



Evaluation of important agronomic traits related to yield and identification of superior quinoa genotypes

Ebrahim Souri Laki¹, Babak Rabiei^{2*}, Vahid Jokarfard³, Hassan Marashi⁴ and Andreas Börner⁵

1. Graduate Ph.D., Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
2. Professor, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran (*Corresponding author: rabiei@guilan.ac.ir)
3. Ph.D. Student, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
4. Professor, Department of Biotechnology and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Ferdowsi, Mashhad, Iran
5. Professor, Department of Genebank, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Leibniz, Germany

Comprehensive abstract

Introduction

Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) is adapted to many regions and has the ability to grow in desert and frosts conditions, and hot and dry climates. Due to the low water requirement of quinoa, the development of its cultivation can be expanded in most provinces of the country, and in addition to providing the food needs of the growing population, it can also help in creating jobs in these areas. Since the economic value of a variety depends on the value of its various traits, it is necessary to know the status of traits and the variation between genotypes in the studied population to improve and introduce cultivars. Although early maturity quinoa cultivars have been identified and/or improved in the native land of this plant in South America and in many European countries, so far, early maturity cultivars with the other suitable quantitative and qualitative characteristics such as high grain yield and quality have not been introduced. The present study was conducted to investigate the important morphological and phenological traits related to grain yield and growth period among a number of foreign quinoa genotypes. The objectives of this experiment were to evaluate genetic diversity between genotypes in term of the studied traits and to identify and introduce high-yielding, early maturity and plantable genotypes in the region.

Materials and methods

The plant materials of this research were sixty foreign quinoa genotypes with the origin of Peru, Chile and Bolivia, obtained from the Genebank of Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Leibniz, Germany. The studied genotypes were planted in randomized complete block design with three replications in Koohdasht, Khorramabad province, Iran, in 2021 and were investigated in for important quantitative traits related to yield and yield components. The studied traits included number of days from seed sowing to growth stages of three leaves, inflorescence formation, inflorescence coloring, pollination and physiological maturity, as well as plant height, panicle length, number of panicles per plant, 1000-grain weight, grain yield, harvest index, grain saponin percentage and grain protein percentage. For data analysis, in addition to analysis of variance and comparison of means, the relationship between the studied traits was also evaluated by phenotypic and genotypic correlation coefficients, the traits affecting grain yield were identified by stepwise regression analysis, and direct and indirect effects of each trait on grain yield were estimated using path analysis method. Also, factor analysis was used to identify the hidden and independent factors affecting the studied



traits and the reasons of traits correlation, and cluster analysis was used to group the genotypes and select the superior genotypes of this experiment. All statistical analyzes of this experiment were performed using SAS ver. 9.2 and SPSS ver. 25 statistical softwares.

Research findings

The results obtained from the various statistical indices indicated the existence of statistically significant differences and high diversity among the studied quinoa genotypes for most of the evaluated traits. Calculating phenotypic and genotypic correlation coefficients showed significant correlations between grain yield and 1000-grain weight (0.938 and 0.934), harvest index (0.964 and 0.852), panicle length (0.762 and 0.750) and number of panicles per plant (0.677 and 0.651), respectively. The results of stepwise regression and path analyses of grain yield showed that 1000-grain weight and main panicle length with the highest positive and significant direct effects on grain yield, were the most important predictive variables for grain yield. Based on the results of factor analysis, three independent factors justified 81% (40%, 32% and 9%, respectively) of total variation in the studied population. Cluster analysis based on Ward's minimum variance method grouped 60 quinoa genotypes into three clusters, which included 25, 19 and 16 genotypes, respectively. The grouping resulting from the cluster analysis corresponded to the geographical distribution of the genotypes, so that the genotypes of Bolivia, Peru and Chile were grouped in the first, second and third clusters, respectively. A number of genotypes in the first and second groups with the higher values for grain yield, 1000-grain weight and panicle length, as well as the lower values for grain saponin content and phenological characteristics related to growth period, can be selected and suggested for use in the multi-regional trials to introduce the variety programs or for use in the future breeding programs.

Conclusion

The results of the present study showed a significant and very high phenotypic diversity among the studied quinoa genotypes. The superior genotypes identified in this research, after confirming the results in repeating the experiment, can be directly introduced as the new varieties and/or used as the suitable genetic resources in different quinoa breeding programs.

Keywords: Cluster analysis, Correlation coefficient, Factor analysis, Path analysis, Yield components

Received: March 12, 2022

Accepted: June 1, 2022

Cite this article:

Souri-Laki, E., Rabiei, B., Jokarfard, V., Marashi, H. and Börner, A. 2023. Evaluation of important agronomic traits related to yield and identification of superior quinoa genotypes. **Cereal Research** 12 (1): 99-114.



ارزیابی صفات مهم زراعی مرتبط با عملکرد و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر کینوا

ابراهیم سوری لکی^۱، بابک ربیعی^{۲*}، وحید جوکارفرد^۳، حسن مرعشی^۴ و آندریاس برنر^۵

۱- دانش‌آموخته دکتری، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران
 ۲- استاد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران (* نویسنده مسئول):

rabiei@guilan.ac.ir

۳- دانشجوی دکتری، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران

۴- استاد، گروه بیوتکنولوژی و به‌نژادی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی، مشهد، ایران

۵- استاد، گروه بانک ژن، مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی و گیاهان زراعی لاینیز (IPK)، لاینیز، آلمان

چکیده جامع

مقدمه: کینوا به مناطق متعددی سازگار است و قابلیت رشد در شرایط بیابانی، یخبندان‌ها و اقلیم‌های گرم و خشک را دارد. به دلیل نیاز آبی کم این گیاه، کاشت کینوا می‌تواند در بیش‌تر استان‌های کشور گسترش یابد و علاوه بر تامین نیاز غذایی جمعیت رو به رشد کشور، به اشتغال‌زایی در این مناطق نیز کمک کند. از آنجایی‌که ارزش اقتصادی یک رقم بستگی به ارزش صفات مختلف آن دارد، بنابراین آگاهی از وضعیت صفات و میزان تنوع بین ژنوتیپ‌ها در جمعیت مورد مطالعه به منظور اصلاح و معرفی ارقام ضروری است. اگرچه در موطن اصلی این گیاه در آمریکای جنوبی و نیز در بسیاری از کشورهای اروپایی، شناسایی و یا اصلاح ارقام زودرس کینوا انجام شده است، اما تا کنون موفق به معرفی ارقام زودرسی که هم‌زمان دارای سایر ویژگی‌های کمی و کیفی مطلوب نظیر عملکرد دانه بالا و کیفیت دانه مناسب باشند، نشده‌اند. از این‌رو تحقیق حاضر به منظور بررسی صفات مهم مورفولوژیک و فنولوژیک مرتبط با عملکرد دانه و طول دوره رشد در بین تعدادی از ژنوتیپ‌های وارداتی کینوا انجام شد تا ضمن ارزیابی میزان تنوع بین ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات مورد مطالعه، ژنوتیپ‌های زودرس پرمحصول و قابل کاشت در منطقه شناسایی و معرفی شوند.

مواد و روش‌ها: مواد گیاهی این تحقیق شامل ۶۰ ژنوتیپ وارداتی کینوا با منشأ کشورهای پرو، شیلی و بولیوی بود که از بانک ژن مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی (IPK) آلمان تهیه شد. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در قالب طرح پایه بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در شهرستان کوه‌دشت در سال زراعی ۱۴۰۰ کشت و از نظر صفات مهم کمی مرتبط با عملکرد و اجزای عملکرد مورد ارزیابی قرار گرفتند. صفات مورد مطالعه در این تحقیق شامل صفات تعداد روزهای از کاشت بذر تا مراحل رشد سه برگی، تشکیل گل‌آذین، رنگی شدن گل‌آذین، گرده‌افشانی و رسیدگی فیزیولوژیک، ارتفاع بوته، طول خوشه، تعداد خوشه در بوته، وزن هزاردانه، عملکرد دانه، شاخص برداشت، درصد ساپونین دانه و درصد پروتئین دانه بودند. برای تجزیه و تحلیل داده‌ها، علاوه بر تجزیه واریانس و مقایسه میانگین‌ها، ارتباط بین صفات مورد مطالعه نیز با ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی بررسی و سپس صفات موثر بر عملکرد دانه با استفاده از تجزیه رگرسیون گام به گام شناسایی و میزان آثار مستقیم و غیرمستقیم آنها بر عملکرد دانه بر اساس روش تجزیه علیت برآورد شد. از روش تجزیه به عامل‌ها برای شناسایی عوامل پنهانی و مستقل موثر بر صفات مورد مطالعه و تحلیل وجود همبستگی بین صفات و از روش تجزیه خوشه‌ای به منظور گروه‌بندی

ژنوتیپها و انتخاب ژنوتیپهای برتر این آزمایش استفاده شد. کلیه تجزیه و تحلیل‌های آماری داده‌های این آزمایش با استفاده از نرم‌افزارهای آماری SAS نسخه ۹/۲ و SPSS نسخه ۲۵ انجام شد.

یافته‌های تحقیق: نتایج حاصل از محاسبه شاخص‌های آماری مختلف، نشان‌دهنده وجود تفاوت‌های آماری معنی‌دار و تنوع قابل توجه در بین ژنوتیپهای کینوا از نظر اغلب صفات ارزیابی شده بود. برآورد ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی بین صفات نشان داد که همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری بین عملکرد دانه و صفات وزن هزار دانه (به ترتیب ۰/۹۳۸ و ۰/۹۳۴)، شاخص برداشت (به ترتیب ۰/۸۶۴ و ۰/۸۵۲)، طول خوشه (به ترتیب ۰/۷۶۲ و ۰/۷۵۰) و تعداد خوشه در بوته (به ترتیب ۰/۶۷۷ و ۰/۶۵۱) وجود داشت. نتایج حاصل از تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام و تجزیه علیت عملکرد دانه نیز نشان داد که دو صفت وزن هزار دانه و طول خوشه اصلی، دارای بیش‌ترین تأثیر مثبت و مستقیم معنی‌دار بر عملکرد دانه بودند و به‌عنوان متغیرهای پیشگویی کننده عملکرد دانه انتخاب شدند. بر اساس نتایج تجزیه به عامل‌ها، سه عامل اصلی و مستقل در مجموع ۸۱ درصد از تغییرات کل جمعیت مورد مطالعه را توجیه کردند و سهم این عامل‌ها به ترتیب ۳۹/۶۰۲، ۳۲/۱۷۳ و ۹/۳۹۳ درصد بود. تجزیه خوشه‌ای بر اساس روش حداقل واریانس وارد، ۶۰ ژنوتیپ مورد مطالعه را در سه گروه قرار داد که به ترتیب شامل ۱۶ و ۱۹ ژنوتیپ بودند. گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای با توزیع جغرافیایی ژنوتیپ‌ها مطابقت داشت، به طوری که ژنوتیپ‌های گروه اول دارای منشأ بولیوی، گروه دوم دارای منشأ پرو و گروه سوم دارای منشأ شیلی بودند. تعدادی از ژنوتیپ‌های موجود در گروه‌های اول و دوم که از نظر صفات عملکرد دانه، وزن هزار دانه و طول خوشه اصلی دارای ارزش‌های بالاتر و در عین حال از نظر میزان ساپونین دانه و ویژگی‌های فنولوژیک مرتبط با طول دوره رشد دارای ارزش‌های کم‌تری بودند، جهت قرار گرفتن در برنامه معرفی رقم و یا استفاده در برنامه‌های به‌نژادی بعدی انتخاب و معرفی شدند.

نتیجه‌گیری: نتایج حاصل از این تحقیق، تنوع ژنوتیپی قابل توجه و بسیار بالایی را در بین ژنوتیپ‌های مطالعه شده کینوا نشان داد. از ژنوتیپ‌های برتر شناسایی شده در این تحقیق، در صورت تایید نتایج در تکرار آزمایش، می‌توان علاوه بر معرفی مستقیم آنها به‌عنوان رقم، به‌عنوان منابع ژنتیکی مناسب در برنامه‌های به‌نژادی مختلف کینوا استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: اجزای عملکرد، تجزیه به عامل‌ها، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه علیت، ضرایب همبستگی

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۱۲/۲۱

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۳/۱۱

نحوه استناد به این مقاله:

سوری لکی، ابراهیم، ربیعی، بابک، جوکارفرد، وحید، مرعشی، حسن و برنر، آندریاس. ۱۴۰۱. ارزیابی صفات مهم زراعی مرتبط با عملکرد و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر کینوا. تحقیقات غلات ۱۲ (۱): ۹۹-۱۱۴.

مقدمه

ایران کشوری وسیع با تنوع آب و هوایی است که بسیاری از مناطق آن دارای آب و هوای خشک است و میزان بارندگی متوسط سالیانه آن یک‌سوم متوسط جهانی است. خاک‌های اغلب مناطق کشور از نظر بافت و ویژگی‌های فیزیکی و شیمیایی نیز دارای محدودیت هستند. با وجود این محدودیت‌ها و نیز با توجه به جمعیت رو به رشد کشور، تأمین نیاز غذایی مردم به‌میزان کافی و با تنوع و کیفیت مطلوب با استفاده از پتانسیل‌های تولید محصولات کشاورزی، از ضروریات و الزامات کشور است که وظیفه‌ای سنگین بر دوش بخش کشاورزی و به‌ویژه تحقیقات است. از وظایف تحقیقات کشاورزی بررسی گیاهان جدید و مناسب برای تولید مواد غذایی با توجه به شرایط زراعی کشور است. تغییرات آب و هوای ایران به سمت گرم و خشک شدن و نیز شور شدن تدریجی خاک‌های زراعی کشور از یک‌سو و تحمل بالای گیاه کینوا در مقابل خشکی و شوری از سوی دیگر، دلایل قانع کننده و منطقی برای استفاده از کینوا به‌عنوان یک گیاه مناسب جهت رسیدن به کشاورزی پایدار، تغذیه مناسب و تولید صنعتی است (Jamali et al., 2016).

کینوا گیاهی است که علاوه بر دانه، از برگ گیاهان جوان آن نیز به‌عنوان سبزی تازه و یا به‌صورت پخته استفاده می‌شود (Bhargava et al., 2006). این گیاه ارزشمند شبه‌غله، با ویژگی دارویی و غذایی مطلوب، بومی کشورهای کوهپایه‌ای آند مانند بولیوی، پرو، اکوادور و شیلی در آمریکای جنوبی است. کینوا به‌دلیل ارزش غذایی بالا، نسبت‌های مناسب و مطلوب اسیدهای آمینه و مقادیر قابل توجه ویتامین‌ها و مواد معدنی، توسط سازمان خوارو بار جهانی (FAO) با شیر خشک مقایسه شده است. برای معرفی نقش این گیاه ارزشمند در امنیت غذایی، سال ۲۰۱۳ توسط مجمع عمومی سازمان ملل متحد به‌عنوان سال بین‌المللی کینوا نام‌گذاری شد (FAO, 2013). ارزشمندبودن این گیاه موجب شده است که بسیاری از کشورها به‌ویژه کشورهای اروپایی تحقیقات گسترده‌ای را روی آن آغاز کنند (Bhargava et al., 2006)، اما کینوا در ایران گیاه جدیدی است و هنوز ارقام مناسب آن برای کشت در مناطق مختلف کشور معرفی نشده‌اند. بنابراین ابتدا لازم است با ارزیابی ژنوتیپ‌های مختلف خارجی، ژنوتیپ‌های مناسب کشت در

اقلیم‌های مختلف کشور شناسایی شوند. ویژگی‌های زراعی مهمی که عموماً در کینوا ارزیابی می‌شوند، شامل عملکرد و اجزای عملکرد دانه، ارتفاع بوته، طول دوره رشد، شکل و تراکم خوشه، وزن هزار دانه، رنگ گیاه قبل از گلدهی و بعد از رسیدگی فیزیولوژیک، رنگ دانه، قطر دانه، میزان پروتئین و میزان ساپونین دانه هستند (Rojas et al., 2003).

بارگو و همکاران (Bhargava et al., 2008) مطالعه‌ای را به‌منظور شناسایی شاخص‌های انتخاب مستقیم و غیر مستقیم جهت اصلاح عملکرد دانه و سه ویژگی مهم کیفی شامل پروتئین دانه، کارتنوئید دانه و کارتنوئید برگ انجام دادند. نتایج آنها نشان داد که عملکرد دانه دارای همبستگی مثبت معنی‌دار با قطر دانه، کلروفیل‌های a و کل و کارتنوئید برگ و همبستگی منفی با پروتئین و کارتنوئید دانه بود، اما ارتباطی بین اندازه دانه با هیچ‌یک از صفات عملکرد، پروتئین و رنگدانه‌ها مشاهده نشد. این محققین در انتها قطر دانه را به‌عنوان مهم‌ترین شاخص انتخاب غیر مستقیم جهت افزایش عملکرد دانه عنوان کردند. مالیرو و همکاران (Maliro et al., 2017)، ۱۱ رقم متنوع کینوا با منشا مختلف را از نظر عملکرد و اجزای عملکرد در دو منطقه مرکزی مالاوی تحت دو شرایط دیم و آبیاری مورد ارزیابی قرار دادند. آن‌ها نشان دادند که عملکرد دانه کلیه ارقام تحت شرایط آبیاری بیش‌تر از شرایط دیم بود، اما تحت شرایط آبیاری، رقم تی‌تی‌کاکا با متوسط عملکرد ۳۰۱۹ کیلوگرم در هکتار و تحت شرایط دیم، رقم دانه سیاه با متوسط عملکرد ۲۰۵۰ کیلوگرم در هکتار پرمحصول‌ترین رقم‌ها بودند. شیرین‌نژاد و همکاران (Shirinnejad et al., 2019) نیز به‌منظور بررسی اثر رقم و تاریخ کاشت بر شاخص‌های مورفولوژیک، فیزیولوژیک و بیوشیمیایی کینوا، تعداد چهار رقم را در سه تاریخ کاشت مختلف در دانشگاه محقق اردبیلی مطالعه و نشان دادند که رقم ساجاما دارای بیش‌ترین میزان پرولین، محتوای آب نسبی برگ، قطر ساقه و مساحت برگ و رقم Q29 دارای کم‌ترین میزان این صفات بود و بنابراین رقم ساجاما را رقم سازگارتری در تاریخ‌های کاشت مختلف تحت شرایط محیطی اردبیل معرفی کردند.

اگرچه بسیاری از کشورهای اروپایی، اقدام به شناسایی و یا اصلاح ارقام زودرس کینوا کرده‌اند، اما هنوز موفق به معرفی رقم زودرس دارای ویژگی‌های مطلوب از نظر عملکرد

زمان رسیدگی کامل و هنگامی که بوته‌های کینوا کاملاً زرد بودند و دانه‌ها به راحتی از خوشه‌ها جدا می‌شدند، انجام شد. یادداشت برداری صفات مختلف از مرحله رشد سه برگی آغاز شد و تا مرحله پایانی رشد ادامه داشت. بعد از برداشت نیز درصد ساپونین و پروتئین دانه در آزمایشگاه اندازه‌گیری شد. جهت اندازه‌گیری صفات مورد مطالعه، دو ردیف کناری هر کرت و یک بوته از انتهای تمامی ردیف‌ها به عنوان حاشیه در نظر گرفته شد و نمونه برداری جهت اندازه‌گیری صفات به‌طور تصادفی از تمامی بوته‌های باقی‌مانده انجام شد. صفات مورد مطالعه در این تحقیق شامل روزهای از کاشت بذر تا مراحل (سه برگی، تشکیل گل‌آذین، رنگی شدن گل‌آذین، گرده‌افشانی و رسیدگی فیزیولوژیک)، ارتفاع بوته، تعداد خوشه در بوته، طول خوشه، وزن هزار دانه، عملکرد دانه، شاخص برداشت و میزان پروتئین و ساپونین بودند.

جهت تعیین میزان پروتئین دانه، ابتدا با استفاده از دستگاه کج‌دال مدل گرهارت (Gerhardt) ساخت آلمان، درصد نیتروژن موجود در نمونه‌ها با استفاده از رابطه (۱) اندازه‌گیری شد (Bradford, 1976):

$$N = \frac{A \times 1.4008 \times (V_s - V_c)}{W} \quad (1)$$

در این رابطه، N میزان نیتروژن موجود در نمونه، A نرمالیت اسید مصرفی، W وزن نمونه و V_s و V_b به ترتیب مقدار اسید کلریدریک مصرفی برای تیتراسیون نمونه مورد نظر و نمونه شاهد است. سپس درصد پروتئین دانه بر اساس رابطه (۲) محاسبه شد (Bradford, 1976):

$$\text{Protein} = N \times 6.25 \quad (2)$$

میزان ساپونین دانه نیز بر اساس روش کوزیل (Koziol, 1991) اندازه‌گیری شد. در این روش، مقدار ۷ گرم بذر خشک (SW) به لوله آزمایش به طول ۱۷۰ میلی‌متر و قطر ۱۸ میلی‌متر منتقل و ۱۰ میلی‌لیتر آب به آن اضافه شد. لوله آزمایش به مدت ۴۵ ثانیه به شدت تکان داده شد تا در بالای آن کف ایجاد شود. کف حاصل به مدت ۱۵ ثانیه حل شد و سپس بعد از یک تکان نهایی، ارتفاع کف (FH) از بالای آب اندازه‌گیری شد. در انتها میزان ساپونین به‌ازای هر گرم وزن دانه با استفاده از رابطه (۳) برآورد شد (Koziol, 1991):

$$\text{Saponin} = 0.423 \times \text{FH} + \frac{0.008}{\text{SW}} \quad (3)$$

و کیفیت دانه نشده‌اند. از این رو پژوهش حاضر به منظور بررسی صفات مهم مرتبط با عملکرد و اجزای عملکرد در تعدادی از ژنوتیپ‌های کینوا با هدف شناسایی و معرفی ژنوتیپ‌های برتر و مناسب کشت در منطقه انجام شد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی استفاده شده در این پژوهش شامل ۶۰ ژنوتیپ مختلف کینوا تهیه شده از بانک ژن موسسه IPK آلمان بود (جدول ۱). این پژوهش در تاریخ دهم اردیبهشت ماه سال ۱۴۰۰ در یک مزرعه تحقیقاتی واقع در شهرستان کوهدشت (استان لرستان)، در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار اجرا شد. طول واحدهای آزمایشی پنج متر، عرض آن‌ها سه متر، فاصله بین ردیف‌ها ۴۰ سانتی‌متر و فاصله روی ردیف‌ها ۳۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد.

میزان بذر مورد نیاز جهت دستیابی به تراکم مطلوب، با توجه به وزن هزار دانه، درصد خلوص و درصد جوانه‌زنی بذر، ۳۳ بوته در مترمربع محاسبه شد. جهت کشت بذر، ابتدا به کمک شیارزن، شیارهایی با فواصل ۴۰ و عمق ۲-۳ سانتی‌متر ایجاد شد. سپس بذر با فواصل ۳۰ سانتی‌متری در شیارها قرار گرفتند و با خاک پوشانده شدند. میزان کود استفاده شده در این آزمایش با توجه به نتایج آزمون خاک مزرعه، شامل ۵۰ کیلوگرم در هکتار کود سولفات پتاسیم، ۴۰ کیلوگرم در هکتار سوپر فسفات تریپل و ۵۰ کیلوگرم در هکتار کود اوره بود. ۵۰ درصد کود اوره در مرحله شش تا هشت برگی و ۵۰ درصد باقی‌مانده قبل از گلدهی مصرف شد. کاشت بذر به صورت کپه‌ای با تعداد سه بذر در هر کپه انجام شد که بعد از جوانه‌زنی و استقرار بوته در مرحله ۵ تا ۶ برگی تنک شد. اولین آبیاری بلافاصله بعد از کاشت ژنوتیپ‌ها و آبیاری دوم و سوم به فاصله ۴ روز از هم و دور آبیاری بعدی بین ۷ تا ۱۵ روز بر مبنای شرایط گیاه تنظیم و آبیاری به صورت بارانی انجام شد. برای مبارزه با آفات مانند شته و کرم‌های طوقه‌بر از دیازینون دو در هزار به صورت محلول‌پاشی روی اندام‌های هوایی و برای مبارزه با بیماری سفیدک از قارچ‌کش ردومیل با غلظت سه در هزار با سه بار تکرار به فاصله هفت روز استفاده شد. برداشت ژنوتیپ‌ها در

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های کینوا مطالعه شده در این آزمایش

Table 1. Characteristics of the studied quinoa genotypes in this experiment

No.	Genotype [†]	Code	Origin	Seed color	No.	Genotype	Code	Origin	Seed color
1	CHEN67	D2190	Peru	Brown	31	CHEN196	D9407	Chile	Yellow
2	CHEN68	D2191	Peru	Golden-brown	32	CHEN199	D9409	Peru	Bright-white
3	CHEN71	D2196	Chile	Light brown	33	CHEN202	D9413	Peru	White
4	CHEN83	D2194	Bolivia	Bright-white	34	CHEN301	D9789	Chile	White
5	CHEN84	D2195	Bolivia	White	35	CHEN204	D9415	Chile	Golden
6	CHEN89	D5078	Bolivia	Bright	36	CHEN205	D9416	Chile	White
7	CHEN90	D5079	Chile	White	37	CHEN206	D9417	Chile	Golden
8	CHEN91	D5081	Bolivia	Golden	38	CHEN207	D9418	Chile	Bright
9	CHEN115	D9316	Bolivia	White	39	CHEN209	D9420	Chile	Bright-white
10	CHEN119	D9319	Bolivia	Whitish-yellow	40	CHEN210	D9421	Chile	White
11	CHEN121	D9336	Chile	Yellow	41	CHEN212	D9426	Chile	Golden
12	CHEN123	D9428	Peru	White	42	CHEN214	D9429	Peru	White
13	CHEN126	D9339	Peru	Bright	43	CHEN215	D9730	Peru	Bright
14	CHEN128	D9320	Chile	Whitish-yellow	44	CHEN216	D9431	Peru	White
15	CHEN133	D9361	Bolivia	Yellow	45	CHEN217	D9432	Chile	Bright
16	CHEN146	D9374	Bolivia	Bright-white	46	CHEN218	D9434	Chile	Whitish
17	CHEN151	D9382	Chile	White	47	CHEN220	D9439	Peru	Yellow
18	CHEN154	D9385	Peru	White	48	CHEN223	D9442	Chile	Bright-white
19	CHEN156	D9390	Chile	Golden	49	CHEN225	D9443	Peru	White
20	CHEN159	D9376	Bolivia	Brown	50	CHEN255	D9502	Chile	White
21	CHEN167	D9346	Chile	Yellow	51	CHEN268	D9548	Chile	Bright-white
22	CHEN171	D9350	Chile	Bright-white	52	CHEN270	D9558	Chile	Yellow
23	CHEN172	D9351	Peru	White	53	CHEN297	D9786	Chile	Bright-white
24	CHEN179	D9358	Chile	White	54	CHEN299	D9788	Chile	White
25	CHEN182	D9392	Peru	White	55	CHEN328	D9803	Peru	White
26	CHEN189	D9400	Peru	White	56	CHEN364	D9855	Chile	Whitish-yellow
27	CHEN191	D9402	Chile	Bright	57	CHEN371	D9862	Chile	Yellow
28	CHEN193	D9404	Chile	White	58	CHEN390	D9878	Peru	Bright-white
29	CHEN194	D9405	Chile	Bright	59	CHEN391	D9879	Chile	White
30	CHEN195	D9406	Peru	Whitish-yellow	60	CHEN392	D9880	Peru	White

[†] All studied genotypes in this experiment were obtained from the IPK Gene Bank, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Leibniz, Germany.

شد. به منظور تعیین میزان ارتباط بین صفات مورد مطالعه، ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی بین کلیه صفات محاسبه و سپس جهت شناسایی صفات با اثر معنی‌دار بر عملکرد دانه از روش تجزیه رگرسیون گام به گام استفاده شد و به دنبال آن با استفاده از روش تجزیه علیت، میزان آثار مستقیم و غیرمستقیم هر یک از صفات شناسایی شده بر

به منظور تجزیه و تحلیل داده‌های حاصل از اندازه‌گیری صفات مختلف مطالعه شده در این آزمایش، ابتدا جهت توصیف کلی از ژنوتیپ‌ها و جمعیت مورد مطالعه، آماره‌های توصیفی شامل حداقل و حداکثر داده‌ها، میانگین، دامنه تغییرات، انحراف معیار و ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی به تفکیک برای هر یک از صفات اندازه‌گیری شده محاسبه

توصیفی شامل حداقل و حداکثر داده‌ها، دامنه تغییرات، میانگین، انحراف معیار و ضرایب تغییرات فتوتیپی و ژنوتیپی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه کینوا در جدول ۲ ارائه شده است. همان‌طور که از مقادیر آماره‌های مختلف ارائه شده در این جدول مشاهده می‌شود، تنوع ژنتیکی قابل توجهی از نظر کلیه صفات ارزیابی شده در جمعیت مشاهده می‌شود. نتایج حاصل از محاسبه حداقل و حداکثر داده‌ها و دامنه تغییرات صفات مورد مطالعه نشان داد که صفات عملکرد دانه و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک به ترتیب با مقدار ۲۰۴۲ کیلوگرم در هکتار و ۶۸/۱۶ روز بالاترین دامنه تغییرات را دارا بودند. ذکر این نکته ضروری است که صفات عملکرد و درصد ساپونین از جمله مهم‌ترین صفات و ویژگی‌های گیاه کینوا هستند، به‌طوری‌که ارقام با عملکرد دانه بالا و درصد ساپونین دانه پایین ارزشمند بوده و به‌عنوان رقم‌های با ارزش اقتصادی بالاتر معرفی می‌شوند. تنوع موجود در جمعیت مورد مطالعه برای عملکرد دانه به‌عنوان مهم‌ترین هدف اصلاحی در هر گیاه زراعی و از جمله کینوا، بسیار قابل توجه و از حداقل ۲۱۶۶ تا ۴۲۰۸ کیلوگرم در هکتار متغیر بود. همچنین برای میزان ساپونین دانه، تنوع قابل توجهی مشاهده شد، به‌طوری‌که میزان آن در ژنوتیپ‌های مختلف از حداقل ۱/۰۹ تا حداکثر ۲/۸۳ متغیر بود.

عملکرد دانه برآورد شد. از روش تجزیه به عامل‌ها با چرخش واریماکس جهت شناسایی عوامل پنهانی موثر بر صفات اندازه‌گیری شده و از روش تجزیه خوشه‌ای بر اساس حداقل واریانس وارد، به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه استفاده شد. برای محاسبه آماره‌های توصیفی، تجزیه واریانس، مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها و ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی از نرم‌افزار SAS نسخه ۹.۲ و برای انجام تجزیه رگرسیون، تجزیه علیت، تجزیه به عامل‌ها و تجزیه خوشه‌ای از نرم‌افزار SPSS نسخه ۲۵ استفاده شد.

نتایج و بحث

از آن‌جایی‌که ارزش اقتصادی یک ژنوتیپ به ارزش صفات مختلف آن بستگی دارد، به‌همین دلیل آگاهی از میزان تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت از نظر صفات مهم مورد نظر و نیز روابط بین صفات می‌تواند به اصلاح و معرفی ارقام کمک شایانی کند. بدین منظور، در این پژوهش ۶۰ ژنوتیپ وارداتی کینوا تهیه شده از موسسه IPK آلمان بر اساس صفات زراعی و مرفولوژیک مرتبط با عملکرد دانه ارزیابی شد تا ضمن ارزیابی میزان تنوع بین ژنوتیپ‌ها، ژنوتیپ‌های پرمحصول و قابل کاشت در منطقه مورد مطالعه شناسایی و معرفی شوند. نتایج حاصل از ارزیابی آماره‌های

جدول ۲- آماره‌های توصیفی صفات ارزیابی شده در این آزمایش

Table 2. Descriptive statistics of the evaluated traits in the experiment

Trait [†]	Minimum	Maximum	Range	Mean	Standard deviation	Phenotypic coefficient of variation	Genotypic coefficient of variation
DL	10.58	16.66	6.8	14.05	1.20	8.54	8.19
DI	36.75	62.16	25.41	48.86	6.22	12.73	12.09
DC	36.5	78.66	42.16	55.98	7.64	13.64	13.52
DP	51.16	90.16	39	66.3	7.55	11.38	11.29
DM	61.41	96.25	34.85	76.78	7.23	9.41	9.29
DD	68.91	103.75	34.83	84.25	7.21	8.55	8.42
DPM	84.83	153	68.16	121.51	14.27	11.74	11.38
PH	77.34	132.16	54.82	8176	28.81	10.27	9.64
PL	16.25	28.91	12.66	25.09	1.33	5.60	5.35
NPP	13.83	20.16	6.33	17	2.60	15.29	15.07
TSW	1.63	3.2	1.57	2.49	0.38	15.26	15.04
SC	1.09	2.83	1.74	1.99	0.58	18.54	17.98
PC	17.58	24.08	6.5	21.08	0.39	1.85	1.51
GY	2166.3	4208.3	2042	3285.44	505.93	15.39	14.86
HI	16.5	32.39	15.88	25.2	3.97	15.74	15.04

[†] The symbol of traits are: DL, days to three leaves stage; DI, days to inflorescence formation; DC, days to inflorescence coloring; DP, days to pollination; DM, days to milk stage; DD, days to dough stage; DPM, days to physiological maturity; PH, plant height; PL, panicle length; NPP, number of panicles per plant; TSW, 1000-seed weight; SC, saponin content; PC, protein content; GY, grain yield; HI, harvest index.

باید توجه داشت که صفات مختلف با مقیاس‌ها و واحدهای مختلفی اندازه‌گیری می‌شوند و بسیاری از آن‌ها، قابل تبدیل به یک مقیاس واحد نیستند. از این‌رو دامنه تغییرات (Range) صفات، اگرچه برای هر صفت می‌تواند مفید باشد و ایده‌ای از تفاوت مقادیر آن صفت در بین ارقام مختلف را ارائه دهد، اما معیار مناسبی برای مقایسه میزان تنوع موجود در صفات مختلف نیست. در مقابل، ضریب تغییرات (Coefficient of variation) دارای مقیاس واحد اندازه‌گیری نیست و در حقیقت یک شاخص آماری استاندارد و معتبرتر از همه شاخص‌های تنوع دیگر از جمله دامنه تغییرات است و به راحتی می‌توان با استفاده از آن میزان تنوع موجود در صفات مختلف را مورد بررسی قرار داد. بر این اساس، بررسی ضریب تغییرات فنوتیپی صفات نشان داد که درصد ساپونین با مقدار $17/98$ درصد بالاترین میزان تنوع را در بین تمامی صفات مطالعه شده در این جمعیت داشت و پس از آن، به ترتیب صفات شاخص برداشت، عملکرد دانه، تعداد خوشه در بوته و وزن هزار دانه با ضریب تغییرات بیش‌تر از 15 درصد، بالاترین تنوع را در جمعیت مورد مطالعه داشتند. در مقابل، میزان پروتئین دانه و طول خوشه به ترتیب با مقدار $1/85$ و $5/60$ درصد دارای کم‌ترین ضریب تغییرات فنوتیپی بودند. به همین ترتیب بیش‌ترین و کم‌ترین ضریب تغییرات ژنوتیپی نیز برای صفات درصد ساپونین و درصد پروتئین دانه به ترتیب با $17/98$ و $1/51$ درصد مشاهده شد. به‌طور کلی، نتایج حاصل از جدول ۲ نشان داد که تنوع بالایی بین ژنوتیپ‌های کینوا مورد مطالعه برای بیش‌تر صفات مرتبط با عملکرد، اجزای عملکرد و کیفیت دانه وجود داشت و بنابراین به نظر می‌رسد که بتوان از بین این ژنوتیپ‌ها، تعدادی از ژنوتیپ‌های برتر پرمحصول و با ویژگی‌های کیفی مناسب و مطلوب که قابلیت کشت در منطقه را دارا هستند، انتخاب و معرفی کرد. جاکوبسن و همکاران (Jacobsen *et al.*, 2003) و لورنا-پلا و همکاران (Lorena-Pla *et al.*, 2012) نیز در پژوهش‌های مشابهی سطح بالایی از تنوع را برای بسیاری از ژنوتیپ‌های مطالعه شده کینوا گزارش کردند.

همان‌طور که فنوتیپ شامل آثار ژنتیکی و محیطی است، ضریب همبستگی فنوتیپی نیز تحت تأثیر هر دو نوع عوامل ژنتیکی و محیطی قرار می‌گیرد. بررسی ضرایب همبستگی

بین صفات مختلف باعث می‌شود تا بتوان ضمن تعیین نوع رابطه بین صفات و شناسایی صفات با ارتباط معنی‌دار با یکدیگر، در مورد شاخص‌های غیرمستقیم انتخاب و حذف صفات غیرموثر به‌طور دقیق تصمیم‌گیری کرد (Danesh *et al.*, 2017). ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی بین صفات مطالعه شده در جدول ۳ ارائه شده است. نتایج نشان داد که بالاترین همبستگی مثبت و معنی‌دار به ترتیب بین وزن هزار دانه و عملکرد دانه ($0/938$ ، $0/934$)، تعداد روز تا سه برگی و درصد پروتئین ($0/935$ ، $0/931$)، وزن هزار دانه و شاخص برداشت ($0/925$ ، $0/920$)، روز تا رنگی شدن گل‌آذین و روز تا گرده‌افشانی ($0/922$ ، $0/916$) و روز تا شیرگی شدن و روز تا خمیری شدن ($0/914$ ، $0/906$) مشاهده شد. وجود این نوع همبستگی‌های مثبت و معنی‌دار بین صفات و همسو بودن تغییرات بین آنها اهمیت زیادی برای به‌نژادگر دارد، به‌طوری که می‌توان هر یک از این صفات را به‌عنوان نماینده سایر صفات قلمداد کرد و بنابراین از طریق میزان و جهت تغییرات یک صفت به جهت و مقادیر نسبی تغییرات صفات دیگر پی برد (Ochoa and Peralta, 1988). نتایج حاصل از محاسبه ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی (جدول ۳) نشان داد که به‌جز دو صفت ارتفاع بوته و درصد ساپونین که با هیچ‌یک از صفات همبستگی معنی‌دار نداشتند، سایر صفات مطالعه شده حداقل با یک صفت دیگر دارای ارتباط معنی‌دار بود، علاوه بر این، همبستگی منفی معنی‌دار بین هیچ‌یک از صفات مشاهده نشد. روخاس و همکاران (Rojas *et al.*, 2003) نیز همانند این تحقیق همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی بین عملکرد دانه با تعداد خوشه در بوته، طول خوشه و وزن هزار دانه را معنی‌دار اعلام کردند. در مقابل، مالیرو و همکاران (Maliro *et al.*, 2017) ارتباط مثبت و معنی‌داری بین درصد ساپونین دانه کینوا با روز تا رسیدگی فیزیولوژیک گزارش کردند که با نتایج این آزمایش مطابقت نداشت که دلیل آن می‌تواند ارزیابی ژنوتیپ‌های متفاوت و شرایط اقلیمی متفاوت دو آزمایش باشد. با توجه به نتایج همبستگی‌های ژنتیکی، می‌توان انتخاب‌های غیرمستقیم مثبتی را بر اساس صفات وزن هزار دانه، شاخص برداشت، تعداد خوشه در بوته و طول خوشه توان به‌منظور افزایش عملکرد دانه انجام داد.

جدول ۳- ضرایب همبستگی فنوتیپی (بالای قطر) و ژنوتیپی (پایین قطر) بین صفات مورد مطالعه در ۶۰ ژنوتیپ کینوا

Table 3. Phenotypic (above diagonal) and genotypic (below diagonal) correlation coefficients among the studied traits in 60 quinoa genotypes

Trait [†]	DL	DI	DC	DP	DM	DD	DPM	PH	PL	NPP	TSW	SC	PC	GY	HI
DL	1	0.08	0.08	0.10	0.09	0.08	0.20	0.13	0.88**	0.76**	0.69**	0.02	0.94**	0.69**	0.69**
DI	0.08	1	0.86**	0.85**	0.83**	0.81**	0.09	0.11	0.03	0.15	0.09	-0.18	0.09	0.09	0.09
DC	0.08	0.85**	1	0.92**	0.91**	0.90**	0.01	0.19	0.05	0.08	0.10	-0.05	0.08	0.09	0.10
DP	0.10	0.83**	0.92**	1	0.92**	0.91**	0.01	0.15	0.08	0.08	0.09	-0.58	0.10	0.09	0.09
DM	0.08	0.80**	0.90**	0.91**	1	0.91**	0.02	0.12	0.03	0.07	0.08	-0.06	0.09	0.08	0.08
DD	0.08	0.80**	0.89**	0.70**	0.91**	1	0.02	0.11	0.03	0.07	0.08	-0.05	0.09	0.07	0.08
DPM	0.19	0.08	0.00	0.00	0.01	0.01	1	0.20	0.11	0.25*	0.19	-0.09	0.19	0.19	0.20
PH	0.13	0.10	0.17	0.14	0.10	0.11	0.19	1	0.13	-0.07	0.002	0.16	0.13	0.00	0.01
PL	0.93**	0.02	0.03	0.08	0.02	0.03	0.10	0.12	1	0.72**	0.70**	0.03	0.87**	0.76**	0.67**
NPP	0.80**	0.13	0.07	0.06	0.06	0.06	0.25*	-0.07	0.70**	1	0.70**	-0.15	0.73**	0.76**	0.70**
TSW	0.75**	0.08	0.08	0.08	0.07	0.07	0.18	0.001	0.75**	0.75**	1	-0.09	0.74**	0.94**	0.93**
SC	0.01	0.17	-0.04	0.04	-0.04	0.05	-0.08	0.15	0.02	-0.14	-0.07	1	0.01	0.09	-0.08
PC	0.93**	0.07	0.07	0.09	0.08	0.08	0.18	0.12	0.86**	0.72**	0.66**	0.00	1	0.68**	0.67**
GY	0.69**	0.09	0.08	0.07	0.07	0.07	0.18	0.00	0.75**	0.75**	0.93**	-0.07	0.65**	1	0.86**
HI	0.74**	0.08	0.07	0.08	0.06	0.06	0.17	0.00	0.67**	0.70**	0.92**	-0.06	0.67**	0.85**	1

* and **: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

† The symbol of traits are: DL, days to three leaves stage; DI, days to inflorescence formation; DC, days to inflorescence coloring; DP, days to pollination; DM, days to milk stage; DD, days to dough stage; DPM, days to physiological maturity; PH, plant height; PL, panicle length; NPP, number of panicles per plant; TSW, 1000-seed weight; SC, saponin content; PC, protein content; GY, grain yield; HI, harvest index.

تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام و تجزیه علیت برای عملکرد دانه ژنوتیپ‌های کینوا

مهم‌ترین هدف اصلاحی در تمامی گیاهان زراعی از جمله کینوا، اصلاح و افزایش عملکرد دانه است، اما به‌علت چند ژنی بودن عملکرد دانه، وراثت‌پذیری آن کم بوده و شدیداً تحت تاثیر عوامل محیطی قرار می‌گیرد. به این دلیل برای اصلاح عملکرد دانه در گیاهان، به‌نژادگران گیاهی عموماً به‌دنبال صفات دیگر همبسته و تأثیرگذار بر عملکرد دانه و در عین حال صفات با وراثت‌پذیری بالا هستند تا از این طریق بتوانند با اصلاح این صفات، عملکرد دانه را نیز به‌طور غیرمستقیم افزایش دهند. از این‌رو، به‌منظور شناسایی صفات با آثار معنی‌دار بر عملکرد دانه ژنوتیپ‌های کینوا مطالعه شده در این تحقیق، تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام انجام و در آن عملکرد دانه به‌عنوان متغیر وابسته و سایر صفات اندازه‌گیری شده به‌غیر از شاخص برداشت، به‌عنوان متغیرهای مستقل و پیشگویی کننده عملکرد در نظر گرفته شدند. نتایج حاصل از تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام عملکرد دانه نشان داد که فقط دو صفت طول خوشه و وزن هزار دانه، هر دو با ضریب رگرسیون مثبت و معنی‌دار، متغیرهای پیشگویی کننده موثر بر عملکرد دانه بودند. ضریب تبیین نهایی مدل رگرسیونی ۰/۹۶ بود، به این معنی که این دو متغیر ۹۶ درصد از تنوع عملکرد دانه را در جمعیت مورد مطالعه توجیه کردند. در مرحله بعد، هر یک از این دو صفت وارد شده به مدل رگرسیون، به‌طور جداگانه به‌عنوان متغیرهای وابسته لحاظ شدند تا متغیرهای رده دوم موثر بر عملکرد دانه نیز شناسایی شوند. نتایج تجزیه رگرسیون این دو صفت نیز نشان داد که برای طول خوشه اصلی، دو صفت تعداد خوشه در بوته و روز تا گرده‌افشانی هر دو با ضریب رگرسیون مثبت و معنی‌دار و برای وزن هزار دانه، دو صفت ارتفاع بوته و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک به‌ترتیب با ضریب رگرسیون منفی و مثبت معنی‌دار، تنوع این صفات را در جمعیت مطالعه شده توصیف می‌کنند.

در ادامه تجزیه رگرسیون و پس از شناسایی متغیرهای رده اول و دوم موثر بر عملکرد دانه، از روش تجزیه علیت استفاده و طی سه مرحله مجزا، ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی بین صفات وابسته (عملکرد دانه و هر یک از صفات طول خوشه و وزن هزار دانه) و متغیرهای پیشگویی کننده آنها به آثار مستقیم و غیرمستقیم تفکیک و نتایج در جدول ۴ ارائه شد.

نتایج حاصل از تجزیه علیت عملکرد دانه نشان داد که از بین دو صفت طول خوشه اصلی و وزن هزار دانه، صفت وزن هزار دانه دارای اثر مستقیم معنی‌دار بسیار بالا و قابل توجهی (فنوتیپی ۰/۸ و ژنوتیپی ۰/۸۴) بر عملکرد دانه بود، اما اثر غیر مستقیم آن از طریق طول خوشه (اثر غیر مستقیم فنوتیپی ۰/۱۴ و ژنوتیپی ۰/۰۹) بر عملکرد دانه تقریباً ناچیز و کم بود. در مقابل، طول خوشه اصلی اثر مستقیم متوسط تا ضعیفی (فنوتیپی ۰/۲ و ژنوتیپی ۰/۱۲) بر عملکرد دانه داشت، در حالی که اثر غیر مستقیم آن (فنوتیپی ۰/۵۶ و ژنوتیپی ۰/۶۳) از طریق وزن هزار دانه بر عملکرد دانه نسبتاً بالا و قابل توجه بود (جدول ۵). این دو صفت به‌عنوان مهم‌ترین صفات موثر بر عملکرد دانه ژنوتیپ‌های مطالعه شده کینوا، در مجموع توانستند حدود ۹۶ درصد از تنوع فنوتیپی و ۹۸ درصد از تنوع ژنوتیپی عملکرد دانه را در این جمعیت توجیه کنند. نتایج تجزیه علیت برای صفات طول خوشه و وزن هزار دانه (به‌عنوان متغیرهای پیشگویی کننده رده اول عملکرد دانه) به‌منظور تعیین آثار مستقیم و غیر مستقیم متغیرهای پیشگویی کننده رده دوم عملکرد دانه نیز نشان داد که برای وزن هزار دانه، صفت روز تا رسیدگی فیزیولوژیک دارای اثر مستقیم فنوتیپی و ژنوتیپی مثبت و معنی‌دار (به‌ترتیب ۰/۱۹ و ۰/۲) بر وزن هزار دانه بود، در حالی که صفت ارتفاع بوته به‌ترتیب با اثر فنوتیپی و ژنوتیپی ۰/۳۸- و ۰/۳۵- اثر مسقیم منفی و البته بسیار ناچیزی بر وزن هزاردانه داشت. همچنین، برای صفت طول خوشه اصلی، صفت تعداد خوشه در بوته دارای اثر مستقیم فنوتیپی و ژنوتیپی مثبت و معنی‌دار بالا (به‌ترتیب ۰/۷۱۸ و ۰/۶۹۸) بر طول خوشه بود، اما صفت روز تا گرده‌افشانی، آثار مستقیم و غیر مستقیم فنوتیپی و ژنوتیپی قابل توجهی بر طول خوشه نداشت.

در مجموع نتایج تجزیه رگرسیون و تجزیه علیت در ۶۰ ژنوتیپ کینوا مطالعه شده در این آزمایش نشان داد که علاوه بر دو صفت وزن هزار دانه و طول خوشه اصلی که به‌عنوان صفات رده اول معنی‌دار و موثر بر عملکرد دانه بودند، صفات ارتفاع بوته، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، تعداد خوشه در بوته و روز تا گرده‌افشانی نیز به‌عنوان متغیرهای پیشگویی کننده رده دوم عملکرد دانه شناسایی شدند. از این‌رو می‌توان با توجه به میزان آثار مستقیم و غیر مستقیم و مثبت یا منفی هر یک از این صفات، شاخص‌های گزینش مناسب جهت افزایش عملکرد دانه را

کلروفیل‌های a و کل و کارتنوئید برگ و همبستگی منفی و معنی‌دار با پروتئین و کارتنوئید دانه بود. این محققین صفت قطر دانه را به‌تنهایی به‌عنوان مهم‌ترین شاخص انتخاب غیر مستقیم جهت افزایش عملکرد دانه عنوان کردند. اسفندیاری و فتوکیان (Esfandiyari and Fotokian, 2020) نیز با انجام تجزیه علیت صفات مورفولوژیک در تعدادی از ژنوتیپ کینوا، دو صفت وزن خشک خوشه و ساقه را که به‌ترتیب دارای بیش‌ترین اثر مستقیم بر وزن خشک بوته بودند، به‌عنوان شاخص گزینش معرفی کردند، اما برای صفت وزن خشک دانه، صفت وزن خشک خوشه به‌تنهایی به‌عنوان مناسب‌ترین شاخص گزینش معرفی شد.

انتخاب کرد. به هر حال با توجه به نتایج به‌دست آمده از این تجزیه، مناسب‌ترین شاخص‌های غیر مستقیم جهت اصلاح و افزایش عملکرد دانه جمعیت مورد مطالعه، انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بر مبنای صفات وزن هزار دانه، طول خوشه، روز تا رسیدگی و تعداد خوشه در بوته است. نتایج پژوهش‌های قبلی نیز بیانگر ارتباط قوی و مثبت بین صفات وزن هزار دانه، طول خوشه اصلی و شاخص برداشت با عملکرد دانه بودند (Karimi et al., 2018 ; Afiyah et al., 2018). بارگوا و همکاران (Bhargava et al., 2008) به‌منظور شناسایی شاخص‌های انتخاب مستقیم و غیر مستقیم جهت اصلاح عملکرد دانه، نشان دادند که عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی‌دار با قطر دانه،

جدول ۴- ضرایب مسیر فنوتیپی (بالا) و ژنوتیپی (پایین، پررنگ) و آثار غیرمستقیم متغیرهای پیشگویی کننده عملکرد دانه کینوا

Table 4. The phenotypic (up) and genotypic (below, bold) path coefficients and indirect effects of first- and second-order predictor variables on quinoa grain yield

Trait [†]	Direct and indirect effects on GY		Direct and indirect effects on TSW		Direct and indirect effects on PL	
	TSW	PL	PH	DPM	NPP	DP
TSW	<u>0.80</u>	0.14				
	0.84	0.09				
PL	0.56	<u>0.20</u>				
	0.63	0.12				
PH			<u>-0.038</u>	0.040		
			-0.035	0.036		
DPM			-0.007	<u>0.200</u>		
			-0.007	0.190		
NPP					<u>0.718</u>	0.002
					0.698	0.002
DP					0.057	<u>0.023</u>
					0.042	0.038

[†] The symbols of traits are the same as in Table 2.

درصد پروتئین (۰/۸۷۸)، تعداد خوشه در بوته (۰/۸۴۷)، طول خوشه اصلی (۰/۸۴۰) و روز تا سه برگی (۰/۸۲۵) بالاترین ضرایب مثبت و معنی‌دار را به‌خود اختصاص دادند (جدول ۵). همان‌طور که مشاهده می‌شود ضرایب عاملی برای تمامی صفات معنی‌دار موجود در عامل اول مثبت بود که این امر بر هم‌راستا بودن اثر این صفات دلالت می‌کند و در واقع افزایش هر کدام از این صفات سبب افزایش سایر صفات از جمله عملکرد دانه و شاخص برداشت خواهد شد. بنابراین می‌توان این عامل را به‌عنوان "عامل عملکرد اقتصادی" نام‌گذاری کرد. عامل مستقل دوم ۳۲/۱۷ درصد از کل تغییرات داده‌ها را توجیه کرد و در آن صفات روز تا خمیری شدن (۰/۹۱۵)، روز تا شیری شدن

تجزیه به عامل‌ها

به‌منظور شناسایی عوامل پنهانی و مستقل موثر بر صفات مورد مطالعه، کاهش تعداد متغیرهای اولیه، تعیین سهم هر عامل در تبیین تنوع صفات و توصیف و تشریح تنوع کل موجود در جامعه در این تحقیق از تجزیه به عامل‌ها بر اساس روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی استفاده شد. نتایج تجزیه به عامل‌ها (جدول ۵) نشان داد که سه عامل اصلی و مستقل، در مجموع ۸۱/۱۶۷ درصد از تغییرات کل صفات اندازه‌گیری شده در ۶۰ ژنوتیپ کینوا را توجیه کردند. عامل مستقل اول ۳۹/۶ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه کرد و در آن صفات شاخص برداشت (۰/۸۹۰)، عملکرد دانه (۰/۸۸۷)، وزن هزار دانه (۰/۸۸۵)،

مقادیر بیش‌تر عامل اول و یا هر یک از صفات موجود در آن، می‌توان به ژنوتیپ‌هایی دست یافت که از نظر عملکرد دانه برتر از جمعیت اولیه باشند. از طرف دیگر، با توجه به اینکه ارتباط معنی‌داری بین عملکرد دانه و میزان ساپونین دانه در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در این تحقیق مشاهده نشد (جدول ۳)، از این‌رو برای بهبود همزمان عملکرد و کیفیت دانه، می‌توان همزمان با گزینش ژنوتیپ‌های با مقادیر بالاتر عامل اول، ژنوتیپ‌های با مقادیر کم‌تر عامل سوم و اختصاصاً مقدار ساپونین کم‌تر را گزینش کرد و در انتها به ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه بیش‌تر و در عین حال با کیفیت دانه مطلوب‌تر دست یافت. نتایج به‌دست آمده از این تحقیق با نتایج گزارش شده توسط موسوی و همکاران (Moosavi *et al.*, 2022) مطابقت داشت. آنها با مطالعه ۱۵ صفت در ۱۶ ژنوتیپ کینوا از طریق تجزیه به عامل‌ها نشان دادند که ۷۶ درصد از واریانس کل داده‌ها توسط دو عامل اول و دوم (به‌ترتیب با توصیف ۴۸ و ۲۸ درصد از واریانس کل) توجیه شد. نتایج آن‌ها نشان داد که عامل اول که به‌عنوان عامل عملکرد دانه نام‌گذاری شد، با صفات قطر خوشه اصلی، وزن هزار دانه، عملکرد دانه و شاخص برداشت و عامل دوم که تحت عنوان طول دوره فنولوژیک گیاه نام‌گذاری شد، با صفات روز تا شیرگی شدن و روز تا خمیری شدن ارتباط معنی‌داری داشت.

(۰/۹۱۱)، روز تا رنگی شدن گل‌آذین (۰/۹۱۰) و روز تا گرده‌افشانی (۰/۹۰۹) همگی با ضرایب مثبت بسیار بالا گروه‌بندی شدند. با توجه به وجود فقط صفات فنولوژیک در این عامل و وجود رابطه مثبت و معنی‌دار بین این صفات، عامل دوم به‌عنوان "عامل فنولوژیک" نام‌گذاری شد. عامل سوم نیز فقط ۹/۴ درصد از کل تغییرات جمعیت را توجیه کرد و تحت عنوان "عامل موثر بر ارتفاع بوته و کیفیت دانه" نام‌گذاری شد، شامل صفات ارتفاع بوته (۰/۷۴۲)، درصد ساپونین دانه (۰/۶۲۰) و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک (۰/۵۴۳-) بود. همچنین، بیش‌تر صفات وارد شده در این تجزیه، به‌جز درصد ساپونین و تا حدودی ارتفاع بوته، دارای واریانس مشترک نسبتاً بالایی بودند، به این معنی که روش تحلیل عاملی به‌خوبی توانسته است از همبستگی بین صفات استفاده و ضمن شناسایی عوامل اثرگذار بر این صفات، توصیف مناسبی از روابط بین صفات در جمعیت مورد مطالعه ارائه دهد.

در مجموع نتایج تجزیه عاملی نشان داد که برای افزایش عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های کینوا مورد مطالعه می‌توان گزینش‌های غیرمستقیمی را جهت افزایش هر یک از صفات موجود در عامل اول انجام داد. با توجه به اینکه تمامی صفات موجود در عامل اول که به‌عنوان عامل عملکرد اقتصادی نام‌گذاری شد، دارای ضرایب عاملی مثبت بودند، بنابراین در صورت گزینش ژنوتیپ‌های با

جدول ۵- تجزیه به عامل‌ها برای صفات مورد بررسی در ۶۰ ژنوتیپ کینوا

Table 5. Factor analysis for the studied traits in 60 quinoa genotypes

Trait	Factor loading			Communality
	First factor	Second factor	Third factor	
Day to three leaves	0.825	-0.280	0.166	0.892
Days to inflorescence formation	0.384	0.858	-0.116	0.897
Days to inflorescence coloring	0.385	0.910	0.040	0.979
Days to pollination	0.392	0.909	0.021	0.980
Days to milk stage	0.379	0.911	-0.005	0.973
Days to dough stage	0.381	0.915	-0.008	0.973
Days to physiological maturity	0.235	-0.076	-0.543	0.355
Plant height	0.094	0.144	0.742	0.580
Panicle length	0.847	-0.317	0.210	0.861
Number of panicles per plant	0.840	-0.216	-0.145	0.794
1000-seed weight	0.885	-0.283	-0.077	0.873
Saponin content	-0.092	-0.064	0.620	0.398
Protein content	0.878	-0.275	0.163	0.873
Grain yield	0.888	-0.283	-0.077	0.874
Harvest index	0.890	-0.285	-0.081	0.873
Eigen value	5.940	4.826	1.409	-
Variance (%)	39.602	32.173	9.393	-
Cumulative variance (%)	39.602	71.775	81.167	-

تجزیه خوشه‌های ژنوتیپ‌های کینوا مطالعه شده از نظر صفات بررسی شده در تحقیق

در این پژوهش به منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از روش تجزیه خوشه‌ای مبتنی بر حداقل واریانس وارد (Ward) استفاده و سپس دندروگرام مربوطه در شکل ۱ ارائه شد. نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای نشان داد که ژنوتیپ‌های کینوا مورد مطالعه را از نظر کلیه صفات اندازه‌گیری شده در این تحقیق می‌توان در سه خوشه مجزا گروه‌بندی کرد. گروه اول شامل ۲۵ ژنوتیپ (۳۹، ۴۵، ۴۶، ۳۷، ۲۱، ۲۲، ۵۲، ۵۹، ۶، ۸، ۱۵، ۵، ۳۶، ۵۰، ۳۳، ۴۱، ۵۶، ۱۶، ۲۸، ۲۶، ۹، ۱۰، ۱۴، ۳ و ۴) بود. منشأ ژنوتیپ‌های این گروه کشور بولیوی است و از لحاظ تمامی صفات بررسی شده در این پژوهش به جز صفت درصد ساپونین دانه، مقادیر بالاتر از میانگین کل داشت (جدول ۶). گروه دوم شامل ۱۹ ژنوتیپ (۴۳، ۴۴، ۴۷، ۶۰، ۱۳، ۲۰، ۲۵، ۳۰، ۳۴، ۱۲، ۴۲، ۲، ۱۸، ۲۳، ۵۵، ۵۸، ۳۲، ۴۹ و ۱) بود که عمدتاً شامل ژنوتیپ‌های با منشأ پرو بودند. مهم‌ترین ویژگی ژنوتیپ‌های این گروه، مقادیر بالاتر صفات عملکرد دانه، وزن هزار دانه، طول خوشه، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، روز تا خمیری شدن و روز تا شیری شدن نسبت به میانگین کل بود. در مجموع با توجه به مقادیر بالای عملکرد و صفات مرتبط و تاثیرگذار بر آن، این خوشه را می‌توان به‌عنوان خوشه با ژنوتیپ‌های مطلوب عملکردی معرفی کرد (جدول ۶). گروه سوم شامل ۱۶ ژنوتیپ (۱۹،

۵۱، ۵۷، ۲۹، ۵۳، ۷، ۱۱، ۲۴، ۲۷، ۱۷، ۴۰، ۵۴، ۴۸، ۳۱، ۳۵، ۳۸) عمدتاً با منشأ کشور شیلی بودند. ژنوتیپ‌های این گروه دارای مقادیر پایین‌تر عملکرد و صفات مرتبط با آن نظیر تعداد خوشه در بوته، طول خوشه، وزن هزار دانه و شاخص برداشت نسبت به میانگین کل بود. در مقابل، این گروه از نظر صفات روز تا گرده‌افشانی و میزان ساپونین دانه دارای مقادیر بالاتر از میانگین کل بود. در مجموع نتایج تجزیه خوشه‌ای (جدول ۶) نشان داد که ژنوتیپ‌های موجود در خوشه دوم، به‌ویژه ژنوتیپ‌های شماره ۱، ۳۲، ۴۹، ۲، ۱۸، ۲۳، ۵۵ و ۵۸ که از نظر صفات عملکرد، وزن هزار دانه، طول خوشه اصلی، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، روز تا خمیری شدن و روز تا شیری شدن، میانگین‌های بالاتری نسبت به دو خوشه دیگر داشتند، ارزشمند بودند و می‌توان این ژنوتیپ‌ها را به‌عنوان ژنوتیپ‌های امیدبخش معرفی و در برنامه‌های معرفی رقم مورد مطالعه قرار داد. از طرف دیگر، با توجه به اینکه عموماً تلاقی بین ژنوتیپ‌های دور و با فاصله ژنتیکی بیشتر، نتایج برتر و مطلوب‌تری تولید می‌کند و نتایج حاصل هتروزیس بیشتر نشان خواهند داد، بنابراین می‌توان با انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از گروه‌های دور از هم و انجام تلاقی‌های هدفمند بین آن‌ها، به‌ویژه گروه‌های اول و دوم که هر یک برای تعدادی از صفات شاخص بودند، برای اصلاح ویژگی‌های کمی و کیفی مهم در کینوا اقدام کرد.

جدول ۶- میانگین کل خوشه‌ها برای صفات مرتبط عملکرد و اجزای عملکرد

Table 6. mean of total clusters for performance related traits and performance components

Cluster [†]	Number of genotype	DL	DI	DC	DP	DM	DD	DPM	PH
1	25	15.83	49.11	56.36	66.71	77.1	84.6	122.92	101
2	19	14.02	48.99	55.95	66.2	76.83	84.33	122.41	92.27
3	16	12.81	48.35	55.55	65.95	76.3	83.8	118.41	99.07
Total mean		14.05	48.86	55.97	66.29	76.78	84.28	121.51	96.85

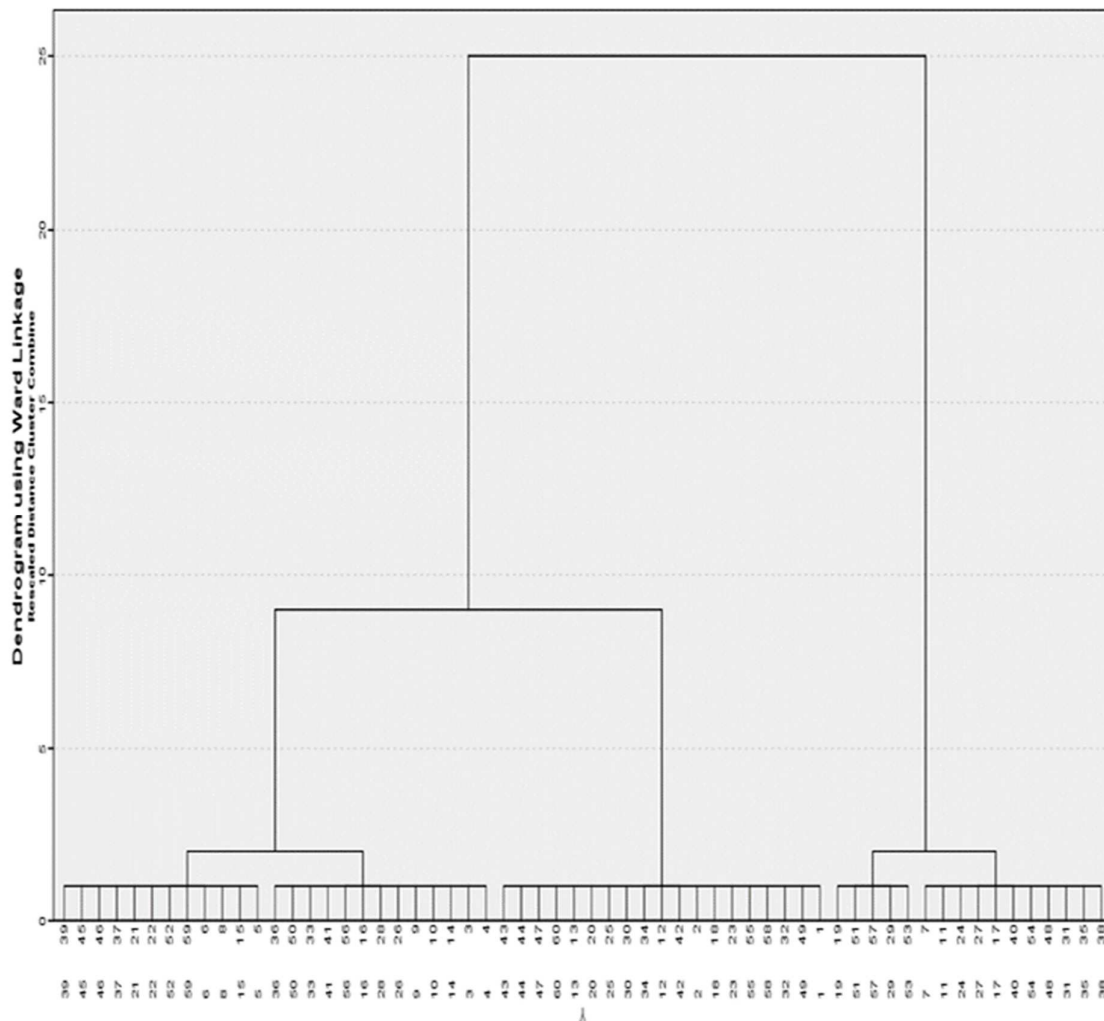
[†] The symbols of traits are the same as in Table 2.

Table 6. Continued

جدول ۶- ادامه

Cluster [†]	Number of genotype	PH	PL	NPP	TSW	SC	PC	GY
1	25	18.12	27	2.92	1.94	0.22	3843.59	38.8
2	19	16.98	25.51	2.49	1.95	0.21	3293.2	29.51
3	16	15.76	22.21	1.96	2.11	0.19	2598.71	22.39
Total mean		14.05	17.01	25.1	2.49	1.99	0.21	3285.43

[†] The symbols of traits are the same as in Table 2.



شکل ۱- دندوگرام تجزیه خوشه‌ای جهت گروه‌بندی ۶۰ ژنوتیپ کینوا مطالعه شده در این تحقیق بر اساس روش حداقل واریانس وارد
Figure 1. Dendrogram from cluster analysis to group 60 quinoa genotypes studied in this research using Ward's minimum variance method

نتیجه‌گیری کلی

نتایج پژوهش حاضر تنوع فنوتیپی قابل توجه و بسیار بالایی را در بین ژنوتیپ‌های کینوا مطالعه شده نشان داد. نتایج تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام و تجزیه علیت دو صفت وزن هزار دانه و طول خوشه را به‌عنوان مهم‌ترین صفات موثر بر عملکرد دانه ژنوتیپ‌های مورد مطالعه شناسایی کرد و بنابراین می‌توان از آنها به‌عنوان شاخص‌های گزینش غیرمستقیم جهت اصلاح عملکرد دانه جمعیت مورد نظر استفاده کرد. تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های مطالعه شده را در سه خوشه متفاوت گروه‌بندی کرد. ژنوتیپ‌های موجود در خوشه دوم به‌ویژه ژنوتیپ‌های شماره ۱، ۳۲، ۴۹، ۲، ۱۸، ۲۳، و ۵۵ که از نظر عملکرد و صفات فنولوژیک،

برتر از دو خوشه دیگر بودند، به‌عنوان ژنوتیپ‌های ارزشمند و امیدبخش جهت قرار گرفتن در برنامه‌های معرفی رقم پیشنهاد می‌شوند.

تضاد منافع

نویسنده (گان) تایید می‌کند که این تحقیق در غیاب هر گونه روابط تجاری یا مالی که می‌تواند به‌عنوان تضاد منافع بالقوه تعبیر شود، انجام شده است.

رعایت اخلاق در نشر

نویسنده (گان) اعلام می‌کند که در نگارش این مقاله به‌طور کامل از اخلاق نشر از جمله سرقت ادبی، سوء رفتار، جعل داده‌ها و یا ارسال و انتشار دوگانه، پیروی کرده‌اند.

اجازه انتشار مقاله

نویسنده (گان) با چاپ این مقاله به صورت دسترسی باز موافقت کرده و کلیه حقوق استفاده از محتوا، جدول‌ها، شکل‌ها، تصویرها و غیره را به ناشر واگذار می‌کنند.

همچنین این مقاله حاصل یک کار تحقیقاتی اصیل بوده و تا کنون به‌طور کامل به هیچ زبانی و در هیچ نشریه یا همایشی چاپ و منتشر نشده و هیچ اقدامی نیز برای انتشار آن در هیچ نشریه یا همایشی صورت نگرفته و نخواهد گرفت.

References

- Afiah, S.A., Hassan, W.A. and Al-Kady, A.M.A. 2018. Assessment of six quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) genotypes for seed yield and its attributes under Toshkand conditions. **Zagazig Journal of Agricultural Research** 45 (6): 2281-2294.
- Bhargava, A., Shukla, S. and Ohri, D. 2006. *Chenopodium quinoa* an Indian perspective. **Industrial Crops and Products** 23 (1): 73-87.
- Bhargava, A., Shukla, S. and Ohri, D. 2008. Implications of direct and indirect selection parameters for improvement of grain yield and quality components in *Chenopodium quinoa* Willd. **International Journal of Plant Production** 2 (3): 183-192.
- Bradford, M.M. 1976. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. **Analytical Biochemistry** 72 (1-2): 248-254.
- Danesh Gilevaei, M., Samizadeh Lahiji, H. and 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. (In Persian with English Abstract).
- Esfandiyari, J. and Fotokian, M. 2020. Investigating the diversity and evaluating the relationships between morphological traits of quinoa genotypes. Proceedings of The 7th National Congress on Biology and Natural Sciences, Tehran, Iran. (In Persian).
- FAO. 2013. Food and Agriculture Organization of the United Nations. International Year of the Quinoa IYQ-2013. Retrieved August 07 from <http://www.rlc.fao.org/en/about-fao/iyq-2012/>.
- Jacobsen, S.E. 2003. Nutritional value and use of the Andean crops quinoa (*Chenopodium quinoa*) and kañiwa (*Chenopodium pallidicaule*). **Food Reviews International** 19 (1-2): 179-189.
- Jamali, S., Sharifan, H., Hezarjaribi, A. and Sepahvand, N.A. 2016. The effect of different levels of salinity on germination and growth indices of two cultivars of quinoa. **Journal of Soil and Water Resources Conservation** 6 (1): 87-98.
- Lorena-Pla, J. 2012. Estados, crisis y acumulación: Análisis de un marco conceptual para la comprensión de la historia argentina. **OBETS Revista de Ciencias Sociales** 6 (2): 293-328.
- Karimi, S.H. 2018. Assessing adaptation and diversity of quinoa ecotypes by morphological and SSR markers in different moisture conditions. Ph.D. Dissertation. Bu-Ali Sina University. Hamadan, Iran. (In Persian).
- Koziol, M.J. 1991. Afrosimetric estimation of threshold saponin concentration for bitterness in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) . **Journal of the Science of Food and Agriculture** 54 (2): 211-219.
- Maliro, M.F.A., Guwela, V.F., Nyaika, J. and Murphy, K.M. 2017. Preliminary studies of the performance of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) genotypes under irrigated and rainfed conditions of central Malawi. **Frontiers in Plant Science** 8: 227.
- Moosavi, S.S., Moradi Rizvandi, R., Abdollahi, M.R. and Bagheri, M. 2022. Evaluation of diversity and application of agronomic, morphological, and physiological traits to improve quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) grain yield. **Journal of Crop Production and Processing** 11 (4): 53-68. (In Persian with English Abstract).
- Ochoa, J. and Peralta, E. 1988. Evaluación preliminar morfológica y agronomica de 153 entradas de quinua en Santa Catalina, Pichincha. In Actas del VI Congreso Internacional Sobre Cultivos Andinos. **Quito, Ecuador** 137-142.
- Rojas, W., Barriga, P. and Figueroa, H. 2003. Multivariate analysis of genetic diversity of Bolivian quinoa germplasm. **Food Reviews International** 19 (1-2): 9-23.
- Shirinneshad, R., Torabi, M. and Mahmoudi, F. 2019. Evaluation of compatibility of quinoa cultivars in different planting dates and their effects on morphological, physiological and biochemical parameters. Proceedings of The 2nd International and 6th National Conference on Organic vs. Conventional Agriculture. Aug. 24, 2019, Ardabil, Iran. (In Persian).