

ارزیابی تنوع ژنتیکی صفات زراعی و فیزیولوژیک گندم در دو محیط مزرعه‌ای

حامد علی پور کندری^۱، احمد ارزانی^{۲*}، علی ربانی^۱ و مسعود نیکبخت^۱

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۳/۴؛ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۹/۲۰)

چکیده

این پژوهش به منظور بررسی تنوع ژنتیکی گندم نان، گندم دوروم و تریتیکاله با استفاده از صفات زراعی و فیزیولوژیک انجام شد. ارزیابی تنوع ژنتیکی ۲۴ ژنوتیپ در دو ناحیه (مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان، واقع در لورک نجف‌آباد و مزرعه عاشق‌آباد اصفهان) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار در هر ناحیه، در سال ۹۶-۱۳۹۵ انجام گرفت. در این مطالعه ۲۰ ژنوتیپ گندم نان (۳ داخلی و ۱۷ خارجی)، دو ژنوتیپ گندم دوروم و دو ژنوتیپ تریتیکاله مورد استفاده قرار گرفت. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که اثر ژنوتیپ برای کلیه صفات به جز فلورسانس بیشینه معنی‌دار بوده است. در تمام صفات مورد مطالعه ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی برای اکثر صفات اختلاف زیادی نداشته‌اند که نشان‌دهنده تأثیر بیشتر آثار ژنتیکی بر این صفات بوده است. بررسی روابط همبستگی نشان داد که بین عملکرد دانه با صفات تعداد سنبله در بوته، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت همبستگی مثبت و معنی‌داری وجود دارد. تجزیه به عامل‌ها، چهار عامل پنهانی را که در مجموع ۶۶/۴۷ درصد از تنوع موجود در مجموعه بود را توجیه کرد. این عامل‌ها به ترتیب تحت عنوان طول دوره رسیدگی، دانه، عملکرد و فتوسنتز معرفی شدند. تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها بر مبنای صفات مورد مطالعه ژنوتیپ‌ها را در چهار گروه تفکیک کرد که بعضی از گروه‌ها دارای خصوصیات مطلوب بوده و برای مقاصد به‌نژادی مفید هستند.

واژه‌های کلیدی: تنوع، ژنوتیپ، صفات مورفولوژیک، عملکرد

۱ و ۲. به‌ترتیب دانشجویان کارشناسی ارشد و استاد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان، ایران

*: مسئول مکاتبات: پست الکترونیکی: a_arzani@iut.ac.ir

مقدمه

گندم (*Triticum aestivum*) مهم‌ترین غله دنیا با تولید جهانی بیش از ۷۰۰ میلیون تن که بیش از ۲۰ درصد پروتئین مورد نیاز و کالری ۴/۵ میلیارد جمعیت جهانی را تأمین می‌کند (۴). گندم دوروم (*Triticum durum*) در سرتاسر دنیا با وسعت کمتری نسبت به گندم نان کشت می‌شود. وسعت کشت گندم دوروم زمانی که با گندم نان مقایسه می‌شود به دلیل عملکرد کم و همچنین نیازهای خاص در خصوص فرایندهای صنعتی و عوامل آب‌وهوایی قابل مقایسه نیست. با این حال، به دلیل نقش انحصاری آن در صنعت ماکارونی حائز اهمیت است (۲۴). تریتیکاله (*X. Triticosecale Witmack*) دستاورد مهم ژنتیک و اصلاح نباتات است. افزایش پهنه کشت دانه و علوفه محصول جدید باعث ترویج بهتر آن به دلیل سازگاری، بهره‌وری بالا، استفاده از دانه برای مقاصد صنعتی و علوفه‌ای در مقایسه با گندم شده است (۱۰).

تنوع ژنتیکی اساس بیشتر برنامه‌های اصلاحی بوده و انجام گزینش منوط به وجود تنوع ژنتیکی مطلوب از نظر ویژگی‌های مورد بررسی است. همچنین یکی از اجزای مهم پایداری نظام‌های بیولوژیک تنوع ژنتیکی است که از تکامل طبیعی ناشی می‌شود و ارزیابی آن در برنامه‌های اصلاح نباتات و حفاظت از ذخایر توارثی اهمیت اساسی دارد. مطالعه تنوع ژنتیکی فرایندی است که تفاوت یا شباهت گونه‌ها، جمعیت‌ها یا افراد را با استفاده از روش‌های و مدل‌های آماری خاص بر اساس صفات مورفولوژیک، اطلاعات شجره‌ای یا خصوصیات ملکولی افراد بیان می‌کند (۱۷). دست‌ورزی‌های ژنتیکی برای بهره‌برداری بهینه از ذخایر توارثی از اهداف مهم اصلاح گندم است؛ بنابراین مطالعه و ارزیابی تنوع ژنتیکی در برنامه‌های اصلاح گندم ضروری است (۱۳).

اغلب صفات فنوتیپی تحت تأثیر شرایط محیطی قرار می‌گیرند و ممکن است موجب هدایت تجزیه و تحلیل‌های تنوع در متغیرهای مهم زراعی به لحاظ اثر متقابل ژنوتیپ و محیط شوند (۱۶). صفات مورفولوژیک اولین نشانگرهایی بودند که برای ارزیابی تنوع ژنتیکی مورد استفاده قرار گرفته‌اند.

این نشانگرها در واقع نتیجه جهش‌های قابل رؤیت در ریخت ظاهری موجودات هستند و در صورتی به‌عنوان نشانگرهای ژنتیکی مورد استفاده هستند که بیان آنها در طیف وسیعی از محیط‌های مختلف تکرارپذیر باشد بررسی‌های مورفولوژیک مطالعات پایه‌ای برای شناسایی، طبقه‌بندی و گزینش در برنامه‌های اصلاحی است (۲۲).

دوگان و سنایجت (۸) در تریتیکاله، همبستگی مثبت و معنی‌داری بین عملکرد دانه با صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله و وزن هزاردانه گزارش کردند. کاویانی و همکاران (۱۵) در مطالعه تنوع ژنتیکی و تجزیه به عامل‌ها برای صفات زراعی و مورفولوژیک در توده‌های گندم دوروم، در مطالعه چهارده صفت پنج عامل را شناسایی کردند که این پنج عامل ۷۷/۰۲ درصد از تغییرات کل را توجیه کردند. عبدی‌پور و همکاران (۱) در بررسی ۱۰۰ ژنوتیپ گندم نان که از مناطق مختلف کشور ایران جمع‌آوری شدند با استفاده از تجزیه خوشه‌ای آنها را به پنج گروه مجزا تقسیم کردند. آنها بیان کردند که تجزیه و تحلیل‌های خوشه‌ای ژنوتیپ‌هایی که با هم شباهت مورفولوژیک بیشتری دارند در یک خوشه قرار گرفته‌اند.

با توجه به اینکه ایران یکی از مراکز منشأ و تولید گندم در جهان است و با توجه به شرایط آب‌وهوایی متنوع برای رشد این گیاه در بسیاری از نقاط و نیاز فزاینده کشور، اصلاح برای افزایش تولید آن از اهمیت خاصی برخوردار است. در این رابطه شناسایی منابع ژنتیکی جدید و با ظرفیت تولید بالا حائز اهمیت است. در این راستا، مطالعه حاضر به‌منظور شناسایی ارقام با عملکرد بالا و سازگار در محیط‌های مختلف، همچنین بررسی تنوع ژنتیکی در بین ارقام گندم نان، گندم دوروم و تریتیکاله با استفاده از صفات زراعی، مورفولوژیک و فیزیولوژیک اجرا شده است.

مواد و روش‌ها

این آزمایش در سال زراعی ۹۶-۱۳۹۵ در دو ناحیه مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان واقع در

گرم در لیتر)، عملکرد بیولوژیک (عملکرد قسمت هوایی گیاه برحسب گرم)، عملکرد دانه (محصول دانه هر کرت خرمن کوبی شده)، شاخص برداشت (از تقسیم عملکرد دانه بر عملکرد بیولوژیک محاسبه شده برحسب درصد) اندازه‌گیری شد. همچنین سنجش فلورسانس کلروفیل بوته‌ها با استفاده از دستگاه فلورومتر صورت گرفت. برای این منظور با نصب گیره‌های مخصوص دستگاه روی برگ‌های توسعه‌یافته در شرایط تاریکی، به‌طوری که از محل میانه برگ و بین رگبرگ‌های اصلی و لبه جوان‌ترین برگ کامل هر گیاه که به مدت ۲۰ دقیقه در سایه قرار گرفته بود اندازه‌گیری انجام شد. صفات اندازه‌گیری شده شامل موارد زیر بودند:

۱- فلورسانس کمیته (Fo)

۲- فلورسانس بیشینه (Fm)

$$3- \text{ کارایی کوانتومی فتوسنتز } \Pi \left(\frac{F_v}{F_m} = \frac{F_o - F_m}{F_m} \right)$$

تجزیه واریانس به‌صورت تجزیه مرکب در دو مکان در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی بر اساس مدل GLM با نرم‌افزار SAS انجام گرفت. آمارهای توصیفی ضریب تغییرات فنوتیپی، ضریب تغییرات ژنتیکی و وراثت‌پذیری عمومی طبق روابط زیر برای دو محیط عاشق‌آباد و لورک محاسبه شد:

$$\sigma_g^2 = \frac{MS_t - MS_e}{r} \quad , \quad \sigma_p^2 = \sigma_g^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}$$

$$cv_g = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\mu} \times 100 \quad , \quad cv_p = \frac{\sqrt{\sigma_p^2}}{\mu} \times 100$$

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_p^2} \times 100$$

در روابط بالا σ_g^2 واریانس ژنتیکی، MS_t برابر میانگین مربعات تیمار، MS_e برابر میانگین مربعات خطا، σ_p^2 واریانس فنوتیپی، σ^2 ، CV_g ضریب تغییرات ژنتیکی، cv_p ضریب تغییرات فنوتیپی، h^2 وراثت‌پذیری عمومی، μ میانگین صفت اندازه‌گیری شده، r تکرار در آزمایش است.

منطقه لورک نجف‌آباد و مزرعه عاشق‌آباد واقع در شمال غرب اصفهان اجرا شد. منطقه لورک واقع در ۴۰ کیلومتری جنوب غربی اصفهان و در عرض جغرافیایی ۳۲ درجه و ۳۲ دقیقه شمالی و طول جغرافیایی ۵۱ درجه و ۳۳ دقیقه قرار دارد. ارتفاع منطقه از سطح دریا ۱۶۳۰ متر است و بر اساس تقسیم‌بندی کوپن دارای اقلیم نیمه‌خشک و خشک، با تابستان‌های خشک است. بافت خاک مزرعه لومی‌رسی با جرم مخصوص ظاهری ۱/۴ گرم بر سانتی‌متر، متوسط اسیدیته آن حدود ۷/۵ و قابلیت هدایت الکتریکی ۱/۷ دسی‌زیمنس بر متر است. مزرعه عاشق‌آباد با طول جغرافیایی ۵۱ درجه و ۳۹ دقیقه شرقی و عرض جغرافیایی ۳۲ درجه و ۳۸ دقیقه شمالی در شمال غربی شهر اصفهان قرار دارد و از نظر آب‌وهوایی خشک است.

مواد ژنتیکی مورد بررسی شامل ۲۰ ژنوتیپ گندم نان، ۲ ژنوتیپ گندم دوروم و ۲ ژنوتیپ تریتیکاله بود (جدول ۱). ارزیابی ژنوتیپ‌ها با استفاده از طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار در هر ناحیه انجام گرفت. هر کرت آزمایش در مزرعه تحقیقاتی لورک شامل ۵ ردیف کاشت به طول ۵ متر، با فاصله ردیف ۳۰ سانتی‌متر و فاصله بین کرت‌ها ۵۰ سانتی‌متر و در مزرعه عاشق‌آباد اصفهان شامل ۳ ردیف کاشت به طول ۴ متر با فاصله ردیف ۳۰ سانتی‌متر بود.

صفات زراعی: روز تا خوشه‌دهی (تعداد روز از کاشت تا ظهور ۵۰ درصد سنبله‌ها هر واحد آزمایش)، روز تا گرده‌افشانی (تعداد روز از کاشت تا گرده‌افشانی در ۵۰ درصد بوته‌های هر کرت)، روز تا رسیدگی (تعداد روز از زمان کشت تا زمان زرد شدن میانگره پدانکل)، ارتفاع بوته (ارتفاع ساقه از سطح زمین تا نوک سنبله بدون در نظر گرفتن طول ریشک برحسب سانتی‌متر)، تعداد سنبله در بوته (میانگین تعداد سنبله ۱۰ بوته در کرت)، تعداد دانه در سنبله (بر اساس شمارش تعداد دانه در ۱۰ سنبله اصلی در هر کرت به‌طور تصادفی و محاسبه میانگین آن)، وزن دانه در سنبله (بر اساس وزن دانه ۱۰ سنبله به‌طور تصادفی و محاسبه میانگین آن)، وزن هزاردانه (پنج نمونه ۱۰۰۰ تایی دانه از هر کرت توزین و میانگین آن برحسب گرم)، وزن حجمی (یک لیتر بذر از هر کرت توزین برحسب

جدول ۱. ارقام گندم نان، گندم دوروم و تربیتکاله

شماره	ژنوتیپ	منشأ	شماره	ژنوتیپ	منشأ
۱	Sirvan	ایران	۱۳	Short Siete Serros	آمریکا
۲	Long Spike 1	آمریکا	۱۴	Phoenix	آمریکا
۳	Long Spike 2	آمریکا	۱۵	Winanza	آمریکا
۴	Long Spike 3	آمریکا	۱۶	Wincora	آمریکا
۵	Long Spike 4	آمریکا	۱۷	Lancona BYD	آمریکا
۶	Long Spike 5	آمریکا	۱۸	Wincerros	آمریکا
۷	Long Spike 6	آمریکا	۱۹	Triticale with Long Spike*	آمریکا
۸	Yeccara Jo	آمریکا	۲۰	Taza*	آمریکا
۹	Siete Serros 66	آمریکا	۲۱	Advanced line D.K. **	آمریکا
۱۰	Wincal 09196	آمریکا	۲۲	Advanced line 1**	آمریکا
۱۱	Anza	آمریکا	۲۳	Ofogh	ایران
۱۲	Roshan	ایران	۲۴	Blue Aleurone	آمریکا

* تربیتکاله، ** گندم دوروم

آورده شده است. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که بین محیط‌های مورد آزمایش برای صفات روز تا خوشه‌دهی، روز تا گرده‌افشانی، تعداد روز تا رسیدگی، تعداد سنبله در بوته، وزن حجمی و عملکرد بیولوژیک اختلاف معنی‌داری وجود داشته است (جدول ۲). ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات به‌جز فلورسانس بیشینه تفاوت معنی‌داری نشان دادند که نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی بالا برای صفات مورد مطالعه در این تحقیق بوده است (جدول ۲) که با نتایج مطالعه باهوشان و همکاران (۶) روی گندم نان مطابقت داشت. اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای صفات تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته و تعداد سنبله در بوته معنی‌دار بود که بیانگر این موضوع است که ژنوتیپ‌ها تحت تأثیر محیط‌های متفاوت واکنش متفاوتی از نظر این صفات نشان داده‌اند. درحالی که سایر صفات اثر متقابل مشاهده نشد که نشان می‌دهد ارقام مورد بررسی در دو مکان متفاوت از لحاظ این صفات از جمله عملکرد دانه یکنواخت عمل کرده و یا سازگاری خوبی داشته‌اند (جدول ۲). البته باید اذعان کرد که دو مزرعه (مکان) مورد آزمایش با فاصله حدود ۳۰ کیلومتری قرار داشته و احتمالاً شرایط محیطی تقریباً مشابه آنها موجب

مقایسه میانگین تیمارها به‌روش حداقل تفاوت معنی‌دار (LSD) در سطح احتمال ۵ درصد انجام شد. از تجزیه همبستگی ساده برای ارتباط صفات با یکدیگر از جمله عملکرد دانه با سایر اجزای مرتبط با آن استفاده شد. تجزیه به‌عوامل‌ها به‌روش مؤلفه‌های اصلی و چرخش وریماکس روی صفات در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای شناسایی عوامل داخلی صفات و همچنین گروه‌بندی صفاتی که با همدیگر همبستگی بالایی دارند، انجام شد. برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات اندازه‌گیری شده از تجزیه خوشه‌ای به‌روش وارد و با استفاده از مربع فاصله اقلیدسی به‌عنوان معیار فاصله استفاده شد. در تجزیه خوشه‌ای برای تعیین محل برش دندروگرام از آزمون‌های T کاذب هتلینگ و F بیل استفاده شد. تجزیه و تحلیل‌های آماری با استفاده از نرم افزارهای کامپیوتری SAS، SPSS و Statgraphics انجام گرفت.

نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های گندم نان، گندم دوروم و تربیتکاله در جدول ۲

جدول ۲. نتایج تجزیه واریانس مرکب مربوط به صفات مورد مطالعه در ۲۴ ژنوتیپ گندم نان، گندم دوروم و تریتیکاله

میانگین مربعات							درجه آزادی	منابع تغییرات
وزن دانه	تعداد دانه	تعداد سنبله	ارتفاع	تعداد روز تا رسیدگی	روز تا گرده افشانی	روز تا خوشه دهی		
۰/۰۰۰۱	۱۹۶/۳۶	۳۳۵/۹۲*	۵۰۰/۹۱	۱۹۶۲**	۲۰۴۴/۲۶**	۲۴۹۰/۸۴**	۱	محیط
۰/۵۸۴	۵۶۷/۸۷	۱۴/۳۴	۶۵/۲۳	۵/۵۲	۱۰/۰۱	۱۵/۲۶	۲	تکرار (محیط)
۱/۱۸**	۴۶۱/۴۹**	۳۳/۲۵**	۶۸۲/۷۲**	۴۲/۳۷**	۳۶/۸۱**	۴۸/۰۲**	۲۳	ژنوتیپ
۰/۱۱	۵۰/۲۵	۱۶/۱۰**	۳۲/۳۷*	۱۸/۹۷**	۵/۲۶	۳/۶۰	۲۳	ژنوتیپ × محیط
۰/۱۱	۵۹/۲۲	۴	۱۶/۷۵	۶/۷۵	۴/۸۳	۲/۷۸	۴۶	اشتباه آزمایشی
۱۳/۸۳	۱۳/۲۱	۱۲/۶۴	۴/۵۲	۱/۲۸	۱/۳۱	۱/۰۳		ضریب تغییرات (%)

* و ** به ترتیب معنی داری در سطح احتمال یک و پنج درصد

ادامه جدول ۲.

میانگین مربعات							درجه آزادی	منابع تغییرات	
کارایی کوانتومی	فلورسانس	فلورسانس	شاخص برداشت	عملکرد بیولوژیک	عملکرد دانه	وزن هزارانه			
۰/۰۲	۴۰/۴۹	۲۳۶۳/۳۴	۴/۲۳	۳/۱۱*	۰/۶۵	*۴۵۱۸۸/۹۴	۸۵/۳۱	۱	محیط
۰/۰۰۳	۶۹۷۱/۴۷	۳۹۷/۷۶	۲۳۸/۹۵	۰/۰۶	۰/۱۳	۱۴۱۹/۷۰	۲۹/۳۰	۲	تکرار (محیط)
۰/۰۰۱*	۸۹۳/۰۵	۴۰/۶۰**	۶۰/۲۱**	۰/۳۱*	۰/۰۶*	۳۷۶۶/۹۴**	۹۹/۰۹**	۲۳	ژنوتیپ
۰/۰۰۰۴	۷۶۶/۹۳	۲۲/۹۱	۲۸/۰۵	۰/۱۶	۰/۰۲	۱۱۰۴/۷۵	۹/۱۹	۲۳	ژنوتیپ × محیط
۰/۰۰۰۶	۷۱۳/۶۴	۱۸/۱۳	۲۵/۲۷	۰/۱۶	۰/۰۳	۱۵۹۶/۳۴	۷/۵۳	۴۶	اشتباه آزمایشی
۳/۴۶	۹/۹۹	۶/۲۷	۱۵/۷۱	۱۶/۳۷	۲۰/۸۰	۵/۴۶	۶/۴۱		ضریب تغییرات (%)

* و ** به ترتیب معنی داری در سطح احتمال یک و پنج درصد

تغییرات فنوتیپی بودند. در لورک صفات تعداد سنبله در بوته، وزن دانه در سنبله و تعداد دانه در سنبله به ترتیب با مقدار ۲۳/۵۰، ۲۲/۹۰ و ۲۰/۹۷ بیشترین و صفات فنولوژیک کمترین مقدار ضرایب تغییرات فنوتیپی را دارا بودند (جدول ۳). بیشترین ضریب تغییرات ژنتیکی در عاشق آباد مربوط به صفات وزن دانه در سنبله با مقادیر ۲۴/۳۱ و ۲۱/۲۳ بود. کمترین ضریب تغییرات ژنتیکی در عاشق آباد مربوط به صفات فنولوژیک بود (جدول ۳). بیشترین ضریب تغییرات ژنتیکی در لورک مربوط به صفات تعداد سنبله در بوته و وزن دانه در سنبله به ترتیب با مقدار ۴۲/۲۲ و ۲۰/۶۴ بودند (جدول ۳). به تازگی گزارشاتی از اهمیت خصوصیات سنبله از جمله تعداد دانه و وزن دانه در سنبله به عنوان اجزای ژنتیکی سرنوشت ساز در

عدم معنی دار شدن اثر محیط برای بیشتر صفات از جمله عملکرد و فتوستتزر شده است.

میانگین صفات روز تا خوشه دهی، روز تا گرده افشانی، تعداد روز تا رسیدگی، وزن هزارانه، وزن حجمی، فلورسانس کمینه و فلورسانس بیشینه در عاشق آباد نسبت به لورک بیشتر بود. صفات ارتفاع بوته، تعداد سنبله در بوته، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت و کارایی کوانتومی فتوسیستم II دارای میانگین کمتری در عاشق آباد نسبت به لورک بودند (جدول ۳). در عاشق آباد صفات وزن دانه در سنبله، تعداد دانه در سنبله و تعداد سنبله در بوته به ترتیب با مقدار ۲۲/۹۰، ۱۹/۶۳ و ۱۹/۴۷ بیشترین و صفات فنولوژیک دارای کمترین مقدار ضرایب

جدول ۳. آمار توصیفی در صفات مورد مطالعه در دو محیط عاشق‌آباد و لورک در ۲۴ ژنوتیپ گندم نان، گندم دوروم و تربیتکاله

صفات	میانگین		ضریب تغییرات فنوتیپی (%)		ضریب تغییرات ژنتیکی (%)		وراثت‌پذیری عمومی (%)
	عاشق‌آباد	لورک	عاشق‌آباد	لورک	عاشق‌آباد	لورک	
روز تا خوشه‌دهی (روز)	۱۶۶/۷۰	۱۵۶/۵۲	۲/۲۱	۲/۲۲	۲/۱۶	۲/۰۱	۹۵
روز تا گرده‌افشانی (روز)	۱۷۱/۶۸	۱۶۲/۴۵	۱/۷۸	۲/۰۹	۱/۷۰	۱/۷۰	۹۰
تعداد روز تا رسیدگی (روز)	۲۰۷/۲۷	۱۹۸/۲۲	۱/۶۱	۲/۳۳	۱/۵۶	۱/۹۸	۹۳
ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	۸۸/۱۸	۹۲/۷۵	۱۶/۵۶	۱۲/۹	۱۶/۳۶	۱۲/۴۰	۹۷
تعداد سنبله در بوته	۱۳/۹۵	۱۷/۶۹	۱۹/۴۷	۲۳/۵۰	۱۵/۹۳	۲۲/۴۲	۶۶
تعداد دانه در سنبله	۵۶/۷۹	۵۹/۶۵	۱۹/۶۳	۲۰/۹۷	۱۷/۰۶	۱۸/۹۴	۷۵
وزن دانه در سنبله (گرم)	۲/۳۵	۲/۴۷	۲۲/۹۰	۲۲/۹۰	۲۱/۲۳	۲۰/۶۴	۸۵
وزن هزاردانه (گرم)	۴۳/۷۴	۴۱/۸۶	۱۲/۵۸	۱۱/۶۶	۱۱/۹۴	۱۰/۴۹	۹۰
وزن حجمی (گرم در لیتر)	۷۵۲/۷۵	۷۰۹/۳۶	۴/۷۰	۴/۸۴	۳/۲۱	۲/۲۴	۴۶
عملکرد دانه (کیلوگرم در متر مربع)	۰/۷۱	۰/۸۷	۱۶/۶۷	۱۸/۳۸	۹/۲۹	۸/۲۰	۳۱
عملکرد بیولوژیک (کیلوگرم در متر مربع)	۲/۳۰	۲/۶۶	۱۴/۷۷	۱۴/۹۴	۸/۸۰	۹/۷۳	۳۵
شاخص برداشت (درصد)	۳۱/۷۷	۳۲/۱۹	۱۵/۴۶	۱۳/۸۸	۸/۲۸	۱۰/۷۳	۲۸
فلورسانس کمینه	۷۲/۸۱	۶۲/۸۹	۵/۹۰	۵/۷۹	۳/۷۹	۳/۸۹	۴۱
فلورسانس بیشینه	۲۶۷/۸۹	۲۶۶/۶۰	۶/۷۰	۱۶/۲۵	۳/۸۷	۱۱/۴۰	۳۳
کارایی کواتومی فتوسیستم II	۰/۷۲۵	۰/۷۵۷	۳/۹۰	۷/۸۱	۳/۰۰	۷/۲۳	۶۲

عملکرد گندم نان ارائه شده است (۲۶).

عوامل محیطی بوده و تشخیص ژنوتیپ‌ها مطلوب از لحاظ عملکرد با استفاده از صفات مزبور امکان‌پذیر است. نتایج مطالعه حاضر با گزارش مختاری‌فر و همکاران (۱۸) که در ارقام اصلاح‌شده گندم نان وراثت‌پذیری عمومی بالایی را برای بیشتر صفات اندازه‌گیری شده گزارش کردند، هماهنگی داشته است. در تمامی صفات مورد بررسی ضریب تنوع فنوتیپی بیشتر از ضریب تنوع ژنتیکی بود (جدول ۳) که نشان‌دهنده اثر محیط بر صفات است. در تمامی صفات در این مطالعه ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی برای اکثر صفات اختلاف زیادی نداشته‌اند که نشان‌دهنده تأثیر بیشتر آثار ژنتیکی بر این صفات بوده است. برآورد وراثت‌پذیری صفات در مطالعات مختلف به‌دلایل مختلفی از جمله صفت، شرایط محیطی نحوه برآورد و ارزیابی ژنوتیپ‌ها متفاوت است (۹). رستم‌خانی (۲۳) در مطالعه روی گندم دوروم در دو محیط تنش و عدم‌تنش، مقادیر بالایی از ضریب تغییرات ژنتیکی و ضریب تغییرات فنوتیپی را برای صفات مورفولوژیک

مقادیر بالای تنوع ژنتیکی برای یک صفت نشان‌دهنده امکان بهبود آن صفت در برنامه‌های اصلاحی است. میزان وراثت‌پذیری عمومی نشان‌دهنده تأثیر عوامل ژنتیکی (آثار افزایشی، غالبیت و ایستازی) روی صفات است. در محیط عاشق‌آباد بیشترین مقدار وراثت‌پذیری عمومی مربوط به صفت ارتفاع بوته با ۹۷ درصد و کمترین مقدار مربوط به عملکرد دانه با ۳۱ درصد بود. بیشترین و کمترین مقدار وراثت‌پذیری در محیط لورک به ترتیب به صفات ارتفاع بوته و تعداد سنبله در بوته با ۹۱ درصد و عملکرد دانه با ۲۰ درصد تعلق داشت (جدول ۳). با توجه به وراثت‌پذیری عمومی پایین عملکرد در دو محیط مورد بررسی، می‌توان از سایر صفات زراعی ساده‌تر از لحاظ ژنتیکی از جمله اجزای عملکرد، ارتفاع بوته و صفات فنولوژیک که وراثت‌پذیری بسیار بالایی هم داشتند در انتخاب غیرمستقیم برای افزایش عملکرد استفاده کرد. همچنین مبین این است که اثر عوامل ژنتیکی اهمیت بارزتر از

عملکرد و اجزای عملکرد مشاهده کرد.

ژنوتیپ Long Spike 6 با ۱۶۸/۲۵ روز، بیشترین و ژنوتیپ‌های Yeccara Jo و Taza با ۱۵۵ روز، کمترین تعداد روز تا خوشه‌دهی را نیاز داشتند (جدول ۴). ژنوتیپ Long Spike 6 با ۱۷۳/۵۰ روز و ژنوتیپ Wincora و Yeccara Jo با ۱۶۰/۵۰ و ۱۶۱ روز به ترتیب بیشترین و کمترین تعداد روز تا گرده‌افشانی را دارا بودند. ژنوتیپ Long Spike 6 با ۲۰۹/۵۰ روز و ژنوتیپ Yeccara Jo با ۱۹۶/۵۰ روز به ترتیب به بیشترین و کمترین تعداد روز تا رسیدگی نیاز داشتند. به طور کلی نتایج مقایسات میانگین نشان می‌دهد که ژنوتیپ Yeccara Jo دارای حداقل روز تا خوشه‌دهی، حداقل روز تا گرده‌افشانی و حداقل تعداد روز تا رسیدگی بود (جدول ۴). این ژنوتیپ به عنوان زودرس‌ترین ژنوتیپ در این مجموعه شناخته شد (جدول ۴). موندال و همکاران (۱۹) و رحمان و همکاران (۲۱) با توجه به روند افزایش دما به لحاظ تغییر اقلیم و همچنین وجود تنش دمایی در مرحله گلدهی و پرشدن دانه در گندم، به اهمیت استفاده از ارقام زودرس گندم در راستای پایداری تولید این گیاه استراتژیک تأکید داشته‌اند.

رقم روشن با ۱۳۵/۳۷ سانتی‌متر دارای بیشترین ارتفاع بوته و ارقام Wincora و Yeccara Jo به ترتیب با ارتفاع ۶۸/۹۰ و ۷۱/۷۷ سانتی‌متر دارای کمترین مقدار برای این صفت بودند (جدول ۴). پاکوتاهی به دلیل افزایش کودپذیری، عدم ورس و مقاومت به بیماری‌ها یک صفت زراعی مطلوب است (۱۲). مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها نشان داد که ژنوتیپ Winanza با ۰/۹۹ کیلوگرم در متر مربع دارای بیشترین و ژنوتیپ Blue Aleurone با ۰/۶۰ کیلوگرم در متر مربع دارای کمترین عملکرد دانه بوده‌اند (جدول ۴). به طور کلی به نظر می‌رسد از میان ژنوتیپ‌های مورد مطالعه Yeccara Jo خصوصیات زراعی مطلوبی نظیر زودرسی و ارتفاع کوتاه برخوردار بوده است؛ بنابراین می‌توان از این ژنوتیپ در برنامه‌های به‌نژادی گندم کشور استفاده کرد.

ضرایب همبستگی ساده برای تعیین نحوه ارتباط بین

عملکرد و اجزای آن و همچنین در روابط بین اجزای عملکرد استفاده می‌شود (۵). همبستگی بین صفت تعداد روز تا خوشه‌دهی با صفات روز تا گرده‌افشانی، روز تا رسیدگی و فلورسانس کمینه مثبت و معنی‌دار و با تعداد سنبله در بوته منفی و معنی‌دار بود (جدول ۵). در این مطالعه همبستگی بین صفت روز تا گرده‌افشانی با صفات تعداد روز تا رسیدگی و فلورسانس کمینه مثبت و معنی‌دار و با صفت تعداد سنبله در بوته منفی و معنی‌دار بود (جدول ۵). در این مطالعه همبستگی مثبت و معنی‌داری بین صفات تعداد سنبله در بوته، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت با صفت عملکرد دانه مشاهده شد که می‌توان در مطالعات بعدی این صفات را بیشتر مورد توجه قرار داد (جدول ۵). نادری (۲۰) در تربیتکاله و سیاه‌بیدی و همکاران (۲۵) در مطالعه گندم دوروم بین عملکرد دانه با صفات عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت همبستگی مثبت و معنی‌داری گزارش کردند.

هدف اصلی از تحلیل عاملی بررسی ساختارهای موجود در داده‌های چندمتغیره است. در این تحلیل متغیرهایی که همبستگی بالایی (چه مثبت و چه منفی) با هم دارند، احتمالاً تحت تأثیر عامل‌های یکسانی هستند (۱۱). تجزیه به عامل‌ها به روش مؤلفه‌های اصلی و چرخش وریماکس روی ۱۵ صفت در ۲۴ ژنوتیپ مورد مطالعه برای شناسایی عوامل داخلی صفات و همچنین گروه‌بندی صفات که با همدیگر همبستگی بالایی دارند، انجام شد. در تجزیه انجام شده با توجه به توجیه منطقی عامل‌ها و ریشه مشخصه بزرگ‌تر از ۱، چهار عامل مستقل از هم شناسایی و تفسیر شد (جدول ۶). در هر عامل، ضرایب عاملی بزرگ‌تر از ۵۰ درصد به عنوان عامل معنی‌دار در نظر گرفته شد. این چهار عامل در مجموع ۶۶/۴۷ درصد از تنوع موجود در مجموعه را توجیح کردند. در عامل اول صفات روز تا خوشه‌دهی، روز تا گرده‌افشانی، تعداد روز تا رسیدگی و فلورسانس کمینه ضرایب عاملی مثبت و بالایی را دارا بودند و صفت تعداد سنبله در بوته بار عاملی بالا در جهت

جدول ۴. نتایج مقایسه میانگین صفات مورد مطالعه در ۲۴ ژنوتیپ (متوسط دو محیط لورک و عاشق آباد)

کارایی کواتومی فئوسیتسم II	فئوسیتسم	فئوسیتسم کیته	شاخص برداشت	عملکرد بیلوژیک	وزن هزار دانه	وزن گرم	وزن دانه در سنبله	تعداد دانه در سنبله	تعداد دانه در بوته	سنبله در بوته	بوته متر	ارزاق متر	تعداد روز تا رسیدگی	روز تا افشانی	روز تا خوشه دهی	ژنوتیپ
۰/۸۷۰	۲۸۸/۹۱	۶۲/۶۶	۳۳/۵۹	۲/۷۴	۰/۹۲	۷۱۴/۹۲	۳۳/۹۹	۲/۳۷	۵۴/۵۰	۱۶/۲۴	۸۳/۰۶	۲۰۰	۱۶۵/۵۰	۱۶۰/۷۵	۱۶۰/۷۵	Sirvan
۰/۸۶۰	۳۶۹/۳۳	۶۲/۷۴	۳۰/۳۳	۲/۳۳	۰/۸۴	۶۹۹/۹۸	۴۵/۰۷	۳/۲۲	۷۱/۴۷	۱۱/۵۳	۹۴/۳۸	۲۰۰	۱۶۸/۸۵	۱۶۳/۵۰	۱۶۳/۵۰	Long Spike 1
۰/۸۷۲	۲۵۲	۶۸/۱۶	۲۹/۴۳	۲/۲۴	۰/۶۶	۷۰۳/۸۳	۴۶/۴۵	۳/۳۷	۷۳/۸۵	۱۱/۳۰	۸۶/۳۴	۲۰۴/۵۰	۱۶۹/۵۰	۱۶۴/۷۵	۱۶۴/۷۵	Long Spike 2
۰/۸۶۵	۲۸۲/۲۵	۶۸/۲۴	۲۹/۵۱	۲/۴۳	۰/۸۰	۷۱۹/۸۸	۴۶/۴۷	۳	۶۳/۷۵	۱۱/۷۰	۹۶/۹۷	۲۰۰/۷۵	۱۶۷/۷۵	۱۶۳/۲۵	۱۶۳/۲۵	Long Spike 3
۰/۸۵۸	۲۸۸/۷۵	۶۸/۴۱	۲۶/۳۷	۲/۷۷	۰/۸۳	۷۱۶/۹۴	۳۹/۴۲	۲/۳۵	۶۰/۱۱۷	۱۱/۳۸	۹۰/۱۰	۲۰۳	۱۶۹	۱۶۴/۲۵	۱۶۴/۲۵	Long Spike 4
۰/۸۶۶	۲۷۸/۵۰	۶۴/۵۷	۳۶/۸۳	۲/۶۰	۰/۹۴	۷۲۴/۹۷	۴۵/۰۸	۲/۳۷	۷۷/۱۵	۱۲/۸۶	۹۰/۹۶	۲۰۹	۱۷۱/۵۰	۱۶۶/۲۵	۱۶۶/۲۵	Long Spike 5
۰/۸۶۲	۲۶۸/۵۰	۶۲/۳۳	۳۰/۶۹	۲/۵۴	۰/۸۷	۷۱۷/۸۰	۴۴/۱۳	۳/۱۲	۷۰/۳۰	۱۱/۰۹	۹۰/۹۶	۲۰۹/۵۰	۱۷۳/۵۰	۱۶۸/۲۵	۱۶۸/۲۵	Long Spike 6
۰/۸۳۷	۲۵۵/۳۳	۶۶/۲۴	۳۶/۵۳	۲/۲۳	۰/۸۱	۷۴۴/۳۷	۴۴/۶۰	۲	۴۴/۹۷	۱۸/۹۳	۷۱/۸۷	۱۹۶/۵۰	۱۶۱	۱۵۵	۱۵۵	Yeccora Jo
۰/۸۶۴	۲۷۶/۲۵	۷۱/۶۲	۳۴/۴۰	۲/۲۲	۰/۸۷	۷۳۵/۸۳	۴۱/۸۲	۳/۰۵	۷۳/۳۰	۱۵/۵۷	۹۲/۴۱	۲۰۴/۲۵	۱۶۸	۱۶۳/۵	۱۶۳/۵	Siete Serros 66
۰/۸۶۹	۲۶۵/۰۸	۶۶	۳۴/۸۳	۲/۰۹	۰/۸۳	۷۴۸/۱۲	۳۷/۵۴	۱/۸۷	۵۰/۵۵	۱۶/۸۶	۷۸/۱۰	۲۰۵/۲۵	۱۶۹/۲۵	۱۶۴/۲۵	۱۶۴/۲۵	Wincal 09196
۰/۸۵۶	۲۸۸/۳۳	۷۰/۹۵	۳۶/۱۴	۲/۵۱	۰/۹۲	۷۶۴/۳۷	۳۸/۴۵	۱/۹۷	۵۱/۴۰	۱۶/۶۵	۷۹/۳۷	۲۰۵	۱۶۶/۷۵	۱۵۹/۷۵	۱۵۹/۷۵	Anza
۰/۸۶۰	۲۶۶/۶۷	۷۳/۹۱	۲۸/۵۲	۲/۵۰	۰/۸۱	۷۰۹/۶۸	۵۳/۴۴	۲/۱۰	۳۹/۲۰	۱۷/۷۱	۱۳۵/۳۷	۲۰۱/۷۵	۱۶۷/۷۵	۱۶۲/۵۰	۱۶۲/۵۰	Roshan
۰/۸۰۹	۲۳۹/۰۸	۶۷/۴۱	۲۹/۱۶	۲/۴۰	۰/۶۶	۷۳۳/۸۴	۳۳/۰۲	۲/۳۰	۶۹/۵۷	۱۴/۳۰	۸۵/۹۶	۲۰۲/۵۰	۱۶۸/۷۵	۱۶۳/۵۰	۱۶۳/۵۰	Short Siete Serros
۰/۸۶۰	۲۷۴/۴۲	۶۴/۷۴	۳۲/۲۵	۲/۹۹	۰/۹۷	۷۷۸/۲۹	۳۸/۶۳	۲/۱۰	۵۲/۴۲	۱۹/۶۵	۸۵	۲۰۳/۷۵	۱۶۶/۵۰	۱۶۱	۱۶۱	Phoenix
۰/۸۶۰	۲۶۸/۱۷	۶۷/۳۳	۳۵/۸۰	۲/۷۹	۰/۹۹	۷۸۹/۱۳	۳۹/۹۸	۲/۰۵	۵۱/۵۵	۱۹/۲۴	۸۶/۱۴	۲۰۶/۵۰	۱۶۵/۲۵	۱۶۰/۲۵	۱۶۰/۲۵	Winanza
۰/۸۵۶	۲۷۷/۹۶	۶۲/۴۹	۴۰/۷۶	۲/۱۹	۰/۸۹	۷۶۶/۸۲	۴۴/۵۰	۱/۸۷	۴۲/۲۰	۱۹/۵۰	۶۸/۹۰	۱۹۹	۱۶۰/۵۰	۱۵۵/۷۵	۱۵۵/۷۵	Wincoira
۰/۸۵۰	۲۶۸/۱۲	۶۵/۶۶	۲۶/۳۳	۲/۵۲	۰/۶۶	۷۴۷/۵۰	۴۰/۳۳	۲/۱۷	۵۹/۰۵	۱۶/۹۲	۹۷/۸۶	۲۰۰/۷۵	۱۶۸/۵۰	۱۶۳/۷۵	۱۶۳/۷۵	Lancona BYD
۰/۸۶۳	۲۷۱/۸۳	۶۸/۴۹	۳۱/۵۲	۲/۷۶	۰/۸۷	۷۰۹/۰۶	۳۹/۳۷	۲/۲۲	۵۶/۴۷	۱۷/۱۵	۹۷/۱۹	۲۰۱/۷۵	۱۶۸	۱۶۳/۷۵	۱۶۳/۷۵	Winceros
۰/۸۳۱	۲۶۹/۹۱	۷۱/۳۳	۲۴/۲۱	۲/۹۵	۰/۸۲	۶۵۱/۹۰	۴۶/۳۹	۳/۰۳	۶۶/۸۲	۱۷/۸۷	۱۱۶/۷۶	۲۰۶/۷۵	۱۶۷/۵۰	۱۶۰/۵۰	۱۶۰/۵۰	Triticale with Long Spike Taza
۰/۸۰۸	۲۵۹/۳۳	۷۴/۴۹	۳۳/۴۹	۲/۳۶	۰/۸۹	۷۰۳/۱۶	۳۶/۲۱	۱/۸	۴۹/۵۲	۱۶/۷۱	۸۹/۱۶	۱۹۹	۱۶۴	۱۵۵	۱۵۵	-Adv. line D K
۰/۸۳۸	۱۷۳/۱۷	۷۰/۱۶	۳۳/۳۳	۲/۳۳	۰/۸۱	۷۶۹/۳۰	۵۱/۱۲	۲/۹۰	۵۷/۸۲	۱۴/۸۳	۸۰/۰۹	۱۹۸/۵۰	۱۶۲/۷۵	۱۵۷	۱۵۷	Advanced Line 1
۰/۸۲۴	۲۴۹/۳۲	۶۸/۶۴	۳۳/۴۸	۲/۳۳	۰/۸۹	۷۱۴/۸۳	۵۰/۹۷	۲/۸۲	۵۵/۴۷	۱۵/۲۵	۷۹/۲۱	۲۰۴/۵۰	۱۶۸/۵۰	۱۶۱/۲۵	۱۶۱/۲۵	Ofogh
۰/۸۰۱	۲۲۸/۸۳	۶۸/۰۸	۳۱/۴۹	۲/۸۶	۰/۸۸	۷۵۵/۷۹	۳۸/۴۱	۲/۳۰	۶۰/۲۲	۱۹/۹۵	۹۵/۸۴	۲۰۳/۵۰	۱۶۷	۱۶۲/۷۵	۱۶۲/۷۵	Blue Aletrone
۰/۸۳۸	۲۵۵/۵۰	۶۵/۷۴	۲۸/۷۳	۱/۹۰	۰/۶۰	۷۳۷/۰۶	۴۱/۹۰	۱/۸۵	۴۲/۱۵	۱۶/۶۱	۱۰۹/۳۸	۱۹۸/۷۵	۱۶۲	۱۵۸/۲۵	۱۵۸/۲۵	LSD(%)
۰/۰۳	۳۸/۰۲	۶/۰۶	۷/۱۵	۰/۵۷	۰/۲۳	۵۶/۸۶	۳/۹۰	۰/۴۸	۱۰/۹۵	۲/۸۴	۵/۸۲	۳/۷۰	۳/۱۳	۲/۳۷	۲/۳۷	

جدول ۵. ضرایب همبستگی ساده بین صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های گندم نان، گندم دوروم و تریتیکاله

صفات	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱	۱۲	۱۳	۱۴	۱۵
۱- روز تا خوشه‌دهی	۱/۰۰														
۲- روز تا گرده افشانی	۰/۹۵**	۱/۰۰													
۳- تعداد روز تا رسیدگی	۰/۸۱**	۰/۸۳**	۱/۰۰												
۴- ارتفاع بوته	۰/۰۲	-۰/۰۱	-۰/۰۵	۱/۰۰											
۵- تعداد سنبله در بوته	-۰/۵۷**	-۰/۵۷**	-۰/۳۸	۰/۰۸	۱/۰۰										
۶- تعداد دانه در سنبله	۰/۲۳	۰/۲۳	۰/۱۹	۰/۰۳	-۰/۳۱	۱/۰۰									
۷- وزن دانه در سنبله	۰/۲۷	۰/۲۸	۰/۲۴	۰/۰۸	-۰/۳۸	۰/۸۴**	۱/۰۰								
۸- وزن هزار دانه	۰/۱۱	۰/۱۳	۰/۱۲	۰/۲۳	-۰/۱۶	-۰/۱۰	۰/۴۰**	۱/۰۰							
۹- وزن حجمی	۰/۲۵	۰/۲۳	۰/۲۹	-۰/۳۲	-۰/۰۲	-۰/۲۲	-۰/۶۳	۰/۰۴	۱/۰۰						
۱۰- عملکرد دانه	-۰/۳۱	۰/۳۲	-۰/۱۹	۰/۱۱	۰/۴۴**	-۰/۰۱	-۰/۰۳	-۰/۰۸	۰/۰۱	۱/۰۰					
۱۱- عملکرد بیولوژیک	-۰/۲۳	-۰/۲۱	-۰/۱۷	۰/۱۹	۰/۲۷	۰/۱۲	۰/۰۷	-۰/۱۰	-۰/۱۴	-۰/۶۹**	۱/۰۰				
۱۲- شاخص برداشت	-۰/۱۶	-۰/۲۰	-۰/۰۷	-۰/۳۵	۰/۲۹	-۰/۱۳	-۰/۱۰	-۰/۰۱	۰/۱۲	۰/۶۵**	-۰/۰۶	۱/۰۰			
۱۳- فلورسانس کمینه	۰/۴۴**	۰/۵۲**	۰/۴۳**	۰/۰۱	-۰/۱۶	-۰/۱۸	-۰/۰۵	۰/۲۰	۰/۲۵	-۰/۳۳	-۰/۲۳	-۰/۲	۱/۰۰		
۱۴- فلورسانس بیشینه	۰/۰۰۲	۰/۰۱	۰/۰۳	-۰/۰۴	-۰/۰۹	-۰/۱۵	-۰/۰۳	۰/۱۸	۰/۰۰۷	۰/۰۲	۰/۰۵	-۰/۰۴	۰/۲۸	۱/۰۰	
۱۵- کارایی کولتومی فنوسینتم II	-۰/۳۱	۰/۳۶	-۰/۲۷	-۰/۰۸	۰/۰۹	۰/۰۴	۰/۰۳	۰/۰۱	-۰/۱۷	۰/۲۸	۰/۱۶	۰/۱۹	۰/۵۷**	۰/۵۷	۱/۰۰

* و ** به ترتیب معنی داری در سطوح احتمال پنج و یک درصد

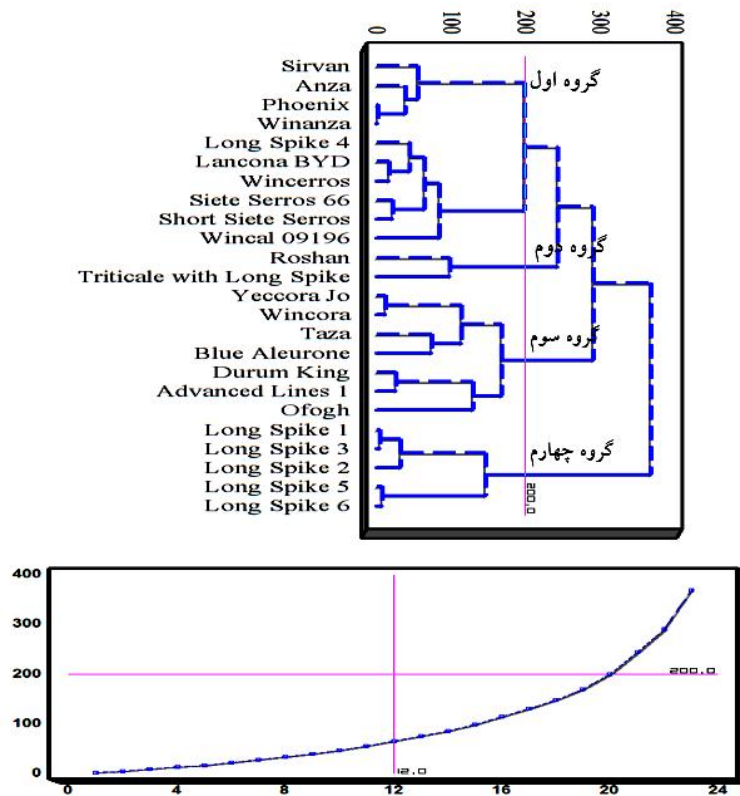
جدول ۶. بار عامل‌های اصلی و دوران‌یافته، ریشه مشخصه و واریانس‌های نسبی و تجمعی در صفات مورد مطالعه در ۲۴ ژنوتیپ مورد

مطالعه

بار عامل‌های دوران‌یافته				بار عامل‌های اصلی				صفت
چهارم	سوم	دوم	اول	چهارم	سوم	دوم	اول	
-۰/۰۲	-۰/۰۵	۰/۱۳	۰/۹۰	-۰/۰۱	۰/۲۴	-۰/۰۵	۰/۸۸	روز تا خوشه‌دهی (روز)
-۰/۰۲	-۰/۰۶	۰/۱۱	۰/۹۳	-۰/۰۰۶	۰/۲۴	-۰/۰۷	۰/۹۰	روز تا گرده‌افشانی (روز)
-۰/۰۱	۰/۱۰	۰/۰۵	۰/۸۶	۰/۰۱	۰/۳۶	-۰/۱۴	۰/۷۷	تعداد روز تا رسیدگی (روز)
۰/۰۰۸	-۰/۵۶	۰/۲۰	-۰/۱۸	-۰/۰۲	-۰/۵۱	۰/۳۴	۰/۰۴	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)
-۰/۱۸	۰/۲۶	-۰/۳۰	-۰/۶۲	-۰/۱۶	-۰/۰۲	-۰/۲۴	-۰/۷۰	تعداد سنبله در بوته
-۰/۱۵	۰/۰۴	۰/۸۶	۰/۲۱	-۰/۲۹	۰/۳۱	۰/۷۳	۰/۳۰	تعداد دانه در سنبله
۰/۱۰	-۰/۰۳	۰/۸۴	۰/۲۹	-۰/۰۳	۰/۲۷	۰/۷۵	۰/۳۹	وزن دانه در سنبله (گرم)
۰/۴۳	-۰/۲۰	۰/۰۸	۰/۱۸	۰/۴۲	-۰/۰۹	۰/۱۵	۰/۲۴	وزن هزاردانه (گرم)
-۰/۰۷	۰/۳۴	-۰/۴۶	۰/۴۱	۰/۰۱	۰/۳۱	-۰/۶۰	۰/۲۱	وزن حجمی (گرم در لیتر)
۰/۰۰۳	۰/۷۹	۰/۱۵	-۰/۳۶	-۰/۰۴	۰/۶۶	۰/۰۵	-۰/۵۸	عملکرد دانه (کیلوگرم در متر مربع)
-۰/۰۲	۰/۳۱	۰/۳۳	-۰/۳۵	-۰/۰۹	۰/۲۶	۰/۳۲	-۰/۳۹	عملکرد بیولوژیک (کیلوگرم در متر مربع)
۰/۰۰۹	۰/۷۷	-۰/۱۱	-۰/۱۱	-۰/۳۸	-۰/۲۴	۰/۶۵	۰/۰۱	شاخص برداشت (درصد)
۰/۰۹	-۰/۲۶	-۰/۳۹	۰/۶۱	۰/۱۹	-۰/۱۵	-۰/۴۲	۰/۶۰	فلورسانس کمینه
۰/۹۱	۰/۰۴	-۰/۱۲	۰/۰۴	۰/۹۲	۰/۰۶	۰/۰۲	-۰/۰۰۶	فلورسانس بیشینه
۰/۶۹	۰/۳۰	۰/۲۱	-۰/۴۰	۰/۶۱	۰/۲۴	۰/۳۴	-۰/۴۶	کارایی کوانتومی فتوسیستم II
				۱/۵۹	۱/۸۴	۲/۸۸	۴/۳۱	ریشه مشخصه
				۹/۹۶	۱۱/۵۱	۱۸/۰۳	۲۶/۹۷	واریانس نسبی
				۶۶/۴۷	۵۶/۵۱	۴۵/۰۰	۲۶/۹۷	واریانس تجمعی

مطالعه، ۵ عامل اصلی را شناسایی کردند که در مجموع ۸۰/۲۶ درصد از کل تنوع موجود در بین صفات را توجیه کرد. به‌منظور تعیین قرابت ژنوتیپ‌های مورد بررسی و گروه‌بندی آنها در ارتباط با صفات اندازه‌گیری شده از تجزیه خوشه‌ای استفاده می‌شود (۱۴). در گروه اول ۱۰ ژنوتیپ قرار گرفتند (شکل ۱). ژنوتیپ‌های این گروه از نظر صفات وزن حجمی، عملکرد دانه و فلورسانس بیشینه در بالاترین حد و از نظر صفت وزن هزاردانه در پایین‌ترین حد نسبت به سایر گروه‌ها قرار گرفتند. گروه دوم شامل ۲ ژنوتیپ بود (شکل ۱). ژنوتیپ‌های این گروه برای صفات ارتفاع بوته، تعداد سنبله در بوته، وزن هزاردانه، عملکرد بیولوژیک و فلورسانس کمینه در بالاترین حد نسبت به سایر گروه‌ها قرار گرفتند. در گروه سوم

منفی را دارا بود. این عامل طول دوره رسیدگی نامگذاری شد. در عامل دوم صفات تعداد دانه در سنبله و وزن دانه در سنبله دارای بار عاملی مثبت بودند. این عامل تحت عنوان دانه معرفی شد. بزرگ‌ترین ضرایب عاملی مثبت در عامل سوم مربوط به صفات عملکرد دانه و شاخص برداشت بود. ارتفاع بوته هم در این عامل دارای بار عاملی منفی بود. این عامل بیانگر ارتباط منفی افزایش عملکرد و شاخص برداشت با ارتفاع بوته است. این عامل، عامل عملکرد معرفی شد. در عامل چهارم صفات فلورسانس بیشینه و کارایی کوانتومی فتوسیستم II دارای بار عاملی بالا در جهت مثبت بودند این عامل عامل فتوستتزی نامگذاری شد. اهریزاده و همکاران (۲) در مطالعه خود روی گندم نان از میان ۱۴ صفت زراعی مورد



شکل ۲. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه

کایوسو (۷) برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گندم نان زمستانه از تجزیه خوشه‌ای به‌روش وارد استفاده کردند و ۳۲ ژنوتیپ مورد مطالعه خود را به چهار گروه مجزا تقسیم کردند. ارزیابی (۳) در مطالعه خود روی ژرم‌پلاس گندم دوروم، از تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی ۴۵ ژنوتیپ استفاده کرد و آنها را به ۱۷ گروه طبقه‌بندی کرد.

نتیجه‌گیری

نتایج تجزیه واریانس ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات به‌جز فلورسانس بیشینه معنی‌دار شد که نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی بالا برای صفات مورد مطالعه در این تحقیق بوده است. نتایج مقایسه میانگین‌ها نشان داد که ژنوتیپ Yeccora JO دارای حداقل روز تا خوشه‌دهی، روز تا گرده‌افشانی و تعداد روز تا رسیدگی است و به‌عنوان زودرس‌ترین ژنوتیپ در این

ژنوتیپ قرار گرفتند (شکل ۲). صفات روز تا خوشه‌دهی، روز تا گرده‌افشانی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، عملکرد بیولوژیک، فلورسانس بیشینه و کارایی کوانتومی فتوسینتزم II در پایین‌ترین حد و از نظر صفت شاخص برداشت در بالاترین حد نسبت به ژنوتیپ‌های سایر گروه‌ها قرار گرفتند. از خصوصیات مطلوب این گروه زودرسی و ارتفاع کوتاه بوته بود؛ بنابراین می‌توان از ژنوتیپ‌های این گروه در برنامه‌های به‌نژادی برای کاهش طول دوره رسیدگی استفاده کرد. همچنین می‌توان از این ژنوتیپ‌ها برای ایجاد ژنوتیپ‌های پاکوتاه که مقاوم به ورس هستند نیز استفاده کرد. گروه چهارم شامل ۵ ژنوتیپ بود (شکل ۲). ژنوتیپ‌های این گروه طول دوره رشدی بالاتری نسبت به ژنوتیپ‌های سایر گروه‌ها داشتند. همچنین از نظر صفات تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله و کارایی کوانتومی فتوسینتزم II در بالاترین حد قرار گرفتند. دشو و

مجموع ۶۶/۴۷ درصد از تنوع موجود در مجموعه را توجیه کردند. این عامل‌ها به ترتیب تحت عنوان طول دوره رسیدگی، دانه، عملکرد و فتوستتوز معرفی شدند. برای انتخاب والدین در برنامه‌های اصلاحی از تجزیه خوشه‌ای استفاده شد و ۲۴ ژنوتیپ مورد بررسی را به چهار گروه تقسیم کرد. گروه اول تا چهارم به ترتیب شامل ۱۰، ۲، ۷ و ۵ ژنوتیپ بودند که از خصوصیات مطلوب گروه سوم زودرسی و ارتفاع کوتاه بوته بود؛ بنابراین می‌توان از ژنوتیپ‌های این گروه در برنامه‌های به‌نژادی برای کاهش طول دوره رسیدگی و ایجاد ژنوتیپ‌های پاکوتاه مقاوم به ورس استفاده کرد.

مجموعه شناخته شده است. ژنوتیپ Wincora و Yeccora JO دارای کمترین ارتفاع بوته بودند. مقادیر بالای وراثت‌پذیری عمومی برای اکثر صفات مورد مطالعه نشان‌دهنده نقش قابل توجه اثرات ژنتیکی در کنترل این صفات است. نتایج حاصل از ضریب همبستگی نشان داد که بین عملکرد دانه با صفات تعداد سنبله در بوته، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت همبستگی مثبت و معنی‌دار وجود دارد. با توجه به اینکه تعداد سنبله در واحد بوته به‌عنوان یکی از اجزای عملکرد از وراثت‌پذیری بالایی برخوردار است می‌توان به‌جای انتخاب برای عملکرد مورد استفاده قرار داد. تجزیه به عامل‌ها روی ۱۶ صفت در ۲۴ ژنوتیپ موجب شناسایی چهار عامل مستقل از هم شد که در

منابع مورد استفاده

1. Abdipour, M., M. Ebrahimi, A. Izadi-Darbandi, A. M. Mastrangelo, G. Najafian, Y. Arshad and G. Mirniyam. 2016. Association between grain size and shape and quality traits, and path analysis of thousand grain weight in Iranian bread wheat landraces from different geographic regions. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca* 44: 228-236.
2. Aharizad, S., M. Sabzi, S. A. Mohammadi and E. Khodadadi. 2012. Multivariate analysis of genetic diversity in wheat (*Triticum aestivum* L.) recombinant inbred lines using agronomic traits. *Annals of Biological Research* 3: 2118-2126.
3. Arzani, A. 2002. Grain yield performance of durum wheat germplasm under Iranian dryland and irrigated field conditions. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics* 34: 9-18.
4. Arzani, A. and M. Ashraf. 2017. Cultivated ancient wheats (*Triticum* spp.): A potential source of health-beneficial food products. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety* 16: 477-488.
5. Bensalah, H., H. Ibtissem and M. Brahim. 2001. Comparison of yield components and oil content of selected safflower accessions in Tunisia. Paper presented at the Fifth International safflower Conference. USA.
6. Bhushan, B., S. Bharti, A. Ojha, M. Pandey, S. S. Gourav, B. S. Tyagi and G. Singh. 2013. Genetic variability, correlation coefficient and path analysis of some quantitative traits in bread wheat. *Journal of Wheat Research* 5: 21-26.
7. Desheva, G. and B. Kyosev. 2015. Genetic diversity assessment of common winter wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. *Emirates Journal of Food and Agriculture* 27: 283-290.
8. Dogan, R. and E. Senyigit. 2016. Correlation and Path Coefficient Analysis of Yield and Yield Components in Hexaploid Triticale (*X Triticosecale* Wittmack) Genotypes under Mediterranean Conditions. *Journal of Biodiversity and Environmental Sciences* 10: 21-27.
9. Falconer, D. S. and T. F. C. Mackay. 1996. Introduction to Quantitative Genetics, 4th ed, Longmans Green, Harlow, Essex, UK.
10. Grabovets, A. 1999. Triticale of Russia / Sbornik materialov sekcii tritikale RASHN: collection of materials of the triticale section of the Russian Academy of Agrarian Sciences (8-9 July, 1999). - Rostov-on-Don.
11. Grafius, J. E. 1978. Multiple characters and correlated response. *Crop Science* 18: 931-934.
12. Heydari M., A. A. Shahnejat Bushehri, S. A. Peyghambari and V. Mohammadi. 2014. Detect of dwarf genes in commercial cultivars of bread wheat in Iran. *Modern Genetics Journal* 10: 359-366. (In Farsi).
13. Ijaz, S. and I. Khan. 2009. Molecular characterization of wheat germplasm using microsatellite markers. *Genetics and Molecular Research* 8: 809-815
14. Jobson J. D. 1992. Applied multivariate data analysis. Volume II: Categorical and multivariate methods (Springer texts in statistics). New York.
15. Kavyani, R., M. A. Sarbarze, M. R. Bihanta and M. Mohammadi. 2014. Genetic diversity and factor analysis for

- agronomical and morphological traits in durum wheat landraces. *Seed and Plant Improvement Journal* 29(4): 673-691. (In Farsi).
16. Marinoni, D., A. Akkarak, G. Bounous, K. J. Edwards and R. Botta. 2003. Development and characterization of microsatellite markers in *Castanea sativa* (Mill). *Molecular Breeding* 11: 127-136.
 17. Mohammadi, S. and B. Prasanna. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants salient statistical tools and considerations. *Crop Science* 43: 1235-1248.
 18. Mokhtarifar, K., R. Abdolshahi and S. H. Poursaeidi. 2015. Evaluation of heritability and combining ability and some related traits in bread wheat using semi-diallel analysis. *Journal of Plant Productions* 39: 11-26. (In Farsi).
 19. Mondal, S., A. K. Joshi, J. Huerta-Espino and R. P. Singh. 2015. Early maturity in wheat for adaptation to high temperature stress. PP. 239-252. In: Ogihara, Y., et al. (Eds.), *Advances in Wheat Genetics*. Springer.
 20. Naderi, A. 2016. Genetic analysis of grain yield, grain yield components and some phenological traits of triticale genotypes. *Plant Production* 39(3): 1-14. (In Farsi).
 21. Rahman, M. A., J. Chikushi, S. Yoshida and A. J. M. S. Karim. 2009. Growth and yield components of wheat genotypes exposed to high temperature stress under control environment. *Bangladesh Journal of Agricultural Research* 34: 364-372.
 22. Rejesus, M., M. Van Ginkel and M. Smale. 1996. *Wheat Breeders Perspectives of Genetic Diversity and Germplasm Use Wheat Special Report 4*. Mexico D. F. CIMMYT. Mexico.
 23. Rostamkhani, F. 2013. Genetic and morphological variation of some wheat varieties with different ploidy level under drought stress. MSc Thesis. Isfahan University of Technology. Isfahan, Iran.
 24. Sapirstein, H., P. David, K. Preston and J. Dexter. 2007. Durum wheat breadmaking quality: Effects of gluten strength, protein composition, semolina particle size and fermentation time. *Journal of Cereal Science* 45: 150-161.
 25. Siahbidi, M. M. P., A. P. Aboughadareh, G. R. Tahmasebi, M. Teymoori and M. Jasemi. 2013. Evaluation of genetic diversity and interrelationships of agro-morphological characters in durum wheat (*Triticum durum* Desf.) lines using multivariate analysis. *International Journal of Agriculture* 3 :184-194.
 26. Würschum, T., W. L. Leiser, S. M. Langer, M. R. Tucker and C. F. H. Longin. 2018. Phenotypic and genetic analysis of spike and kernel characteristics in wheat reveals long-term genetic trends of grain yield components. *Theoretical and Applied Genetics* 131: 2071-2084.

Evaluation of Genetic Diversity of Agronomic and Physiological Traits in Wheat under Two Field Environments

H. Alipour¹, A. Arzani^{2*}, M. Nikbakht¹ and A. Rabbani¹

(Received: May 25-2019; Accepted: December 11-2019)

Abstract

This study was conducted to investigate the genetic diversity of bread wheat, durum wheat and triticale using agronomic and physiological traits. Genetic diversity of 24 genotypes was evaluated in 2 locations (Research Farm of College of Agriculture, Isfahan University of Technology, located at Lavark, Najaf-Abad and Asheghabad farm), Isfahan, Iran, using a randomized complete block design with two replications in each location during 2016-2017. In this study 20 bread wheat, 2 durum wheat and 2 triticale genotypes were examined. Results of analysis of variance showed that the effect of genotype for all traits, except for maximum fluorescence, was significant. In the studied traits, phenotypic and genetic variation coefficients did not considerably differ for most of the traits, indicating the prominent genetic effects on these traits. The correlation coefficients showed that there is a positive and significant correlation between grain yield with number of spike per plant, biological yield and harvest index. Factor analysis revealed four hidden factors that justified a total of 66.47 percent of the variation in the experimental materials. These factors were introduced as maturity period, grain, yield and photosynthesis, respectively. The cluster analysis of genotypes based on the studied traits divided the genotypes into four groups, some of which have desirable traits and are relevant for the breeding program.

Keywords: Diversity, Genotype, Morphological traits, Yield

1, 2. Former MSc Students and Professor, Respectively, Department of Agronomy and Plant Breeding, College of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran.

*: Corresponding Author, Email: a_arzani@iut.ac.ir