

تنوع ژنتیکی صفات زراعی در کلکسیون ژنوتیپ‌های بومی گندم نان ایران

Genetic Variability for Agronomy Traits in Bread Wheat Genotype Collection of Iran

مصطفی آقائی سربرزه^۱ و اشکبوس امینی^۲

۱ و ۲- به ترتیب دانشیار و مربی، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر

تاریخ دریافت: ۱۳۸۹/۳/۱۸ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۰/۹/۳

چکیده

آقائی سربرزه، م.، و امینی، ا. ۱۳۹۰. تنوع ژنتیکی صفات زراعی در کلکسیون ژنوتیپ‌های بومی گندم نان ایران. *مجله به‌نژادی نهال و بذر* ۲۷-۱: ۵۹۹-۵۸۱.

در بررسی حاضر ۱۱۲ لاین خالص گندم نان انتخابی از کلکسیون گندم‌های بومی نان موجود در بخش تحقیقات غلات موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر در سال زراعی ۸۸-۱۳۸۷ به صورت آزمایش بدون تکرار مورد بررسی قرار گرفتند. در این آزمایش بعد از هر ۲۰ ژنوتیپ دو رقم پیشناز و پیشگام به عنوان شاهد کاشته شدند. هر شماره در دو خط یک متری و در هر خط بذرها یک سنبله خالص کاشته شد. ژنوتیپ‌ها در شرایط آبیاری درمزرعه آزمایشی موسسه واقع در کرج ارزیابی شدند. در طول دوره رشد صفات زراعی مختلف، عملکرد بیولوژیکی و عملکرد دانه یادداشت شدند. نتایج آزمایش تنوع زیادی را در ژنوتیپ‌های گندم بومی نان از نظر اکثر صفات کمی و کیفی نشان داد. تجزیه رگرسیون نشان داد که در گندم‌های نان بومی صفاتی مانند تعداد دانه در سنبله و عملکرد بیولوژیکی اثر مثبت و معنی‌داری بر عملکرد دانه داشته و سهم قابل توجهی از تغییرات عملکرد را تبیین می‌کنند. دسته‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس تجزیه کلاستر به روش UPGMA ژنوتیپ‌ها را در هشت گروه قرار داد. با توجه به نتایج به دست آمده ۲۲ ژنوتیپ که نسبت به ژنوتیپ‌های دیگر عملکرد دانه بیشتر و برخی خصوصیات زراعی مناسب‌تر داشتند انتخاب شدند. نتایج این تحقیق نشان داد مواد ژنتیکی موجود در این کلکسیون منابع ارزشمندی هستند که علاوه بر داشتن صفات جدید، تنوع سرشاری را برای به‌نژادگران به منظور اصلاح و تولید ارقام گندم فراهم می‌آورند.

واژه‌های کلیدی: گندم نان، ژنوتیپ‌های بومی، تنوع ژنتیکی، صفات کمی و کیفی.

مقدمه

که عمدتاً به دلیل کاهش تنوع ژنتیک است. نژاد جدید زنگ سیاه (Ug99) از جمله این بیماری‌ها است که تولیدکنندگان گندم را نگران کرده است (Singh et al., 2006).

در خصوص کاهش تنوع ژنتیکی حاصل از فعالیت‌های عمده به‌نژادی در محصولات زراعی در قرن بیستم نگرانی‌هایی ایجاد شده است (Gepts, 2006). در طول زمان تکامل، تنوع ژنتیکی موجود در ارقام بومی تحت تاثیر عوامل مختلفی از جمله محیط و اعمال معیارهای مختلف گزینشی توسط کشاورزان، ایجاد شده است. این ارقام، جوامع متنوعی هستند که به شرایط متغیر محیطی در مناطق مورد کشت سازگاری وسیعی پیدا کرده‌اند و معمولاً دارای پایه ژنتیکی متنوع و وسیعی هستند. این تنوع سرشار ویژگی‌های بسیار سودمندی را مهیا می‌سازند که در برنامه‌های به‌نژادی به منظور توسعه پایه ژنتیکی و نیز افزایش عملکرد و تولید ارقام جدیدتر قابل بهره‌برداری هستند (Keller et al., 1991; Tesemma et al., 1998; Vojdani and Meybodi, 1993; Belay et al., 1995) و به همین دلیل بسیار مورد توجه به‌نژادگران قرار دارند (Zaefizadeh et al., 2010; Rashed et al., 2007).

در راستای حفظ و افزایش تولیدات کشاورزی میزان و سطح تنوع ژنتیکی و دسترسی به این منابع در محصولات مهم زراعی اهمیت بسیار زیادی دارد (Heal et al., 2004).

در قرن گذشته، به‌نژادی علمی محصولات زراعی اثر قابل توجهی در بخش کشاورزی ایفا کرد. به‌نژادگران به طور مستمر ارقام جدید و پرمحصول را که دارای سازگاری وسیعی به تغییر سیستم‌های زراعی دارند و مورد تقاضای کشاورزان هستند، تولید می‌کنند. بخش مهمی از توسعه کشاورزی و افزایش تولید مرهون کشت ارقام پرمحصول اصلاح شده در بسیاری از محصولات زراعی و باغی از جمله گندم است که غالباً ساختار ژنتیکی مشابه دارند (Van de Wouw et al., 2010). انقلاب سبز در دهه‌های ۱۹۶۰ و ۱۹۷۰ از دستاوردهای بزرگ به‌نژادی بود که نقش حیاتی در امنیت غذایی جهان داشت (Evenson and Gollin, 2003). اثر قابل توجه این موفقیت‌های عظیم از سوی دیگر به قیمت کاهش شدید تنوع برای اغلب صفات مهم و اقتصادی در محصولات زراعی به خصوص گندم بوده است. اگرچه تخمین کاهش تنوع ژنتیکی مشکل و یا غیرممکن است، اما تردیدی نیست که ذخایر ژنتیکی با سرعت فزاینده‌ای کاهش یافته و بسیاری از ژن‌های مفید از دست رفته‌اند و به دنبال آن محصولات زراعی در معرض تهدید روز افزون شرایط محیطی نامناسب و تنش‌های زیستی و غیرزیستی قرار گرفته‌اند (Allard, 1996). بروز نژادهای جدیدی از بیماری‌هایی مانند زنگ زرد و سیاه به عنوان تهدید جدی تولید گندم مطرح شده‌اند

می‌شود، بیش از ۱۰۰۰ نمونه نیز در بخش تحقیقات غلات این موسسه احیاء و بهره برداری می‌شوند. این منابع ارزشمند دارای صفات مطلوبی بوده و می‌توانند در پیشبرد و تولید ارقام اصلاح شده مورد بهره‌برداری قرار گیرند. با توجه به تنوع زیاد در ژرم‌پلاسم‌های موجود، انتظار می‌رود که با بررسی منابع ژنتیکی مذکور به ژنوتیپ‌هایی واجد شرایط و صفات مناسب برای اصلاح گندم دست یافت.

وجود صفات مهمی مانند سازگاری وسیع، مقاومت به بیماری‌ها، کیفیت و غیره در برخی از ارقام بومی، این خزانه ژنی را به عنوان منابع ارزشمندی برای تنوع ژنتیکی در گندم مطرح می‌کنند (Dreisigacker *et al.*, 2005؛ Akar and Özgen, 2007). بنابراین امروزه آگاهی از تنوع ژنتیکی و مدیریت منابع ژنتیکی به عنوان اجزاء مهم پروژه‌های اصلاح نباتات تلقی می‌شود (Gharayazi, 1996؛ Mohammadi and Prasanna, 2003؛ Singh, 2003). به منظور استفاده در برنامه‌های به‌نژادی گندم، در ابتدا باید میزان تنوع ژنتیکی برای صفت یا صفات مورد اصلاح درون و یا بین ارقام بومی مورد بررسی قرار گیرد (Warburton and Hoisington, 2001؛ Zhang *et al.*, 2006). در تحقیق حاضر نیز با هدف بررسی تنوع موجود در کلکسیون ژنوتیپ‌های گندم نان بومی، تعدادی از آن‌ها از نظر صفات مهم ارزیابی شدند تا در برنامه‌های آتی به نژادی گندم نان استفاده مورد قرار

تنوع ژنتیکی در اصلاح گیاهان در مطالعات بسیاری گزارش شده است (Rezaii and Frey, 1988). یکی از مثال‌های روشن در این رابطه بهره‌مندی از ژن پاکوتاهی Rht است که از رقم ژاپنی "Norin 10" منتقل شده از رقم بومی Shiro Daruma به دست آمده است. در سال‌های اخیر استفاده از تنوع ژنتیکی موجود در سطوح مختلف خزانه ژنی گندم به عنوان منابعی غنی جهت اصلاح و پیشبرد صفات متعدد مورد توجه قرار گرفته‌اند (Jiang *et al.*, 1994؛ Dotl ačil *et al.*, 2010). این منابع ممکن است دارای صفات ویژه‌ای مانند صفات مرتبط با سازگاری با محیط باشند و آلل‌های جدیدی را در اختیار قرار دهند که مکمل مکانیزم‌هایی مانند سازگاری با تنش‌ها باشند (Powell *et al.*, 1996؛ Spagnolett Zeuli and Qualset, 1987؛ Reynolds *et al.*, 2007).

ایران به عنوان خاستگاه و مرکز تنوع اولیه گونه‌های گندم دارای تنوع ژنتیکی بسیار غنی برای اصلاح گندم و ایجاد ارقام پرمحصول و سازگار است (Salamini *et al.*, 2002). قسمت قابل توجهی از این منابع در بانک ژن گیاهی ملی ایران در موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر و بانک ژن گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران ذخیره شده‌اند. در حال حاضر، علاوه بر این که در حدود ۱۷۵۰۰ شماره از ارقام بومی گندم در بانک ژن این موسسه نگهداری

گیرند.

(Grain Yield: GY) ارزیابی و با ارقام شاهد مقایسه شدند.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق ۱۱۲ ژنوتیپ گندم نان موجود در کلکسیون بخش تحقیقات غلات مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر شامل ارقام بومی داخلی و خارجی به صورت آزمایش مشاهده‌ای ارزیابی شدند. ژرم پلاسما مورد مطالعه در آبان ماه ۱۳۸۸ در مزرعه تحقیقاتی مؤسسه واقع در کرج (۵۱ درجه و ۱۰ دقیقه طول شرقی، ۳۵ درجه و ۴۸ دقیقه عرض شمالی و ارتفاع ۱۳۲۱ متر از سطح دریا) کاشته شدند. هر ژنوتیپ بدون تکرار ارزیابی شد و برای بررسی ظرفیت تولید آن‌ها، دو رقم پیش‌تاز (بهاره) و پیشگام (بینابین) به عنوان شاهد در فواصل هر ۲۰ ژنوتیپ تکرار شدند. هر ژنوتیپ در دو خط یک متری روی یک پشته به فاصله کاشت ۲۵ سانتی‌متر کاشته شد. در طول فصل زراعی، این ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مختلفی مانند تعداد روز تا ظهور سنبله (Days to Heading: DHE)، روز تا رسیدگی (Days to Maturity: DMA)، ارتفاع بوته (Plant Height: PLH)، وزن هزار دانه (1000-Kernel Weight: TKW)، طول سنبله (Spike Length: SL)، تعداد دانه در سنبله (Seed Number per Spike: SNP)، وزن بیولوژیکی بدون وزن دانه (Biological Yield: BY)، طول پدانکل (Peduncle Length: PL) و عملکرد دانه

با توجه به این که مواد آزمایشی فاقد تکرار بودند، تجزیه و تحلیل آماری داده‌ها بر اساس آماره‌های توصیفی شامل کمینه، بیشینه، دامنه، میانگین، انحراف معیار و ضریب تغییرات مربوط به تمام صفات کمی انجام شد. عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های مورد بررسی با میانگین عملکرد شاهد‌های کاشته شده در طرفین ژنوتیپ به صورت درصد تولید مقایسه شدند. روابط بین صفات با محاسبه همبستگی ساده مطالعه شد. برای تلخیص جنبه‌های اصلی تغییرات متغیرها توسط تعداد کمتری از ترکیب‌های خطی از تجزیه چند متغیره به روش تجزیه رگرسیون گام به گام استفاده شد. دسته‌بندی ژنوتیپ‌ها نیز با استفاده از روش تجزیه خوشه‌ای (تجزیه کلاستر) به روش UPGMA و با استفاده از مربع فاصله اقلیدسی به عنوان معیار تشابه انجام شد. تجزیه و تحلیل آماری به کمک نرم‌افزارهای Excel و SPSS16 انجام شد.

نتایج و بحث

مشخصات ژنوتیپ‌های بومی گندم نان به همراه تکرار ارقام شاهد در جدول ۱ نشان داده شده است.

مقادیر صفات اندازه‌گیری شده در ژنوتیپ‌های مورد بررسی در جدول ۲ درج شده است. از نظر صفات مختلف تنوع زیادی بین ژنوتیپ‌ها وجود داشت. با استفاده تجزیه و

جدول ۱- کد و محل جمع آوری/مبداء ژنوتیپ های گندم نان مورد آزمایش به همراه تکرار ارقام شاهد
Table 1. Code and origin of local bread wheat genotypes and the checks cultivars

Sr. No.	Genotype Code	Origin	Sr. No.	Genotype Code	Origin	Sr. No.	Genotype Code	Origin
1	WC-4534	Nahavand	42	47620	North Dakota	83	47393	Bulgaria
2	WC-4829	Mashhad	43	Pishtaz	Pishtaz	84	47531	Mexico
3	WC-4536	Malayer	44	Pishgam	Pishgam	85	47572	North Dakota
4	WC-4937	Shirvan	45	47374	Pakistan	86	47569	Unknown
5	WC-4594	Kermanshah	46	47632	North Dakota	87	Pishtaz	Pishtaz
6	WC-4924	Kalat Khorasan	47	47358	North Dakota	88	Pishgam	Pishgam
7	WC-4888	Naishabour	48	4987	Iran	89	47417	Minnesota
8	WC-4823	Torbat Haydarieh	49	5045	Iran	90	47560	Minnesota
9	WC-4827	Mashhad	50	47617	North Dakota	91	47518	Kenya
10	WC-4582	Hajiabad Kermanshah	51	47637	Poru	92	4868	Torbat Jam
11	WC-4889	Naishabour	52	47400	Bolgaria	93	47432	Ethiopia
12	WC-4515	Shabad Ashtareh	53	47473	Mexico	94	47407	Italy
13	4780	Shahrood	54	47371	Pakistan	95	47368	Pakistan
14	4592	Kermanshah	55	47615	North Dakota	96	4506	Khoram Abad
15	4610	Zanjan	56	47388	Unknown	97	47481	Argentina
16	4992	Iran	57	5050	Iran	98	47581	Canada
17	4995	Iran	58	47359	North Dakota	99	47456	Minnesota
18	4573	Kermanshah	59	47619	North Dakota	100	47628	North Dakota
19	Shahriar	Shahriar	60	47379	Spain	101	47582	Canada
20	5047	Iran	61	4640	Moghan	102	47360	North Dakota
21	Pishtaz	Pishtaz	62	4612	Kordistan	103	47574	North Dakota
22	Pishgam	Pishgam	63	4953	Bojnord	104	47640	South Africa
23	4982	Iran	64	4968	Iran	105	47467	Mexico
24	4916	Kalat Khorasan	65	Pishtaz	Pishtaz	106	47403	Bulgaria
25	4860	Fariman Mashhad	66	Pishgam	Pishgam	107	4553	Kerend Kermanshah
26	4530	Khoram Abad	67	4978	Iran	108	47412	Italy
27	4892	Shazan Mashhad	68	47392	Bulgaria	109	Pishtaz	Pishtaz
28	4919	Kalat Khorasan	69	47381	Spain	110	Pishgam	Pishgam
29	4973	Iran	70	4931	Ghochan	111	47533	Minnesota
30	5053	Iran	71	4566	Kermanshah	112	47445	North Dakota
31	47341	Montana	72	4584	Kerman	113	4846	Mashhad
32	47578	Dakota	73	4698	Khalkhal	114	47584	Canada
33	4965	Kashan	74	5001	Iran	115	47367	Pakistan
34	4840	Sarakhs	75	4983	Iran	116	47636	Pakistan
35	4958	Badranloo Khorasan	76	4994	Iran	117	47528	Mexico
36	4903	Toos	77	4999	Iran	118	4611	Kordistan
37	47380	Spain	78	5046	Iran	119	4583	Haji Abad
38	4806	Kashmar	79	47472	Mexico	120	4554	Kerend Kermanshah
39	47399	Bulgaria	80	47638	Unknown	121	46697-II	Yugoslavia
40	4600	Koran Kermanshah	81	47583	Canada	122	47528	Mexico
41	47536	Minnesota	82	47522	Mexico			

ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بیشتر از شاهد در این ژنوتیپ‌ها وجود دارد (جدول ۲). هر چند این آزمایش یک ساله بوده و بدون تکرار است، اما این موضوع به طور کلی نشان می‌دهد که ژنوتیپ‌های بومی از نظر عملکرد اقتصادی هم می‌توانند مورد توجه قرار گیرند. با توجه به جدول ۲ مشاهده می‌شود که ۱۵ ژنوتیپ (به جز شهریار) از رقم شاهد پیشتاز برتر و یا در حد این

تحلیل آماری توصیفی، مقادیر کمی تنوع ژنتیکی در ژنوتیپ‌های مورد بررسی برای داده‌های ده صفت کمی اندازه‌گیری شده در مقایسه با دو رقم شاهد (پیشتاز و پیشگام) در جدول ۳ درج شده‌اند. میزان عملکرد دانه ژنوتیپ‌های مورد بررسی به صورت درصد از میزان عملکرد ارقام شاهد طرفین نشان داد با وجودی که ارقام شاهد اصلاح شده‌اند، اما

جدول ۲- مقدار عملکرد دانه و سایر صفات در ژنوتیپ‌های گندم نان
Table 2. The value of grain yield and different traits of bread wheat genotypes

Sr. No.	Genotype Code	DHE*	DMA*	PLH (cm)	PL (cm)	SL (cm)	Seed/spike	TKW (g)	BY (g/plot)	YLD (g/plot)	Yield % over checks		HI%
											Pishtaz	Pishgam	
1	WC-4534	125	167	115	43.0	12.0	60.6	46.0	1150	520	179.3	106.1	31
2	WC-4829	106	169	107	42.5	11.5	47.6	26.8	920	130	44.8	26.5	12
3	WC-4536	118	168	130	44.8	10.2	28.4	37.2	420	90	31.0	18.4	18
4	WC-4937	120	169	125	39.0	8.0	29.4	48.0	830	220	75.9	44.9	21
5	WC-4594	115	165	120	44.7	6.3	14.4	38.4	530	170	58.6	34.7	24
6	WC-4924	118	168	136	47.7	7.3	18.2	51.6	1005	295	101.7	60.2	23
7	WC-4888	110	165	130	58.7	10.3	21.4	41.8	800	200	69.0	40.8	20
8	WC-4823	107	164	124	48.0	10.0	25.2	30.0	775	125	43.1	25.5	14
9	WC-4827	115	164	130	49.7	10.3	27.4	38.8	825	175	60.3	35.7	18
10	WC-4582	118	161	130	45.0	12.0	16.4	29.6	785	115	39.7	23.5	13
11	WC-4889	107	164	117	37.7	12.3	10.0	29.8	940	60	20.7	12.2	6
12	WC-4515	115	165	125	51.0	9.0	16.0	43.0	660	190	65.5	38.8	22
13	WC-4780	124	163	150	37.7	12.3	26.0	48.4	1250	450	155.2	91.8	26
14	WC-4592	117	167	114	45.7	9.3	17.8	31.6	685	115	39.7	23.5	14
15	WC-4610	124	169	125	43.0	10.0	19.6	47.0	1050	300	103.4	61.2	22
16	WC-4992	114	167	123	51.0	10.0	36.4	50.8	990	310	106.9	63.3	24
17	WC-4995	110	164	122	55.7	9.3	21.0	49.0	900	300	103.4	61.2	25
18	WC-4573	123	168	140	34.7	13.3	18.2	51.0	1140	360	124.1	73.5	24
19	Shariar	111	164	108	39.0	8.0	40.0	43.8	905	595	205.2	121.4	40
20	WC-5047	115	163	126	48.0	10.0	34.4	30.4	860	290	100.0	59.2	25
21	Pishtaz	106	168	95	34.7	10.3	28.0	51.8	560	290	-	-	34
22	Pishgam	109	168	95	36.0	13.0	52.6	50.6	610	490	-	-	45
23	WC-4982	109	167	132	54.7	8.3	29.4	49.0	1100	400	106.0	87.9	27
24	WC-4916	122	168	140	66.0	10.0	29.6	52.4	830	330	87.4	72.5	28
25	WC-4860	115	167	125	60.0	10.0	20.4	48.4	960	340	90.1	74.7	26
26	WC-4530	116	166	115	62.0	6.0	30.6	41.4	855	195	51.7	42.9	19
27	WC-4892	116	169	133	35.7	11.3	26.8	56.0	900	250	66.2	54.9	22
28	WC-4919	126	168	125	38.0	10.0	32.6	50.4	1090	260	68.9	57.1	19
29	WC-4973	115	168	125	45.0	10.0	17.2	41.2	910	240	63.6	52.7	21
30	WC-5053	122	169	115	49.7	10.3	17.8	45.4	1350	220	58.3	48.4	14
31	WC-47341	103	168	115	56.0	11.0	52.6	39.4	650	400	106.0	87.9	38
32	WC-47578	126	167	135	47.0	9.0	26.2	39.0	930	220	58.3	48.4	19
33	WC-4965	117	167	137	53.0	13.0	26.6	49.6	1430	330	87.4	72.5	19
34	WC-4840	109	167	112	38.0	10.0	25.6	49.6	920	230	60.9	50.5	20
35	WC-4958	118	168	135	54.0	10.0	19.6	50.6	1040	210	55.6	46.2	17
36	WC-4903	123	168	126	49.0	11.0	23.2	46.8	915	235	62.3	51.6	20
37	WC-47380	101	168	120	44.0	10.0	39.6	41.6	930	420	111.3	92.3	31
38	WC-4806	129	172	134	43.0	10.0	24.0	51.8	1450	300	79.5	65.9	17
39	WC-47399	114	171	120	45.0	10.0	30.0	37.6	700	290	76.8	63.7	29
40	WC-4600	125	172	120	41.6	11.4	17.0	45.4	1045	185	49.0	40.7	15
41	WC-47536	102	169	125	52.0	10.0	51.4	42.4	850	450	119.2	98.9	35
42	WC-47620	107	169	125	54.0	11.0	28.8	37.6	910	310	82.1	68.1	25
43	Pishtaz	106	169	105	39.7	9.3	34.4	45.8	955	465	-	-	33
44	Pishgam	108	168	100	35.0	10.0	56.0	43.6	730	420	-	-	37
45	WC-47374	122	169	135	57.7	9.3	31.8	44.2	885	315	77.3	74.1	26
46	WC-47632	112	167	130	48.0	9.0	31.6	35.4	880	160	39.3	37.6	15
47	WC-47358	104	166	105	39.0	8.0	35.0	38.6	735	315	77.3	74.1	30
48	WC-4987	108	165	125	47.0	11.0	30.4	54.6	935	325	79.8	76.5	26
49	WC-5045	100	163	125	52.0	12.0	43.6	43.8	1100	400	98.2	94.1	27
50	WC-47617	119	169	115	52.0	8.0	30.6	36.2	800	270	66.3	63.5	25
51	WC-47637	113	168	115	44.0	9.0	28.2	35.0	590	260	63.8	61.2	31
52	WC-47400	112	167	142	48.0	9.0	35.0	32.4	950	260	63.8	61.2	21
53	WC-47473	102	162	105	38.0	8.0	29.4	37.6	695	455	111.7	107.1	40
54	WC-47371	115	167	132	46.7	6.3	15.2	42.4	735	215	52.8	50.6	23
55	WC-47615	113	166	135	46.0	11.0	27.8	41.0	720	230	56.4	54.1	24
56	WC-47388	108	167	135	49.7	9.3	18.2	52.0	955	295	72.4	69.4	24
57	WC-5050	113	168	125	46.7	8.3	24.4	54.0	940	210	51.5	49.4	18
58	WC-47359	112	164	130	42.0	11.0	20.4	34.0	830	270	66.3	63.5	25
59	WC-47619	112	165	143	57.0	10.0	32.4	38.0	1375	375	92.0	88.2	21
60	WC-47379	114	166	130	39.0	9.0	27.8	48.0	1225	275	67.5	64.7	18
61	WC-4640	122	170	110	44.0	11.0	41.8	50.0	1255	225	55.2	52.9	15
62	WC-4612	119	168	110	40.7	13.3	34.8	40.0	660	240	58.9	56.5	27
63	WC-4953	121	168	132	49.0	8.0	32.0	51.0	1195	385	94.5	90.6	24
64	WC-4968	112	167	125	53.0	12.0	42.6	47.0	1140	340	83.4	80.0	23
65	Pishtaz	108	169	100	34.7	10.3	34.0	52.0	510	350	-	-	41
66	Pishgam	108	167	100	36.0	12.0	66.6	45.0	1070	430	-	-	29
67	WC-4978	99	162	105	45.7	9.3	29.6	48.0	750	350	87.5	83.3	32
68	WC-47392	116	166	130	44.0	10.0	23.4	55.0	980	300	75.0	71.4	23

DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله؛ DMA: تعداد روز تا رسیدن؛ PLH: ارتفاع بوته؛ PL: طول پدانکل؛ SL: طول سنبله؛ Seed/Spike: تعداد دانه در سنبله؛ TKW: وزن هزار دانه؛ BY: عملکرد بیولوژیکی بدون وزن دانه؛ YLD: عملکرد دانه در کرت؛ HI: شاخص برداشت.
DHE* و DMA اول ژانویه در نظر گرفته شده است.

DHE: Days to Heading; DMA: Days to Maturity; PLH: Plant Height; PL, Peduncle Length; Seed/Spike: No. of Seeds per Spike; TKW: 1000-Kernel Weight; BY: Biological Weight without grain yield; YLD: Grain Yield per plot.

* For calculating DHE and DMA, first January was considered

Table 2. Continued

ادامه جدول ۲-

Sr. No.	Genotype Code	DHE*	DMA*	PLH (cm)	PL (cm)	SL (cm)	Seed/spike	TKW (g)	BY (g/plot)	YLD (g/plot)	Yield % over checks		HI%
69	WC-47381	114	165	125	49	10	45.2	34	660	190	47.5	45.2	22
70	WC-4931	115	167	120	34	11	26.4	63	990	280	70.0	66.7	22
71	WC-4566	115	165	130	44	13	32.8	39	870	250	62.5	59.5	22
72	WC-4584	120	168	123	54	11	22.0	38	835	165	41.3	39.3	17
73	WC-4698	115	167	125	47	11	25.2	40	800	250	62.5	59.5	24
74	WC-5001	108	166	130	54	10	26.0	49	875	360	90.0	85.7	29
75	WC-4983	116	166	120	41	8	16.0	46	530	70	17.5	16.7	12
76	WC-4994	111	164	137	50	9	24.6	51	930	320	80.0	76.2	26
77	WC-4999	115	165	125	45	10	23.2	56	970	200	50.0	47.6	17
78	WC-5046	108	163	130	52	10	23.6	46	1080	340	85.0	81.0	24
79	WC-47472	101	161	96	36	8	19.0	42	600	300	75.0	71.4	33
80	WC-47638	112	163	107	36	10	49.0	38	575	325	81.3	77.4	36
81	WC-47583	101	162	107	39	9	26.6	47	650	420	105.0	100.0	39
82	WC-47522	102	162	112	46	9	30.0	48	760	240	60.0	57.1	24
83	WC-47393	103	163	109	38	11	38.4	46	760	320	80.0	76.2	30
84	WC-47531	111	164	125	56	10	41.8	43	560	290	72.5	69.0	34
85	WC-47572	100	163	115	47	9	20.0	43	970	430	107.5	102.4	31
86	WC-47569	104	164	106	43	10	21.6	46	670	330	82.5	78.6	33
87	Pishtaz	107	166	102	39	12	44.6	51	840	450	-	-	35
88	Pishgam	108	165	95	36	11	47.6	46	690	410	-	-	37
89	WC-47417	110	163	140	74	12	20.0	49	750	230	50.5	61.3	23
90	WC-47560	107	165	127	45	8	21.6	40	950	340	74.7	90.7	26
91	WC-47518	101	166	125	44	9	37.6	45	730	320	70.3	85.3	30
92	WC-4868	107	166	120	55	10	28.0	45	710	340	74.7	90.7	32
93	WC-47432	115	165	150	57	13	32.2	39	1110	340	74.7	90.7	23
94	WC-47407	100	163	107	43	10	40.8	44	675	325	71.4	86.7	33
95	WC-47368	105	162	115	45	10	38.4	45	595	325	71.4	86.7	35
96	WC-4506	117	166	133	54	10	38.2	35	780	220	48.4	58.7	22
97	WC-47481	108	163	133	52	13	23.6	44	1090	260	57.1	69.3	19
98	WC-47581	116	168	135	46	9	33.0	34	685	165	36.3	44.0	19
99	WC-47456	97	167	113	45	10	24.4	50	650	250	54.9	66.7	28
100	WC-47628	122	166	130	45	12	28.6	40	1000	200	44.0	53.3	17
101	WC-47582	118	168	134	49	11	32.6	34	1075	325	71.4	86.7	23
102	WC-47360	104	166	120	48	11	47.6	39	810	340	74.7	90.7	30
103	WC-47574	110	166	117	52	10	28.8	37	610	220	48.4	58.7	27
104	WC-47640	117	167	125	52	11	42.6	37	1230	330	72.5	88.0	21
105	WC-47467	112	164	120	45	12	24.4	44	980	220	48.4	58.7	18
106	WC-47403	106	164	102	45	10	46.2	37	750	350	76.9	93.3	32
107	WC-4553	114	163	116	44	11	20.2	44	550	200	44.0	53.3	27
108	WC-47412	98	163	100	41	11	27.2	44	630	320	70.3	85.3	34
109	Pishtaz	107	166	95	35	10	32.2	49	790	460	-	-	37
110	Pishgam	113	167	100	38	9	32.6	47	510	340	-	-	40
111	WC-47533	104	164	106	45	9	45.8	44	620	310	67.4	91.2	33
112	WC-47445	100	164	117	45	10	48.8	41	770	430	93.5	126.5	36
113	WC-4846	116	167	140	44	11	38.4	56	755	295	64.1	86.8	28
114	WC-47584	112	166	126	51	7	32.2	49	640	260	56.5	76.5	29
115	WC-47367	109	163	110	42	8	26.2	40	650	220	47.8	64.7	25
116	WC-47636	102	164	115	59	11	40.2	40	900	350	76.1	102.9	28
117	WC-47528	99	165	116	48	10	28.8	47	635	315	68.5	92.6	33
118	WC-4611	116	165	115	49	10	27.4	46	560	190	41.3	55.9	25
119	WC-4583	117	164	105	45	11	24.8	35	700	200	43.5	58.8	22
120	WC-4554	118	166	126	48	12	36.6	44	750	250	54.3	73.5	25
121	WC-46697-II	128	167	115	37	9	27.4	36	940	160	34.8	47.1	15
122	WC-47528	101	163	100	37	10	34.0	44	500	210	45.7	61.8	30

DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله؛ DMA: تعداد روز تا رسیدن؛ PLH: ارتفاع بوته؛ PL: طول پدانکل؛ SL: طول سنبله؛ Seed/Spike: تعداد دانه در سنبله؛ TKW: وزن هزار دانه؛ BY: عملکرد بیولوژیکی بدون وزن دانه؛ YLD: عملکرد دانه در کرت؛ HI: شاخص برداشت.

DHE* و DMA اول ژانویه در نظر گرفته شده است.

DHE: Days to Heading; DMA: Days to Maturity; PLH: Plant Height; PL, Peduncle Length; Seed/Spike: No. of Seeds per Spike; TKW: 1000-Kernel Weight; BY: Biological Weight without grain yield; YLD: Grain Yield per plot.

* For calculating DHE and DMA, first January was considered

جدول ۳- آماره‌های توصیفی برای صفات کمی در ژنوتیپ‌های گندم نان و ارقام شاهد
Table 3. Descriptive statistics for different traits in bread wheat genotypes and the check Cultivars

Trait	صفت	DHE	DMA	PLH (cm)	PL (cm)	SL (cm)	Seed/ Spike	TKW (g)	BYLD (g)	GY1 (g/plot)	GY2 Kg/ha ¹	
ژنوتیپ‌های گندم نان Bread wheat genotypes	Range	دامنه	32.00	11.00	54.00	40.00	7.30	50.60	36.20	1030.00	535.00	8916.67
	Minimum	حداقل	97.00	161.00	96.00	34.00	6.00	10.00	26.80	420.00	60.00	1000.00
	Maximum	حداکثر	129.00	172.00	150.00	74.00	13.30	60.60	63.00	1450.00	595.00	9916.67
	Mean	میانگین	112.25	165.88	122.72	47.04	10.06	29.66	43.30	860.54	278.44	4640.63
	Std. Dev.	انحراف معیار	7.55	2.34	11.13	6.81	1.48	9.51	6.74	210.50	91.52	1525.31
	CV%	ضریب تغییرات	6.73	1.41	9.07	14.48	14.71	32.06	15.57	24.46	32.87	32.87
ارقام شاهد Check cultivars	Range	دامنه	7.00	4.00	10.00	5.00	4.00	38.60	8.40	650.00	200.00	3333.34
	Minimum	حداقل	106.00	165.00	95.00	34.70	9.00	28.00	43.60	850.00	290.00	4833.33
	Maximum	حداکثر	113.00	169.00	105.00	39.70	13.00	66.60	52.00	1500.00	490.00	8166.67
	Mean	میانگین	108.00	167.30	98.70	36.41	10.69	42.86	48.18	1137.00	410.50	6841.67
	Std. Dev.	انحراف معیار	2.00	1.34	3.53	1.84	1.29	12.68	3.07	233.91	64.05	1067.51
	CV%	ضریب تغییرات	1.85	0.80	3.58	5.05	12.07	29.58	6.37	20.57	15.60	15.60

DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله؛ DMA: تعداد روز تا رسیدن؛ PLH: ارتفاع بوته؛ PL: طول پدانکل؛ SL: طول سنبله؛ Seed/Spike: تعداد دانه در سنبله؛ TKW: وزن هزار دانه؛ BYLD: عملکرد بیولوژیکی؛ GY1: عملکرد دانه در کرت؛ GY2: عملکرد دانه در هکتار به کیلوگرم.

DHE: Days to Heading; DMA: Days to Maturity; PLH: Plant Height; PL: Peduncle Length; Seed/Spike: No. of Seeds per Spike; TKW: 1000-Kernel Weight; BY: Biological Weight without grain yield; GY1: Grain Yield per Plot (g/plot); GY2: Grain Yield per ha (kg/ha¹).

می‌شود در این نمونه‌ها، صفات عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، وزن بیولوژیکی و وزن هزاردانه به ترتیب با ۳۲/۸۷٪، ۳۲/۰۶٪، ۲۴/۴۶٪ و ۱۵/۵۷٪ بیشترین ضریب تغییرات را داشتند و بنابر این بیشترین تغییرات را نسبت به سایر صفات به خود اختصاص دادند (جدول ۳). کمترین تنوع در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی متعلق به صفت تعداد روز تا رسیدن و تعداد روز تا ظهور سنبله بود. این موضوع بیانگر این نکته است که در طول زمان، گزینش برای صفت زمان رسیدن بیشتر بوده و تنوع ژنتیکی را برای این صفت کاهش داده است. با توجه به این که صفات اندازه‌گیری شده فنوتیپی بوده و تغییرات محیطی را نیز شامل می‌شود، بنابر این ضرورت

رقم عملکرد دانه داشته‌اند. با عنایت به این که عملکرد رقم پیشگام بیشتر از پیشتاز بود، تعداد ژنوتیپ‌های برتر از پیشگام و یا در حد این رقم، شش عدد بود (جدول ۲). ژنوتیپ‌های شماره ۱ (WC-4534)، ۵۳ (WC-47473)، ۸۱ (WC-47583) و ۸۵ (WC-47572) با تولید معادل تا ۱۷۹ درصد نسبت به هر دو شاهد، به عنوان ژنوتیپ‌های مناسب در نظر گرفته شدند تا در آزمایش‌های آتی بیشتر ارزیابی شوند. آماره‌های توصیفی شامل میانگین، بیشینه، کمینه، دامنه، انحراف معیار و ضریب تغییرات در هر یک از صفات مورد بررسی نشان‌دهنده تنوع بالایی برای اکثر صفات مورد مطالعه بود (جدول‌های ۲ و ۳). همان‌طور که ملاحظه

دارد در آزمایش‌های تکراردار این موضوع بررسی شود.

بررسی نتایج به دست آمده نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد استفاده نسبت به ارقام شاهد به طور متوسط تعداد روز تا ظهور سنبله، ارتفاع بوته، طول پدانکل و عملکرد بیولوژیکی بیشتری داشتند. در صورتی که ارقام اصلاح شده شاهد از نظر صفات تعداد روز تا رسیدن، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه دارای مقادیر بیشتری نسبت به ژنوتیپ‌های بومی بودند. با توجه به این نتایج، به نظر می‌رسد که در ارقام اصلاح شده توجه بیشتری به برخی صفات که اثر بیشتری بر عملکرد داشته‌اند مانند تعداد دانه در سنبله و دانه‌های سنگین تر شده است. در بین این صفات، صفت تعداد دانه در سنبله اثر بخشی بیشتری نسبت به سایر اجزاء عملکرد داشت.

تنوع در مدت زمان لازم برای ظهور سنبله در ژنوتیپ‌های مورد بررسی نسبت به ارقام شاهد ۳/۶ برابر بود (جدول ۳). ضریب تغییرات بیشتر این صفت در ژنوتیپ‌های مورد بررسی نسبت به شاهد نیز گویای این مطلب است. در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی، زودرس‌ترین ژنوتیپ شماره ۹۹ (WC-47456) با ۹۷ روز تا ظهور سنبله و دیررس‌ترین شماره ۳۸ (WC-4806) با ۱۲۹ روز تا ظهور سنبله بودند (جدول ۲). صفت زودرسی این ژنوتیپ‌ها با در نظر گرفتن تعداد روز تا رسیدن نیز دیده شد. به طور متوسط ژنوتیپ‌های مورد بررسی با ۱۶۵/۸۸ روز نسبت به ارقام شاهد با

۱۰ (WC-4582) و ۷۹ (WC-47472) با این وصف زودرس‌ترین ژنوتیپ‌ها شماره

۱۶۱ روز تا ظهور سنبله و دیررس‌ترین ژنوتیپ‌ها شماره ۳۸ (WC-4806) و ۴۰ (WC-4600) با ۱۷۲ روز تا رسیدن بودند (جدول‌های ۲ و ۳).

میانگین ارتفاع بوته در نمونه‌ها ۱۲۲/۷۲ سانتی‌متر در مقابل ۹۸/۷ سانتی‌متر ارقام شاهد بود که بیانگر پاکوتاه تر بودن ارقام اصلاح شده نسبت به ارقام بومی گندم نان است (جدول ۳). در بین نمونه‌های مورد بررسی، ژنوتیپ شماره ۷۹ (WC-47472) با ۹۶ سانتی‌متر کوتاه‌ترین و ژنوتیپ‌های شماره ۱۳ (WC-4780) و ۹۳ (WC-47432) با ۱۵۰ سانتی‌متر بلندترین ژنوتیپ‌ها بودند.

صفت طول پدانکل دارای میانگین ۴۷/۰۴ سانتی‌متر در نمونه‌ها بود که در مقابل ۳۶/۴۱ سانتی‌متر ارقام شاهد بیشتر بود (جدول ۳). در بین نمونه‌های مورد بررسی، کوتاه‌ترین پدانکل متعلق به ژنوتیپ شماره ۷۰ (WC-4931) با ۳۴ سانتی‌متر و بلندترین آن متعلق به ژنوتیپ شماره ۸۹ (WC-47417) با ۷۴ سانتی‌متر بود (جدول ۲).

طول سنبله در بین نمونه‌ها دارای میانگین ۱۰/۰۶ سانتی‌متر بود که در مقایسه با شاهد‌های استفاده شده با میانگین ۱۰/۶۹ سانتی‌متر کمی کوتاه‌تر بود (جدول ۳). تنوع طول سنبله در ارقام بومی مورد بررسی بیشتر بود. این موضوع

صفت طول پدانکل دارای میانگین ۴۷/۰۴ سانتی‌متر در نمونه‌ها بود که در مقابل ۳۶/۴۱ سانتی‌متر ارقام شاهد بیشتر بود (جدول ۳). در بین نمونه‌های مورد بررسی، کوتاه‌ترین پدانکل متعلق به ژنوتیپ شماره ۷۰ (WC-4931) با ۳۴ سانتی‌متر و بلندترین آن متعلق به ژنوتیپ شماره ۸۹ (WC-47417) با ۷۴ سانتی‌متر بود (جدول ۲).

طول سنبله در بین نمونه‌ها دارای میانگین ۱۰/۰۶ سانتی‌متر بود که در مقایسه با شاهد‌های استفاده شده با میانگین ۱۰/۶۹ سانتی‌متر کمی کوتاه‌تر بود (جدول ۳). تنوع طول سنبله در ارقام بومی مورد بررسی بیشتر بود. این موضوع

مورد بررسی معادل ۴۳/۳ گرم و در ارقام شاهد ۴۸/۱۸ گرم بود (جدول ۳). همان‌طور که در جدول ۲ ملاحظه می‌شود در بین نمونه‌های مورد بررسی نمونه‌هایی با وزن هزار دانه بیشتر از شاهد وجود داشت. ضریب تغییرات این صفت در نمونه‌ها بیش از دو برابر ارقام شاهد بود (جدول ۳) که بیانگر تنوع به مراتب بیشتر وزن دانه در ارقام بومی است. ژنوتیپ شماره ۲ (WC-4829) به میزان ۲۶/۸ گرم کمترین و ژنوتیپ شماره ۷۰ (WC-4931) به میزان ۶۳ گرم بیشترین مقدار وزن هزار دانه را در بین ژنوتیپ‌ها داشتند (جدول ۲).

میانگین عملکرد بیولوژیکی (بدون عملکرد دانه) در نمونه‌های مورد نظر ۸۶۰/۵۴ گرم و کمتر از میانگین این صفت در ارقام شاهد (۱۱۳۷ گرم) بود (جدول ۳). کمترین میزان عملکرد بیولوژیکی در بین نمونه‌ها را ژنوتیپ شماره ۳ (WC-4536) به مقدار ۴۲۰ گرم داشت و بیشترین آن متعلق به ژنوتیپ شماره ۳۸ (WC-4806) با میانگین عملکرد بیولوژیکی ۱۴۵۰ گرم بود. باید اشاره کرد که در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی، تعدادی با عملکرد بیولوژیکی بیشتر نسبت به ارقام شاهد وجود داشت (جدول ۲). از آن جمله می‌توان به ژنوتیپ‌های شماره ۱ (WC-4534)، ۱۳ (WC-4780)، ۳۰ (WC-5053)، ۳۳ (WC-4965)، ۳۸ (WC-4806)، ۵۹ (WC-47619)، ۶۰ (WC-47379)، ۶۱ (WC-4640)، ۶۳ (WC-4953) و ۱۰۴ (WC-47640) اشاره

با ملاحظه ضریب تغییرات ۱۴/۷۱ در ژنوتیپ‌های مورد بررسی نسبت به ارقام شاهد با ۱۲/۰۷ مشخص است (جدول ۳). در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی ژنوتیپ شماره ۲۶ (WC-4530) کوتاه‌ترین سنبله با ۶ سانتی‌متر طول و ژنوتیپ‌های شماره ۱۸ (WC-4573) و ۶۲ (WC-4612) با طول ۱۳/۳ سانتی‌متر بیشترین طول سنبله را داشتند (جدول ۲).

تعداد دانه در سنبله به عنوان یکی از اجزاء مهم عملکرد در نمونه‌ها دارای میانگینی معادل ۲۹/۶۶ و کمتر از ارقام شاهد نان با میانگین ۴۲/۸۶ عدد بود. ضریب تغییرات برای این صفت در نمونه‌های مورد بررسی و ارقام شاهد به ترتیب ۳۲/۰۶ و ۲۹/۵۸ بود که بیانگر تنوع زیاد این صفت در ارقام بومی است (جدول ۳). در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی، ژنوتیپ شماره ۱۱ (WC-4889) با تعداد ده دانه در سنبله کمترین و شماره‌های ۳۱ (WC-47341) و ۱ (WC-4534) دارای بالاترین میانگین تعداد دانه در سنبله به ترتیب با ۵۲/۶ و ۶۰/۶ عدد بودند (جدول ۲). وجود تعداد زیاد دانه در سنبله در ارقام اصلاح شده بیانگر گزینش برای این صفت مهم در راستای افزایش عملکرد است. البته باید اذعان کرد با وجود ژنوتیپ‌هایی دارای تعداد دانه در سنبله زیاد در ژنوتیپ‌های بومی، امکان بهره‌برداری و اصلاح برای این صفت با استفاده از ژنوتیپ‌های بومی هنوز وجود دارد. وزن هزار دانه در نمونه‌های گندم نان بومی

بودند. لازم به توضیح است که ژنوتیپ شماره ۵۳ بیشترین شاخص برداشت در بین لاین‌های مورد بررسی را نیز داشت (جدول ۲).

روابط صفات با محاسبه همبستگی ساده مورد بررسی قرار گرفت (جدول ۴). عملکرد دانه به عنوان جزء اقتصادی با صفات وزن هزار دانه، تعداد دانه در سنبله و وزن بیولوژیکی همبستگی مثبت و معنی‌داری نشان داد، اما با صفت تعداد روز تا مرحله ظهور سنبله رابطه منفی و معنی‌داری داشت، بدین معنی که ژنوتیپ‌های زودرس عملکرد دانه کمتری داشتند (جدول ۴). همبستگی سایر صفات نیز در جدول ۴ درج شده است.

برای مطالعه دقیق‌تر اثر صفات بر عملکرد دانه (GY)، تجزیه رگرسیون گام به گام (Stepwise regression analysis) انجام شد. در مدل حاصل از این تجزیه، صفات تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و عملکرد بیولوژیکی (بدون وزن دانه)، با اثر مثبت و معنی‌دار و صفت تعداد روز تا ظهور سنبله با اثر منفی و معنی‌دار باقی ماندند (جدول ۵). ضریب تشخیص تصحیح شده این مدل معادل ۰/۴۷۳ بود که بیانگر تبیین حدود ۴۷٪ از تغییرات عملکرد دانه در گندم‌های نان ارزیابی شده توسط این چند صفت است.

بررسی تشابه ژنوتیپ‌های گندم نان بر اساس تجزیه کلاستر به روش UPGMA انجام شد. نتایج این تجزیه، ژنوتیپ‌ها را در هشت گروه دسته‌بندی کرد (جدول ۶ و شکل ۱). گروه اول

کرد.

با در نظر گرفتن شاخص برداشت به عنوان صفتی که بیانگر میزان توزیع مواد فتوسنتزی بین عملکرد اقتصادی و سایر اندام‌های گیاهی است، بررسی این صفت در ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی نشان داد که ارقام شاهد که اصلاح شده هستند دارای بیشترین شاخص برداشت (تا ۴۰٪) بودند. ژنوتیپ‌های مورد بررسی غالباً دارای شاخص برداشت کمتر از ۳۷٪ بودند، اما سه ژنوتیپ شماره ۳۱ (WC-47341)، ۵۳ (WC-47473) و ۸۱ (WC-47583) به ترتیب با داشتن شاخص برداشت معادل ۳۸٪، ۴۰٪ و ۳۹٪، برتر از سایر ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی بودند (جدول ۲).

میانگین عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های بومی گندم نان ۲۷۸/۴۴ گرم در کرت (معادل ۴۶۴۰/۶۳ کیلوگرم در هکتار) بود که در مقایسه با میانگین ارقام شاهد با ۴۱۰/۵ گرم در کرت (معادل ۶۸۴۱/۶۷ کیلوگرم در هکتار) به مراتب کمتر بود (جدول ۳). وجود ضریب تغییرات بالاتر این صفت در ارقام بومی (۳۲/۸۷) نسبت به ارقام شاهد (۱۵/۶) وجود تنوع ژنتیکی بالایی را در ارقام بومی نشان می‌دهد (جدول ۳). در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی ژنوتیپ‌هایی بودند که عملکرد دانه در واحد سطح بالایی داشتند، به عنوان مثال ژنوتیپ‌های شماره ۱ (WC-4534) و ۵۳ (WC-47473) به ترتیب با تولید ۵۲۰ و ۴۵۵ گرم در کرت (به ترتیب معادل ۸۶۶۶/۷ و ۷۵۸۳/۳ کیلوگرم در هکتار) بیشترین میزان عملکرد را در بین نمونه‌ها دارا

جدول ۴- همبستگی ساده صفات اندازه‌گیری شده در ژنوتیپ‌های گندم نان

Table 4. Simple correlation coefficients among the traits in bread wheat genotypes

Trait	DHE	DMA	PLH	TKW	SL	SPS	BY	PL
DMA	0.547**							
PLH	0.471**	0.288**						
TKW	0.074	0.133	0.163					
SL	0.109	-0.005	0.190*	-0.023				
SPS	-0.216*	0.015	-0.200*	-0.120	0.126			
BY ⁺	0.405**	0.347**	0.469**	0.273**	0.278**	-0.044		
PL	0.002	0.061	0.397**	-0.019	0.010	0.042	0.102	
GY	-0.302**	-0.134	-0.033	0.287**	0.010	0.463**	0.273**	0.040

+ Biological yield is without grain yield.

+ عملکرد بیولوژیکی بدون در نظر گرفتن عملکرد دانه است.

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

*, **: به ترتیب معنی دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.

For abbreviations see Table 2.

برای اختصارات به جدول ۲ مراجعه شود.

جدول ۵- تجزیه رگرسیون به روش گام به گام عملکرد دانه و صفات مورفولوژیکی در ژنوتیپ‌های گندم نان

Table 5. Stepwise regression analysis of grain yield and morphological characteristics in bread wheat genotypes

Model ^a		Unstandardized coefficients		Standardized coefficients	t	Sig.
		B	Std. Error	Beta		
(Constant)	ضریب ثابت	381.30	112.50		3.39	0.001
Seed/Spike	تعداد دانه در سنبله	4.03	0.66	0.43	6.03	0.000
TKW	وزن هزار دانه	3.59	0.98	0.26	3.66	0.000
DHE	روز تا ظهور سنبله	-4.61	0.94	-0.38	-4.91	0.000
BY	عملکرد بیولوژیکی	0.16	0.03	0.37	4.76	0.000

a: Dependent Variable: grain yield per plot (g/plot)

a: صفت وابسته: عملکرد دانه (گرم در پلات)

For abbreviations see Table 2.

برای اختصارات به جدول ۲ مراجعه شود.

حاصل دورگ‌گیری بین یک رقم چینی 90-Zhong 87 و رقم کراس برکت است (رقم برکت نیز از تلاقی یک رقم ایرانی و یک رقم با منشاء سیمیت حاصل شده است). رقم پیش‌تاز نیز حاصل تلاقی یک رقم ایرانی و یک رقم از سیمیت با منشاء برزیل (alvand//aldan/iass) و رقم شهریار دارای منشاء دورگ ایرانی و یک رقم از سیمیت است، بنابراین ارقام مذکور نیز

با ۷۳ ژنوتیپ بزرگ‌ترین گروه را تشکیل داد. تعداد ۴۹ ژنوتیپ از ژنوتیپ‌های موجود در این گروه متعلق به ژنوتیپ‌های بومی ایران بود. گروه دوم شامل ۳۲ ژنوتیپ بود که ارقام شاهد پیش‌تاز و پیش‌گام و رقم شهریار نیز در آن قرار داشتند. به جز دو ژنوتیپ بومی ایران (ژنوتیپ‌های شماره ۴۹ و ۶۷) بقیه ژنوتیپ‌های این گروه از گندم‌های خارجی بودند. رقم پیش‌گام

جدول ۶- گروه‌ها، تعداد ژنوتیپ در هر گروه و میانگین صفات مورد مطالعه حاصل از تجزیه کلاستر
Table 6. Groups, number of genotypes in each group, and mean of evaluated traits after cluster analysis

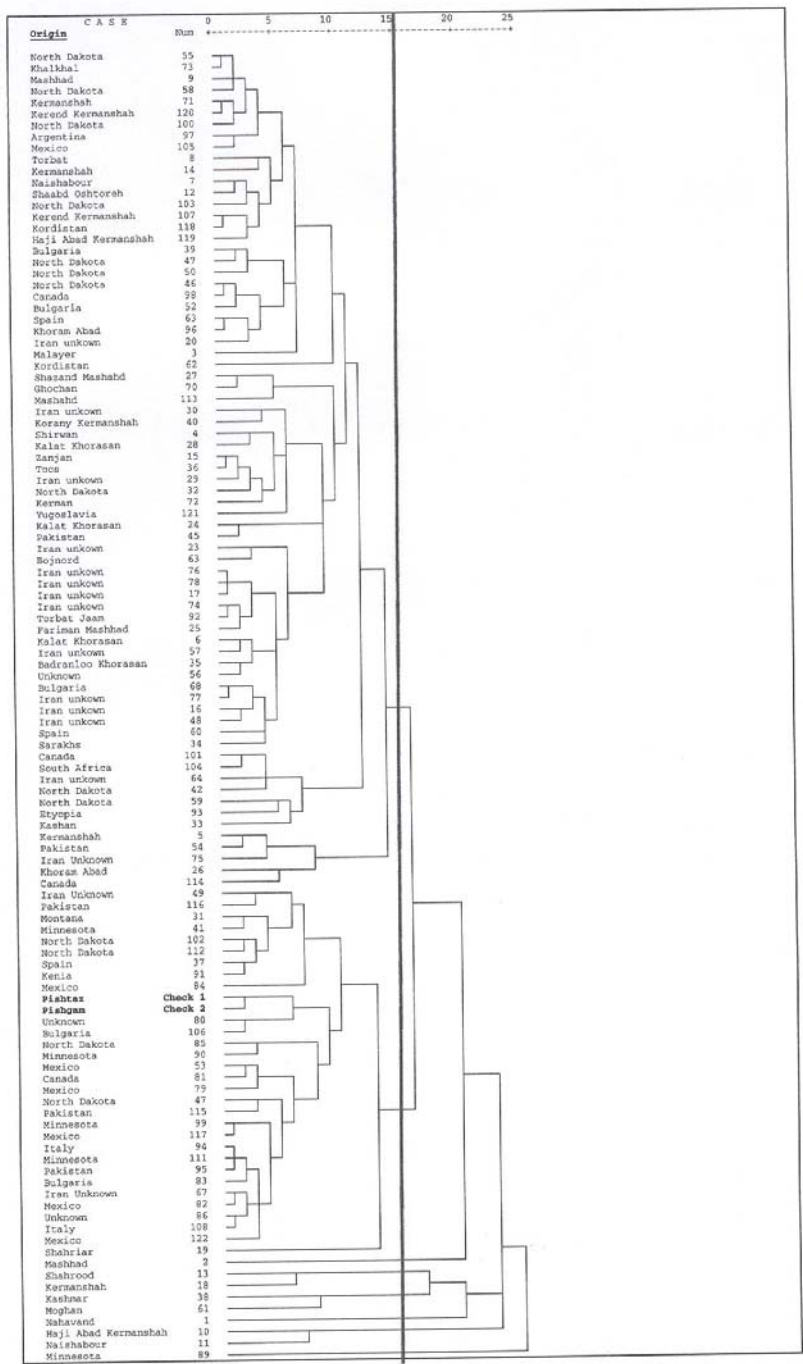
گروه	تعداد ژنوتیپ در گروه	شماره ژنوتیپ	DHE	DMA	PLH	PL	SL	Seed/spike	TKW	BY	YLD	HI%
1	73	55,73,9,58,71,120,100,97,105,8,14,7,12,103,107,118,119,39,47,50,46,98,52,63,96,20,3,62,27,70,113,30,40,4,28,15,36,29,32,72,121,24,45,23,63,7,78,17,74,92,25,6,57,35,56,68,77,16,4,8,60,34,101,104,64,42,59,93,33,5,54,75,26,114	115.3	166.6	126.6	48.3	10.0	27.1	43.6	886.5	251.4	22.1
2	32	49,116,31,41,102,112,37,91,84,Pishtaz,Pishgam,80,106,85,90,53,81,79,47,115,99,117,94,111,95,83,67,82,86,108,122,Shahriar	103.3	164.3	111.1	44.2	9.7	36.3	43.3	733.7	352.1	30.2
3	1	2	106.0	169.0	107.0	42.5	11.5	47.6	26.8	920.0	130.0	12.0
4	2	13,18	123.5	165.5	145.0	36.2	12.8	22.1	49.7	1195.0	405.0	25.0
5	2	38, 61	125.5	171.0	122.0	43.5	10.5	32.9	50.9	1352.5	262.5	16.0
6	1	1	125.0	167.0	115.0	43.0	12.0	60.6	46.0	1150.0	520.0	31.0
7	2	10, 11	112.5	162.5	123.5	41.4	12.2	13.2	29.7	862.5	87.5	9.5
8	1	89	110.0	163.0	140.0	74.0	12.0	20.0	49.0	750.0	230.0	23.0

For abbreviations see Table 2.

برای اختصارات به جدول ۲ مراجعه شود.

ژنوتیپ شماره ۸۹ از مینسوتا بود (شکل ۱). دو گروه اول و دوم بیشترین تعداد ژنوتیپ‌ها را داشتند (جدول ۶). بیشتر ژنوتیپ‌های بومی ایران در گروه اول و اغلب ژنوتیپ‌های خارجی در گروه دوم قرار داشتند، بنابراین مقایسه این دو گروه تا حد زیادی می‌تواند وضعیت ژنوتیپ‌های داخلی را نسبت به ارقام خارجی مورد بررسی و از نظر صفات مورد ارزیابی مشخص کند. با توجه به جدول ۶ ملاحظه می‌شود که ژنوتیپ‌های داخلی اغلب دیررس‌تر

کاملاً بومی ایران نبوده و به همین دلیل در گروه ارقام خارجی قرار گرفتند. ژنوتیپ شماره ۲ از مشهد به تنهایی گروه سوم را تشکیل داد. گروه چهارم شامل ژنوتیپ‌های شماره ۱۳ و ۱۸، به ترتیب از شاهرود و کرمانشاه مشابه بودند. گروه پنجم شامل ژنوتیپ‌های شماره ۳۸ از کاشمر و ۶۱ از مغان، گروه ششم شامل ژنوتیپ شماره ۱ از نیاوند بود. ژنوتیپ‌های شماره ۱۰ و ۱۱ به ترتیب از حاجی‌آباد کرمانشاه و نیشابور گروه هفتم را تشکیل دادند و گروه هشتم فقط شامل



شکل ۱- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های بومی گندم نان
 Fig. 1. Denderogram presentation of bread wheat genotypes

صفتی مهم در نظر گرفته می‌شود. حضور این صفت و عملکرد بیولوژیکی در مدل نهائی رگرسیون چند متغیره با ضریب مثبت نشان‌دهنده اهمیت این صفت در ژنوتیپ‌های مورد بررسی است. ژنوتیپ‌هایی که دارای تعداد دانه در سنبله بالا، وزن هزار دانه مناسب هستند، معمولاً عملکرد دانه زیادی دارند. در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی ژنوتیپ شماره ۱ دارای چنین خصوصیتی است. این ژنوتیپ یک رقم بومی ایرانی است که از منطقه نهاوند جمع‌آوری شده است (جدول ۱). با توجه به گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها، ملاحظه می‌شود که این ژنوتیپ خود در یک گروه مجزا قرار گرفت (شکل ۱). با توجه به این که ایران از نظر منابع آبی محدودیت و با متوسط بارندگی حدود ۲۵۰ میلی‌متر، یک سوم متوسط بارندگی جهان را دارد، به نظر می‌رسد تولید و معرفی ارقام پرمحصول و زودرس در محصولات زراعی یکی از راهکارهای مؤثری است که در تلفیق با سایر روش‌های مدیریت کم آبی می‌تواند تأثیر این پدیده را به حداقل برساند (Aghae-Sarbarzeh and Roustaii, 2008)؛ (Trethowan *et al.*, 2005). به همین دلیل گزینش ژنوتیپ‌هایی که نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها زودتر به مرحله پایانی رشد رسیده (جهت فرار از تنش آخر فصل) و همزمان عملکرد دانه قابل قبولی داشته باشند به عنوان روشی مناسب در نظر گرفته می‌شود. ژنوتیپ‌های شماره ۵۳ (WC-47473) و

بوده و ارتفاع بیشتری دارند. پابلندی یکی از مشخصات عمومی ارقام بومی ایرانی است. عملکرد کاه و کلش در ارقام بومی ایرانی سبب شده که شاخص برداشت کمتری (حدود ۱۰٪) نسبت به ارقام خارجی داشته باشند.

پس از برآورد آماره‌های توصیفی شامل میانگین، بیشینه، کمینه، دامنه، انحراف معیار و ضریب تغییرات صفات و تجزیه و تحلیل آماری انجام شده برای ۱۱۲ نمونه گندم نان مورد مطالعه از نظر ده صفت کمی در مقایسه با دو رقم شاهد، برای اکثر صفات مورد مطالعه تنوع ژنتیکی بالایی مشاهده شد. در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی ژنوتیپ‌های شماره ۵۳ و ۱ عملکرد دانه در واحد سطح بیشتری داشتند. ژنوتیپ شماره ۱ دارای بیشترین تعداد دانه در سنبله نیز بود. همبستگی مثبت و معنی‌دار این دو صفت تا حد زیادی اثر صفت تعداد دانه در سنبله را می‌توان توجیه کند. تنوع بسیار بالایی برای صفت عملکرد دانه مشاهده شد به طوری که بسیار بالاتر از دامنه شاهد‌های آزمایش و گزارش‌های گل‌آبادی و ارزانی (Golabady and Arzani, 2003) بود.

تعداد دانه در سنبله از صفاتی است که می‌تواند در بهبود عملکرد دانه در گندم نان در برنامه‌های به‌نژادی به عنوان مبنایی برای انتخاب استفاده شود (Naghavi *et al.*, 2002)؛ (Girgnac, 1975؛ Banitaba *et al.*, 2004)؛ (Gebeyehou *et al.*, 1982). تعداد دانه در سنبله به عنوان یکی از اجزاء مهم عملکرد دانه،

در بین روش‌های مختلف تجزیه آماری چند متغیره، تجزیه خوشه‌ای یکی از مهم‌ترین روش‌هایی است که کاربرد زیادی دارد (Mohammadi and Prasanna, 2003). تجزیه خوشه‌ای اصولی‌ترین روش برآورد شباهت بین افراد یک مجموعه است. هدف از تجزیه خوشه‌ای شناسایی تعداد کمتری از گروه‌ها است به طوری که ژنوتیپ‌هایی که دارای شباهت بیشتری با یک‌دیگر هستند در یک گروه قرار می‌گیرند (Singh, 2003). در این مطالعه بر اساس گروه‌بندی و بررسی رابطه خویشاوندی ژنوتیپ‌ها که با تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA انجام شد، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در هشت گروه دسته‌بندی شدند. تمایز گروه‌ها بر اساس ده صفت ارزیابی شده برای هر ژنوتیپ بود. با گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، ژنوتیپ‌های مشابه بر اساس تشابه صفات مورد بررسی در یک گروه قرار گرفتند که از این اطلاعات می‌توان در برنامه به‌نژادی گندم نان استفاده کرد.

۱۹ (شهریار) دارای چنین خصوصیتی هستند. این دو ژنوتیپ به همراه دو شاهد در یک گروه طبقه‌بندی شدند. حضور اغلب ارقام خارجی در این گروه نشان می‌دهد که احتمالاً ارقام اصلاح شده‌ای که مورد ارزیابی قرار گرفته‌اند دارای چنین ویژگی مشترکی هستند (شکل ۱). علاوه بر این ژنوتیپ‌ها، با توجه به صفات مهمی مانند عملکرد دانه، زودرسی و ارتفاع بوته و سایر صفات مهم، ژنوتیپ‌های شماره ۱۷ (WC-4995)، ۴۸ (WC-4987)، ۴۹ (WC-5045)، ۶۷ (WC-4978)، ۷۹ (WC-47472)، ۸۰ (WC-47638)، ۸۱ (WC-47583)، ۸۳ (WC-47393)، ۸۴ (WC-47531)، ۸۵ (WC-47572)، ۸۶ (WC-47569)، ۹۴ (WC-47407)، ۹۵ (WC-47368)، ۱۰۶ (WC-47403)، ۱۰۸ (WC-47412)، ۱۱۱ (WC-47533)، ۱۱۲ (WC-47445)، ۱۱۶ (WC-47636) و ۱۱۷ (WC-47528) نیز برای بررسی بیشتر انتخاب شدند.

References

- Aghaee-Sarbarzeh, M., and Roustaii, M. 2008. Evaluation of bread wheat genotypes under drought condition in cold and moderate areas. 10th Iranian Crop Science Congress, 19-21 Aug. Seed and Plant Improvement Institute, Karaj, Iran (in Persian).
- Akar, T., and Özgen, M. 2007. Genetic diversity in Turkish durum wheat landraces. Wheat Production in Stressed Environments, Dev. Plant Breeding 12: 753-760.
- Allard, R. W. 1996. Genetic basis of the evolution of adoptedness in plants. Euphytica 92: 1-11.
- Banitaba, A., Arzani, A., and Naderi Darbaghshahi, M. 2004. Evaluation of

- qualitation and quantitative traits of durum wheat lines in Isfahan region. 8th Iranian Crop Science Congress, Guilan University, Rasht, Iran (in Persian).
- Belay, G., Tesemma, T., Bechere, E., and Mitiku, D. 1995.** Natural and human selection for purple-grain tetraploid wheats in the Ethiopian highlands. *Genetic Resources and Crop Evolution* 42: 387–391.
- Dotl ačil, L., Hermuth, J., Stehno, Z., Dvořáček, V., Bradová, J., and Leišová, L. 2010.** How can wheat landraces contribute to present breeding? *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding* 46: 70–74.
- Dreisigacker, S., Zhang, P., Warburton, M.L., Skovmand, B., Hoisington, D., and Melchinger, A.E. 2005.** Genetic diversity among and with in CIMMYT wheat landrace accessions investigated with SSRs and implications for plant genetic resources management. *Crop Science* 45: 65-661.
- Evenson, R. E., and Gollin, D. 2003.** Assessing the impact of the green revolution, 1960-2000. *Science* 300: 758-762.
- Gebeyehou, G., Kontt, D.R., and Baker, R.J. 1982.** Relationships among duration of grain yield in durum wheat cultivars. *Crop Science* 22: 287-290.
- Gepts, P. 2006.** Plant genetic resources conservation and utilization: the accomplishments and future of a societal insurance policy. *Crop Science* 46: 2278-2292.
- Gharayazi, B. 1996.** DNA marker application in plant breeding. 4th Iranian Crop Science Conference. Isfahan University, Isfahan, Iran. pp.328-340 (in Persian).
- Girgnac, P. 1975.** Relations between yield components of yield durum wheat and certain morphological characters . In: Scarascia, Mugnozza, G. T. (ed.) *Proceeding of the Symposium on Genetics and Breeding of Durum Wheat*. University of Bari, Bari, Italy.
- Golabadi, M., and Arzani, A. 2002.** Evaluation of grain quality traits, glutenin subunits and their relationship in durum wheat. *Crop Production and Processing* 6(3):189-203.
- Heal, G., Walker, B., Levin, S., Arrow, K., Dasgupta, P., Daily, G., Ehrich, P., Maler, K.G., Kautsky, N., Lubchenco, J., Schneider, S., and Starrett, D. 2004.** Genetic diversity and interdependent crop choices in agriculture. *Resource and Energy Economics* 26: 175-184.

- Jiang, J., Friebe, B., and Gill, B. S. 1994.** Recent advances in alien gene transfer in wheat. *Euphytica* 73: 199-212.
- Keller, L., Schmid, J. E., and Keller, E. R. 1991.** Are cereal landraces a source for breeding? *Landwirtschaft Schweiz* 4: 197-202.
- 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.
- Naghavi, M. R., Shahbazpoor Sahabazi, A., and Taleie A. 2002.** Evaluation of diversity in durum wheat germplasm for agronomic and morphological traits. *Agronomy Science of Iran* 4 (2): 81-86 (in Persian).
- Powell, W., Gordon, C., Machray, C., and Provan, J. 1996.** Polymorphism revealed by simple sequence repeats. *Trends in Plant Science* 1(7): 215-221.
- Rashed, M. A., Abou-Deif, M. H., Salaam, M. A. A., Rizkallaa, A. A., and Ramadan, W. A. 2007.** Identification and prediction of the flour quality of bread wheat by gliadin electrophoresis. *Journal of Applied Sciences Research* 3: 1393-1399.
- Reynolds, M.P., Dreccer, F., and Trethowan, R. 2007.** Drought-adaptive traits derived from wheat wild relatives and landraces. *Journal of Experimental Botany* 58-2: 177-186
- Rezaii, A., and Frey, K. J. 1988.** Variation in relation to geographical distribution of wild oat's seed traits. *Euphytica* 39: 113-118.
- Salamini, F., Ozkan, H., Brandolini, A., Schafer-Pregal, R., and Martin, W. 2002.** Genetics and geography of wild cereal domestication in the near East. *Nature Reviews Genetics* 3: 429-441.
- Singh, R. P., Hodson, D. P., Huerta-Espino, J., Kinyua, M. G., Wanyera, R., Najau, P., and Ward, R. W. 2006.** Current status, likely migration and strategies to mitigate the threat to wheat production from race Ug99 (TTKS) of stem rust pathogen. *CAB Rev. Perspect Agric. Vet. Nutr. Nat. Resour.* 1:1-13.
- Singh, S. K. 2003.** Cluster analysis for heterosis in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Indian Journal of Genetics* 63 (3): 249-250.
- Spagnoletti Zeuli, P. L., and Qualset, C. O. 1987.** Geographical diversity for quantitative spike characters in a world collection of durum wheat. *Crop Science* 27: 235-241.

- Tesemma, T., Tsegaye, S., Belay, G., Bechere, E., and Mitiku, D. 1998.** Stability of performance of tetraploid wheat landraces in the Ethiopian highlands. *Euphytica* 102: 301–308
- Trethowan, R. M., Reynolds, M. P., Sayre, K. D., and Ortiz-Monasterio, I. 2005.** Adapting wheat cultivars to resource conserving farming practices and human nutritional needs. *Annals of Applied Biology* 146: 404-413.
- Van de Wouw, M., Van Hintum, T., Kik, C., Van Treuren, R., and Visser, B. 2010.** Genetic diversity trends in twentieth century crop cultivars: a meta analysis. *Theoretical and Applied Genetics* 120 (6): 1241–1252.
- Vojdani, P., and Meybodi M. 1993.** Distribution and genetic diversity of primitive bread wheats in Iran. pp. 409-415. In: Damania, A.B. (ed.): *Biodiversity and Wheat Improvement*. John Wiley & Sons Inc. Chichester, UK.
- Warburton, M., and Hoisington, D. 2001.** Applications of molecular marker techniques to the use of international germplasm collections. In: Henry, R. (ed.). *Plant Genotyping. The DNA Fingerprinting of Plants*. CAB International, Oxon, UK.
- Zaefizadeh, M., Jamaati-e-Somarin, S., Ojaghi, J., Sayedi, S. M., Zabihi-e-Mahmoodabad, R., and Ochi, M. 2010.** Genetic diversity for gliadin pattern of durum wheat landraces in the Northwest of Iran and Azerbaijan. *Pesq., Agropec. Bras. Brasilia* 45(11): 1425-1432.
- Zhang, P., Dreisigacker, S., Buerkert, A., Alkhanjari, S., Melchinger, A. E., and Warburton, M. L. 2006.** Genetic diversity and relationships of wheat landraces from Oman investigated with SSR markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 53: 1351-1360.