in flower and pod number and fruit abscission in soybean. *Agronomy Journal* 85, 221–225.
- Joshi, D., Pendra, P., Kamendra Singh, K., and Adhikari, S. 2018. Study of genetic divergence in soybean germplasm. *Chemical Science Review and Letters*. 2018, 7(26), 533-539
- Kantolic, A.G. and Slafer, G.A. 2001. Photoperiod sensitivity after flowering and seed number determination in indeterminate soybean cultivars. *Field Crops Research* 72, 109–118.
- Kantolic, A.C. and Slafer, G.A. 2005. Reproductive development and yield components in indeterminate soybean as affected by post-flowering photoperiod. *Field Crops Research* 93, 212–222.
- Li, X., Chang, R., Li, X., and Chang, R. Z. 1998. Cluster and principal component analysis of the spring soybean varieties in China. *Acta Agronomica Sinica*. 24 (3) : 325-332.
- Kumudini, S., Hume, D.J. and Chu, G. 2001. Genetic improvement in short season soybeans: I. Dry matter accumulation, partitioning, and leaf area duration. *Crop Science* 41, 391–398.
- Mahbub, M. M., M. Mamunur Rahman, M., Hossain, M., Mahmucl, F., and Mir Kabir, M. M., 2015. Genetic variability, correlation and path analysis for yield and yield components in soybean. *American-Eurasian Journal of Agricultural and Environment Science*, 15 (2):231-236, 2015
- Masoudi, B., Behamta, M.R., Peyghambari, S.A., and Babaei, H. R., 2014. Evaluation of agronomic traits variability in different soybean growth types by using principal component analysis. *Agronomy Journal (Pajouhesh & Sazandegi)* No:108 pp: 81-90 (in persian)
- McBlain, B.A. and Hume, D.J. 1981. Reproductive abortion, yield components, and nitrogen content in three early soybean cultivars. *Canadian Journal of Plant Science* 61, 499–505.
- Metz, G.L., Green, D.E. and Shibles, R.M. 1984. Relationship between soybean yield in narrow rows and leaflet, canopy and developmental characters. *Crop Science* 24, 457–462.
- Metz, G.L., Green, D.E. and Shibles, R.M. (1985) Reproductive duration and date of maturity in populations of three wide soybean crosses. *Crop Science* 25, 171–176.
- Moe, S., and Girdthai, T. 2013. Relationships of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] Accessions based on physiological and agro-morphological traits. *International Journal of*

- Chemical, Environmental and Biological Sciences*, 1(2), pp.375-379.
- Park, S., Kim, W., Seong, R., Park, S. J., and Kim, W. H. 2000. Influences of different planting times on harvest index and yield determination factors in soybean. *Korean Journal of Crop Science*. 45 (2) : 97-102.
- Pfeiffer, T.W. and Egli, D.B. 1988. Heritability of seed-filling period estimates in soybean. *Crop Science* 28, 921-925.
- Salado-Navarro, L.R., Sinclair, T.R. and Hinson, K. 1985. Comparisons among effective filling period, reproductive period duration, and R5-R7 in determinate soybeans. *Crop Science* 25, 1050-1054.
- Shiraiwa, T. and Hashikawa, U. 1995. Accumulation and partitioning of nitrogen during seed filling in old and modern soybean cultivars in relation to seed production. *Japanese Journal of Crop Science* 64, 754-759.
- Smith, J.R. and Nelson, R.L. 1987. Predicting yield from early generation estimates of reproductive growth periods in soybean. *Crop Science* 27, 471-474.
- Smith, K. J. and W. Huysen. 1987. World distribution and significance of soybean. In: J. R. Wilcox (Ed). *Soybeans: Improvement, Production, and Uses*. Second Edition. American Society of Agronomy, Madison, WI. pp. 1-22.
- Zeiher, C., Egli, D.B., Leggett, J.E. and Reicosky, D.A. 1982. Cultivar differences in N redistribution in soybeans. *Agronomy Journal* 74, 375-379.

Evaluation of agronomy and botanical traits using multivariate statistical methods in Soybean (*Glycine max* L.) genotypes

H.R. Babaei^{1*}

1. Assistant Professor in: Seed and Plant Improvement Department, Agricultural and Natural Resources Research and Education Center of Khorasan-e Razavi; Agricultural- Research- Education & Extension Organization (AREEO); Mashhad, Iran. (Corresponding author)

Received: November 2018 Accepted: April 2020 - DOI: 10.22092/aj.2019.124022.1362

Extended Abstract

Babaei, H.R., Evaluation of agronomy and botanical traits using multivariate statistical methods in Soybean (*Glycine max* L.) genotypes
Applied Research in Field Crops Vol 33, No. 1, 2020 1-3: 1-22(in Persian)

Introduction:

Soybean (*Glycine max* L.) is one of the main sources of vegetable oil and protein in the world, which contains 18-23 percent oil and 40-30 percent protein (Smith & Huyser, 1987). Various factors such as susceptibility to pests, various diseases and environmental stresses, etc. contribute to limited yield in soybeans. In order to overcome these limitations, it is necessary to identify different sources of genetic resources and desirable traits, which will be beneficial for soybean yield improvement (Moe & Girdthai, 2013). The current research was aimed at evaluating important agronomic and botanical characteristics of 354 soybean germplasm obtained from Karaj Seed and Plant Improvement Research Institute as well as classifying them based on some effective characteristics in seed-yield breeding.

Research Methodology:

In 2013, after the preparation of the experimental land by using conventional cultivation operations (plowing, two times disk, application of fertilizers in soil and forming 60-cm planting rows), 354 soybean genotypes were grown in a nested statistical design with four sets of 51 genotypes and 3 sets of 50 genotypes with two replications . in duration growth period important botanical characteristics such as: day to flowering, day to podding, day to start seed filling, day to end of seed filling, day to physiologic maturity, day to maturity, seed filling duration, long

Email address of the corresponding author: 30241hrbabaei@gmail.com

reproductive duration index, growth habit, evaluated based on Fehr and Caviness method (1977). In maturity stage agronomic traits such as: plant Height, no. of nodes, no. of pods per plant, no. of branches, no. of seed per plant and no. of seed per pod evaluated and after harvesting seed yield per plant and 100 seed weight determined. Statistical indexes such as: Mean, minimum, maximum and variation coefficient of the traits calculated and to variance analysis of data based on the nested design was used, SAS software, Soybean genotypes were classified using cluster analysis based on hierarchical method (Ward criterion) by SPSS software. To verify the accuracy and the validity of the groups derived from cluster analysis, the principal component analysis was conducted by SPSS software Ver.15. Moreover, the two-dimensional graphical diagram of the first and second components was generated by Gen Stat 12th Edition.

Results and Discussion:

The results of analysis of variance showed a significant difference between genotypic sets for all the studied traits. Significant variation was observed for the important agronomic traits in the studied genotypes. So that the highest variation coefficient were for growth habit (7.55), grain yield (7.40) and number of seeds per plant (7.38). the variation range of the most important traits were for grain yield 2,1- 25,7 g. Growth period 126-86 days, length of grain filling period 29 - 13 days, Ratio of reproductive duration to length of growth period 0.71-0.47, number of seeds per plant 21.2-192 and 100 seed weight 6.8 - 24.7 gr. Cluster analysis divided 354 genotypes into four clusters, in which cluster 1 Most of the genotypes were late-maturity, indeterminate type, with a higher height. in cluster 2, Most of the genotypes were determinate type , medium height, in cluster 3, the most genotypes had high yield and seed number per plant with longer growth period and in cluster 4, the most genotypes were semi-determinate, very early maturity and had short height and low yield. The analysis of the principal component analysis showed that the first five components explained 32.5%, 18.1%, 9.8%, 7.98% and 7.5% of the total variance of the data respectively. The biplot of the phenological traits (PC1) and the yield component (PC2) showed that distribution pattern of genotypes had a good agreement with the cluster analysis results and genotypes GN 1130, GN 1028, GN 1040, GN 2129 and GN 2122 can be genotypes due to the high potential yield and number of seeds per plant, and the indeterminate type as superior genotypes for use in breeding programs

Key words: Yield, yield components, Reproductive growth stages, cluster analysis and principal component analysis,

References:

Fehr, W.R. and Caviness, C. E. 1977. Stages of Soybean Development. Special Report No. 80, Cooperative Extension Service, Agriculture & Home Economics, Experimental Station, Iowa State University, Ames, IA, USA.

- Moe, S., and Girdthai, T. 2013. Relationships of Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] Accessions Based on Physiological and Agro-morphological Traits. *International Journal of Chemical, Environmental and Biological Sciences*, 1(2), pp.375-379.
- Smith, K. J. and W. Huyser. 1987. World distribution and significance of soybean. In: J. R. Wilcox (Ed). *Soybeans: Improvement, Production, and Uses*. Second Edition. American Society of Agronomy, Madison, WI. pp. 1-22.