مجله علمی-پژوهشی

علوم کشاورزی

سال سیزدهم، شماره (۲) ۱۳۸۶

Archive of SID

تعیین روابط ژنتیکی لاین‌های گندم دوروم با استفاده از تجزیه کلاستر و شناسایی صفات مهم مرفولوژیک هرگروه*

ورهرام رشیدی[1]

عضو هیأت علمی دانشگاه آزاد اسلامی تبریز

اسلام مجیدی

استاد پژوهش موسسه بیوتکنولوژی کشاورزی-کرج

سیدابوالقاسم محمدی

استادیار دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز

محمد مقدم واحد

استاد دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز

چکیده

به منظور تعیین روابط ژنتیکی ۶۴ ژنوتیپ گندم دوروم شامل ۵۸ ژنوتیپ غیر بومی و ۶ ژنوتیپ بومی، آزمایشی در قالب طرح لاتیس ساده طی دو سال زراعی ۸۳-۱۳۸۱ در تبریز اجرا گردید. صفات مورد بررسی عبارت بودند از: زمان سبز کردن، زمان ظهور سنبله، سطح برگ پرچم، ارتفاع بوته، طول دم خوشه، تعداد گره‌ها، فاصله میان گره‌ها، طول سنبله، تعداد پنجه‌های بارور، عملکرد بیولوژیک، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه، عملکرد دانه و شاخص برداشت. نتایج حاصل از تجزیه مرکب داده‌ها نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد مطالعه تفاوت معنی‌دار وجود داشت، که حاکی از وجود تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی بود. جهت تعیین روابط ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه تجزیه خوشه ای به روش Ward انجام و ژنوتیپ‌های مورد بررسی به پنج گروه تقسیم شدند. همه ژنوتیپ‌های بومی در یک گروه قرار گرفتند و بقیه ژنوتیپ‌ها به چهار گروه منتسب شدند، که نشانگر قرابت ژنتیکی لاین‌های بومی با همدیگر و فاصله ژنتیکی آنها با لاین‌های غیر بومی بود. برخی از گروه‌ها برای بعضی از صفات. ارزش بالاتر از میانگین داشتند که می توان از ژنوتیپ‌های آن گروه برای بالا بردن ارزش آن صفت در دورگ گیری‌های احتمالی استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: ژنتیکی،گندم دوروم، تجزیه خوشه‌ای روابط.

مقدمه

گندم. اولین غله و مهمترین گیاه زراعی دنیا است. از گندم برای تهیه نان، محصولات شیرینی‌پزی (انواع کیک، انواع کوکی، نان خشک یا سوخاری و انواع بیسکویت)، نان بدون خمیرمایه، سمولینا[2]، ماکارونی، بلغور و غلات صبحانه‌ای، دکستروز، الکل، خمیر کاغذ و ... استفاده می‌گردد. سازگاری گندم با شرایط مختلف آب و هوایی و خاک ، تنوع محصولات و کیفیت انباری گندم ، موجب

* این مقاله بخشی از رساله دکتری نگارنده اول در گروه تخصصی اصلاح نباتات دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات تهران می‌باشد.

1. rashidi_v@yahoo.com

2. Semolina

تاریخ دریافت مقاله ۸۴/۸/۲۲ تاریخ دریافت نسخه نهایی ۸۴/۱۰/۲۵

www.SID.ir

Archive of SID

شده که این گیاه غذای اصلی بیش از یک سوم مردم جهان باشد. منشاء گندم جنوب غربی آسیا (خاورمیانه) بوده و از ۱۰۰۰۰ سال قبل کشت شده است. به طوری که گونه‌های وحشی و خویشاوند گندم هنوز در لبنان، سوریه، شمال فلسطین اشغالی، عراق، ایران و شرق ترکیه رشد می‌کنند(۱).

اسپاگنولیتی و کوالست (۱۶) بیش از ۳۰۰۰ نمونه گندم دوروم را که از ۲۶ کشور دنیا جمع آوری شده بود جهت تعیین تنوع جغرافیائی صفات سنبله مورد بررسی قرار دادند. طول ریشک، طول سنبله، نسبت طول ریشک به طول سنبله، تعداد سنبلچه ، تراکم سنبله، تعداد دانه در سنبله و میانگین وزن دانه صفات مورد بررسی بودند در تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مربوط به ۲۶ کشور جهان، به ۵ گروه تقسیم گردیدند. این گروه بندی نشان داد که تنوع ژنوتیپ‌های مورد مطالعه الگوپذیری کاملی از پراکندگی جغرافیائی ندارد، هرچند که در گروه ۳، کشورهائی قرار گرفته بودند که یکی از مراکز تنوع گندم را تشکیل می‌دادند. همچنین قرارگرفتن کشورهای شمال آفریقا با کشورهای جنوب اروپا در یک گروه دور از انتظار نبود. نتایج این تحقیق نشان داد که در صورت مشخص بودن مبداء دقیق نمونه‌های مورد ارزیابی می‌توان انتظار داشت که تنوع جغرافیایی با تنوع ژنتیکی مطابقت داشته باشد. آنان بطور کلی عدم الگوپذیری تنوع موجود از تنوع جغرافیایی را دلیل مهاجرت ژنی و مبادلات ژرم پلاسم بین کشورها دانستند.

پاتاک و نما (۱۲) به منظور بررسی تنوع ژنتیکی ارقام گندم نان و دوروم بومی هندوستان با اندازه‌گیری هشت صفت ارتفاع بوته، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد پنجه های بارور، طول سنبله، زمان ظهور سنبله، وزن صد دانه، وزن دانه در سنبله و عملکرد بوته برروی ۲۵ نمونه گندم بومی (۲۰ نمونه گندم نان و ۵ نمونه گندم دوروم) نتیجه گرفتند که بین گندم‌های بومی تنوع زیادی برای عملکرد و اجزای آن وجود دارد.

سالار (۴) در گروه بندی ۵۰۰ رقم گندم دوروم موجود در کلکسیون گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی کرج از صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، طول ریشک، طول دمگل، تاریخ ۵۰٪ گلدهی، تعداد گرههای سنبله، فاصله میانگره‌های سنبله، نسبت طول ریشک به طول سنبله و وزن هزاردانه استفاده کرد. تجزیه خوشه‌ای داده ها مناطق جغرافیایی را به ۴ خوشه، شهرستانهای ایران را به ۵ خوشه و ارقام بومی را به ۳ خوشه تقسیم کرد. محاسبه ضرایب تغییرات صفات برای مناطق نشان داد که تنوع خوبی در بین گندم‌های دوروم ایران وجود دارد.

شفاءالدین بنادکی (۵) بمنظور بررسی تنوع ژنتیکی و جغرافیایی گندم‌های بومی مناطق مرکزی ایران، ۱۰۹۶ نمونه از توده‌های بومی گندم موجود در بانک ژن دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران را از روش تجزیه خوشه‌ای شهرهای مورد مطالعه به ۹ خوشه تقسیم شدند. او نتیجه گرفت که تنوع ژنتیکی تبعیت قابل قبولی از تنوع بررسی کرد. صفات مورد بررسی در این مطالعه تاریخ تا ۵۰٪ گل دهی، ارتفاع بوته، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه، طول سنبله و تعداد دانه در سنبله بودند. با استفاده جغرافیایی دارد.

نوری(۷) بمنظور تعیین تنوع ژنتیکی و جغرافیایی گندم‌های بومی غرب ایران تعداد ۱۲۵۷ نمونه موجود در کلکسیون غلات گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران را بررسی کرد. صفات مورد اندازه‌گیری شامل تاریخ تا۵۰٪ سنبله دهی، تاریخ تا ۵۰٪ گلدهی، ارتفاع بوته، طول سنبله، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه، عملکرد کاه وکلش، شاخص برداشت، وزن هزاردانه، تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد دانه در سنبله بودند. نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های مناطق مختلف مورد مطالعه از نظر کلیه صفات در سطح ۱٪ اختلاف معنی‌دار داشتند. همچنین با استفاده از روش تجزیه خوشه‌ای، مناطق مورد مطالعه به ۶ گروه تقسیم شدند. در این مطالعه مطابقت خوبی بین تنوع ژنتیکی و تنوع جغرافیایی مشاهده شد.

تنوع ژنتیکی موجود در منابع ژنتیک‌گیاهی یک کشور بایستی در جهت توسعه ارقام اصلاح شده سازگار به عوامل محیطی گردد بدین منظور استفاده از ژنوتیپ‌هاو توده‌های محلی به عنوان منبع با ارزشی از آل‌ها و ترکیبات چند ژنی مناسب برای محیط‌های خاص آن کشورمورد توجه می‌باشد (۸).

هدف این تحقیق تعیین روابط ژنتیکی و گروه بندی ژنوتیپ‌های گندم دوروم با استفاده از صفات زراعی و مورفولوژیک بود.

www.SID.ir

Archive of SID

مواد و روش‌ها

مواد آزمایشی

بذور ۵۸ لاین گندم دوروم از مواد سیمیت[1] به همراه شش لاین گندم بهاره بومی آذربایجان شرقی بنام یازلیق تهیه گردید. جهت سهولت کار در طول اجرای مراحل آزمایش و محاسبات مربوطه، هر کدام از لاین‌ها و ژنوتیپ‌ها با یک شماره کدگذاری شدند (جدول ۱).

آزمایشهای مزرعه‌ای

آزمایش در دو سال زراعی ۸۲-۸۱ و ۸۳-۸۲ در ایستگاه کشاورزی دانشگاه آزاد اسلامی تبریز واقع در اراضی نعمت‌آباد باسمنج در ۱۵ کیلومتری شرق تبریز(ارتفاع از سطح دریا ۱۳۶۴ متر، طول جغرافیایی ۱۷و۴۶ درجه سانتی‌گراد و عرض جغرافیایی ۵و۳۸ درجه سانتی‌گراد) اجرا شد.

طرح آزمایشی مورد استفاده لاتیس ساده (۸×۸) با دو تکرار بود به طوری که هر تکرار شامل ۸ بلوک ناقص و هر بلوک ناقص از ۸ واحد آزمایشی (کرت) تشکیل می‌شد. هر واحد آزمایشی متشکل از ۲ خط کاشت به طول ۱۰۰ سانتی‌متر، فواصل خطوط ۲۰ سانتی‌متر با تراکم ۲۰ بذر در هر خط و با فاصله بذری ۵ سانتی‌متر روی خطوط کاشت، در نظر گرفته شد. در ابتدا و انتهای هربلوک ناقص یک خط به عنوان حاشیه کشت گردید. فاصله هر بلوک ناقص با بلوک ناقص مجاور ۱ متر و فاصله دو تکرار از یکدیگر ۱/۵ متر منظور شد. قبل از کاشت، بذور با قارچ کش بنومیل بمنظور مبارزه با امراض قارچی آغشته شدند، همچنین قبل از کاشت به میزان ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار کود فسفات آمونیوم در قطعات آزمایشی بطور یکنواخت بخش گردید.

کاشت در سال زراعی اول و دوم در اوایل اردیبهشت ماه با توجه به شرایط آب و هوائی انجام شد و پس از اتمام کاشت در هر دو سال بعلت مواجه بودن با بارندگی ملایم و کافی، از آبیاری پس از کاشت اجتناب گردید. آبیاری متناسب با روند رشد، فنولوژی گیاه و شرایط آب و هوایی منطقه به طور یکسان برای کلیهٔ تیمارها انجام گرفت. در اوایل تیرماه قبل از مرحله سنبله رفتن، به میزان ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار، اوره به صورت کود سرک و به طور یکنواخت در سطح قطعات آزمایشی پخش گردید. مبارزه با علف‌های هرز به روش فیزیکی (توسط دست) در چند مرحله انجام گرفت. عملیات برداشت در هفته آخر مرداد ماه هر سال به مدت ۴ روز انجام شد.

صفات مورد مطالعه و روشهای اندازه‌گیری

صفات مورد بررسی عبارت بودند از : تاریخ سبز کردن، تاریخ ظهورسنبله، مقاومت روزنه‌ای، دمای برگ، مساحت برگ پرچم، ارتفاع بوته، طول پدانکل،تعدادگرهها،فاصله میان گره‌ها،طول سنبله، تعدادپنجه بارور، عملکرد بیولوژیک،تعداددانه در سنبله، وزن ۱۰۰۰ دانه،عملکرد دانه و شاخص برداشت.

کلیه یادداشت برداری‌های روی تک بوته‌های انتخابی از ۱۰٪ تیمارها در مزرعه و از بوته‌های رقابت کننده و تیپیک (بوته‌هایی که نماینده واقعی تیمار در هر واحد آزمایشی می‌باشند) انجام گرفت. از بوته‌های ابتدا و انتهای خطوط کشت هر واحد آزمایشی و همچنین از خطوط اول و آخر بلوک‌های ناقص که بعنوان کشت گردیده بودند، یادداشت برداری نشد.

صفات مورد مطالعه در این تحقیق بشرح زیر مورد اندازه‌گیری قرار گرفتند:

۱) **تاریخ سبز کردن:** شاخص تعیین تاریخ سبز کردن، زمانی در نظر گرفته شد که ۵۰٪ بذر کاشته شده در هر واحد آزمایشی جوانه زده و سر از خاک بیرون آورده بودند.بنابراین تعداد روز از تاریخ کاشت تا تاریخ سبز کردن برای هر تیمار یادداشت شد.

1. CYMMYT

www.SID.ir

Archive of SID

۲) **تاریخ ظهور سنبله:** زمانی که ۵۰٪ سنبله‌های هر واحد آزمایشی ظاهر شدند،بر حسب تعداد روز از زمان سبز کردن تا ظهور سنبله تعیین و ثبت گردید.

۳) **مساحت برگ پرچم**[1]: برای تعیین مساحت برگ پرچم از دستگاه تعیین کننده مساحت برگ پرچم (Leaf area meter) استفاده شد. این دستگاه مساحت برگ را برحسب mm^2 اندازه‌گیری می‌کند، که برای تمامی تیمارها این اندازه‌گیری انجام و پس از تبدیل به cm^2یادداشت گردید.

۴) **ارتفاع بوته:** این صفت از محل طوقه درسطح خاک تا نوک سنبله ساقه اصلی، بدون در نظرگرفتن ریشک‌ها و برحسب سانتی‌متر اندازه‌گیری و برای هر تیمار یادداشت شد.

۵) **طول دم سنبله** [2]: برای اندازه‌گیری این صفت از محل بالاترین گره ساقه تا قائده سنبله ساقه اصلی هر تیمار برحسب سانتی‌متر اندازه‌گیری وثبت شد.

۶) **تعداد گره‌ها:** در طول ساقه اصلی هر تیمار تعداد گره‌های موجود شمارش و میانگین آنها برای تیمارها یادداشت گردید.

۷) **فاصله میان گره‌ها:** برای اندازه‌گیری طول میان گره‌ها درهر تیمار، فاصله بالاترین گره ساقه اصلی در گره پایینی آن برحسب سانتی‌متر اندازه‌گیری شد.

۸) **طول سنبله:** از محل قائده سنبله تا نوک سنبله ساقه اصلی برحسب سانتی‌متر و بدون در نظرگرفتن ریشک‌ها اندازه‌گیری گردید.

۹) **تعداد پنجه بارور:** تعداد ساقه‌های منتهی به سنبله درهر بوته شمارش و به عنوان تعداد پنجه بارور یادداشت شد.

۱۰) **عملکرد بیولوژیک:** وزن بخش هوایی هر تیمار پس از برداشت محصول توزین و برحسب گرم ثبت گردید.

۱۱) **تعداد دانه در سنبله:** تعداد دانه‌های موجود در سنبله اصلی هر بوته برای تیمارها شمارش گردید.

۱۲) **وزن هزاردانه:** با انتخاب تصادفی ۱۰۰ عدد بذر از بذور برداشت شده هر تیمار و توزین آن بوسیله ترازوی حساس، وزن صد دانه برحسب گرم بدست آمد و سپس به وزن هزاردانه تبدیل شد.

۱۳) **عملکرد دانه:** پس از کوبیدن محصول برداشت شده از هر واحد آزمایشی، عملکرد دانه هر تیمار بوسیله ترازوی حساس توزین و برحسب گرم یادداشت گردید.

۱۴) **شاخص برداشت:** پس از اندازه‌گیری عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه برای هر تیمار، شاخص برداشت از طریق رابطه زیر تعیین و برای هر تیمار یادداشت شد.

$$HI=GY/BM\times100$$

که در رابطه فوق:

HI= شاخص برداشت (برحسب درصد)

GY= عملکرددانه

BM= عملکرد بیولوژیک می‌باشد.

تجزیه آماری

تجزیه واریانس داده‌ها بر اساس مدل آماری طرح لاتیس انجام شد. برای گروه بندی ژنوتیپ‌ها از تجزیه خوشه‌ای حداقل واریانس Ward بر اساس توان دوم فاصله اقلیدسی به منظور جداسازی بهتر گروه‌ها استفاده گردید. پس از گروه‌بندی درصد انحراف میانگین گروه‌ها میانگین کل، میانگین صفات ژنوتیپ‌های هر گروه محاسبه شد و سپس اختلاف آن نسبت به میانگین کل جامعه، برحسب درصد اندازه‌گیری، برآورد گردید. تجزیه خوشه ای با استفاده از نرم‌افزار آماری SPSS انجام شد.

1. Flag leaf area
2. Peduncle length

www.SID.ir

Archive of SID

تجزیه واریانس با در نظر گرفتن گروه‌ها بعنوان تیمار و ژنوتیپ‌های درون هر گروه بعنوان تکرارهای آن گروه جهت مشخص کردن تعداد مطلوب گروه در نقاط مختلف برش دندروگرام انجام شد. تجزیه تابع تشخیص نیز جهت تعیین تعداد مناسب گروه در تجزیه خوشه‌ای انجام گردید.

جدول ۱- شماره ژنوتیپ و لاین‌های انتخابی گندم‌های دوروم از مواد سیمیت و لاین‌های بومی یازلیق مورد استفاده در آزمایش

شماره	تعداد لاین انتخابی	نام ژنوتیپ یا لاین
۱	۱	MUSK
۲	۱	CIENTA
۳	۱	GOLONDRINO
۴و۳۳	۲	ARAMIDES
۵و۶	۲	MOUE/4/USDA.
۷	۱	HUI/CIT/CH
۸	۱	CANTORI
۹	۱	STELLERI
۱۰	۱	D72114/EDM.
۱۱	۱	SKARV
۱۲	۱	ARTICO
۱۳و۱۴و۱۵و۳۴	۴	SILVER
۱۶	۱	H567.71/CIT.
۱۷	۱	MRB589-16
۱۸و۲۴	۲	EUPODA
۱۹	۱	IILOCA
۲۰	۱	PORRON
۲۱	۱	WIZZA
۲۲و۲۳	۲	LUND
۲۵و۲۶و۲۹و۳۰و۴۰	۵	SHAG
۲۷	۱	ODIN
۲۸	۱	FOSKAL
۳۱	۱	AWALBIT
۳۲	۱	V.103.INTA
۳۵	۱	T.TURGIDUMIC
۳۶	۱	CASTRONOEVO
۳۷	۱	BONAERENSEVALVERDE
۳۸	۱	BUCKCRISTAL
۳۹	۱	KLUUT
۴۱	۱	ROLETTE
۴۲	۱	ALAS
۴۳و۴۴	۲	E9OO
۴۵	۱	SERRATOR
۴۶	۱	TRDUCK
۴۷	۱	BYE/TACE/.
۴۸	۱	CFN/LON/DURUMDWARF.

www.SID.ir

Archive of SID

شماره	تعداد لاین انتخابی	نام ژنوتیپ یا لاین
۴۹	۱	LEE/KL.
۵۰	۱	CANOCO
۵۱	۱	CRA/PLC
۵۲	۱	MQVE/MEXI.
۵۳	۱	CNDO/YAV.
۵۴	۱	MEDIUM/KIF.
۵۵	۱	PLC/RD.
۵۶و۵۷	۲	ARAOS
۵۸	۱	EGE/RUFF.
۵۹و۶۰و۶۱و۶۲و۶۳و۶۴	۶	یازلیق

نتایج و بحث

تجزیه و اریانس مرکب صفات مورد بررسی برای دو سال آزمایش

تجزیه مرکب داده‌های دو سال (جداول ۲ و۳) نشان داد که بین ژنوتیپ ها از نظر اکثر صفات (مدت زمان سبز کردن، مدت زمان ظهور سنبله، مساحت برگ پرچم، ارتفاع بوته، طول پدانکل، تعداد گره‌ها، فاصله میان گره‌ها، طول سنبله، تعداد پنجه‌های بارور، عملکرد بیولوژیک، وزن هزار دانه، عملکرد دانه و شاخص برداشت) اختلاف معنی‌دار وجود داشت. بسیاری از پژوهشگران از جمله پویاکووا و بلوم (۱۳)، پاتاک و نما (۱۲)، یلماز وطاهر (۱۷)، جرادت (۱۰)، نوری (۷)، رشیدی (۲)، زرین‌آبادی و احسان‌زاده (۳)، جدینسکی (۱۱) و گارسیا دل مورال و همکارانش (۹) نیز تنوع ژنتیکی قابل توجهی را در مورد ژنوتیپ‌های گندم مورد مطالعه خود بدست آوردند که بیانگر غنای ژنی موجود در ژرم پلاسم گندم می‌باشد و این مسئله از ارزش بالقوهٔ بالائی در برنامه‌های اصلاحی گندم برخوردار است.از نظر صفت مساحت برگ پرچم اختلاف معنی دار بین ژنوتیپ ها در تجزیه مرکب مشاهده نشد.

گروه بندی ژنوتیپ های مورد مطالعه

جهت تعیین روابط ژنتیکی ژنوتیپ‌های مورد بررسی بر اساس صفات مورفولوژیک از تجزیه خوشه‌ای بر مبنای توان دوم فاصله اقلیدسی استفاده شد.

براساس نتایج حاصل (شکل ۱) ۶۴ ژنوتیپ مورد مطالعه به ۵ گروه تقسیم گردیدند. تجزیه واریانس چند متغیره برای خوشه‌ها (جدول ۵) و دیاگرام میانگین هر گروه (شکل۲) نشان دهنده درستی گروه بندی بود همچنین تجزیه تابع تشخیص نیز صحت گروه بندی ژنوتیپ ها به ۵ گروه را مورد تایید قرار داد(شکل۳).

برای مشخص نمودن میزان تأثیر هر یک از صفات مورد بررسی در تمایز کلاس ژنوتیپ‌ها، میانگین هر صفت و درصد انحراف از میانگین کل برای همان صفت، در هر یک از گروهها محاسبه گردید. نتایج حاصله در جدول ۴ ارائه شده است.انحراف از میانگین کل برای هر صفت در هر یک از گروهها تا حدودی می‌تواند نشانگر تنوع ژنوتیپ‌ها در این بررسی باشد. اگر میانگین یک صفت در یک گروه، از میانگین کل آن صفت بالاتر باشد، آن گروه از نظر ارزش بیشتر از متوسط ژنوتیپ‌ها خواهد بود.

با توجه به جدول ۴ نتایج حاصل از تجزیه خوشه ای به شرح زیر ارائه می‌گردد:

گروه اول: در این گروه ۲۷ ژنوتیپ قرا گرفته‌اند که همگی آنها از ژنوتیپ‌های غیربومی می‌باشند. این گروه برای صفات شاخص برداشت، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه از میانگین بالاتری نسبت به میانگین کل ژنوتیپ‌ها برخوردار است ولی برای سایر صفات کمتر از میانگین کل می‌باشند. از ویژگیهای این گروه دارا بودن ارزش نسبتاً بالا برای شاخص برداشت است. بنابراین برای بالا بردن شاخص برداشت می‌توان ژنوتیپ‌های خوبی از این گروه را بعنوان والد جهت دورگ‌گیری انتخاب نمود.

www.SID.ir

Archive of SID

گروه دوم: این گروه مشتمل بر ۲۸ ژنوتیپ از ژنوتیپ‌های غیربومی است و برای صفات مساحت برگ پرچم، عملکرد بیولوژیک، وزن هزار دانه، زمان ظهور سنبله، تعداد دانه در سنبله تعداد پنجه بارور طول دم خوشه و زمان سبز کردن از میانگین بالاتر از میانگین کل ژنوتیپ‌ها برخوردار است بنابراین می‌توان از ژنوتیپ‌های این گروه در ارتباط با صفات فوق و برای اهداف گوناگون استفاده کرد.

گروه سوم: شامل فقط ۲ ژنوتیپ از ژنوتیپ‌های غیربومی است. از ویژگیهای مهم این گروه داشتن ارزش بسیار بالاتر برای صفاتی مانند طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، عملکرد دانه و شاخص برداشت می‌باشد که می‌توان برای بالا بردن ارزش صفات فوق در دورگ‌گیری ها، والدین مطلوب از این گروه گزینش نمود. این گروه نزدیکترین گروه به گروه چهارم (که اکثر ژنوتیپ‌های آن را ژنوتیپ‌های بومی تشکیل می‌دهد) می‌باشد.

گروه چهارم: در این گروه ۶ ژنوتیپ قرار گرفته‌اند که همه ژنوتیپ‌ها منشاء بومی دارند. از شاخصه‌های مهم این گروه داشتن میانگین بالاتر چشم‌گیر برای صفاتی مانند طول سنبله، عملکرد بیولوژیک ، عملکرد دانه، فاصله میان گره‌ها و زمان سبز کردن بالاتر نسبت به میانگین کل ژنوتیپ‌ها می‌باشد. این گروه برای صفاتی مثل تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و شاخص برداشت از میانگین پایین‌تری نسبت به میانگین کل ژنوتیپ‌ها برخوردار است. از ژنوتیپ‌های این کلاستر می‌توان برای بالا بردن میانگین صفاتی مانند طول سنبله، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه، ارتفاع بوته وتعداد پنجه های بارور در نتاج حاصل از دورگ‌گیری‌ها استفاده کرد.

گروه پنجم: شامل تنها ژنوتیپ غیر بومی شماره ۵۰ می‌باشد که از ویژگیهای مهم این ژنوتیپ داشتن ارتفاع بوته عملکرد بیولوژیک مساحت برگ پرچم وطول سنبله بالاتر از میانگین کل می باشد که میتوان از این صفات برای اهداف مختلف استفاده کرد.

نتیجه گیری

با گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه ژنوتیپ‌های مشابه در یک گروه قرار گرفتند و صفات با ارزش هر گروه جهت استفاده در دو رگ‌گیری‌های احتمالی مشخص شدند. اگر از منشاء جغرافیایی ژنوتیپ‌های غیربومی اطلاعاتی دقیق در دست داشتیم می‌توانستیم نسبت به الگوپذیری تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌ها از تنوع جغرافیایی آنها نیز قضاوت کنیم. ولی حداقل می‌توان این استنباط را کرد که ژنوتیپ‌های بومی الگوپذیری مناسبی از منشاء جغرافیایی خود نشان داده‌اند.به عقیده اسپاگنولیتی و کوالست(۱۶) نیز در صورتی که مبدا دقیق نمونه‌های مورد ارزیابی مشخص باشد می‌توان انتظار داشت که تنوع ژنتیکی با تنوع جغرافیایی مطابقت داشته باشد.

جدول۲- تجزیه واریانس مرکب تعدادی از صفات مورد بررسی براساس طرح لاتیس ساده برای دو سال آزمایش

منابع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات						
		تعداد روز تا زمان سبز کردن	تعداد روز تا زمان ظهور سنبله	مساحت برگ پرچم cm2	ارتفاع بوته cm	طول دم خوشه cm	تعداد گره‌ها	طول میانگره‌ها cm	طول سنبله cm
ژنوتیپ	۶۳	۰/۴۳۹**	۲۰/۵۴**	۶۹/۶۰*	۱۹۶/۲۵**	۳۴/۵۸**	۰/۱۰۸**	۵/۸۸**	۴/۶۰**
سال	۱	۳۲/۵۰**	۲۰۱/۲۴**	۱۲۹۱/۲۷**	۲۱۸۲۶/۸۱**	۶۴۲۱/۲۴**	۳/۳۱**	۵۲/۳۲**	۴۲/۱۷**
ژنوتیپ × سال	۶۳	۰/۰۵۲ns	۰/۴۴۷ns	۳۵/۳۴**	۴۳/۴۷**	۱۴/۹۰**	۰/۰۴۹ns	۰/۸۹۰**	۰/۲۴۸ns
خطای ادغام شده pooled) (erroe	۹۸	۰/۱۸۹	۰/۷۵۰	۱۳/۴۹	۳/۷۶۰	۱/۱۳۵	۰/۰۵۰	۰/۸۷۵	۰/۵۲۰
C.V.٪	-	۱/۶۶	۱/۱۸	۲۷/۱۴	۹/۷۴	۱۳/۱۹	۶/۸۶	۷/۵۰	۶/۶۹

ns غیر معنی‌دار

* معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪

** معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪

www.SID.ir

Archive of SID

جدول ۳- تجزیه واریانس مرکب تعدادی از صفات مورد بررسی براساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی برای دو سال آزمایش

منابع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات					
		تعداد پنجه بارور	عملکرد بیولوژیک g	تعداد دانه در سنبله	وزن هزار دانه g	عملکرد دانه g	شاخص برداشت
سال	۱	۱۰۷/۸۶**	۶۳۰۸۹۵/۲۹^{ns}	۴۰۵۳/۳۹^{ns}	۴۰۱۱/۰۸^{ns}	۳۱۱۹۳/۷۴^{ns}	۱/۳۲^{ns}
سال ×تکرار (خطای a)	۲	۰/۴۰۳^{ns}	۱۷۸۴۲۶/۱۹**	۲۹۰/۳۹*	۱۴۱۰/۴۸**	۲۳۹۰۱/۳۴**	۲۵۳/۱۹**
ژنوتیپ	۶۳	۱/۵۳**	۵۹۰۴۴/۰۹**	۲۲۳/۳۱**	۶۲/۲۱**	۴۶۲۳/۳۵**	۱۱۷/۴۶**
سال × ژنوتیپ	۶۳	۰/۵۹۹*	۸۱۰/۷۱^{ns}	۶/۹۳^{ns}	۵/۳۰^{ns}	۱۴۹/۵۳^{ns}	۴/۶۲^{ns}
خطای b	۱۲۶	۰/۳۷۰	۱۳۰۲۲/۲۴	۶۵/۸۴	۱۲/۶۸	۶۴۱/۰۶	۲۳/۹۷
C.V.%	-	۱۴/۸۵	۲۲/۵۷	۲۴/۳۲	۸/۷۱	۲۳/۶۳	۲۲/۷۵

ns غیر معنی‌دار

* معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪

** معنی‌داردرسطح احتمال ۱٪

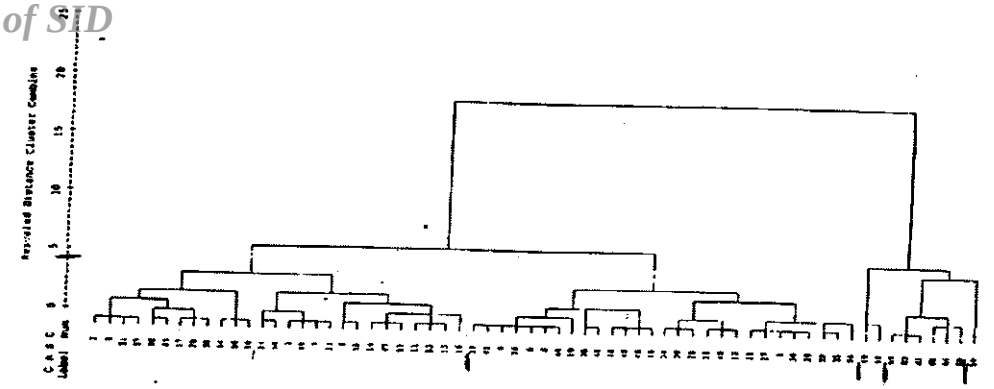
توجه: در تجزیه طرح به صورت لاتیس صفاتی که در جدول بالا آمده است از سودمندی لازم برخوردار نبودند بنابراین تجزیه مرکب برای صفات فوق به صورت بلوک‌های کامل انجام شد.

جدول۴- تعداد گروه ها و اعضاء هر گروه همراه با میانگین و در صد انحراف از میانگین کل برای صفات مورد مطالعه در دو سال آزمایش

گروه	ژنوتیپ	تعداد روز تا زمان سبز کردن	تعداد روز تا زمان ظهور سنبله	مساحت برگ پرچم cm2	ارتفاع بوته cm	طول دم سنبله cm	تعداد گره‌ها	طول میان گره‌ها cm	طول سنبله cm	تعداد پنجه بارور	عملکرد بیولوژیک g	تعداد دانه در سنبله	وزن هزاردانه g	عملکرد دانه g	شاخص برداشت
۱	۳۱،۳۸،۱۰،۳۸،۴۳،۱۷،۲۰، ۳۲و۱و۱و۱و۲ و ۲۱و۶و۱۴و ۱۳و۱۵و۱۶و۱و۳۴و۵۸و۴۵و۵۳،	۱۳/۴۷	۵۴/۰۹	۲۱/۶۰	۶۱/۹۸	۲۷/۵۶	۳/۱۴	۱۱/۹۴	۶/۶۲	۳/۸۶	۴۱۴/۲۱	۳۴/۱۹	۴۱/۱۱	۶۹/۱۱	۲۲/۰۷
	۵۴و۵۶و۵۸	۱/۳۱-	۳/۸۵-	۷/۰۵-	۸/۳۹-	۵/۵۰-	۳/۰۸-	۵/۱۶-	۱۱/۰۲-	۵/۱۵-	۱۸/۰۶-	۲/۴۸	۰/۵۸	۱۰/۲۸-	۵/۴۸
	۵و۶و۱۰و۱۴و۱۵و۱۹و۱۸	۱۳/۷۸	۵۷/۹۷	۲۶/۹۱	۶۷/۴۵	۳۹/۸۳	۳/۲۳	۱۲/۰۵	۷/۱۵	۴/۱۵	۵۳۸/۵۱	۳۴/۲۵	۴۲/۷۲	۱۰۴/۵۵	۱۹/۳۷
۲	۳۲و۱۲و۱و۳۶و۲۵و۳۲و ۳۰و۲۹و۲۸و۲۷و۲۰و۹و۳۴و۳۳و ۴۲و۴۴و۴۶و۴۸و۳۷	۰/۹۵	۲/۰۳	۱۵/۷۹	۰/۳۱-	۱/۹۴	۰/۳۰-	۴/۲۸-	۰/۳۸۹-	۱/۹۶	۶۲۵	۲/۶۶	۴/۵۲	۲/۴۰	۹/۹۹-
		۱۳/۲۳	۵۶/۸۱	۶/۸۵	۷۲/۵۹	۲۳/۶۴	۳/۳۶	۱۳/۸۳	۱۱/۳۷	۴/۱۱	۵۷۳/۳۹	۴۹/۵۲	۳۲/۶۳	۱۶۵/۹۳	۳۰/۰۸
۳	۴۹و۵۲	۳/۰۷	۰/۹۷	۲۷/۴۹-	۷/۲۸	۱۹/۲۰-	۳/۷۰	۹/۸۴	۵۲/۸۲	۰/۹۸	۱۳/۳۴	۴۸/۴۴	۲۰/۱۸-	۵۴/۸۸	۳۹/۷۷
		۱۳/۹۰	۵۵/۱۹	۲۱/۳۶	۸۴/۸۲	۳۳/۱۸	۳/۴۸	۱۶/۳۴	۱۰/۷۷	۴/۷۸	۷۱۶/۳۸	۲۵/۱۹	۳۶/۰۰	۱۴۷/۳۵	۲۰/۹۴
۴	۵۹و۶۱ و۶۲ و۶۰ و۶۴و۶۳	۱/۸۳	۰/۹۰-	۸/۰۸-	۳۵/۳۶	۱۳/۳۹	۷/۴۰	۲۸/۹۹	۴۴/۷۵	۱۷/۴۴	۴۱/۷۱	۲۴/۴۹-	۱۱/۹۱-	۳۷/۵۴	۲/۶۹-
		۱۲/۵۷	۵۷/۴۵	۲۹/۵۲	۱۱۰/۵۵	۴۳/۷۱	۳/۸۴	۱۷/۷۱	۸/۳۳	۳/۰۲	۶۶۳/۵۴	۲۹/۲۳	۳۲/۴۸	۶۰/۹۷	۹/۸۶
۵	۵۰	۰/۹۱-	۲/۱۱	۲۷/۰۲	۶۳/۳۹	۴۹/۳۸	۱۸/۵۱	۴۰/۶۶	۱۱/۹۶	۲۵/۷۹	۳۱/۲۵	۱۲/۳۸	۲۰/۵۲	۴۳/۰۸-	۵۴/۱۸-

www.SID.ir

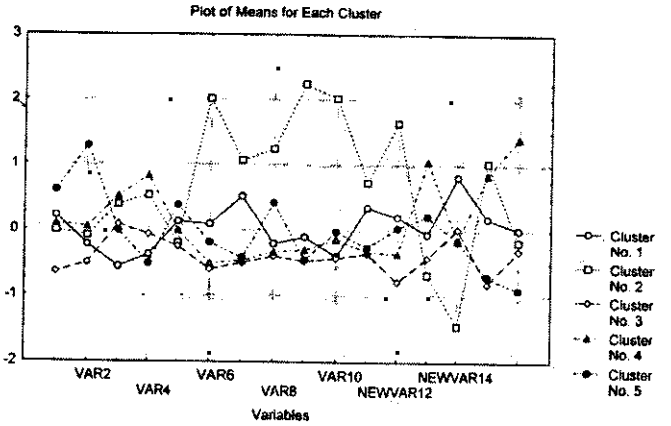
Archive of SID



شکل ۱- دندروگرام تعیین فاصله ژنتیکی ژنوتیپ‌ها براساس صفات مورد مطالعه در دو سال آزمایش با استفاده از روش Ward

جدول۵- تجزیه واریانس بین گروهی و درون گروهی خوشه‌ها بر اساس صفات مورد مطالعه

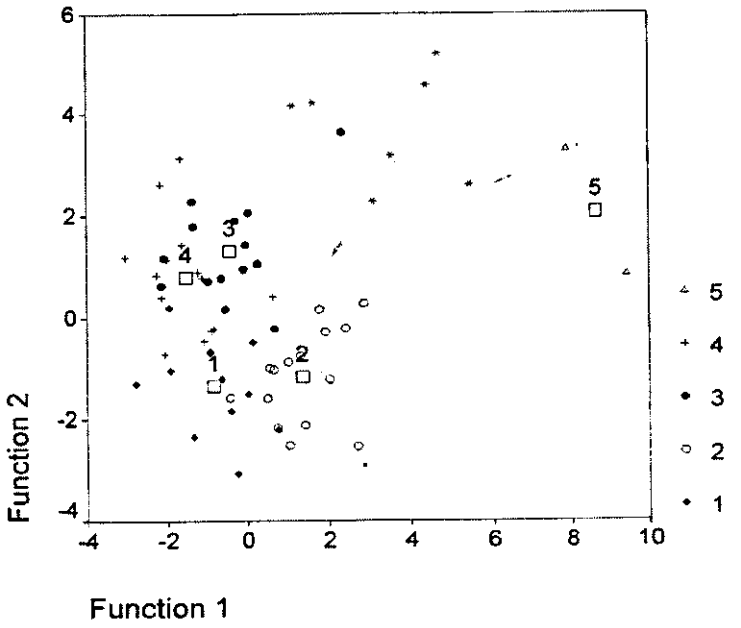
متغییر	واریانس بین گروهی	واریانس درون گروهی	F	p
زمان سبز کردن	۲/۹۱۰۲	۰/۸۷۱۵	۳/۳۳۹۰	۰/۰۱۵۶*
زمان ظهور سنبله	۵/۷۷۰۸	۰ /۶۹۶۹	۷/۸۴۹۱	۰/۰۰۰۰**
مساحت برگ پرچم	۰/۷۸۳۹	۱/۰۱۵۷	۰/۷۱۱۸	۰/۵۴۷۸
ارتفاع بوته	۱۰/۴۶۷۰	۰/۳۵۹۴	۲۹/۱۱۸۹	۰/۰۰۰۰**
طول پدانکل	۵/۵۷۰۷	۰/۶۹۰۲	۸/۰۶۲۶	۰/۰۰۰۰**
تعدادگرهها	۴/۷۱۱۵	۰/۷۴۶۵	۶/۳۱۱۵	۰/۰۰۰۲**
فاصله میان گرهها	۱۱/۸۳۱۱	۰/۲۶۶۹	۴۴/۳۱۳۶	۰/۰۰۰۰**
طول سنبله	۹/۷۴۷۳	۰/۴۰۷۵	۲۳/۹۱۶۶	۰/۰۰۰۰**
تعدادپنجه بارور	۲/۶۲۳۲	۰/۸۹۰۵	۲/۹۴۵۷	۰/۰۲۷۴*
عملکرد بیولوژیک	۸/۵۸۵۰	۰/۴۸۵۸	۱۷/۶۶۹۹	۰/۰۰۰۰**
تعداد دانه در سنبله	۴/۸۶۴۳	۰/۷۳۸۷	۶/۵۸۴۳	۰/۰۰۰۱**
وزن هزار دانه	۷/۳۶۹۴	۰/۵۶۸۷	۱۲/۹۵۷۰	۰/۰۰۰۰**
عملکرد دانه	۸/۲۶۴۶	۰/۵۰۷۸	۱۶/۲۷۳۹	۰/۰۰۰۰**
شاخص برداشت	۸/۰۲۲۴	۰/۵۲۵۲	۱۵/۲۷۲۴	۰/۰۰۰۰**



شکل۲- نمودار میانگین هریک از پنج گروه حاصل از تجزیه خوشه ای

www.SID.ir

Archive of SID



شکل ۳- پراکنش ژنوتیپ های پنج گروه حاصل از تجزیه خوشه ای بر اساس تجزیه تابع تشخیص

منابع و مآخذ:

۱. ارزانی، ا. ۱۳۸۰. اصلاح گیاهان زراعی. چاپ دوم، مرکز نشر دانشگاه صنعتی اصفهان. ۶۰۶ صفحه.

۲. رشیدی، و.۱۳۷۴. بررسی تنوع ژنتیکی و پتانسیل اصلاحی گندم‌های بهاره بومی در آذربایجان شرقی و تجزیه علیت عملکرد دانه با اجزای آن. پایان نامه کارشناسی ارشد اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه آزاداسلامی کرج. ۱۴۱ صفحه.

۳. زرین‌آبادی، ا. و پ. احسان‌زاده. ۱۳۸۲. رشد، عملکرد و اجزای عملکرد دانه سه ژنوتیپ گندم دوروم تحت تراکم‌های مختلف کاشت در اصفهان. مجله علوم و فنون کشاورزی و منابع طبیعی، شماره چهارم: ص۱۲۹ - ۱۴۰.

۴. سالار، ن.۱۳۷۰. بررسی تنوع جغرافیایی ژنتیکی گندم‌های دوروم بومی ایران. پایان‌نامه کارشناسی ارشد. دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران. ۱۱۳ صفحه.

۵. شفاءالدین بنادکی، س.۱۳۷۱. بررسی تنوع ژنتیکی جغرافیائی گندم‌های بومی مرکزی ایران. پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران. ۱۴۷ صفحه.

۶. مقدم، م.، س.ا. محمدی و م. آقائی سربرزه.۱۳۷۳. آشنائی با روش‌های آماری چند متغیره (ترجمه). انتشارات پیشتاز علم. ۲۰۸ صفحه.

۷. نوری، ف. ۱۳۷۲. بررسی تنوع ژنتیکی و جغرافیایی گندم‌های بومی غرب ایران (آذربایجان‌شرقی و غربی، کردستان، کرمانشاه و همدان). پایان‌نامه کارشناسی ارشد. دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران. ۱۳۵ صفحه.

8. Allard, R.W., 1996. Genestic basis of the evolution of adaptendness in plant. Euphytica, 92: 1-110.
9. Jaradat,A.A. , 1991. Levels of phenotypic for developmental traits in landrace genotypes of durum wheat from Jourdan. Euphitica, 51: 265-271.
10. Garcia Del Moral, L.F., Y., Rharrabti, D. Villegas and C. Royo. 2003. Evaluation of grain yield and yield and its components in durum wheat under Mediterranean conditions. Agron. J., 95: 266-274.

www.SID.ir

Archive of SID

11. Jedynski, S., 2001. Heritability, correlation and path-coefficient analysis of yield component in spring wheat. Grupy problemowej wodowlipszenciy. Proceeding of symposium, Zakopane, Ploand, No. 218/219: 203-209.
12. Pathak, N.N., and D.P., Nema. 1985. Genetic advance in landraces of wheat. Indian J. Agric. Sci., 55: 478-479.
13. Poiarkova, H., and A. Blum. 1983. Landrace of wheat from the northern Negev. Ytica, 32: 257-271.
14. Romesburg, H.C., 1990. Cluster Analysis for Researches. Malabar, Florida.
15. Ruiz, M., M. Rodriguez quality, E.V. Meta kovsky, J.F.Vazquez and J.M., Carrillo.2002. Polymorphism,Variation and genetic identity of Spanish common wheat germplasm based on gliadin alleles. Fild Crops Research, 79:185-196.
16. Spagnoletti Zeuli, P.L., and C.O. Qualset. 1987. Geographical diversity for quantitative spike characters in a world collection of duram wheat. Crop. Sci., 27:235-241.
17. Yilmaz, B., and M., Tahir.1988. Genetic diversity in Ahlat wheats, In: T.E. Miller and R.M.D. Koebner(eds.). Serventh International wheat Genet. Sywp.Vol.1:181-184

www.SID.ir

JOURNAL OF
AGRICULTURAL
SCIENCES
Islamic Azad University
Archive of SID

Determine of Genetic Relationship in Durum Wheat Lines By Cluster Analysis and Identity of Morphological Main Characters in Each Gropes

V. Rashidi
Scientific member, Islamic azad university of Tabriz brench
I. Majidi
Research professor . Ag. biotechnology institute, Karaj, Tehran
S. A. Mohamadi
Assistant professor of agriculture faculty of Ttabriz university, Tabriz, Iran
M. Moghadam Vahed
Prof. Tabriz univ, Tabriz, Iran

Abstract
In order to determine genetic relationship of 64 genotypes of Durum wheat (including 6 indigenous and 58 exogenous genotypes) experiment was conducted in the form of Simple Lattice Design during 2002 – 2003. In this study the traits of consideration was as follow: seeding time, heading time, flag leaf area, plant height, peduncle length, number of nodes, spike length, internodes length, number of fertile tillers, biomass, number of kernel in spike, 1000 kernel weight, grain yield and harvest index. Results archived from Combined analysis showed a significantly difference ($P<0.01$) between above mentioned traits which explains genetic variety between genotypes. In order to determine genetic relation between lines, Cluster analysis in Ward method was performed and genotypes in question was divided into 5 groups. Native genotypes in an individual group and all other exogenous genotypes (depending on their genetic similarity and/or differences) in 4 other groups which shows similarity between native lines and also difference between exogenous ones. In some groups, several traits showed desirable traits value more than mean value which could be useful to enhance the value of such traits during hybridization.

Keywords: genetic relationship, Durum wheat, Cluster analysis.

www.SID.ir