



بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم دوروم با تجزیه و تحلیل آماری چند متغیره

الهام فراهانی و *احمد ارزانی

به ترتیب دانشجوی سابق کارشناسی ارشد و استاد زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان

تاریخ دریافت: ۱۳۸۷/۳/۱؛ تاریخ پذیرش: ۱۳۸۸/۱/۱۵

چکیده

این پژوهش به منظور بررسی تنوع ژنتیکی ارقام گندم دوروم توسط تجزیه و تحلیل‌های چند متغیره با استفاده از صفات زراعی و مورفولوژیک انجام گردید. بدین منظور ۳۰ رقم گندم دوروم در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در سال زراعی ۱۳۸۲-۸۳ مورد بررسی قرار گرفت. صفات زراعی و مورفولوژیک، تعداد روز تا خوشه‌دهی، تعداد روز تا گرده‌افشانی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد سنبله در واحد سطح، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه، تعداد دانه در خوشه، وزن دانه در خوشه، وزن هزار دانه، وزن حجمی و شاخص برداشت در کلیه ژنوتیپ‌ها اندازه‌گیری شد. تجزیه و تحلیل‌های چند متغیره شامل تجزیه مؤلفه‌های اصلی، تجزیه مختصات اصلی و تجزیه خوشه‌ای با استفاده از داده‌های حاصل به منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها انجام گرفت. نتایج به دست آمده از گروه‌بندی ۳۰ رقم گندم دوروم مورد بررسی توسط ۳ روش تجزیه مؤلفه‌های اصلی، تجزیه مختصات اصلی و تجزیه خوشه‌ای نشان داد که در بیشتر موارد گروه‌بندی ارائه شده توسط سه روش مزبور با یکدیگر هماهنگ بوده و گروه‌بندی یکسانی بین ارقام ایجاد کرده‌اند. با این وجود، با توجه به اینکه روش تجزیه خوشه‌ای از تمام تنوع موجود بین ژنوتیپ‌ها و صفات جهت گروه‌بندی ارقام استفاده نموده است، نسبت به دو روش دیگر ارجح می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: تنوع ژنتیکی، گندم دوروم و تجزیه و تحلیل چند متغیره

* - مسئول مکاتبه: a_arzani@cc.iut.ac.ir

مقدمه

تنوع ژنتیکی اساس اصلاح نباتات است که از تکامل طبیعی ناشی شده و از اجزای مهم پایداری نظام‌های بیولوژیکی می‌باشد. ارزیابی تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی برای برنامه‌های اصلاح نباتات و حفاظت از ذخایر توارثی کاربرد حیاتی دارد. آگاهی از تنوع ژنتیکی در گونه‌های گیاهی برای انتخاب نژادهای والدینی در جهت حصول هیبریدهای مناسب و پیش‌بینی بنیه هیبرید به ویژه در محصولاتی که هیبرید آنها ارزش تجاری دارند، مهم است (محمدی و پراسانا، ۲۰۰۳).

گندم دوروم یا گندم ماکارونی *Triticum turgidum* L. subsp. *durum* Desf. (AABB, $2n=4x=28$) به‌عنوان یک محصول غذایی با اهمیت، سطح کشت جهانی معادل ۳۰ میلیون هکتار دارد. خصوصیات گلوتن سنگین، خمیر غیرچسبنده و سنگین این نوع گندم را ایده‌آل برای تهیه محصولات خمیری از جمله ماکارونی و اسپاگتی نموده است (ابای و همکاران، ۱۹۹۷؛ فابریانی و لیتناز، ۱۹۸۸). روش‌های مختلفی برای برآورد تنوع ژنتیکی در گونه‌های گیاهی وجود دارد. از آنجایی که روش‌های آماری چند متغیره به‌طور همزمان چندین اندازه‌گیری را مدنظر قرار می‌دهد، لذا در تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی بر پایه داده‌های مورفولوژیک، بیوشیمیایی و مولکولی کاربرد وسیعی دارند. متخصصین اصلاح نباتات ارقام و واریته‌های مختلف را به منظور پی بردن به فاصله ژنتیکی بین آنها و استفاده از تنوع موجود در آنها در برنامه‌های تلاقی دسته‌بندی می‌کنند. استفاده از روش‌های تجزیه و تحلیل چند متغیره برای طبقه‌بندی ژرم پلاسم و تجزیه و تحلیل روابط ژنتیکی موجود بین مواد اصلاحی امری الزامی می‌باشد. در بین روش‌های مختلف آنالیز چند متغیره تجزیه خوشه‌ای، تجزیه مؤلفه‌های اصلی و تجزیه مختصات اصلی مهم‌ترین روش‌ها هستند (محمدی و پراسانا، ۲۰۰۳). در زمینه بررسی تنوع ژنتیکی با استفاده از آمار چند متغیره در گندم دوروم گزارشاتی موجود می‌باشد. هایل و همکاران (۲۰۰۶) برای ارزیابی تنوع ژنتیکی گندم‌های تتراپلوئید در منطقه ایتوپیا از آمار چند متغیره (تجزیه مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای) استفاده نمودند. پستی و آنچیاریکو (۱۹۹۸) با ارزیابی ۷ صفت زراعی و فیزیولوژیک در ۴ گروه از گندم‌های دوروم، دو مؤلفه اصلی را شناسایی کردند که جمعاً ۶۴ درصد از تغییرات را توجیه نمودند. الینگز (۱۹۹۱) در بررسی ۸۴ رقم بومی گندم‌های دوروم در منطقه سوریه، از طریق تجزیه مؤلفه‌های اصلی تعداد صفات مورد بررسی را کم، و آنها را از ۱۰ صفت زراعی به ۳ مؤلفه اصلی کاهش دادند و به‌ترتیب ۵۱، ۲۹ و ۲۰ درصد از کل تنوع موجود بین داده‌ها توسط این سه مؤلفه تبیین شدند. ایران به‌عنوان یکی از

خاستگاه‌های گندم دوروم و نیز وجود شرایط آب و هوایی نسبتاً مطلوب برای رشد این محصول در بسیاری از نقاط آن و نیاز روز افزون به این ماده غذایی، امکان تولید موفق این محصول را در سطح وسیع میسر ساخته است (طالعی و سالار، ۱۹۹۵). در این راستا، پژوهش حاضر به بررسی کاربرد آمار چند متغیره در ارزیابی تنوع ژنتیکی با بررسی تنوع ژنتیکی موجود در بین ارقام گندم دوروم با استفاده صفات زراعی و مورفولوژیک پرداخته است.

مواد و روش‌ها

این آزمایش در آبان ماه سال ۱۳۸۲ به منظور بررسی تنوع ژنتیکی صفات زراعی و مورفولوژیک ژنوتیپ‌های گندم دوروم در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی واقع در ۴۰ کیلومتری جنوب غربی اصفهان واقع در منطقه لورک شهرستان نجف‌آباد اجرا گردید. مواد مورد بررسی مشتمل بر ۳۰ ژنوتیپ از ارقام و لاین‌های تهیه شده از مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج، مرکز بین‌المللی اصلاح گندم و ذرت در مکزیك (سیمیت) و مرکز بین‌المللی تحقیقات کشاورزی در مناطق خشک (ایکاردا) بودند (جدول ۱).

جدول ۱- اسامی و خاستگاه ژنوتیپ‌های گندم دوروم مورد بررسی.

ردیف	نام ژنوتیپ	منشأ	ردیف	نام ژنوتیپ	منشأ
۱	Mexi75/Vic	CIMMYT	۱۶	PI40099	CIMMYT
۲	Chahba88	CIMMYT	۱۷	Dverd1	CIMMYT
۳	Cham1	CIMMYT	۱۸	45063Karaj	Iran,S.P.I.I.
۴	Massara1	ICARDA	۱۹	Eupoda6	CIMMYT
۵	ICDW7639	CIMMYT	۲۰	Kirki8	CIMMYT
۶	Yavaros	CIMMYT	۲۱	Buchen7	CIMMYT
۷	Oste/Gata	ICARDA	۲۲	Stojocri1	ICARDA
۸	شاهسوندی	Iran,S.P.I.I.	۲۳	شوا	Iran,S.P.I.I.
۹	Altar84/Ald	CIMMYT	۲۴	Chen/Altar84	CIMMYT
۱۰	Waha	CIMMYT	۲۵	Rascon39	CIMMYT
۱۱	Altar84-3	CIMMYT	۲۶	Prion1	ICARDA
۱۲	PI40100	CIMMYT	۲۷	Altar84/Aos	CIMMYT
۱۳	Korifla	CIMMYT	۲۸	هارونی	Iran,S.P.I.I.
۱۴	Dipper6	ICARDA	۲۹	Altar84/Boy/Yav	CIMMYT
۱۵	Mexicali75	CIMMYT	۳۰	Odin12	CIMMYT

Iran, S.P.I.I. مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج

ارزیابی ژنوتیپ‌های گندم دوروم با استفاده از طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار انجام گرفت. با توجه به تعداد نسبتاً زیاد ژنوتیپ‌ها و جهت جلوگیری از افزایش طول بلوک، هر بلوک خود شامل دو بلوک ناقص گردید. هر کرت آزمایشی شامل سه ردیف کاشت بطول ۲ متر و با فاصله خطوط ۲۵ سانتی‌متر و فاصله بین کرت‌ها حدود ۶۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. صفات تعداد روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی، تعداد روز تا ۵۰ درصد گرده‌افشانی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، طول سنبله (سانتی‌متر)، تعداد سنبله در واحد سطح، عملکرد بیولوژیک (تن در هکتار)، عملکرد دانه (تن در هکتار)، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله (گرم)، وزن هزار دانه (گرم)، وزن حجمی (گرم در لیتر) و شاخص برداشت در تمام ژنوتیپ‌ها اندازه‌گیری شد.

تجزیه و تحلیل‌های آماری شامل تجزیه مؤلفه‌های اصلی^۱ (PCA)، تجزیه مختصات اصلی^۳ (PCO) و تجزیه خوشه‌ای بر روی اطلاعات مورفولوژیکی به‌دست آمده به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها انجام گرفت. تجزیه خوشه‌ای به روش وارد و با استفاده از میانگین متغیرهای استاندارد شده انجام شد و مربع فاصله اقلیدسی به‌عنوان معیار تشابه مورد استفاده قرار گرفت. تجزیه و تحلیل‌ها با استفاده از نرم‌افزار JMP برای تجزیه خوشه‌ای و استفاده از نرم‌افزار NTSYS-pc برای PCA و PCo انجام شد.

نتایج و بحث

تجزیه مؤلفه‌های اصلی با استفاده از صفات زراعی و مورفولوژیک مورد اندازه‌گیری در ۳۰ ژنوتیپ گندم دوروم انجام شد و مقادیر ریشه‌های مشخصه، نسبت واریانس توجیه شده توسط هر مؤلفه و کل واریانس توجیه شده در جدول (۲) درج شده است. از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای رسیدن به اهداف تشریح و توجیه تنوع موجود در جامعه، تعیین سهم هر صفت در تنوع و کاهش تعداد متغیرهای اصلی از طریق محاسبه مؤلفه‌های غیر همبسته که ترکیبی از متغیرهای اصلی می‌باشند، استفاده می‌شود. براساس تجزیه انجام شده، ۴ مؤلفه اول دارای ریشه مشخصه بزرگتر از یک بودند. از آنجائی که از ماتریس ضرائب همبستگی برای به‌دست آوردن مؤلفه‌های اصلی استفاده گردید، لذا تعداد مؤلفه اصلی برابر با تعداد ریشه‌های مشخصه بزرگتر از یک بوده‌اند (جانسون و ویچرن، ۱۹۹۲).

1- Principal Component Analysis (PCA)

2- Principal Coordinate Analysis (PCo)

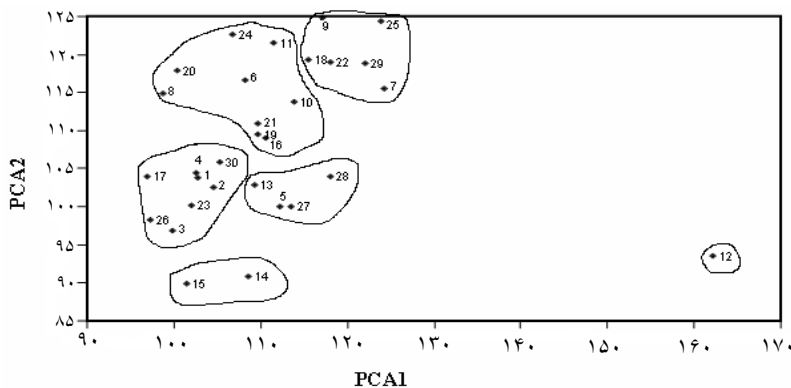
ریشه‌های مشخصه چهار مؤلفه اول به ترتیب ۴/۲۵، ۲/۹۴، ۱/۷۵ و ۱/۲۱ بود. این چهار مؤلفه به ترتیب ۳۳، ۲۳، ۱۳ و ۹ درصد و در مجموع ۷۸ درصد از تنوع بین صفات زراعی مورد بررسی را تبیین نمودند. یکی از اهداف این تجزیه این است که ۱۳ صفت زراعی مورد بررسی را در قالب چند مؤلفه اصلی خلاصه نموده و نقش این صفات را در تبیین تنوع کل بیان نماید. در مؤلفه اول که بیشترین میزان تغییرات را توجیه نمود، صفات روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی، روز تا ۵۰ درصد گرده‌افشانی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته و طول سنبله در جهت مثبت و وزن هزار دانه در جهت منفی بیشترین سهم را در توجیه تنوع داشتند. در مؤلفه دوم بالاترین سهم در توجیه تنوع متعلق به صفات عملکرد دانه، شاخص برداشت، وزن دانه در خوشه و تعداد دانه در خوشه بود. در مؤلفه سوم صفات تعداد سنبله در واحد سطح و عملکرد بیولوژیک، بیشتر از سایر صفات در تبیین تغییرات سهم بودند. در مؤلفه چهارم، صفات عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه بالاترین مقادیر از تنوع داده‌ها را توجیه نمودند.

جدول ۲- بردارهای مشخصه، ریشه‌های مشخصه، واریانس‌های توجیه شده نسبی و تجمعی در ۴ مؤلفه اصلی اول.

صفات	مؤلفه اول	مؤلفه دوم	مؤلفه سوم	مؤلفه چهارم
روز تا خوشه‌دهی	۰/۴۳	-۰/۰۲	-۰/۱۴	۰/۰۲
روز تا گرده‌افشانی	۰/۴۰	-۰/۲۳	-۰/۰۱	-۰/۲۶
تعداد روز تا رسیدگی	۰/۴۰	-۰/۰۲	۰/۲۱	-۰/۰۲
ارتفاع بوته	۰/۳۹	-۰/۱۱	-۰/۱۳	۰/۳۰
طول سنبله	۰/۳۲	۰/۰۴	-۰/۳۸	۰/۳۱
تعداد سنبله در واحد سطح	-۰/۱۳	-۰/۱۲	۰/۶۳	۰/۱۰
عملکرد بیولوژیک	۰/۲۲	۰/۱۳	۰/۳۷	۰/۴۲
عملکرد دانه	۰/۰۶	۰/۴۹	۰/۲۳	۰/۳۵
تعداد دانه در خوشه	۰/۲۱	۰/۴۲	۰/۰۳	-۰/۴۲
وزن دانه در خوشه	۰/۰۹	۰/۴۷	-۰/۰۵	-۰/۳۸
وزن هزار دانه	-۰/۳۱	۰/۰۱	-۰/۲۵	۰/۱۵
وزن حجمی	-۰/۱۵	۰/۱۸	-۰/۲۶	۰/۲۸
شاخص برداشت	-۰/۰۷	۰/۴۸	-۰/۰۲	۰/۱۲
ریشه مشخصه	۴/۲۵	۲/۹۴	۱/۷۵	۱/۲۱
واریانس توجیه شده	۳۳	۲۳	۱۳	۹
واریانس تجمعی	۳۳	۵۶	۶۹	۷۸

سودمندی استفاده از مؤلفه‌های اصلی آن است که می‌توان رابطه بین ارقام یا مناطق را در یک فضای چند بعدی مشاهده نمود. با استفاده از این فضای مختصاتی می‌توان موقعیت ارقام را نسبت به یکدیگر و نیز نسبت به مناطق مورد آزمایش شناسایی کرد. از آنجایی که دو مؤلفه اول بالاترین ریشه‌های مشخصه را دارا می‌باشند، می‌توان گروه‌بندی ارقام را براساس این دو مؤلفه انجام داد. بر این مبنا ۳۰ ژنوتیپ مورد مطالعه در ۶ گروه متمایز قرار گرفتند.

در گروه اول ارقام Dverd1, Odin12, Chahba88, Massara1, Mexi75/Vic. گروه دوم شامل ارقام Dipper6 و Mexicali75 گردید. گروه سوم شامل ارقام ICDW7639, Altar84/Aos, Korifla و هارونی بود. ارقام Yavaros, Prion1, Cham1 و شوا جای گرفتند. گروه چهارم طبقه‌بندی شدند. گروه پنجم مشتمل بر ارقام Oste/Gata, Waha, PI40099, Eupoda6, Altar84-3, Buchen7, Kirki8, Chen/Altar84 و Rascon39 و در گروه ششم فقط رقم PI40100 قرار گرفت (شکل ۱).



شکل ۱- نمایش دو بعدی مؤلفه اول در مقابل مؤلفه دوم به دست آمده از تجزیه مؤلفه‌های اصلی.

همزا و همکاران (۲۰۰۴) در بررسی تنوع موجود در بین ۲۶ رقم جو زمستانه تونس از ۱۲ صفت زراعی اندازه‌گیری شده استفاده کردند و آنالیزهای تجزیه مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای را بر روی صفات و ژنوتیپ‌ها انجام دادند. تجزیه مؤلفه‌های اصلی، منجر به شناسایی ۴ مؤلفه اول که ۸۷

درصد از تنوع کل را در برمی گرفتند، گردید. نتایج گروه‌بندی براساس تجزیه مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای با هم مطابقت داشت.

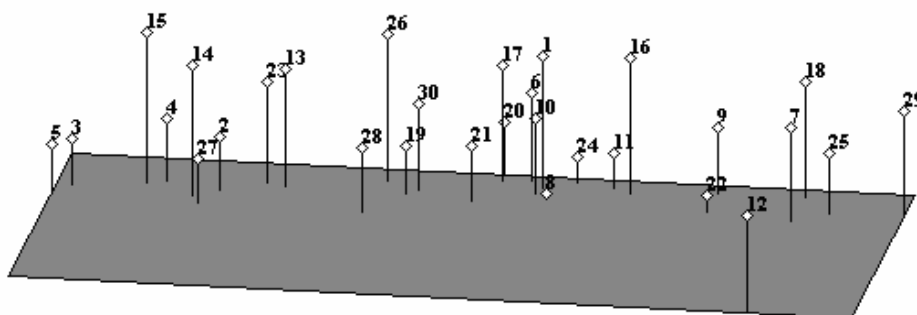
تجزیه مختصات اصلی، یک روش مقیاس‌بندی یا دسته‌بندی است. هدف از این تجزیه، ساخت پلات‌های گرافیکی با ابعاد کمتر از داده‌ها می‌باشد. در این روش فواصل بین نقاط موجود در پلات با فواصل اصلی همخوانی دارد. هدف اصلی از این روش آن است که هر ژنوتیپ توسط نقطه‌ای در فضای اقلیدسی نمایش داده شود و لذا ژنوتیپ‌هایی که دارای شباهت بیشتری به یکدیگر هستند نزدیک همدیگر قرار می‌گیرند (فرشادفر، ۱۹۹۸). در تجزیه مختصات اصلی فاصله ژنتیکی بین ۳۰ ژنوتیپ گندم دوروم مورد مطالعه به صورت تصویر فضایی سه بعدی نمایش داده شد. فاصله ژنوتیپ‌های روی پلات رسم شده، میزان عدم تشابه افراد را بیان می‌کند (محمدی و پراسانا، ۲۰۰۳). در این تجزیه ۴ مؤلفه اول دارای ریشه مشخصه بزرگتر از یک بودند و جمعاً ۸۹ درصد از کل تنوع را توجیه نمودند. جدول (۳) نتایج تجزیه مختصات اصلی شامل مقادیر ویژه، نسبت واریانس توجیه شده توسط هر مؤلفه و واریانس تجمعی که توسط ۴ مؤلفه اول توجیه می‌شد، را نشان می‌دهد. وقتی که سه مؤلفه اول قادر به توجیه بیشتر از ۲۵ درصد از تنوع موجود بین ژنوتیپ‌ها باشند، گروه‌بندی انجام شده با استفاده از ارائه پلات، روش مفید و فاقد خطا است (ملچینگر، ۱۹۹۳؛ محمدی و پراسانا، ۲۰۰۳). نمایش سه بعدی تجزیه مختصات اصلی براساس سه مؤلفه اول در شکل (۲) نشان داده شده است. با توجه به پلات سه بعدی رسم شده کاملاً مشهود است که ۳۰ ژنوتیپ مورد بررسی در ۶ گروه طبقه‌بندی شدند (شکل ۲). در گروه اول ارقام Waha, Yavaros, Dverdi, Mexi75/Vic, Kirki8, Altar84-3, Altar84, PI40099, Chen/Altar84 و شاهسوندی قرار گرفتند. گروه دوم شامل ارقام Prion1, Eupoda6, Odin12, Buchen7 و هارونی می‌باشد. ارقام Oste/Gata, Rascon39, Karaj45063, Altar84/Boy/Yav, Altar84/Ald و Stojocri1 در طبقه سوم گروه‌بندی شدند. گروه چهارم مشتمل بر ارقام Chahba88, Massara1, Dipper6, Altar84/Aos, Mexicali75, Korifla و شوا می‌باشد. ارقام Cham1 و ICDW7639 در طبقه پنجم قرار گرفتند و رقم PI40100 به تنهایی در گروه ششم جای گرفت.

مجله الکترونیک تولید گیاهان زراعی جلد (۱) ۱۳۸۷ شماره ۴

جدول ۳- مقادیر ریشه‌های مشخصه، واریانس‌های نسبی و تجمعی به‌دست آمده از تجزیه مختصات اصلی.

مؤلفه اصلی	ریشه‌های مشخصه	واریانس نسبی	واریانس تجمعی
۱	۵/۳۷	۷۶	۷۶
۲	۲/۸۹	۸	۸۴
۳	۱/۷۳	۳	۸۷
۴	۱/۰۵	۲	۸۹

فواصل فضایی نقاط روی نمودار با فواصل ژنتیکی ژنوتیپ‌ها هماهنگی داشته و این روش ژنوتیپ‌ها را در گروه‌های جداگانه‌ای دسته‌بندی نموده است. همان‌طور که بعداً مشاهده می‌شود گروه‌بندی گرافیکی ژنوتیپ‌ها توسط تجزیه مختصات اصلی با گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس روش‌های تجزیه مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای مطابقت دارد. ملچینگر (۱۹۹۳) سه روش تجزیه مؤلفه‌های اصلی، تجزیه مختصات اصلی و تجزیه خوشه‌ای را با هم مقایسه نمود و تأثیر هر کدام از این روش‌ها بر ارزیابی تنوع ژنتیکی در دو گیاه ذرت و جو بررسی نمود. براساس نتایج او تجزیه مؤلفه‌های اصلی و تجزیه مختصات اصلی وقتی که سه مؤلفه اول بیشتر از ۲۵ درصد از تغییرات کل را تبیین نمایند، توصیف صحیحی از روابط موجود بین گروه‌ها و ژنوتیپ‌ها را ارائه می‌دهند. وان بونینجن و بوش (۱۹۹۷) در بررسی تنوع ژنتیکی در بین ارقام گندم بهاره آمریکای شمالی از تجزیه مختصات اصلی برای ترسیم فاصله‌های نسبی بین ارقام استفاده نموده و مؤلفه اول ۲۰ درصد، مؤلفه دوم ۱۴ درصد و مؤلفه سوم ۹ درصد از تغییرات کل را توجیه نمودند.



شکل ۲- تصویر فضایی به‌دست آمده از تجزیه مختصات اصلی براساس صفات زراعی.

تجزیه خوشه‌ای یکی از روش‌های تجزیه و تحلیل چند متغیره است که جهت بررسی رابطه خویشاوندی مواد گیاهی مورد استفاده قرار می‌گیرد. این روش برای گروه‌بندی ارقام مورد مطالعه یک گیاه از نظر ژنتیکی و جغرافیایی و تعیین والدین در هیبریداسیون مفید می‌باشد. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۳۰ ژنوتیپ براساس ۱۳ صفت زراعی استاندارد شده در شکل (۳) آمده است. این تجزیه به روش وارد و با استفاده از مربع فاصله اقلیدسی به‌عنوان معیار تشابه انجام گرفت. براساس این گروه‌بندی ارقام مورد مطالعه در محلی که اختلاف بین گروه‌های تشکیل شده معنی‌دار بود، تشکیل ۶ گروه زیر را دادند. جدول (۴) خصوصیات هر گروه از ژنوتیپ‌ها و مقایسه میانگین‌های انجام شده شش گروه دندروگرام را نشان می‌دهد.

گروه اول ۱۳/۳۳ درصد از مجموع کل ارقام را دربرداشت و شامل ارقام Mexi75/Vic، Diverd1، Prion1 و Dipper6 بود. این ارقام از نظر صفات تعداد روز تا ۵۰ درصد خوشه‌دهی، تعداد روز تا ۵۰ درصد گرده‌افشانی و تعداد روز تا رسیدگی جزء زودرس‌ترین ارقام بودند. از دیگر خصوصیات این گروه اینکه، طول سنبله، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه، تعداد دانه در خوشه و وزن دانه در خوشه در این گروه نسبت به دیگر گروه‌ها در پایین‌ترین حالت قرار داشت.

گروه دوم مجموعاً با ۷ رقم و ۲۳/۳۳ درصد از کل ارقام مورد مطالعه شامل ارقام Chahba88، Altar84/Aos، ICDW7639، Cham1، Stjoer1، Eupoda6 و Haruni بود. ارقام این گروه نسبتاً دیررس بودند. تعداد سنبله در واحد سطح، تعداد دانه در خوشه و عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های این گروه برتر از سایر گروه‌ها بود. این ژنوتیپ‌ها از نظر طول سنبله و عملکرد بیولوژیک در حد متوسط و از نظر صفت شاخص برداشت در مرتبه پایینی قرار داشتند.

گروه سوم با ۲۰ درصد از کل ارقام شامل ارقام Mexicali75، Korifla، Yavaros، Odim12، PI40099 و Shoa بود. این ژنوتیپ‌ها نسبتاً دیررس بوده و از نظر صفات تعداد سنبله در واحد سطح، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه و وزن هزار دانه در بالاترین موقعیت نسبت به سایر گروه‌ها بودند. ارتفاع بوته و طول سنبله این ارقام در حد پایینی بود و این ژنوتیپ‌ها جزء ارقام پاکوتاه محسوب می‌شوند.

گروه چهارم مشتمل بر ۴ رقم Buchen7، Kirki8، Massara1 و شاهسوندی، ۱۳/۳۳ درصد از کل ارقام را تشکیل داده بود. عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت و وزن هزار دانه بالای این گروه از طریق بالا بودن تعداد سنبله در واحد سطح ایجاد شده است و از نظر صفات تعداد

مجله الکترونیک تولید گیاهان زراعی جلد (۱) ۱۳۸۷ شماره ۴

دانه در خوشه و وزن دانه در خوشه در موقعیت پایینی نسبت به سایر گروه‌ها قرار داشتند. این ژنوتیپ‌ها جزء ارقام نسبتاً زودرس می‌باشند.

جدول ۴- مقایسه میانگین‌های[†] صفات برای گروه‌های حاصل نتایج تجزیه واریانس از تجزیه خوشه‌ای ۳۰ ژنوتیپ گندم دوروم براساس صفات زراعی.

میانگین						صفت
گروه ششم	گروه پنجم	گروه چهارم	گروه سوم	گروه دوم	گروه اول	
۱۸۱ ^a	۱۶۸/۵۴ ^b	۱۶۵/۵۰ ^{bc}	۱۶۸/۳۳ ^b	۱۶۷/۸۱ ^b	۱۶۳/۲۵ ^c	روز تا ۵۰٪ خوشه‌دهی
۱۸۷ ^a	۱۷۷/۷۱ ^b	۱۷۵/۰۸ ^c	۱۷۸/۱۱ ^b	۱۷۹/۰۵ ^b	۱۷۷/۵ ^b	روز تا ۵۰٪ گرده‌افشانی
۲۱۹/۶۷ ^a	۲۱۴/۷۱ ^c	۲۱۳/۷۵ ^{cd}	۲۱۵/۸۳ ^{bc}	۲۱۶ ^b	۲۱۳/۱۶ ^d	روز تا رسیدگی
۱۴۲/۳۳ ^a	۹۲/۱۶ ^{bc}	۹۵/۸۳ ^b	۸۶/۸۳ ^{cd}	۹۸/۳۸ ^b	۸۲/۹۱ ^d	ارتفاع بوته
۲۰/۳۲ ^a	۱۴/۰۲ ^c	۱۳/۷۱ ^b	۱۲/۸۹ ^{bc}	۱۲/۶۵ ^{bc}	۱۱/۴۷ ^c	طول سنبله
۱۴۰ ^c	۱۵۴/۷۱ ^{bc}	۲۱۲/۹۲ ^a	۲۱۵/۷۸ ^a	۲۳۴/۶۷ ^a	۲۰۶/۸۳ ^{ab}	تعداد سنبله در واحد سطح
۲۵/۲۳ ^a	۲۰/۷۹ ^{bc}	۲۱/۹۱ ^{ab}	۲۲/۷۵ ^{ab}	۲۱/۱۹ ^b	۱۷/۴۷ ^c	عملکرد بیولوژیک
۵/۴۵ ^{bc}	۶/۸۸ ^{ab}	۷/۷۲ ^a	۶/۴۱ ^{ab}	۶/۲۶ ^{ab}	۴/۶۱ ^c	عملکرد دانه
۳۵/۳۳ ^{bc}	۴۵/۷۹ ^a	۳۲/۸۹ ^c	۳۵/۰۵ ^c	۴۱/۴۳ ^{ab}	۲۹/۴۶ ^c	تعداد دانه در خوشه
۱/۵۹ ^c	۲/۴۷ ^a	۱/۷۸ ^c	۲/۰۶ ^b	۲/۰۹ ^b	۱/۶۳ ^c	وزن دانه در خوشه
۴۴/۹۷ ^b	۵۴/۹۳ ^a	۵۵/۱۴ ^a	۵۸/۶۴ ^a	۴۴/۶۶ ^b	۵۶/۶۴ ^a	وزن هزار دانه
۷۹۹/۶۷ ^b	۸۵۴/۷۹ ^a	۸۷۰/۹۰ ^a	۸۴۳/۰۵ ^a	۸۵۰/۴۶ ^a	۸۳۴/۲۷ ^{ab}	وزن حجمی
۲۱/۶۰ ^d	۳۳/۲۳ ^{ab}	۳۵/۲۶ ^a	۲۸/۳۰ ^c	۲۹/۵۵ ^c	۲۶/۴۸ ^{cd}	شاخص برداشت

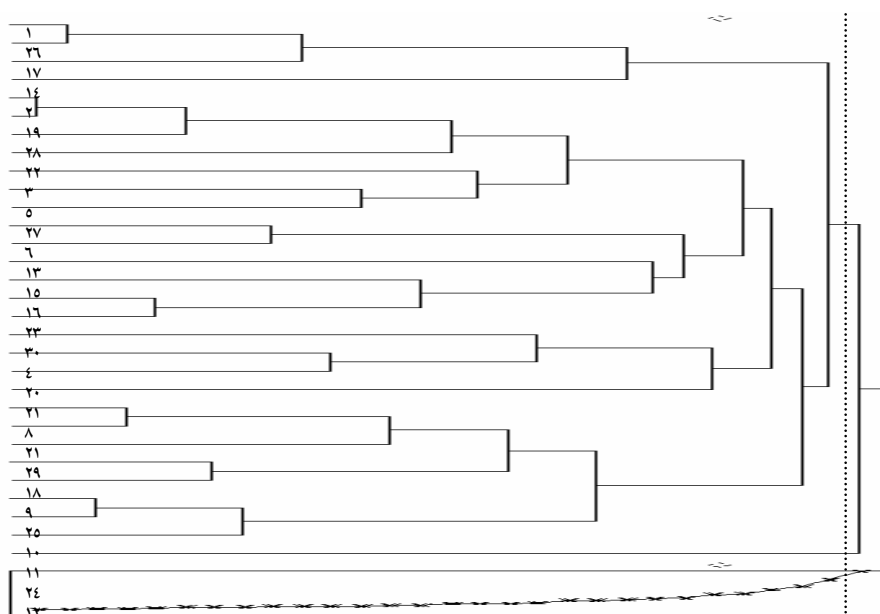
†: در هر ردیف میانگین‌هایی که حداقل دارای یک حرف مشترک باشند، از نظر آماری با آزمون LSD_{5%} معنی‌دار نیست.

گروه پنجم که ۲۶/۶۷ درصد کل ارقام را در برداشت شامل ارقام *Oste/Gata*، *Altar84-3*، *Waha*، *Rascon39*، *Altar84/Ald*، *Karaj45063*، *Altar84/Boy/Yav* و *Chen* بود. این گروه از نظر صفات شاخص برداشت، عملکرد دانه و اجزاء عملکرد (تعداد دانه در خوشه، وزن دانه در خوشه و وزن هزار دانه) برتر از سایر گروه‌ها بودند. این ارقام جزء ارقام نسبتاً دیررس و پاکوتاه می‌باشند.

در گروه ششم فقط رقم *PI40100* قرار گرفت. از خصوصیات بارز این ژنوتیپ می‌توان به دوره رشد طولانی و دیررسی، بلندترین ارتفاع بوته، بیشترین طول سنبله و به دلیل داشتن مواد کلشی زیاد

بالتبع دارای بیشترین عملکرد بیولوژیک در بین ۳۰ ژنوتیپ مورد مطالعه اشاره نمود. همچنین این رقم از نظر صفات تعداد سنبله در واحد سطح، تعداد دانه در خوشه، وزن دانه در خوشه، وزن حجمی شاخص برداشت، عملکرد دانه و وزن هزار دانه نسبت به دیگر گروه‌ها در پایین‌ترین سطح قرار داشت. این نتایج با گزارش گل‌آبادی و ارزانی (۲۰۰۳) هماهنگی داشت.

ژنوتیپ‌های موجود در هر یک از گروه‌ها براساس میزان تشابه صفات مختلف دسته‌بندی شده‌اند. بنابراین در برنامه‌های به‌نژادی با توجه به هدف اصلاحی مورد نظر می‌توان از تنوع بین گروه‌ها و ژنوتیپ‌های موجود در این گروه‌ها استفاده نمود و با انجام تلاقی بین آنها امکان دستیابی به ژنوتیپ‌های مطلوب‌تر از نظر عملکرد دانه و اجزاء عملکرد را فراهم نمود. هایلو و همکاران (۲۰۰۶) با انجام تجزیه مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای بر روی ژنوتیپ‌های گندم تتراپلوئید نشان دادند که نتایج به‌دست آمده از گروه‌بندی توسط این دو روش یکسان می‌باشد.



شکل ۳- دندروگرام به‌دست آمده از تجزیه خوشه‌ای ۳۰ رقم گندم دوروم به روش وارد.

ارزانی (۲۰۰۲) در تحقیق خود به منظور گروه‌بندی ۴۵۰ ژنوتیپ مورد مطالعه از تجزیه خوشه‌ای استفاده نمود و بر این اساس مجموعه ژرم‌پلاسم تحت بررسی را به داخل ۱۷ کلاستر مجزا طبقه‌بندی کرد. وان‌بینگن و بوش (۱۹۹۷) در بررسی تنوع ژنتیکی در بین ۲۷۰ رقم گندم بهاره آمریکای شمالی مربوط به سه منطقه آمریکا، کانادا و مکزیک از تجزیه خوشه‌ای استفاده نمودند و آنها توانستند ۲۰ گروه بزرگ که هر کدام شامل ۴ یا بیشتر رقم و ۶ گروه کوچک که هر کدام مشتمل بر ۲ رقم بودند، را به دست آورند.

نتایج به دست آمده از طبقه‌بندی ۳۰ رقم گندم دوروم مورد بررسی توسط ۳ روش آماری فوق‌الذکر نشان می‌دهد که در بیشتر موارد طبقه‌بندی ارائه شده در هر سه روش با همدیگر هماهنگ بوده و گروه‌بندی یکسانی بین ارقام ایجاد کرده‌اند. از دلایل اختلاف موجود در طبقه‌بندی برخی ارقام توسط این سه روش، می‌توان به موارد زیر اشاره نمود:

۱- گروه‌بندی به دست آمده بر اساس تجزیه مؤلفه‌های اصلی مبتنی بر دو مؤلفه اول بوده که دارای بالاترین ریشه مشخصه هستند و در این حالت نقش مؤلفه‌های سوم و چهارم در گروه‌بندی ارقام نادیده گرفته شده است. پس در این گروه‌بندی از تمام تنوع ژنتیکی موجود بین ارقام استفاده نشده است. هایلو و همکاران (۲۰۰۶) نیز در نتایج تحقیق خود بر روی گندم تتراپلوئید اذعان داشتند که تمام تنوع موجود در صفات زراعی مورد بررسی نمی‌تواند توسط دو یا سه مؤلفه اول تجزیه مؤلفه‌های اصلی توضیح داده شود.

۲- طبقه‌بندی و شکل سه بعدی تهیه شده از PCO بر اساس سه مؤلفه اول این تجزیه است و تقریباً از تمام تنوع موجود بین ارقام برای گروه‌بندی آنها استفاده نشده است.

۳- با توجه به نتایج مشاهده شده، هر چند که نتایج دو روش PCA و PCO در بسیاری موارد با نتایج طبقه‌بندی خوشه‌ای مطابقت دارد، با این وجود تجزیه خوشه‌ای گروه‌بندی کامل‌تر و جامع‌تری را نسبت به دو روش دیگر ارائه داده است. به بیان دیگر در روش تجزیه خوشه‌ای از تمام تنوع موجود بین ژنوتیپ‌ها و صفات جهت طبقه‌بندی ارقام استفاده شده است. پس به صراحت می‌توان گفت تجزیه خوشه‌ای بهترین روش آماری جهت گروه‌بندی ارقام و ژنوتیپ‌ها می‌باشد.

در جمع‌بندی نهایی بر این نکته تأکید می‌شود که تمایل به استفاده از والدین مشابه و عدم شناخت و استفاده از ارقام جدید در برنامه‌های اصلاحی منجر به کاهش تنوع ژنتیکی می‌شود. این درحالی است که ارقام دورتر با داشتن چندشکلی بیشتر، تفاوت بیشتری از نظر ژنتیکی نشان می‌دهند و از

نظر دورگه‌گیری، ارقام با تفاوت بیشتر، امکان ایجاد هتروزیس بیشتر و یا انتقال صفات نادر را به دنبال خواهد داشت.

فهرست منابع

- Abaye, A.O., Brann, D.E., Alley, M.M. and Griffey, C.A. 1997. Winter durum wheat: Do we have all the answer? *Crop Soil Env. Sci. Virginia Tech. Publication* pp. 424-802.
- Arzani, A. 2002. Grain yield performance of durum wheat germplasm under Iranian dry land and irrigated field conditions. *Sabrao J. Breed. Genet.* 34: 9-18.
- Elings, A. 1991. Durum wheat landraces from Syria. II. Pattern of variation. *Euphytica* 54: 231-243.
- Fabriani, G., and Lintas, C. 1988. Durum wheat: Chemistry and Technology. American Association of Cereal Chemists, Inc. pp. 216.
- Farshadfar, E. 1998. Application of biometrical genetics in plant breeding (I and II). Razi University of Kermanshah Press. Pp. 528.
- Golabadi, M., and Arzani, A. 2003. Evaluation of genetic diversity and factor analysis for agronomic traits of durum wheat. *J. Sci. Technol. Agri. Nat. Res.* 7:115-126.
- Hailu, F., Merker, A., Singh, H., Belay, G., and Johansson, E. 2006. Multivariate analysis of diversity of tetraploid wheat germplasm from Ethiopia. *Genet. Resour. Crop Evol.* 53: 1089-1098.
- Hamza, S., Hamida, W.B., Rebai, A., and Harrabi, M. 2004. SSR-based genetic diversity assessment among Tunisian winter barley and relationship with morphological traits. *Euphytica* 135: 107-118.
- Johnson, R.A., and Wichern, D.W. 1992. Applied Multivariate Statistical Analysis. 3rd ed. Englewood Cliffs, NJ: Prentice Hall. Pp. 767.
- Melchinger, A.E. 1993. Use of RFLP markers for analyses of genetic relationships among breeding materials and prediction of hybrid performance. pp. 621- 628. In D.R. Buxton (ed.), *Proceeding of the 1st International. Crop Science Congress*, Ames, IA. July 1992. CSSA, Madison, Wisconsin, USA. Pp. 14-22.
- Mohammadi, S.A. and Prasanna, B.M. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants- Salient statistical tools and considerations. *Crop Sci.* 43: 1235-1248.
- Pecetti, L., and Annicchiarico, P. 1998. Agronomic value and plant type of Italian durum wheat cultivars from different areas of breeding. *Euphytica* 99: 9-15.
- Pour siahbidi, M.M. 1998. Study of genetic diversity lines of durum wheat in Isfahan region and product of Amphiploid wheat. *Plant Breeding MSc. Thesis. College of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan.* p. 101.
- Taleei, A.R., and Salar, N.A. 1995. Geographical and genetic diversity in Iranian durum wheat landraces. *Iran J. Agric. Sci.* 26: 47-54.
- VanBeuningen, L.T., and Busch, R.H. 1997. Genetic diversity among North American spring wheat cultivars: I., Analysis of the coefficient of parentage matrix. *Crop Sci.* 37: 570-579.



Evaluation of Genetic Variation of Durum Wheat Genotypes Using Multivariate Analyses

E. Farahani and A. Arzani*

Former M.Sc. student and Professor of Plant Breeding, respectively, College of
Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran

Abstract

This study was conducted to evaluate genetic diversity of durum wheat cultivars using multivariate analyses on agronomic and morphological traits. Thirty genotypes were planted in a randomized complete block design with three replications in 2003. Agronomic and morphological characteristics including days to flowering, days to pollination, days to maturity, plant height, spike length, grain weight per spike, number of grain per spike, number of spike per m², grain yield, biological yield, 1000 grain weight, kernel weight and harvest index were assessed in the studied genotypes. Multivariate statistical analyses including principal components analysis (PCA), principal co-ordinate analysis (PCO) and cluster analysis were used to assess the pattern of morphological variations and to group the genotypes. The obtained results from grouping 30 cultivars of durum wheat with 3 studied methods indicated that in the most cases the applied methods produced almost similar grouping among cultivars. Cluster analysis, however, used both genetic variations between genotypes and traits, and hence is considered as a superior method for grouping the genotypes.

Keyword: Genetic variation; Durum wheat; Multivariate statistics

* - Corresponding Author; Email: a_arzani@cc.iut.ac.ir