

ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم دیم از لحاظ برخی صفات زراعی

فریبا قاسمی^۱، علیرضا پورمحمد^{۲*}، صابر گلکاری^۳، علی اصغر علیلو^۲

۱- دانش آموخته کارشناسی ارشد گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مراغه، مراغه، ایران

۲- گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مراغه، مراغه، ایران

۳- پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی ایران

* مسئول مکاتبه: Pourmohammad@ymail.com

DOI: 10.22034/CSRAR.2022.318534.1162

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۱۲/۲۴

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۰۹/۱۶

چکیده

به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم دیم، آزمایشی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۲۴ ژنوتیپ در چهار تکرار در ایستگاه تحقیقاتی موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور (مراغه) انجام گردید. اختلاف بین ژنوتیپ‌های مورد مقایسه از نظر اکثر صفات معنی‌دار بود. برای صفت عملکرد دانه، ژنوتیپ‌های ۱ و ۲۳ به ترتیب بیشترین و کمترین مقادیر را به خود اختصاص دادند. بین عملکرد دانه با صفات ویگور، عملکرد کاه، شاخص برداشت، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن سنبله و تعداد دانه در سنبله همبستگی مثبت معنی‌دار وجود داشت. تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها را به چهار گروه تقسیم کرد به گونه‌ای که ژنوتیپ‌های ۲۲، ۲۴، ۱، ۱۵، ۷، ۱۳، ۳، ۲۱ و ۱۷ در گروه اول، ژنوتیپ‌های ۲، ۶، ۲۰، ۱۱ و ۱۹ در گروه دوم، ژنوتیپ‌های ۹، ۱۸، ۱۴، ۱۶، ۸ و ۱۰ در گروه سوم و بقیه ژنوتیپ‌های مورد مطالعه نیز در گروه چهارم قرار گرفتند. با توجه به انحراف میانگین کلاسترها در صفات مختلف، از ژنوتیپ‌های کلاستر دوم می‌توان برای بهبود عملکرد دانه و از ژنوتیپ‌های کلاستر چهارم برای بهبود خصوصیات سنبله استفاده کرد که این ژنوتیپ‌ها برای اهداف به‌نژادی در شرایط دیم مناسب می‌باشند. در تجزیه به مولفه‌های اصلی، پنج مولفه اصلی اول مجموعاً ۸۳/۸۰ درصد از تنوع صفات را توجیه کردند که بر اساس نتایج بدست آمده، مولفه اول به عنوان مولفه عملکرد دانه تعیین گردید. با شناسایی صفاتی که بیشترین تأثیر را می‌توانند بر روی عملکرد داشته باشند امکان برنامه‌ریزی اصلاحی در جهت انتخاب صفات مؤثر در بهبود عملکرد دانه فراهم خواهد شد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه کلاستر، تجزیه به مولفه‌های اصلی، صفات مورفولوژیک، عملکرد دانه، همبستگی

مقدمه

می‌گردد. از این‌رو در حال حاضر، نیاز مبرمی به پژوهش‌ها در زمینه شناسایی، جمع‌آوری و تولید ژنوتیپ‌های برتر در گندم بویژه گندم دیم در کشور احساس می‌گردد (Yousefi and Azadi, 2015). آگاهی از سطح تنوع ژنتیکی و برآورد میزان آن در ژرم پلاسما گیاهان و تعیین روابط ژنتیکی مواد اصلاحی، پایه و اساس بسیاری از برنامه‌های اصلاحی به شمار می‌رود (Zhang et al., 2003). اصلاح نباتات بر اساس تنوع ژنتیکی استوار شده و تنوع ژنتیکی نیز از تکامل طبیعی سرچشمه گرفته است و در پایداری نظام‌های بیولوژیک اهمیت خاصی دارد و در سازگاری طولانی‌مدت و بقای جمعیت نیز نقش مهمی دارد (Fawler and Hodgkin, 2004). اولین قدم برای ارزیابی میزان تفاوت ژنتیکی و نیز برنامه‌ریزی هدفمند برای کارهای اصلاحی، اطلاع از تنوع ژنتیکی و روابط خویشاوندی بین ارقام و لاین‌های مناطق مختلف است. تنوع و انتخاب دو رکن اصلی هر برنامه اصلاحی بوده و انجام انتخاب

گندم گیاهی یک‌ساله از خانواده گرامینه و جنس تریتیکوم می‌باشد. دانه‌های این محصول به دلیل دارا بودن پروتئین‌هایی با ویژگی‌های شیمیایی و فیزیکی خاص به عنوان بهترین محصول خانواده گرامینه شناخته می‌شود. گندم نان (*Triticum aestivum* L.) که مهم‌ترین گونه آن می‌باشد بهترین محصول خانواده گرامینه است و غذای اصلی بخش زیادی از مردم دنیا را تأمین می‌کنند (Yousefi and Azadi, 2015). گندم نان یک آلو هگزاپلوئید با سه ژنوم متمایز AABBDD است (Matsuoka, 2011). عملکرد گیاه به دو عامل ژنوتیپ و محیط بستگی دارد (Marti and Slafer, 2014). پارامترهای آب و هوایی از عوامل مهم در عملکرد گیاهان زراعی، بخصوص در شرایط دیم می‌باشد (Sari Saraf et al., 2009). کشور ایران دارای اقلیم خشک و نیمه‌خشک بوده و کاهش بارندگی در برخی سال‌ها در اکثر مناطق منجر به بروز کم‌آبی

منوط به وجود تنوع مطلوب از حیث هدف مورد بررسی می‌باشد. برای بهره‌مندی از تنوع موجود و ایجاد تغییرات جدید، ارزیابی ذخایر ژرم‌پلاسما ضروری به نظر می‌رسد (Mohammadi and Prasanna, 2003). ارزیابی تنوع ژنتیکی و کاربرد آن برای اصلاح گندم منجر به افزایش تولید پایدار می‌شود (Mishra et al., 2015). ذخایر ژنتیکی از با ارزش‌ترین منابع طبیعی هستند که برای ایجاد ارقام جدید می‌توان از آن‌ها استفاده نمود. این منابع و ذخایر طبیعی به علت قدمت و سازگاریشان ارزش زیادی دارند که بایستی در حفظ و نگهداری آن‌ها کوشا بود تا اصلاح‌کنندگان بتوانند از آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی خود نهایت استفاده را ببرند (Fawler and Hodgkin, 2004). در اجرای برنامه‌های مؤثر اصلاحی، مدیریت و استفاده صحیح از گوناگونی و تنوع موجود در ارقام بومی و خویشاوندان وحشی گونه‌های گیاهی، از اهمیت زیادی برخوردار است (Hajjar and Hodgkin, 2007). منابع ژنتیکی، پایه اصلاح نباتات و تولید زراعی بوده و برای امنیت غذایی، معاش و پیشرفت هر کشوری الزامی می‌باشد. در اغلب جوامع طبیعی، تنوع ژنتیکی لازم برای اکثر صفات مورد مطالعه وجود دارد. در عین حال در صورت عدم وجود تنوع، اصلاح‌گران با انجام تلاقی‌های جهت‌دار، تنوع لازم را ایجاد می‌کنند (Fawler and Hodgkin, 2004). راهکارهای متعددی برای برآورد تنوع ژنتیکی وجود دارد که از مهم‌ترین آن‌ها، می‌توان به روش‌های آماری چند متغیره اشاره کرد که به‌طور همزمان اطلاعات چندین صفت را در تمامی افراد استفاده کرده و افراد را بر اساس فاصله دسته‌بندی می‌کند. از جمله مهم‌ترین این روش‌ها، می‌توان به تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای اشاره کرد (Mohammadi and Prasanna, 2003). مطالعه فنوتیپی امکان ارزیابی و طبقه‌بندی مواد ژنتیکی را بر اساس صفات زراعی آن‌ها فراهم می‌کند. با این حال، شباهت فنوتیپی بالا در بین ژنوتیپ‌های کشت شده، انتخاب تنها بر اساس فنوتیپ را مختل می‌کند. از سوی دیگر، تنوع ژنتیکی را می‌توان در سطح DNA انجام داد و از آنجایی که تحت تأثیر محیط قرار نمی‌گیرد، این رویکرد می‌تواند از اهمیت استراتژیک برای تعیین خصوصیات ژنوتیپ و انتخاب والدین برخوردار باشد (Ribeiro, 2011). در مطالعه‌ای گزارش شد که در بین ۲۵ ژنوتیپ گندم از لحاظ ویژگی‌های فیزیولوژیکی، عملکرد و اجزای آن اختلاف معنی‌داری وجود داشت (Nawaz et al., 2013). در آزمایشی بر روی ارقام گندم نان، نتایج به این صورت بود که بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات تعداد سنبله‌چه بارور، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، شاخص برداشت و عملکرد دانه و طول سنبله، اختلاف معنی‌دار بود (Kheiri et al., 2012). بر اساس نتایج تحقیقات انجام گرفته، اختلاف معنی‌داری بین ارقام گندم در تولید دانه و کاه وجود دارد (Tavakkoli and Oweis, 2004). در پژوهشی که بر روی لاین‌های گندم انجام گردید، صفات تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبله در کرت و بیوماس تنوع ژنتیکی بالایی نسبت به سایر صفات داشتند (Taghizadegan et al., 2015).

دانش تنوع ژنتیکی همراه با مدیریت صحیح ژرم پلاسما را می‌توان در انتخاب ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های به‌نژادی گیاهان استفاده کرد. شناسایی و گزینش ژنوتیپ‌هایی با توانایی برتر در شرایط دیم، از اهمیت قابل توجهی برخوردار است (Hayward et al., 1993)؛ زیرا از آن‌ها می‌توان در برنامه‌های آبی به‌نژادی استفاده کرد. بدیهی است درک تنوع موجود در منابع ژنتیکی گندم، به پروژه‌های اصلاحی گندم در این زمینه کمک شایانی خواهد کرد. این پژوهش می‌تواند در راستای شناسایی صفات زراعی و گزینش ژنوتیپ‌های گندم با عملکرد بهتر جهت ارائه به کشاورزان و حتی در دو رگ‌گیری‌ها نقش داشته باشد. در همین راستا، پژوهش حاضر با هدف ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم دیم از نظر عملکرد دانه و سایر ویژگی‌های زراعی و هم‌چنین گروه‌بندی آن‌ها با روش‌های آماری چندمتغیره انجام شد. هم‌چنین، با شناسایی صفاتی که از نظر روش‌های آماری بیشترین تأثیر را می‌توانند بر روی عملکرد داشته باشند امکان برنامه‌ریزی اصلاحی در جهت انتخاب صفات مؤثر در بهبود عملکرد فراهم خواهد شد.

مواد و روش‌ها

این پژوهش در سال زراعی ۱۳۹۴-۹۵ به صورت دیم، در ایستگاه تحقیقات کشاورزی دیم مراغه انجام گرفت. آمار هواشناسی سال مورد نظر ایستگاه در جدول ۱ آورده شده است. زمین مورد آزمایش در سال قبل به صورت آیش بود و عملیات تهیه بستر مطابق دستورالعمل فنی موسسه دیم انجام گرفت. میزان کود مصرفی بر اساس آزمون خاک، مقدار ۲۵ کیلوگرم سوپرفسفات تریپل و ۸۰ کیلوگرم اوره در هکتار قبل از کاشت به خاک اضافه

منوط به وجود تنوع مطلوب از حیث هدف مورد بررسی می‌باشد. برای بهره‌مندی از تنوع موجود و ایجاد تغییرات جدید، ارزیابی ذخایر ژرم‌پلاسما ضروری به نظر می‌رسد (Mohammadi and Prasanna, 2003). ارزیابی تنوع ژنتیکی و کاربرد آن برای اصلاح گندم منجر به افزایش تولید پایدار می‌شود (Mishra et al., 2015). ذخایر ژنتیکی از با ارزش‌ترین منابع طبیعی هستند که برای ایجاد ارقام جدید می‌توان از آن‌ها استفاده نمود. این منابع و ذخایر طبیعی به علت قدمت و سازگاریشان ارزش زیادی دارند که بایستی در حفظ و نگهداری آن‌ها کوشا بود تا اصلاح‌کنندگان بتوانند از آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی خود نهایت استفاده را ببرند (Fawler and Hodgkin, 2004). در اجرای برنامه‌های مؤثر اصلاحی، مدیریت و استفاده صحیح از گوناگونی و تنوع موجود در ارقام بومی و خویشاوندان وحشی گونه‌های گیاهی، از اهمیت زیادی برخوردار است (Hajjar and Hodgkin, 2007). منابع ژنتیکی، پایه اصلاح نباتات و تولید زراعی بوده و برای امنیت غذایی، معاش و پیشرفت هر کشوری الزامی می‌باشد. در اغلب جوامع طبیعی، تنوع ژنتیکی لازم برای اکثر صفات مورد مطالعه وجود دارد. در عین حال در صورت عدم وجود تنوع، اصلاح‌گران با انجام تلاقی‌های جهت‌دار، تنوع لازم را ایجاد می‌کنند (Fawler and Hodgkin, 2004). راهکارهای متعددی برای برآورد تنوع ژنتیکی وجود دارد که از مهم‌ترین آن‌ها، می‌توان به روش‌های آماری چند متغیره اشاره کرد که به‌طور همزمان اطلاعات چندین صفت را در تمامی افراد استفاده کرده و افراد را بر اساس فاصله دسته‌بندی می‌کند. از جمله مهم‌ترین این روش‌ها، می‌توان به تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای اشاره کرد (Mohammadi and Prasanna, 2003). مطالعه فنوتیپی امکان ارزیابی و طبقه‌بندی مواد ژنتیکی را بر اساس صفات زراعی آن‌ها فراهم می‌کند. با این حال، شباهت فنوتیپی بالا در بین ژنوتیپ‌های کشت شده، انتخاب تنها بر اساس فنوتیپ را مختل می‌کند. از سوی دیگر، تنوع ژنتیکی را می‌توان در سطح DNA انجام داد و از آنجایی که تحت تأثیر محیط قرار نمی‌گیرد، این رویکرد می‌تواند از اهمیت استراتژیک برای تعیین خصوصیات ژنوتیپ و انتخاب والدین برخوردار باشد (Ribeiro, 2011). در مطالعه‌ای گزارش شد که در بین ۲۵ ژنوتیپ گندم از لحاظ ویژگی‌های فیزیولوژیکی، عملکرد و اجزای آن اختلاف معنی‌داری وجود داشت (Nawaz et al., 2013). در آزمایشی بر روی ارقام گندم نان، نتایج به این صورت بود که بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات تعداد سنبله‌چه بارور، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، شاخص برداشت و عملکرد دانه و طول سنبله، اختلاف معنی‌دار بود (Kheiri et al., 2012). بر اساس نتایج تحقیقات انجام گرفته، اختلاف معنی‌داری بین ارقام گندم در تولید دانه و کاه وجود دارد (Tavakkoli and Oweis, 2004). در پژوهشی که بر روی لاین‌های گندم انجام گردید، صفات تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبله در کرت و بیوماس تنوع ژنتیکی بالایی نسبت به سایر صفات داشتند (Taghizadegan et al., 2015).

در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی برای اندازه‌گیری صفات زراعی با چهار تکرار اجرا و بلوک‌ها در جهت عمود بر غیر یکنواختی خاک در نظر گرفته شدند. هر واحد آزمایشی شامل شش ردیف شش متری با فاصله ۱۷/۵ سانتی‌متر از همدیگر بود. برداشت بوته‌ها هم در اواسط خردادماه انجام شد.

شد. بذرکاری پس از انجام شخم و پشته‌بندی زمین با توجه به طرح مورد استفاده صورت گرفت. در این پژوهش، در اواخر آبان‌ماه تعداد ۲۲ لاین و رقم گندم دیم پاییزه به همراه ارقام شاهد باران و اوحدی (در مجموع ۲۴ ژنوتیپ) کاشته شد که بذور آن‌ها از بخش غلات موسسه تحقیقات دیم مراغه تهیه گردید (جدول ۲). آزمایش

جدول ۱- آمار هواشناسی ایستگاه تحقیقات کشاورزی دیم مراغه در سال ۹۵-۱۳۹۴

Table 1- Meteorological statistics of Maragheh Dryland Agricultural Research Station at 2015-2016

ماه Month	متوسط دمای حداکثر Average maximum temperature (°C)	متوسط دمای حداقل Average minimum temperature (°C)	تبخیر Evaporation (mm)	رطوبت نسبی Relative humidity (%)	تعداد روز زیر صفر ° Number of day below zero°	متوسط دما Average temperatur e (C°)	حداکثر دمای مطلق Absolute maximum temperatu r	حداقل دمای مطلق Minimum absolute °C/temperatur (بارندگی Rainfall (mm)
مهر 23Sep- 22Oct	18.84	8.22	161	55.9	0	13.53	29	0.5	27.7
آبان 23Oct.- 21Nov	8.62	2.25	13	75.2	10	5.45	23.2	-5	110.9
آذر 22Nov- 21Dec	1.5	-5.2	0	69.4	26	-1.8	12.4	-15	20.5
دی 22Dec- 20Jan	-0.3	-5.7	0	75.9	28	-3	10.6	-16	20
بهمن 21Jan.- 19Feb	1.8	-5.8	0	66.4	28	-2	13.2	-17.5	22
اسفند 20Feb- 20Mar	8.7	0.06	0	64.6	14	4.3	16.4	-7	65.5
فروردین 21Mar- 20Apr	9.7	1.27	0	64.5	11	5.48	17.6	-5	88.5
اردیبهشت 21Apr- 21May	18.2	7	163.4	51.3	0	12.6	26	0	18.2
خرداد 22May- 21Jun	23	10.1	283	38.2	0	16.6	29.8	4	56
تیر 22Jun-22Jul	28.65	16.37	384.1	35.2	0	22.53	35.6	12	5.4

شدن دانه (بعد از خروج اولین خوشه‌ها، فاصله زمانی که طول می‌کشد تا گیاه به مرحله رسیدگی کامل یعنی زرد شدن کامل بوته‌ها و خم شدن نوک خوشه‌ها به سمت پایین، برسد)، ارتفاع بوته (در اوایل مرحله خمیری، ارتفاع بوته‌ها از سطح خاک تا انتهای سنبله، بدون در نظر گرفتن ریشک)، عملکرد بیولوژیک (وزن کل بخش هوایی هر واحد آزمایشی پس از حذف حاشیه‌ها)، عملکرد دانه (توزین دانه‌های ردیف‌های برداشت شده)، عملکرد کاه (توزین بخش هوایی بوته‌ها، پس از جدا شدن دانه‌ها)، شاخص برداشت

در این طرح، تعداد ۱۵ صفت قدرت رشد یا ویگور (نمره زراعی یک ژنوتیپ در مزرعه که در مراحل مختلف رشد داده می‌شود. این نمره بین یک الی هفت بوده که بهترین لاین‌ها نمره هفت و ضعیف‌ترین آن‌ها نمره یک را دریافت کردند)، همچنین صفات تعداد روز تا ظهور سنبله (تعداد روز از زمان کاشت تا زمانی که در ۵۰ درصد بوته‌ها، ریشک‌ها از غلاف برگ پرچم خارج و سنبلچه‌ها دیده شود)، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی (شمردن تعداد روز از زمان کاشت تا زرد شدن کامل بوته‌ها در ۵۰ درصد مزرعه)، طول دوره پر

(نسبت عملکرد دانه به عملکرد بیولوژیک)، تعداد سنبله در متر مربع (شمارش بوته‌های موجود در یک متر مربع از جاهای یکنواخت هر کرت)، طول سنبله (از قاعده سنبله تا انتهای سنبله بدون در نظر گرفتن ریشک)، تعداد سنبله‌چه در سنبله (شمارش سنبله‌چه‌های موجود در سنبله)، وزن هر سنبله (سنبله‌ها توسط ترازوی دیجیتالی با دقت یک صدم وزن، سپس میانگین یک سنبله محاسبه شد)، تعداد دانه در هر سنبله (بعد از ساییدن سنبله‌ها، دانه‌ها شمارش و با میانگین‌گیری، تعداد دانه در یک سنبله محاسبه شد)، وزن هزار دانه (توزین هزار دانه تصادفی) اندازه‌گیری شدند.

جدول ۲- شجره ژنوتیپ‌های گندم دیم مورد استفاده در آزمایش

Table 2- Pedigree of rain-fed wheat genotypes used in the experiment

ژنوتیپ Genotype	شجره Pedigree
1	Baran
2	Ohadi
3	87 (CB-R6)/Azar2 //Un known-9/914 Gene Bank Material IRBW 05- 165-0MAR-0MAR-0MAR-3MAR-3MAR
4	88 (CB-R6)/Azar2 //Un known-9/914 Gene Bank Material IRBW 05- 165-0MAR-0MAR-0MAR-5MAR-2MAR
5	PMF/MAYA/YACO/3/CO693591/CTK/4/Trakia//Maga"s"74/Mon"s"/3/Shahi /5/Kohdasht/82 (CB-R5) IRBW 05- 064-OMAR-0SHI-OMAR-3MAR-3MAR
6	NGDA146/4/YMH/TOB//MCD/3/LIRA/5/F130L1.12 /6/Azar2 /7/Trakia//Maga"s"74/Mon"s"/3/Shahi/4ic/Khazar/3/Jcam/Emu"s"//Dove" IRBW 05- 013-OMAR-0SHI-OMAR-1MAR-2MAR
7	Anza/3/Pi//Nar/Hys/4/Sefid /5/Un known /6/Un known-1//Pf 82200/Sardari IRBW 05- 148-0MAR-0MAR-0MAR-5MAR-1MAR
8	Anza/3/Pi//Nar/Hys/4/Sefid /5/Un known /6/Un known-1//Pf 82200/Sardari IRBW 05- 148-0MAR-0MAR-0MAR-7MAR-1MAR
9	NGDA146/4/YMH/TOB//MCD/3/LIRA/5/F130L1.12 /6ic/Khazar/3/Jcam/Emu"s"//Dove" /7/Sardari/4/885K4.1//MNG/SDV1/3/1D13.1/MLT IRBW 05- 012-OMAR-0SHI-OMAR-3MAR-2MAR
10	1004 Gene Bank Material/Desconsido-1 /3/Fengkang15/Sefid/Zagros IRBW 05- 114-0MAR-0MAR-0MAR-1MAR-3MAR
11	Fengkang15/Sefid/4/Dari-16/3/Hd2172/Bloudau//Azadi /5/10 GHAZAGESTAN 98-99/Zagros IRBW 05- 099-OMAR-0SHI-OMAR-2MAR-1MAR
12	Fengkang15/Sefid/4/Dari-16/3/Hd2172/Bloudau//Azadi /5/10 GHAZAGESTAN 98-99/Zagros IRBW 05- 099-OMAR-0SHI-OMAR-5MAR-2MAR
13	Gahar/4/Trakia//Maga"s"74/Mon"s"/3/Shahi/5/Gahar//MOMCHIL/KATYA1 IRBW 05- 201-0MAR-0MAR-0MAR-3MAR-2MAR
14	ID800994W/VEE//F900K/3/PONY/OPATA/4/4848 Mashad/Tui"s" /5/Un known-2/4/Trakia//Maga"s"74/Mon"s"/3/Shahi IRBW 05- 004-OMAR-0SHI-OMAR-1MAR-1MAR
15	Azar2/82 (CB-R5)/8/Sabalan/6/Shahi/Kvz/5/Shahi/4/Kal//B/Cj/3/#Horks /7/Unknown-3 IRBW 05- 151-0MAR-0MAR-0MAR-1MAR-1MAR
16	CH94878/BLOYKA/3/TX81V6614//SERI*3/BUC ICWH99-0468-0AP-2AP-2AP-0AP-1AP-0AP
17	RAN/NE701136//CI13449/CTK/3/CUPE/4/TAM200/KAUZ/5/BWD TCI012234-030YE-30E-3E-0E-1E-0E
18	DYBR198283/842ABVD.C50/4/PJ/HN4//GLL/3/SERI TCI011056
19	SARDARI MORPHOTYPE/CAMPION//SOYER TCI032500 -0E-0E-0YA-0E -9E -0E
20	MR Population-14
21	Vorona/Parus//Hatusha/3/Lut112/4/Pehl//Rpb8-68//Chrc
22	ERYT783-96/SHARK-1 TCI-001409030YE-030YE-2E-0E-5AP-0AP
23	ANA96/3/RSK/CA8055//CHAM6 TCI 001093-030YE-030YE-7E -0E
24	SABALAN/ALTAY

معنی دار و از نظر صفت عملکرد بیولوژیک (Kheiri et al., 2012) اختلاف غیرمعنی داری وجود داشت.

مقایسه میانگین صفات مورد مطالعه

جدول ۴ میانگین صفات اندازه‌گیری شده برای ژنوتیپ‌های گندم دیم را نشان می‌دهد. در هر صفت مورد بررسی، کمترین و بیشترین مقادیر برای ژنوتیپ‌ها با خط مشخص شده است. برای صفت عملکرد دانه، ژنوتیپ یک دارای بیشترین عملکرد (۳۳۲۷/۵) کیلوگرم در هکتار) و ژنوتیپ ۲۳ دارای کمترین عملکرد (۲۳۷۵/۸) کیلوگرم در هکتار) می‌باشد. هم‌چنین برای صفت عملکرد بیولوژیک، ژنوتیپ‌های ۱۹ و ۲۳ به ترتیب با ۸۴۱۲/۵ و ۵۷۳۷/۵ کیلوگرم در هکتار بیشترین و کمترین مقادیر را به خود اختصاص داده‌اند. میانگین ویگور و شاخص برداشت در ژنوتیپ یک، میانگین تعداد روز تا ظهور سنبله در ژنوتیپ ۲۱، میانگین تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی و طول دوره پر شدن دانه در ژنوتیپ هشت، میانگین ارتفاع بوته در ژنوتیپ پنج و میانگین عملکرد کاه در ژنوتیپ ۲۰، میانگین طول سنبله در ژنوتیپ ۱۲، میانگین تعداد سنبلچه در سنبله در ژنوتیپ ۱۷، میانگین وزن سنبله در ژنوتیپ ۱۴، میانگین تعداد دانه در سنبله در ژنوتیپ ۲۳، میانگین وزن هزار دانه در ژنوتیپ ۱۹ و میانگین تعداد سنبله در واحد سطح در ژنوتیپ دو، دارای بیشترین مقادیر بود. با توجه به مقادیر LSD، بهترین ژنوتیپ از لحاظ عملکرد دانه ژنوتیپ شماره یک یعنی باران، از لحاظ اجزای عملکرد تعداد سنبله در متر مربع و وزن هزار دانه ژنوتیپ شماره دو یعنی اوحدی تشخیص داده شد که از این ژنوتیپ‌ها را می‌توان به منظور کشت در مناطق سردسیر دیم به کشاورزان توصیه کرد.

همبستگی صفات

همان‌طوری که در جدول ۵ دیده می‌شود بین عملکرد دانه با صفات ویگور، عملکرد کاه، شاخص برداشت، صفات تعداد سنبلچه در سنبله، وزن سنبله و تعداد دانه در سنبله همبستگی مثبت معنی دار وجود دارد. هم‌چنین، بین عملکرد بیولوژیک با صفات طول سنبله و تعداد دانه در سنبله همبستگی منفی و با وزن هزار دانه همبستگی مثبت معنی دار مشاهده می‌شود. در بررسی‌های محققین دیگر نیز هم بین عملکرد دانه با شاخص برداشت (De Vita et al., 2007; Kheiri et al., 2012) همبستگی معنی داری وجود داشت. در مطالعه‌ای دیگر

قبل از تجزیه واریانس، نرمال بودن داده‌ها و خطاها و افزایشی بودن اثر تکرار و تیمار بررسی گردید. مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها با روش LSD و سپس ضرایب همبستگی بین کلیه صفات محاسبه و تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مولفه‌های اصلی انجام شد. برای تجزیه خوشه‌ای از معیار فاصله اقلیدسی و روش وارد استفاده شد (Moghaddam et al., 2010). نقطه برش دندروگرام با استفاده از تجزیه تابع تشخیص تعیین گردید. برش دندروگرام (درخت کلاستر) در نقاط مختلف و انجام تجزیه تابع تشخیص نشان داد که سطوح احتمال برای گروه‌بندی‌های مختلف، بسیار نزدیک به هم هستند؛ بنابراین، تعداد گروه‌ها با استفاده از فرمول $\sqrt{n/2}$ تعیین گردید که در آن n عبارت از تعداد ژنوتیپ‌ها می‌باشد. برای تعیین خصوصیات هر گروه حاصل از تجزیه خوشه‌ای از نظر صفات مورد مطالعه، میانگین هر خوشه برای هر صفت و درصد انحراف آن از میانگین کل محاسبه شد. برای تجزیه و تحلیل داده‌ها و از نرم‌افزارهای GenStat12، SPSS 21 و MSTAT-C استفاده گردید.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه

نتایج تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد که در بین ژنوتیپ‌های مورد آزمایش گندم دیم، در صفات عملکرد دانه، ویگور، تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، طول دوره پر شدن دانه و ارتفاع بوته، عملکرد کاه، طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و تعداد سنبله در واحد سطح، اختلاف معنی دار در سطح یک درصد و در صفت عملکرد بیولوژیک اختلاف غیر معنی داری وجود داشت (جدول ۳). وجود تنوع زیاد در بین ژنوتیپ‌های گندم دیم، از نظر زودرسی نسبی، عملکرد، وزن هزاردانه، ارتفاع بوته، تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد دانه در سنبله، مهم‌ترین عامل سازگاری و استفاده از مناطق سردسیر دیم کشور است. در پژوهش‌های پیشین هم بین ژنوتیپ‌های گندم از لحاظ صفات عملکرد دانه (Nawaz et al., 2013; Hooshmandi 2015; Kheiri et al., 2012)، شمار روز تا سنبله‌دهی (Kheiri et al., 2012)، ارتفاع بوته (Babaei Zarch et al., 2014; Babaei 2012)، تعداد روز تا رسیدگی، طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله (Kheiri et al., 2012) و تعداد دانه در سنبله (Kheiri et al., 2012; Taghizadegan et al., 2015)، اختلاف

محققین به این نتیجه رسیدند که بین عملکرد دانه و اجزای عملکرد همبستگی مثبت وجود داشت که با نتایج پژوهش حاضر مطابقت دارد (Whang et al., 2016). در گزارشی دیگر، عملکرد دانه گندم همبستگی مثبت معنی داری با تعداد دانه در سنبله داشت (Zakova and Benkova, 2004). در این پژوهش ارتباطی بین عملکرد دانه با تعداد روز تا ظهور سنبله و تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی که زودرسی را نشان می‌دهند مشاهده نشد. زودرسی به خصوص در ارقام دیم مهم می‌باشد که اثر متقابل ژنوتیپ و محیط برای آن اهمیت دارد. توسعه ارقام زودرس که تاریخ رسیدگی آن‌ها هم‌زمان با پایان فصل بارندگی است، یک روش اصلاحی مؤثر در افزایش پایداری و عملکرد گندم در مناطق دیم می‌باشد (Neyestani et al., 2005).

جدول ۳- تجزیه واریانس صفات اندازه‌گیری شده در ژنوتیپ‌های گندم دیم

Table 3- Analysis of variance of measured traits in rain-fed wheat genotypes

منبع تغییرات Source of Variation	درجه آزادی df	میانگین مربعات MS							
		تعداد سنبله در متر مربع No. of spike per m ²	وزن هزار دانه 1000 grains weight	تعداد دانه در سنبله No. of grain in spike	وزن سنبله Spike weight	تعداد سنبله در سنبله No. of spikelet per spike	طول سنبله Spike length	عملکرد بیولوژیک Biological yield	شاخص برداشت Harvest index
بلوک Block	3	92236**	0.776 ^{ns}	32.512 ^{ns}	0.119 ^{ns}	1.662 ^{ns}	4.318**	8351701.389**	15.197 ^{ns}
ژنوتیپ Genotype	23	44903**	33.917**	135.926**	0.296**	7.748**	2.779**	2069941.12 ^{ns}	7.244 ^{ns}
خطا Error	69	14046 ^{ns}	6.488 ^{ns}	17.955 ^{ns}	0.087 ^{ns}	0.787 ^{ns}	0.404 ^{ns}	1957371.67 ^{ns}	9.263 ^{ns}
ضریب تغییرات CV (%)	-	15.1	6.2	12.5	15.3	5.8	7	18.1	7.7

** و * به ترتیب معنی دار در سطح یک و پنج درصد، ^{ns} غیر معنی دار

*, **: Probability level of significantly in 0.05 and 0.01 respectively; ^{ns} non-significant

ادامه جدول ۳

Table 3 (continued)

منبع تغییرات Source of Variation	درجه آزادی df	میانگین مربعات MS						
		عملکرد کاه Straw yield	عملکرد دانه Grain yield	ارتفاع بوته Plant height	طول دوره پر شدن دانه Grain filling period	تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی Days to physiological maturity	تعداد روز تا ظهور سنبله Days to spike emergence	ویگور Vigor
بلوک Block	3	4739375**	650874.180**	58.046**	23.288**	6.705*	6.486**	0.094 ^{ns}
ژنوتیپ Genotype	23	1447880.435*	274269.806**	336.048**	11.344**	7.391**	9.216**	2.119**
خطا Error	69	864646.739 ^{ns}	59539.398 ^{ns}	14.545 ^{ns}	1.622 ^{ns}	2.24082 ^{ns}	1.269 ^{ns}	0.181 ^{ns}
ضریب تغییرات CV (%)	-	16.8	8.8	4.3	3.6	0.8	0.8	9.6

** و * به ترتیب معنی دار در سطح یک و پنج درصد، ^{ns} غیر معنی دار

*, **: Probability level of significantly in 0.05 and 0.01 respectively; ^{ns} non-significant

تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها

تجزیه خوشه‌ای بر اساس میانگین صفات و برش دندوگرام حاصل، ۲۴ ژنوتیپ گندم را به چهار گروه طبقه‌بندی کرد (شکل ۱). گروه اول شامل ژنوتیپ‌های ۲۲، ۲۴، ۱، ۱۵، ۷، ۱۳، ۳، ۲۱ و ۱۷ بود. در گروه دوم ژنوتیپ‌های ۲، ۶، ۲۰، ۱۱ و ۱۹ قرار داشت. گروه سوم نیز ژنوتیپ‌های ۹، ۱۸، ۱۴، ۸، ۱۶ و ۱۰ را در برداشت و گروه چهارم شامل سایر ژنوتیپ‌ها یعنی ۴، ۵، ۱۲ و ۲۳ بود. در

آزمایشی، تجزیه خوشه‌ای به روش وارد برای داده‌های مزرعه‌ای، ۳۵ ژنوتیپ گندم را در چهار گروه قرار داد (Babaei Zarch *et al.*, 2014). در مطالعه‌ای دیگر، بر روی لاین‌های گندم نان، این لاین‌ها در چهار کلاستر گروه‌بندی شدند (Khan *et al.*, 2015). در آزمایش انجام گرفته بر روی ۳۶ ژنوتیپ گندم، تجزیه خوشه-ای بر اساس فاصله اقلیدسی و روش وارد، ارقام را در هفت گروه طبقه‌بندی کرد (Khodadadi *et al.*, 2011).

جدول ۴- مقایسات میانگین صفات اندازه‌گیری شده برای ژنوتیپ‌های گندم دیم

Table 4- Mean comparison of measured traits for rain-fed wheat genotypes

ژنوتیپ Genotype	تعداد سنبله در متر مربع No. of spike per m ²	وزن هزار دانه 1000 grains weight (g)	تعداد دانه در سنبله N. of grain per spike		تعداد سنبلچه در سنبله No. of grain in spike		طول سنبله Spike length (cm)	عملکرد بیولوژیک Biological yield (Kg/ha)	عملکرد کاه Straw yield (Kg/ha)
			وزن سنبله Spike weight (g)	وزن سنبله Spike weight (g)	وزن سنبله Spike weight (g)	وزن سنبله Spike weight (g)			
1	778.57	40.97	30.7	1.73	13.20	8.35	7537.5	5900	
2	1081.42	42.07	19.9	1.17	11.8	8.45	7975	6262.5	
3	842.85	41.21	31.05	1.84	14.1	8.92	7812.5	5687.5	
4	671.42	40.75	37.15	2.13	14.4	8.87	7287.5	4187.5	
5	698.57	34.56	39.4	1.86	15.6	9.67	6812.5	4925	
6	731.42	40.56	33.6	1.81	16.55	9.62	8100	6225	
7	831.42	44.13	26.3	1.65	14.45	9.22	7562.5	5712.5	
8	688.57	45.22	28.2	1.74	14.6	9.22	8137.5	5400	
9	817.14	41.76	32.95	1.96	14.95	8.65	8575	5062.5	
10	825.71	43.25	33.15	1.96	13.95	8.55	8300	5437.5	
11	852.85	42.72	27.95	1.63	15	8.4	8337.5	5975	
12	860	42.83	35.1	2.07	15.65	11.17	6150	5237.5	
13	697.14	40.72	32.45	1.87	15	8.15	7675	5950	
14	628.57	42.88	39.4	2.34	15.75	10	8362.5	4762.5	
15	904.28	36.93	33	1.67	14.15	8.25	7412.5	6012.5	
16	875.71	37.17	34.45	1.74	16.65	9.15	8150	5212.5	
17	750	40.79	40.5	2.29	17.35	10.2	8037.5	5887.5	
18	784.28	38.38	40.2	2.16	17.25	8.8	8500	5162.5	
19	785.71	45.45	28.7	1.8	14.25	9.32	8412.5	5950	
20	825.71	43.91	28.9	1.8	14.15	8.4	8175	6537.5	
21	687.14	43.18	35.1	2.23	15.75	7.47	7975	5725	
22	910	36.1	41.3	2.13	17	10.42	7212.5	5700	
23	658.57	37.28	46.65	2.33	17	9.37	5737.5	4212.5	
24	641.42	41.21	37.1	2.06	16.3	9.57	7287.5	5775	
میانگین Mean	784.52	41	33.88	1.91	15.2	9.09	7730.2083	5537.5	
LSD	167.2	3.59	5.97	0.41	1.25	0.89	1973.6	1311.7	

در هر ستون، مقادیر حداکثر و حداقل، به صورت زیرخط مشخص شده‌اند.

In each column, the maximum and minimum values are underlined.

ادامه جدول ۴

Table 4 (continued)

ژنوتیپ Genotype	شاخص برداشت (%) Harvest index (%)	عملکرد دانه Grain yield (Kg/ha)	ارتفاع بوته Plant height (cm)	طول دوره پر شدن دانه Grain filling period	تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی Days to physiological maturity	تعداد روز تا ظهور سنبله Days to spike emergence	ویگور Vigor
1	<u>42.31</u>	<u>3327.5</u>	92.75	35.75	181.75	146	<u>5.5</u>
2	38.51	2980.83	83.91	34.75	<u>179.75</u>	<u>145</u>	5
3	39.15	2675	87	35	180.75	145.75	4.5
4	37.61	2390.83	81.25	37.25	183	145.75	3.5
5	38.73	2555.83	<u>99.58</u>	35.75	182	146.25	4.75
6	40.90	3053.33	99.41	38	184.25	146.25	5
7	<u>37.53</u>	2796.66	93.91	37.5	183.5	146	5
8	39.35	2609.16	93.08	<u>40</u>	<u>185</u>	<u>145</u>	5
9	38.83	2444.16	93.33	33	182.5	149.5	4
10	41.61	3115.83	94.5	37.25	182.75	145.5	4.5
11	40.82	2761.66	99.16	35.5	184.25	148.75	5
12	38.76	2540	96.5	35	183.5	148.5	4.75
13	40.39	2859.16	84.58	37.25	184.75	147.5	4.5
14	39.49	2707.5	96	37	184.25	147.25	4.25
15	40.98	3015	90.58	36.75	183.75	147	4.5
16	37.86	2615	86.16	34.5	183.75	149.25	3.75
17	38.96	2710.83	87.5	35	184	149	4
18	39.43	2438.33	74.5	34.5	183	148.5	<u>3</u>
19	39.75	3159.16	88.16	36.5	183	146.5	5
20	38.08	2897.08	86.5	34	183	149	5
21	39.07	2647.5	<u>69.5</u>	34.25	184.25	<u>150</u>	3.25
22	41.57	2965.83	70.41	<u>32.75</u>	180.75	148	4
23	40.46	<u>2375.83</u>	69.75	37	184.75	147.75	<u>3</u>
24	41.06	3000	87.58	36	182.5	146.5	<u>5.5</u>
میانگین Mean	39.63	2776.75	87.73	35.84	183.11	147.27	4.42
LSD	4.3	344.2	5.380	1.796	2.035	1.589	0.5997

در هر ستون، مقادیر حداکثر و حداقل، به صورت زیر خط مشخص شده‌اند.

In each column, the maximum and minimum values are underlined.

ارتفاع بوته و ویگور از ارزش بالاتر از میانگین برخوردار بود؛ بنابراین، ژنوتیپ‌های این گروه را می‌توان برای بهبود عملکرد دانه مورد استفاده قرار داد. گروه چهارم که شامل چهار ژنوتیپ بود از نظر صفات طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، تعداد سنبله در طول دوره پر شدن دانه، ارزش بالاتر از میانگین داشت؛ بنابراین از ژنوتیپ‌های این کلاس می‌توان برای بهبود خصوصیات خود سنبله استفاده کرد.

از نظر انتخاب والدین در هر کلاس، کلاستر، کلاستری ارزش دارد که میانگین بالاتری نسبت به میانگین کل نشان دهد؛ بنابراین، برای تعیین خصوصیات هر گروه از نظر صفات مورد مطالعه، میانگین هر خوشه برای هر صفت و انحراف آن از میانگین کل محاسبه و در جدول ۶ نشان داده شده است. ژنوتیپ‌های گروه اول در اکثر صفات میانگین کمتری از میانگین کل داشتند. در گروه دوم، پنج ژنوتیپ وجود داشت که از نظر عملکرد دانه، وزن هزار دانه، تعداد سنبله در واحد سطح، عملکرد کاه، عملکرد بیولوژیک،

جدول ۵- همبستگی صفات مورد مطالعه برای ژنوتیپ‌های گندم دیم مورد آزمایش

Table 5- Correlation of studied traits for tested rain-fed wheat genotypes

شاخص برداشت Harvest index	عملکرد کاه Straw yield	عملکرد دانه Grain yield	ارتفاع بوته Plant height	طول دوره پر شدن دانه Grain filling period	تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی Days to physiologic maturity	تعداد روز تا ظهور سنبله Days to spike emergence	ویگور Vigor
0.237 ^{ns}	0.606 ^{**}	0.677 ^{**}	0.692 ^{**}	0.265 ^{ns}	-0.219 ^{ns}	-0.49 [*]	1
-0.158 ^{ns}	-0.008 ^{ns}	-0.365 ^{ns}	-0.304 ^{ns}	-0.644 ^{**}	0.319 ^{ns}	1	
-0.023 ^{ns}	-0.189 ^{ns}	-0.279 ^{ns}	0.101 ^{ns}	0.52	1		
0.124 ^{ns}	-0.146 ^{ns}	0.104 ^{ns}	0.355 ^{ns}	1			
0.017 ^{ns}	0.184 ^{ns}	0.244 ^{ns}	1				
0.596 ^{**}	0.723 ^{**}	1					
0.231 ^{ns}	1						
1							

** و * به ترتیب معنی‌دار در سطح یک و پنج درصد، ^{ns} غیر معنی‌دار.*, **: Probability level of significantly in 0.05 and 0.01 respectively; ^{ns} non-significant

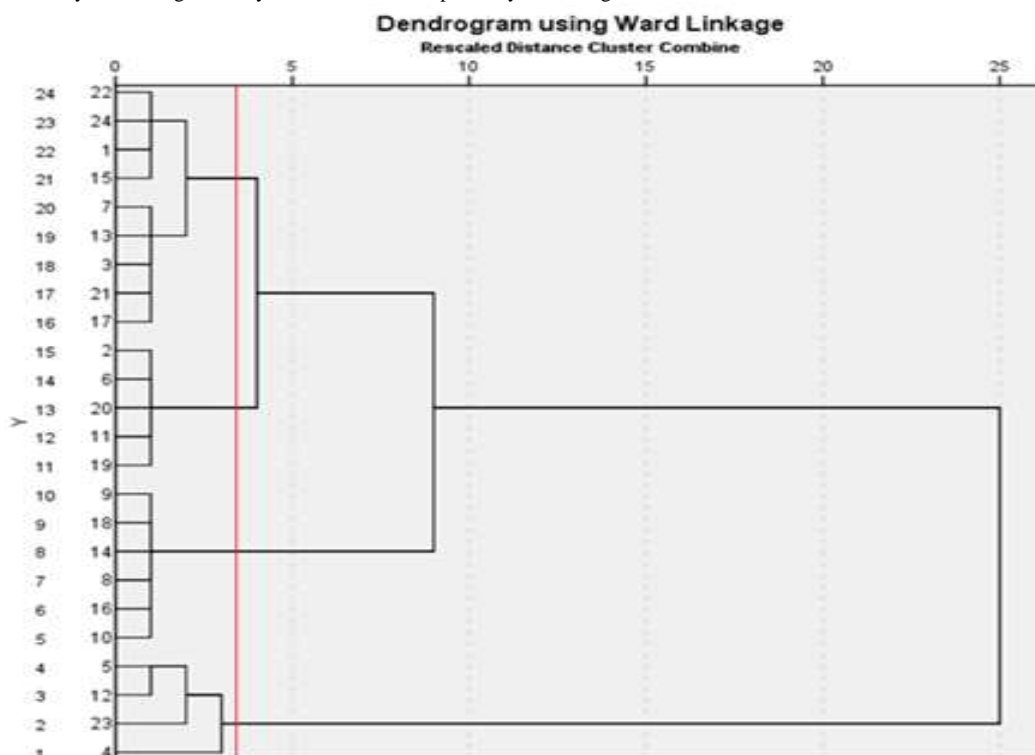
ادامه جدول ۵

Table 5 (continued)

تعداد سنبله در واحد سطح No. of spike per m ²	وزن هزار دانه 1000 grains weight	تعداد دانه در سنبله No. of grain per spike	وزن سنبله Spike weight	تعداد سنبلچه در سنبله No. of spikelet per spike	طول سنبله Spike length	عملکرد بیولوژیک Biologic yield
0.145 ^{ns}	0.435 [*]	-0.442 [*]	-0.24 ^{ns}	-0.19 ^{ns}	-0.407 [*]	1
-0.09 ^{ns}	-0.159 ^{ns}	0.428 [*]	0.363 ^{ns}	0.493 [*]	1	
-0.439 [*]	-0.446 [*]	0.81 ^{**}	0.717 ^{**}	1		
-0.663 ^{**}	-0.167 ^{ns}	0.874 ^{**}	1			
-0.549 ^{**}	-0.598 ^{**}	1				
-0.044 ^{ns}	1					
1						

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

*, **: Probability level of significantly in 0.05 and 0.01 respectively; ^{ns} non-significant



شکل ۱- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گندم دیم بر اساس ضریب فاصله اقلیدسی و الگوریتم وارد

Figure 1- Grouping of rain-fed wheat genotypes based on Euclidean distance coefficient and Ward's algorithm

جدول ۶- میانگین و انحراف از میانگین کل چهار کلاستر حاصل از تجزیه خوشه‌ای برای صفات مورد ارزیابی در ژنوتیپ‌های گندم

Table 6- Mean and deviation from the grand mean of four clusters obtained from cluster analysis for the evaluated traits in wheat genotypes

شاخص برداشت Harvest index (%)	عملکرد دانه Grain yield (Kg/ha)	ارتفاع بوته Plant height (cm)	طول دوره پر شدن دانه Grain filling (day) period	تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی Days to physiologic maturity	تعداد روز تا ظهور سنبله Days to spike emergence	ویگور Vigor	میانگین Mean	درصد انحراف Deviation %	کلاستر Cluster
5816.667	2888.611	84.8703	35.5833	182.8889	147.3056	4.5277	میانگین Mean		1
5.0413	4.0283	-3.2663	-0.7265	-0.1232	0.0236	2.2745	درصد انحراف Deviation %		
6190	2970.417	91.4333	35.75	182.85	147.1	5	میانگین Mean		2
11.7832	6.9744	4.214	-0.2615	-0.1444	-0.1159	12.9411	درصد انحراف Deviation %		
5172.917	2655	89.5972	36.0416	183.5417	147.5	4.0833	میانگین Mean		3
-6.5838	-4.3847	2.1212	0.5521	0.2326	0.1556	-7.7647	درصد انحراف Deviation %		
4640.625	2465.625	86.7708	36.25	183.3125	147.0625	4	میانگین Mean		4
-16.1963	-11.2047	-1.1002	1.1333	0.108	-0.1414	-9.647	درصد انحراف Deviation %		

ادامه جدول ۶
Table 6 (continued)

تعداد سنبله در متر مربع	وزن هزار دانه	تعداد دانه در سنبله	وزن سنبله	تعداد سنبلچه در سنبله	طول سنبله	عملکرد بیولوژیک	عملکرد کاه	کلاستر
No. of spike per m ²	1000 grains weight (g)	No. of grain per spike	Spike weight (g)	No. of spikelet per spike	Spike Length (cm)	Biologic yield (Kg/ha)	Straw yield (Kg/ha)	Cluster
782.69	40.587	34.166	1.946	15.255	8.952	7612.5	40.1181	میانگین Mean
-0.232	-1.02	0.836	1.388	0.352	-1.552	-1.5227	1.2113	درصد انحراف Deviation %
855.42	42.945	27.81	1.647	14.35	8.84	8200	39.6145	میانگین Mean
9.037	4.727	-17.924	-14.2188	-5.604	-2.793	6.0773	-0.059	درصد انحراف Deviation %
770	41.449	34.725	1.986	15.525	9.062	8337.5	39.4327	میانگین Mean
-1.85	1.079	2.484	3.472	2.124	-0.346	7.856	-0.5178	درصد انحراف Deviation %
722.14	38.861	39.575	2.099	15.662	9.775	6496.875	38.8946	میانگین Mean
-7.95	-5.23	16.797	9.361	3.029	7.488	-15.9547	-1.8751	درصد انحراف Deviation %

تجزیه به مولفه‌های اصلی بر اساس صفات زراعی

در تجزیه به مولفه‌های اصلی بر اساس میانگین صفات در ۲۴ ژنوتیپ گندم، پنج مولفه اصلی اول مجموعاً ۸۳/۸ درصد از تنوع صفات را توجیه کردند (جدول ۷). مولفه اول ۳۵/۹ درصد از تنوع کل را تبیین کرد. این مقدار برای مولفه‌های دوم و سوم به ترتیب ۱۶/۳ و ۱۲/۵ درصد بود. برای مولفه اول صفات ویگور (۰/۷۹۷)، عملکرد کاه (۰/۷۱۴)، عملکرد دانه (۰/۷۰۲) و تعداد سنبله در واحد سطح (۰/۵۳۵) دارای ضرایب مثبت بزرگ و تعداد دانه در سنبله (۰/۹۲۳-)، وزن سنبله (۰/۸۶۴-)، تعداد سنبلچه در سنبله (۰/۸۲۳-) و صفات تعداد روز تا ظهور سنبله (۰/۵۰۶-) از ضرایب منفی قابل توجه برخوردار بودند. برای مولفه دوم صفات طول پر شدن دانه (۰/۸۹۹) و تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی (۰/۵۸۱) دارای ضرایب مثبت بزرگ بوده و تعداد سنبله در واحد سطح (۰/۶۶۹-) دارای ضرایب منفی بود. برای مولفه سوم صفت شاخص برداشت (۰/۵۹۷)

دارای ضریب مثبت بزرگ و صفات وزن هزار دانه (۰/۵۵۳-) و عملکرد بیولوژیک (۰/۵۵۲-) دارای ضرایب منفی بزرگ بودند (جدول ۸). در مجموع می‌توان مولفه اول را مولفه عملکرد دانه نام‌گذاری کرد. از این مولفه می‌توان در امر گزینش برای ژنوتیپ‌های گندم استفاده کرد. در مطالعه‌ای روی لاین‌های گندم نان، در تجزیه به مولفه‌های اصلی، سه مولفه اصلی اول ۸۳/۶۰ درصد از تنوع ژنتیکی را توجیه کردند که نشان داد صفاتی مانند ارتفاع بوته، تعداد روز تا گل‌دهی، رسیدگی و عملکرد دانه صفات اصلی در آزمایش بودند (Khan *et al.*, 2015). در آزمایشی دیگر بر روی ۳۶ ژنوتیپ گندم بر اساس تجزیه به مولفه‌های اصلی، پنج مولفه اول بیش از ۹۷ درصد از تنوع ژنتیکی را توجیه کردند (Khodadadi *et al.*, 2011). در مطالعه‌ای دیگر روی گندم، پنج مولفه اصلی اول، ۹۰ درصد از کل تغییرات را به خود اختصاص دادند (Mishra *et al.*, 2015).

جدول ۷- نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی برای ژنوتیپ‌های گندم دیم

Table 7- Results of principal components analysis for rain-fed wheat genotypes

مقادیر ویژه اولیه Initial Eigenvalues			مولفه Component
درصد تجمعی Cumulative %	درصد واریانس % of Variance	کل Total	
35.914	35.914	5.387	1
52.237	16.324	2.449	2
64.803	12.566	1.885	3
75.445	10.642	1.596	4
83.812	8.367	1.255	5

جدول ۸- ضرایب صفات مورد بررسی در مولفه‌های حاصل از تجزیه به مولفه‌های اصلی

Table 8- The coefficients of the studied traits in the components obtained from the principal components analysis

مولفه Component					صفت Trait
5	4	3	2	1	
0.308	0.061	0.275	0.325	<u>0.797</u>	ویگور Vigor
.0332	0.418	-0.349	-0.477	-0.506	تعداد روز تا ظهور سنبله Days to spike emergence
0.055	0.320	-0.462	<u>0.581</u>	-0.371	تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی Days to physiologic maturity
-0.255	-0.119	-0.058	<u>0.899</u>	0.157	طول دوره پر شدن دانه Grain filling period
0.516	-0.09	0.022	0.49	0.486	ارتفاع بوته Plant height \ Plant height
-0.08	0.488	0.407	0.059	<u>0.702</u>	عملکرد دانه Grain yield
0.179	0.499	0.034	-0.229	<u>0.714</u>	شاخص برداشت Harvest index
-0.293	0.623	<u>0.597</u>	0.178	0.112	عملکرد کاه Straw yield
0.071	0.383	-0.552	-0.133	0.403	عملکرد بیولوژیکی Biologic yield
0.673	-0.209	<u>0.460</u>	0.222	-0.355	طول سنبله Spike length
0.298	0.321	0.103	0.028	-0.823	تعداد سنبلچه در سنبله No. of spikelet per spike.
0.028	0.243	0.003	0.154	-0.864	وزن سنبله Spike Weigh
-0.027	0.137	0.306	0.074	-0.923	تعداد دانه در سنبله No. of grain per spike
0.148	0.103	-0.553	0.314	0.482	وزن هزار دانه 1000 grains weight
0.144	-0.19	0.143	-0.669	<u>0.535</u>	تعداد سنبله در متر مربع No. of spike per m2

نتیجه‌گیری کلی

ژنوتیپ‌های کلاستر چهارم برای بهبود خصوصیات سنبله استفاده کرد. در تجزیه به مولفه‌های اصلی، پنج مولفه اصلی اول مجموعاً ۸۳/۸۰ درصد از تنوع صفات را توجیه کردند که بر اساس نتایج بدست آمده، مولفه اول به عنوان مولفه عملکرد دانه تعیین گردید.

سیاس‌گذاری

بدین‌وسیله از کارکنان موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور به ویژه آقای دکتر مظفر روستایی به خاطر فراهم نمودن بذور مورد بررسی، تشکر و قدردانی می‌شود.

اختلاف بین ژنوتیپ‌های گندم دیم از نظر اکثر صفات معنی‌دار بود. بین عملکرد دانه با صفات ویگور، عملکرد کاه، شاخص برداشت، تعداد سنبله‌چه در سنبله، وزن سنبله و تعداد دانه در سنبله همبستگی مثبت معنی‌دار وجود داشت؛ لذا صفات فوق از جمله صفات مهم اثرگذار بر عملکرد دانه در شرایط دیم هستند و اصلاح در جهت افزایش این صفات قادر است عملکرد دانه گندم دیم را به نحو مطلوبی افزایش دهد. با توجه به انحراف میانگین کلاسترها، از ژنوتیپ‌های کلاستر دوم می‌توان برای بهبود عملکرد دانه و از

References

- Babaei Zarch, M.J., Fotokian, M.H. and Mahmoodi, S.** 2014. Evaluation of genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes for morphological traits using multivariate analysis methods. *Journal of Crop Breeding*, 6(14): 1-14. (In Persian).
- De Vita, P., Nicosia, O.L.D., Nigro, F., Platani, C., Riefolo, C., Di Fonzo, N. and Cattivelli, L.** 2007. Breeding progress in morpho-physiological, agronomical and qualitative traits of durum wheat cultivars released in Italy during the 20th century. *European Journal of Agronomy*, 26: 39-53.
- Fawler, C. and Hodgkin, T.** 2004. Plant genetic resources for food and agriculture: Assessing global availability. *Annual Review of Environment and Resources*, 29: 143-179.
- Hajjar, R. and Hodgkin, T.** 2007. The use of wild relatives in crop improvement: A survey of developments over the last 20 years. *Euphytica*, 156: 1-13.
- Hayward, M.D., Bosemar, N.O. and Romagosa, I.** 1993. *Plant Breeding, Principles and Prospects*. Chapman and Hall. London.
- Hooshmandi, B.** 2015. Evaluation of some morphophysiological characteristics and yield of bread wheat cultivars. *Journal of Crop Physiology*, 7: 121-134. (In Persian).
- Khan, M.A., Anjum, A., Bhat, M.A., Padder, B.A., Mir, Z.A. and Kamaluddin, M.** 2015. Multivariate analysis for morphological diversity of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm lines in Kashmir valley. *Journal of Science*, 5: 372-376.
- Kheiri, M., Roostaei, M., Zadhassan E., Dastbari, R., Eslami, R. and Khorshidi Benam, M.B.** 2012. Evaluation of the response of bread wheat genotypes to supplementary irrigation with respect to grain yield and some agronomical and physiological traits. *Journal of Crop and Weed Ecophysiology*, 5: 53-65. (In Persian).
- Khodadadi, M., Fotokian, M.H. and Miransari, M.** 2011. Genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes based on cluster and principal component analyses for breeding strategies. *Australian Journal of Crop Science*, 5: 17-24.
- Marti, J. and Slafer, G.** 2014. Bread and durum wheat yields under a wide range of environmental conditions. *Field Crop Research*, 156: 258-271.
- Matsuoka, Y.** 2011. Evolution of polyploid triticum wheats under cultivation: The role of domestication, natural hybridization and allopolyploid speciation in their diversification. *Plant Cell Physiology*, 52: 750-764.
- Mishra, C.N., Tiwari, V., Gupta, V., Kumar, A. and Sharma, I.** 2015. Genetic diversity and genotype by trait analysis for agromorphological and physiological traits of wheat (*Triticum aestivum* L.). *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, 47(1): 40-48.
- Moghaddam, M., Mohammadi, S.A. and Aghaee Sarbarzeh, M.** 2010. *Multivariate Statistical Methods: A Primer*. Third edition. (translation), Parivar Publications. (In Persian).

- Mohammadi, S.A. and Prasanna, B.M.** 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants- Salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, 43: 1235-1248.
- Nawaz, R., Inamulla, H., Habib, A., Siraj, U.D. and Iqbal, M.S.** 2013. Agro morphological studies of local wheat varieties for variability and their association with yield related traits. *Pakistan Journal of Botany*, 45: 1701-1706.
- Neyestani, A., Mahmoudi, A.A. and Rahimnia, F.** 2005. Path analysis and estimation of heritability of yield and its components in different barley cultivars. *Journal of Agriculture*, 7: 55-66.
- Ribeiro, M.N.O., Carvalho, S.P., Santos, J.B. and Antonio, R.P.** 2011. Genetic variability among cassava accessions based on SSR markers. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 11: 263-269.
- Sari Saraf, B., Bazgir, S. and Mohammadi, G.** 2009. Zoning the climatic potentials of dry-farming wheat cultivation in the West Azerbaijan (Iran). *Geography and Development*, 7(13): 5-26. (In Persian).
- Taghizadegan, M., Norouzi, M. and Aharizad, S.** 2015. Evaluation of wheat recombinant inbred lines based on morphological and agronomic traits. *Journal of Applied Crop Breeding*, 3: 137-149. (In Persian).
- Tavakkoli, A.R. and Oweis, T.** 2004. The role of supplemental irrigation and nitrogen in producing bread wheat in the highlands of Iran. *Agricultural Water Management*, 65: 225-236.
- Torabian, A. and Maghsoudi, K.** 2013. Study on relationship between yield and yield components of wheat under normal irrigation and drought stress conditions by path analysis method. *Agronomy Journal (Pajouhesh & Sazandegi)*, 104: 47-53. (In Persian).
- Whang, Y., Xi, W., Whang, Zh., Wang, B., Xu, X., Han, M., Zhou, Sh. and Zhang, Y.** 2016. Contribution of ear photosynthesis to grain yield under rain-fed and irrigation conditions for winter wheat cultivates released in the past 30 years in North China Plain. *Journal of Integrative Agriculture*, 15: 2247-2256.
- Yousefi, B. and Azadi, I.** 2015. Wheat and Barley Cultivation: (Planting, Holding and Harvesting). Agricultural Education and Research of Natural Resources, First Edition. (In Persian).
- Zakova, M. and Benkova, M.** 2004. Genetic diversity of genetic resources of winter barley maintained in the gene bank in Slovakia. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 40: 118-126.
- Zhangh, D.X. and Godfry, M.H.** 2003. Nuclear DNA analyses in genetic studies of populations: practice, problems and prospects. *Molecular Ecology*, 12: 563-584.

Evaluation of genetic diversity for agronomic traits in rain-fed wheat genotypes

Fariba Ghasemi¹, Alireza Pourmohammad^{2*}, Saber Golkari³, Ali Asghar Aliloo²

¹ M.Sc. graduate, Department of Plant Breeding and Genetics, Faculty of Agriculture, University of Maragheh, Maragheh, Iran

² Department of Plant Breeding and Genetics, Faculty of Agriculture, University of Maragheh, Maragheh, Iran

³ Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran

*Corresponding Author: Pourmohammad@gmail.com

Received: 7 December 2021

Accepted: 15 March 2022

DOI: 10.22034/CSRAR.2022.318534.1162

Abstract

Introduction: Wheat's economic significance and contribution to human and animal nutrition are indisputable. This makes it the third most important crop in terms of global production. The rising global demand for wheat is due to its ability to produce specialized foods. In particular, the unique properties of the gluten protein allow wheat to be processed into bread. Wheat contains and consists of numerous healthful components. Therefore, plant breeders should be able to select for both increased crop yield and improved health benefits. Wheat landrace genotypes are more genetically diverse than the majority of breeding programs, and this diversity includes adaptation to a variety of local conditions. Wheat breeders face the challenge of maximizing genetic productivity gains while minimizing yield gaps and ensuring environmental sustainability.

Wheat's efficiency and utility in plant breeding programs are determined by its genetic diversity. Improving grain yield is regarded as the most important objective of wheat breeding and the most efficient method of increasing production. The estimation of genetic variation in crops is indispensable for breeding programs and the conservation of genetic resources. Hybridization and subsequent selection is one of the most essential wheat breeding techniques. Selecting the parents is the first step in a hybridization-based plant breeding program. The purpose of this research is to identify wheat genotypes with superior agronomic traits, classify them using cluster analysis, and reduce the measured traits using principal component analysis.

Materials and Methods: To evaluation of genetic diversity of rain-fed wheat genotypes, an experiment was carried out in a randomized complete block design with 24 genotypes and four replications in Research Station of Dryland Agricultural Research Institute (Maragheh) at 2015-2016. This study evaluated plant height, grain filling period, days to physiological maturity, days to spike emergence, vigor, grain yield, straw yield, number of spikes per m², weight per 1000 grains, number of grains per spike, spike weight, number of spikelet per spike, spike length, biological yield, and harvest index. Before conducting an analysis of variance, assumptions were examined. Analysis of variance and comparison of means (Least Significant Difference) was performed. The relationship between the studied traits was determined using Pearson's coefficient of correlation. Principal component analysis (PCA) was utilized to reduce the data, and cluster analysis based on the Euclidean distance coefficient and Ward's algorithm was employed to classify the genotypes under study. The SPSS software was utilized for data analysis.

Results and Discussion: Difference between rain-fed wheat genotypes were significant for the majority of traits, indicating a high degree of genetic diversity. The genotypes 1 and 23 have the highest and lowest grain yield values, respectively. Positive and significant correlation exists between grain yield and vigor, straw yield, harvest index, number of spikelets per spike, spike weight, and number of grains per spike. Cluster analysis categorizes 24 genotypes into four groups based on their evaluated traits. The first cluster contains genotypes 22, 24, 1, 15, 7, 13, 3, 21 and 17.

The second group included genotypes 2, 6, 20, 11, and 19. The third group consisted of the genotypes 9, 18, 14, 10, 8, and 16. The fourth group consists of extra genotypes. In principal components analysis, five main components account for 83.80% of the variation. High positive coefficients were observed for grain yield (0.702), harvest index (0.714), and vigor (0.797) in the first component. The initial component can be identified as the grain yield component.

Conclusion: Based on the results, the yield component was determined to be the first principal component. These genotypes are appropriate for selection and breeding programs and objectives in rain-fed environments, and can be used to boost wheat grain yield.

Keywords: Cluster analysis, Correlation, Grain yield, Morphological traits, Principal components analysis