



"مقاله پژوهشی"

بررسی تنوع صفات مختلف زراعی و مورفولوژی در خویشاوندان وحشی گندم

مریم جباری^۱، احمد رضا گل پرور^۲، بهزاد سرخی لله لو^۳ و مجید شمس^۴

- ۱- دانشجوی دکتری گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد اصفهان (خوراسگان)، اصفهان، ایران
 ۲- دانشیار گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد اصفهان (خوراسگان)، اصفهان، ایران، (نویسنده مسوول: dragolparvar@gmail.com)
 ۳- استادیار پژوهش، بخش ژنتیک، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
 ۴- استادیار گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد اصفهان (خوراسگان)، اصفهان، ایران
- تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۶/۲ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۱۰/۱۹
 صفحه: ۲۹ تا ۴۱

چکیده مسوط

مقدمه و هدف: خویشاوندان وحشی گندم یکی از مهم‌ترین ذخایر ژنتیکی برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی گندم می‌باشند. بنابراین شناسایی خویشاوندان وحشی گندم و آگاهی از تنوع موجود در آن‌ها و همچنین حفاظت از این گونه‌ها به صورت انکارناپذیری در گسترش غنای خزانه ژنی و پایه ژنتیکی ارقام جدید مؤثر بوده و می‌تواند ابزار مناسبی برای اصلاحگران در آینده باشد.

مواد و روش‌ها: مطالعه حاضر به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی و بررسی روابط بین صفات در ۴۹ ژنوتیپ از خویشاوندان وحشی گندم شامل ۱۵ گونه در قالب طرح آگمنت در پنج بلوک در مزرعه بخش تحقیقات ژنتیک و بانک ژن گیاهی ملی ایران موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر در سال زراعی ۱۳۹۸-۹۹ اجرا گردید.

یافته‌ها: بر اساس نتایج تجزیه واریانس بین گونه‌های مختلف خویشاوند وحشی گندم مورد مطالعه از لحاظ صفات ارتفاع، طول بیرون آمدگی پدانکل، طول پدانکل و طول و عرض دانه اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۱ وجود داشت. مقادیر ضرایب تنوع نیز بیانگر تنوع بالا بین گونه‌های مختلف خویشاوند وحشی از لحاظ صفات مورفولوژی به غیر از طول برگ پرچم بود. بیشترین میزان ضریب تغییرات ژنتیکی و بیشترین میزان وراثت‌پذیری، مربوط به صفت طول پدانکل بود. بر اساس نتایج برآورد ضرایب همبستگی بین صفات، رابطه مثبت و معنی‌داری بین عملکرد و اجزای عملکرد وجود داشت. براساس نتایج تجزیه رگرسیون پنج صفت وزن سنبله، شاخص برداشت، ارتفاع، طول دانه و تعداد دانه در سنبله به عنوان صفات مؤثر بر عملکرد دانه تعیین شدند که در بین این صفات وزن سنبله عمدتاً به صورت مستقیم و تعداد دانه در سنبله به طور غیر مستقیم عملکرد دانه را تحت‌تأثیر قرار دادند. نتایج تجزیه عاملی نیز منجر به شناسایی سه عامل مؤثر بر عملکرد شد که در مجموع توانستند ۸۴/۳۹ درصد از واریانس بین داده‌ها را توجیه کنند. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای، ارقام و گونه‌های مورد بررسی را بر اساس کلیه صفات به سه گروه کلی تفکیک کرد. از ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه چهارم و پنجم به دلیل داشتن انحراف از میانگین کل مثبت برای صفات ارتفاع، طول برگ پرچم و طول دانه می‌توان برای کارهای اصلاحی و تولید ارقام جدید با بهبود عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه، بهره برد و از ژنوتیپ‌های گروه اول می‌توان برای اصلاح صفت شاخص برداشت استفاده کرد.

نتیجه‌گیری: بین خویشاوندان وحشی گندم مورد مطالعه از لحاظ صفات مورفولوژی تنوع قابل توجهی مشاهده شد که از این تنوع می‌توان برای برنامه‌های اصلاح ذخایر ژنتیکی استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، تجزیه عاملی، تنوع ژنتیکی، خویشاوندان وحشی، گندم

مقدمه

گندم (*Triticum aestivum* L.) نقش مهمی در تأمین امنیت غذایی جهان دارد (FAOSTAT, 2021). یکی از مهم‌ترین عواملی که بر تولید گندم تأثیر می‌گذارد عدم اطمینان در الگوهای اقلیمی است (۲۴). گونه‌های وحشی اهلی‌نشده، خویشاوندان وحشی زراعی و واریته‌های بومی، منابع مختلفی برای بهبود گندم برای حل چالش‌های ناشی از تغییر اقلیم و افزایش جمعیت انسانی هستند (۴۳). از زمان اهلی شدن گندم تا کنون عملکرد ارقام گندم و سازگاری آن‌ها در شرایط مختلف رشد افزایش یافته است اما این موفقیت منجر به کاهش تنوع ژنتیکی در خزانه ژنی شده است که این امر توسعه ارقام جدید گندم مورد نیاز برای تأمین پایدار تقاضای روبه رشد جهان در شرایط تغییرات اقلیمی و تنش‌های زنده و غیرزنده را محدود می‌کند (۲، ۵۰). بنابراین ژرمپلاسم گندم زراعی و نیز خویشاوندان وحشی آن که دارای تنوع ژنتیکی استفاده نشده‌ای هستند برای غلبه بر این چالش‌ها اهمیت زیادی دارند (۲۲، ۲۶، ۷). بر اساس گزارش فلدمن و سبیز (۱۹۸۱) مناطق جغرافیایی بین ۲۰ و ۴۰ درجه شرقی و ۳۵ و ۴۵ درجه شمالی شامل کشورهای ترکیه، سوریه، عراق، فلسطین و نواحی شمال غرب تا جنوب غربی

ایران به عنوان مرکز تکامل و اهلی شدن گندم‌های زراعی و پراکنش گونه‌های وحشی بوده و این گونه‌ها بیشترین پراکنش را در این مناطق دارند. به این ترتیب ایران یکی از مراکز اصلی تنوع، توزیع و پراکنش گونه‌های خویشاوند گندم به ویژه گونه‌های دیپلوئید وحشی *T. urartu* و *T. boeoticum* بوده و نقش به‌سزایی در روند تکامل گندم‌های زراعی داشته است (۳۷). اخیراً شواهدی از تکامل گندم‌های تتراپلوئید در بخش‌هایی از رشته کوه زاگرس ارائه شده است (۵۱). در واقع ارقام بومی و خویشاوندان وحشی آن‌ها به دلیل قدمت و سازگاری به شرایط زیستی و عوامل نامساعد محیطی دارای مناسب‌ترین ژن‌ها بوده و تنوع ژنتیکی مورد نیاز به‌نژادگران گیاهی را تأمین می‌نمایند. به طوری که این مواد ژنتیکی به عنوان منابع ارزشمند ژنی به‌ویژه برای مقاومت به تنش‌های زنده و غیر زنده و همچنین اصلاح برای بهبود کیفیت پروتئین محسوب می‌شوند (۳۳). اساساً بالاترین ارزش گونه‌های وحشی برای بشر در حال و آینده به علت ژن‌های آن‌ها است که مقاومت به بیماری، کیفیت مواد غذایی و سازگاری به شرایط نامساعد محیطی را کنترل می‌کنند. اگرچه برخی از این ژن‌ها ممکن است هنوز ناشناخته و در آینده بتوانند بسیار ارزشمند باشند (۳۴). تا به امروز تلاش‌های مختلفی برای

در بانک ژن گیاهی ملی ایران از جنس آجیلوپس نیز ۱۰۸۱ نمونه می باشد. این گلکسیون در برگیرنده ۱۰ گونه متفاوت می باشد.

با توجه به اینکه موفقیت در برنامه‌های اصلاحی تابع وراثت‌پذیری، تنوع ژنتیکی و انتخاب است. وجود تنوع ژنتیکی زیاد بزرگترین شانس برای نائل شدن به موفقیت در گزینش محسوب می‌شود (۲۳). بنابراین فارغ از تسلط بر فناوری‌های مدرن، موفقیت در برنامه‌های اصلاحی وابسته با کاربرد طیف گسترده تنوع ژنتیکی موجود در گیاهان زراعی اهلی و گونه‌های وحشی آن‌ها است (۶). هدف از این مطالعه بررسی تنوع ژنتیکی در ۴۹ ژنوتیپ وحشی گندم از نظر صفات آگرومورفولوژی و بررسی روابط بین صفات در این ژنوتیپ‌ها است.

مواد و روش‌ها

این تحقیق در قالب طرح آگمنت در مزرعه بخش تحقیقات ژنتیک و بانک ژن گیاهی ملی ایران موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر (با طول جغرافیایی ۵۵ درجه و ۵۴ دقیقه و عرض جغرافیایی ۳۵ درجه و ۵۵ دقیقه و ارتفاع ۱۳۱۲/۵ متر از سطح دریا) در سال زراعی ۹۹-۱۳۹۸ اجرا شد. در این تحقیق ۴۹ ژنوتیپ وحشی گندم شامل ۱۵ گونه تهیه شده از بانک ژن موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج (جدول ۱) همراه با پنج رقم گندم (ترابی، رخشان، طلایی، کویر و ماهوتی) به‌عنوان شاهد (جدول ۱) در قالب طرح آماری آگمنت در پنج بلوک مورد مطالعه قرار گرفتند. هر ژنوتیپ بر روی یک پشته به طول ۲ متر و در دو خط کشت با تراکم ۴۰۰ دانه بر متر مربع بر اساس وزن هزاردانه کشت شد. فاصله بین بوته‌ها ۱۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد.

خاک محل آزمایش بافت رسی-سنی داشته، میزان هدایت الکتریکی ۱/۵۳ دسی‌زیمنس بر متر و pH برابر ۷/۵ بود. کشت در اول آبان انجام شد. بر اساس سیستم طبقه‌بندی کوپن، منطقه کرج دارای اقلیم سرد نیمه خشک با متوسط بارندگی سالیانه ۲۴۳ میلی‌متر و متوسط درجه حرارت ۱۳/۵ درجه سانتی‌گراد می‌باشد. مراحل آماده‌سازی زمین شامل اجرای عملیات شخم، دیسک، لولر و کودپاشی بود. جهت کودپاشی از ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار کود اوره، مقدار ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار کود فسفات آمونیوم و ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار کود سولفات پتاس در هنگام کاشت و ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار کود اوره به عنوان کود سرک در ابتدای شروع مرحله طولی شدن ساقه استفاده گردید. آبیاری به روش نشتی شامل دو نوبت در پاییز با توجه به میزان بارندگی‌های پاییزه و پنج نوبت آبیاری در بهار بسته به شرایط آب و هوایی انجام شد. مبارزه با علف‌های هرز پهن برگ با علف‌کش گران‌استار به میزان ۲۰ گرم در هکتار و مبارزه با علف‌های هرز باریک برگ با علف‌کش Puma super به میزان ۱/۲ لیتر در هکتار در مرحله پنجه زنی تا شروع ساقه رفتن انجام شد.

صفات مورد اندازه‌گیری شامل ارتفاع (سانتی‌متر)، طول سنبله (سانتی‌متر)، طول پدانکل (سانتی‌متر)، طول بیرون آمدگی پدانکل (سانتی‌متر)، طول برگ پرچم (سانتی‌متر)، وزن

اصلاح گندم با استفاده از تنوع ژنتیکی خویشاوندان وحشی آن صورت گرفته است. به عنوان مثال از گونه‌های وحشی برای افزایش مقاومت گندم زراعی در برابر تنش‌های محیطی مختلف شامل خشکی (۴۱،۳۵،۸)، شوری (۱۵،۱)، گرما (۱۰)، سرما (۱۹،۲۰) و تنش‌های زیستی (۳،۴۴،۱۶) استفاده شده است (۳۶). بنابراین شناسایی خویشاوندان وحشی و آگاهی از تنوع موجود در آن‌ها و همچنین حفاظت از این گونه‌ها به صورت انکارناپذیری در گسترش غنای خزانه ژنی و پایه ژنتیکی ارقام جدید مؤثر بوده و می‌تواند ابزار مناسبی برای اصلاحگران در آینده باشد. در این راستا مرادی سراب‌شلی و همکاران (۲۵) با بررسی تنوع ژنتیکی گونه‌های گندم وحشی با استفاده از صفات مورفولوژیک، تنوع بالایی را از لحاظ صفات اندازه‌گیری شده بین ۴ گونه مورد بررسی گندم شامل *T. urartu* گزارش کردند. شیرزاد و همکاران (۴۵) ضمن بررسی تنوع مورفولوژیک توده‌های بومی گونه *Aegilops triuncialis* L. جمع‌آوری شده از نیمه شمالی ایران، بیشترین تنوع ژنتیکی را برای توده‌های *Ae. triuncialis* استان‌های آذربایجان شرقی و قزوین و کمترین تنوع را برای توده‌های استان‌های کردستان و خراسان شمالی گزارش کردند. پور ابوالقداره و همکاران (۳۲) نیز با بررسی تنوع صفات آگرومورفولوژیکی در ۱۸۰ توده آجیلوپس و تریتیوکوم شامل شش گونه دیپلوئید، پنج گونه تتراپلوئید و یک گونه هگزاپلوئید جمع‌آوری شده از مناطق مختلف ایران، تنوع بالایی را در بین توده‌های مورد مطالعه گزارش کردند و در نهایت ۱۸۰ توده مورد مطالعه را در دو گروه اصلی و بر اساس ساختار ژنومی در شش گروه مجزا گروه‌بندی کردند. نواک و همکاران (۳۰) در ارزیابی تنوع مولکولی چهار گونه جنس *Aegilops* تنوع بالایی را بین گونه‌های مختلف این جنس گزارش کردند.

بانک ژن گیاهی ملی ایران به‌عنوان بزرگترین بانک ژن گیاهان زراعی منطقه خاور میانه و شمال آفریقا، یکی از ده بانک ژن بزرگ دنیا است که حاوی نمونه‌های ارزشمند گیاهان استراتژیک در امنیت غذایی بشر می‌باشد. این بانک با داشتن بیش از ۷۱ هزار نمونه که ۹۸ درصد آن را نمونه‌های داخلی تشکیل می‌دهند دارای گلکسیون‌های بزرگی از گروه محصولات غلات، علوفه، حبوبات و گیاهان صنعتی است. گلکسیون گندم آن داری بیش از ۱۷ هزار توده هتروژن و مجموعه وسیعی از خویشاوندان وحشی و اهلی انواع گندم می باشد. همانطور که در منابع ارایه شده است خزانه ژنی ۱ و ۲ محصولات زراعی داری بیشترین پتانسیل برای بهره برداری ژن‌های مفید اصلاحی هستند. این گلکسیون علاوه بر خزانه های ژنی ۱ و ۲ داری منابع ارزشمندی از خزانه ژنی ۳ نیز می باشد که با استفاده از ابزار زیست فناوری نوین قابلیت بهره برداری آن برای استفاده ژن‌های مقاومت و کیفیت رادر میسر می باشد. گلکسیون اصلی گندم ایران شامل انواع گندم‌های ایرانی و خویشاوندان آن از جنس‌های تریتیوکوم و آجیلوپس است. جنس تریتیوکوم با ۵۴۸ نمونه شامل ۵ گونه شناخته شده و ۱۵۶ نمونه در حال شناسایی است. تعداد نمونه‌های موجود

علیت و تجزیه عاملی به منظور بررسی روابط بین صفات و تجزیه خوشه‌ای به روش متوسط فاصله بین گروه‌ها (UPGMA) و با در نظر گرفتن فاصله اقلیدسی به منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها مورد استفاده قرار گرفت. برای تجزیه واریانس و برآورد پارامترهای ژنتیکی از نرم‌افزار R، برای تجزیه ضرایب همبستگی، تجزیه رگرسیون، تجزیه عاملی و تجزیه کلاستر از نرم‌افزار SPSS، برای تجزیه علیت از نرم‌افزار PATH و برای مقایسه میانگین‌ها از نرم‌افزار Excel استفاده شد.

کل ساقه (گرم)، وزن سنبله (گرم)، تعداد دانه در سنبله، طول و عرض دانه (میلی‌متر)، وزن دانه در بوته (گرم)، شاخص برداشت (درصد) و وزن هزاردانه (گرم) بود. صفت شاخص برداشت از نسبت وزن دانه به وزن کل ساقه محاسبه شد. بعد از جمع‌آوری داده‌ها و آزمون برقراری فرض‌های تجزیه واریانس، تجزیه واریانس طرح آگمنت و محاسبه پارامترهای ژنتیکی صورت گرفت. مقایسه میانگین صفات با استفاده از روش LSD انجام شد سپس تجزیه‌های چند متغیره شامل ضرایب ساده همبستگی، تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام، تجزیه

جدول ۱- اسامی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه (ارقام زراعی و خویشاوندان وحشی گندم) و کد اختصاصی به آن‌ها

Table 1. Names of studied genotypes (cultivars and wild relatives of wheat) and their specific codes

ردیف	نام ژنوتیپ	سطح پلوئیدی	شماره کلکسیون	منشا	ردیف	نام ژنوتیپ	شماره کلکسیون	منشا
۱	<i>T.boeoticum</i>	2n=2x=14	۵۵۰۱۷	کرمانشاه	۲۸	A.columnaris	2n=4x=28	کردستان
۲	<i>A.tauschii</i>	2n=2x=14	۲۸۹۹۲	کرمان	۲۹	A.columnaris	2n=4x=28	آذربایجان غربی
۳	<i>A.tauschii</i>	2n=2x=14	۲۹۶۹۲	قزوین	۳۰	A.biuncialis	2n=4x=28	کرمانشاه
۴	<i>A.umbellulata</i>	2n=2x=14	۲۸۱۱۳	همدان	۳۱	A.biuncialis	2n=4x=28	آذربایجان غربی
۵	<i>A.umbellulata</i>	2n=2x=14	۲۹۹۸۵	قزوین	۳۲	T.boeoticum	2n=2x=14	آذربایجان غربی
۶	<i>T.boeoticum</i>	2n=2x=14	۵۵۰۰۱	لرستان	۳۳	T.araraticum	2n=4x=28	آذربایجان غربی
۷	<i>T.boeoticum</i>	2n=2x=14	۳۰۷۹۶	لرستان	۳۴	A.crassa	2n=4x=28	همدان
۸	<i>A.tauschii</i>	2n=2x=14	۲۹۱۲۷	البرز	۳۵	A.crassa	2n=4x=28	مرکزی
۹	<i>A.tauschii</i>	2n=2x=14	۲۹۴۱۶	مازندران	۳۶	A.tauschii	2n=2x=14	اصفهان
۱۰	<i>T.boeoticum</i>	2n=2x=14	۳۰۵۵۲	ایران	۳۷	A.colmnaris	2n=4x=28	کردستان
۱۱	<i>T.boeoticum</i>	2n=2x=14	۳۰۵۳۲	لبنان	۳۸	T.boeoticum	2n=2x=14	کرمانشاه
۱۲	<i>T.boeoticum</i>	2n=2x=14	۳۰۵۵۱	لبنان	۳۹	A.crassa	2n=4x=28	کرمانشاه
۱۳	<i>A.umbellulata</i>	2n=2x=14	۲۸۳۳۵	آذربایجان غربی	۴۰	A.neglecta	2n=4x=28	آذربایجان غربی
۱۴	<i>T.boeoticum</i>	2n=2x=14	۳۰۸۵۵	همدان	۴۱	A.neglecta	2n=4x=28	کرمانشاه
۱۵	<i>T.boeoticum</i>	2n=2x=14	۳۰۷۵۳	البرز	۴۲	T.urartu	2n=2x=14	اردن
۱۶	<i>A.tauschii</i>	2n=2x=14	۲۸۲۴۱	مرکزی	۴۳	A.cylandrica	2n=4x=28	آذربایجان غربی
۱۷	<i>A.umbellulata</i>	2n=2x=14	۲۸۳۳۱	آذربایجان غربی	۴۴	A.triuncialis	2n=4x=28	فارس
۱۸	<i>A.tauschii</i>	2n=2x=14	۲۸۳۱۰	آذربایجان غربی	۴۵	A.cylandrica	2n=4x=28	آذربایجان شرقی
۱۹	<i>A.tauschii</i>	2n=2x=14	۲۹۴۲۲	گلستان	۴۶	A.crassa	2n=4x=28	آذربایجان شرقی
۲۰	<i>A.triuncialis</i>	2n=4x=28	۲۹۳۸۹	سمنان	۴۷	A.triuncialis	2n=4x=28	گیلان
۲۱	<i>A.cylandrica</i>	2n=4x=28	۲۹۱۴۶	اصفهان	۴۸	A.cylandrica	2n=4x=28	البرز
۲۲	<i>A.crassa</i>	2n=4x=28	۲۹۰۲۱	زنجان	۴۹	A.cylandrica	2n=4x=28	کرمانشاه
۲۳	<i>A.triuncialis</i>	2n=4x=28	۲۸۱۲۸	گلستان	۵۰	kavir		
۲۴	<i>A.triuncialis</i>	2n=4x=28	۲۹۴۳۰	گلستان	۵۱	mahoti		
۲۵	<i>T.urartu</i>	2n=2x=14	۳۰۹۰۵	کرمانشاه	۵۲	rakhshan		
۲۶	<i>T.urartu</i>	2n=2x=14	۵۵۰۵۲	کردستان	۵۳	talaei		
۲۷	A.columnaris	2n=4x=28	۲۹۸۵۴	کردستان	۵۴	torabi		

مقایسه ارقام شاهد در مقابل خویشاوندان وحشی مورد بررسی از لحاظ تمام صفات به غیر از طول دانه اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۱ وجود داشت (جدول ۲). وجود اختلاف معنی‌دار و تنوع ژنتیکی بین خویشاوندان وحشی گندم در سایر مطالعات نیز گزارش شده است (۱۷، ۳۸، ۳۲، ۴، ۴۶).

از آنجا که اختلاف بین ارقام شاهد در تمام صفات به غیر از تعداد دانه در سنبله معنی‌دار نبود، میانگین گونه‌های خویشاوند وحشی برای تمام صفات غیر از صفت تعداد دانه در سنبله با میانگین ارقام شاهد و برای صفت تعداد دانه در سنبله

نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که بین پنج شاهد مورد بررسی در این آزمایش به غیر از صفت تعداد دانه در سنبله از لحاظ سایر صفات اختلاف معنی‌داری وجود نداشت. بین گونه‌های مختلف خویشاوندان وحشی مورد بررسی از لحاظ صفات ارتفاع بوته، طول بیرون‌آمدگی پدانکل، طول پدانکل و طول و عرض دانه اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۱ وجود داشت. اختلاف بین گونه‌های مختلف خویشاوندان وحشی از لحاظ سایر صفات معنی‌دار نبود. در

وراثت‌پذیری بالایی هستند مؤثر باشد. در شاخص برداشت با وجود داشتن تنوع فنوتیپی بالا (۷۷/۳۵) به دلیل اینکه سهم ژنتیک از این تنوع کم بوده (۳۹/۹۲) و تأثیر محیط روی این صفت زیاد می‌باشد (۳۹/۴۲) وراثت‌پذیری متوسطی دارد. صفاتی مانند طول برگ پرچم، وزن کل ساقه، وزن سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه و وزن هزاردانه به دلیل داشتن واریانس ژنتیکی منفی به شدت تحت تأثیر محیط می‌باشند. همچنین برآورد پارامترهای ژنتیکی نشان داد که صفت شاخص برداشت (۵۵/۶۸) بالاترین و صفات طول دانه و عملکرد دانه (۱۶/۳۷) پایین‌ترین ضریب تغییرات فنوتیپی را به خود اختصاص دادند. بیشترین مقدار ضریب تغییرات ژنتیکی (۴۷/۸۴) و بیشترین میزان وراثت‌پذیری (۹۵/۰۶) نیز مربوط به صفت طول پدانکل بود. رگمی و همکاران (۴۰) نیز وراثت‌پذیری بالا همراه با درصد پیشرفت ژنتیکی بالا را برای صفات ارتفاع و طول پدانکل و وراثت‌پذیری متوسط همراه با پیشرفت ژنتیکی بالا را برای صفت طول سنبله گزارش کردند و عنوان کردند میزان وراثت‌پذیری بالا همراه با پیشرفت ژنتیکی بالا نشان دهنده نقش افزایشی ژن‌ها در بیان این صفات است. این محققان بر خلاف نتایج به دست آمده در این تحقیق، میزان وراثت‌پذیری بالایی را برای عملکرد دانه، وزن هزار دانه و شاخص برداشت نیز گزارش کردند. رحمتی و همکاران (۳۹) وراثت‌پذیری پایین را برای عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک و تعداد دانه در سنبله گزارش کردند که با نتایج به دست آمده در این تحقیق مطابقت داشت.

با رقم شاهد برتر (رقم رخشان) به روش LSD مقایسه شد. بر اساس نتایج حاصل در مقایسه گونه‌های مختلف خویشاوند وحشی گندم، بیشترین مقدار میانگین برای صفات ارتفاع بوته، طول بیرون‌آمدگی پدانکل و طول پدانکل مربوط به گونه *T. boeoticum* (ژنوتیپ شماره ۶)، بیشترین مقدار میانگین برای صفت طول سنبله مربوط به گونه *A. cylandrica* (ژنوتیپ شماره ۴۹)، بیشترین مقدار میانگین برای صفت طول برگ پرچم مربوط به گونه *T. araraticum* (ژنوتیپ شماره ۳۳)، بیشترین مقدار میانگین برای صفت عملکرد بیولوژیک و وزن سنبله مربوط به گونه *A. crassa* (ژنوتیپ شماره ۴۶)، بیشترین مقدار میانگین برای صفت عملکرد دانه مربوط به گونه *A. cylandrica* (ژنوتیپ شماره ۴۹)، بیشترین مقدار میانگین برای صفت تعداد دانه در سنبله مربوط به گونه *A. triuncialis* (ژنوتیپ شماره ۴۷)، بیشترین مقدار میانگین برای صفت شاخص برداشت مربوط به گونه *A. neglecta* (ژنوتیپ شماره ۴۱)، بیشترین مقدار میانگین برای صفت وزن هزاردانه مربوط به گونه *A. tauschii* (ژنوتیپ شماره ۱۸)، بیشترین مقدار میانگین برای صفت طول دانه مربوط به گونه *T. boeoticum* (ژنوتیپ شماره ۳۸) و بیشترین مقدار میانگین برای صفت عرض دانه مربوط به گونه *A. tauschii* (ژنوتیپ شماره ۱۶) بود.

بر اساس نتایج برآورد پارامترهای ژنتیکی (جدول ۳)، تنوع مشاهده شده برای صفات ارتفاع، طول سنبله، طول پدانکل، طول بیرون‌آمدگی پدانکل و طول و عرض دانه می‌تواند بیشتر منشأ ژنتیکی داشته و انتخاب بر اساس این صفات که دارای

جدول ۲- تجزیه واریانس میانگین مربعات صفات زراعی و مورفولوژی در ارقام شاهد و خویشاوندان وحشی گندم

Table 2. Variance analysis of mean squares of agronomic and morphology traits in control cultivars and wild wheat relatives

میانگین مربعات								
منابع تغییر	درجه آزادی	ارتفاع	طول سنبله	طول بیرون آمدگی پدانکل	طول پدانکل	طول برگ پرچم	وزن کل ساقه	وزن سنبله
ارقام شاهد و خویشاوندان وحشی	۵۳	۸۳۴**	۱۲/۳**	۱۷۳/۶**	۱۳۶/۷**	۲۵/۳ ^{NS}	۴/۱۹*	۱/۷۹*
ارقام شاهد	۴	۶۷ ^{NS}	۱/۵ ^{NS}	۳۸/۳ ^{NS}	۴/۸ ^{NS}	۶/۱ ^{NS}	۱/۴ ^{NS}	۰/۸۳ ^{NS}
خویشاوندان وحشی	۴۸	۴۰۶**	۴/۳**	۱۴۳/۳**	۱۲۸/۸**	۱۳/۹ ^{NS}	۰/۱۵ ^{NS}	۰/۰۱ ^{NS}
خویشاوندان وحشی در مقابل ارقام شاهد	۱	۲۳۹۲۳**	۴۴۱/۷**	۲۱۲۰**	۵۶۲/۴**	۶۴۵/۵**	۲۰۹/۴**	۹۱/۰۵**
بلوک	۴	۱۸۰ ^{NS}	۴/۱ ^{NS}	۹/۹ ^{NS}	۹/۳ ^{NS}	۲۷/۳ ^{NS}	۲/۶۱ ^{NS}	۱/۰۲ ^{NS}
اشتباه آزمایشی	۱۶	۱۰۱	۲	۳۹/۲	۶/۸	۳۵/۴	۱/۵۸	۰/۶۸
ضریب تغییرات (%)	-	۱۲/۵۳	۱۳/۵۸	۱۹/۵۴	۱۳/۹۵	۳۷/۵۴	۳۰/۷۳	۳۲/۲۲

NS، * و ** به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۵ و ۰/۰۱

ادامه جدول ۲- تجزیه واریانس میانگین مربعات صفات زراعی و مورفولوژی در ارقام شاهد و خویشاوندان وحشی گندم

Continued of Table 2. Variance analysis of mean squares of agronomic and morphology traits in control cultivars and wild wheat relatives

میانگین مربعات								
منابع تغییر	درجه آزادی	تعداد دانه در سنبله	طول دانه	عرض دانه	وزن دانه	شاخص برداشت	وزن هزاردانه	
ارقام شاهد و خویشاوندان وحشی	۵۳	۲۹۷**	۱/۰۴**	۰/۷۱**	۰/۴۷**	۸۵۱۸**	۲۲۶**	
ارقام شاهد	۴	۳۵۵**	۰/۲ ^{NS}	۰/۰۳ ^{NS}	۰/۲۹ ^{NS}	۳۰ ^{NS}	۵۸ ^{NS}	
خویشاوندان وحشی	۴۸	۳ ^{NS}	۱/۱۳**	۰/۲۱**	۰/۰۱ ^{NS}	۷۰ ^{NS}	۱۵ ^{NS}	
خویشاوندان وحشی در مقابل ارقام شاهد	۱	۱۴۱۷۴**	۰/۰۸ ^{NS}	۲۷/۴۶**	۲۳/۹۹**	۴۶۸۵**	۱۰۹۹۷**	
بلوک	۴	۱۰۶ ^{NS}	۰/۲۰ ^{NS}	۰/۱۱ ^{NS}	۰/۲۳ ^{NS}	۶۵ ^{NS}	۲۹۸ ^{NS}	
اشتباه آزمایشی	۱۶	۶۷	۰/۲۹	۰/۰۵	۰/۱۴	۳۹	۳۷	
ضریب تغییرات (%)	-	۲۴/۶۳	۸/۳۳	۷/۸۷	۲۹/۷۶	۲۰/۲۰	۱۵/۸۹	

جدول ۳- پارامترهای ژنتیکی صفات زراعی و مورفولوژی در ارقام شاهد و خویشاوندان وحشی گندم
Table 3. Genetic parameters of agronomic and morphology traits in control cultivars and wild relatives of wheat

وزن هزاردانه	شاخص برداشت	وزن دانه	عرض دانه	طول دانه	تعداد دانه در سنبله	وزن سنبله	وزن کل ساقه	طول برگ پرچم	طول پدانکل	طول بیرون آمدگی پدانکل	طول سنبله	ارتفاع	
۱۴/۶۱	۱۵/۷۹	-/۱۵	۱/۸۰	۶/۵۱	۶/۶۵	-/۴۲	-/۸۳	۱۰/۱۴	۲۴/۰۱	۲۱/۷۲	۵/۷۱	۴۵/۶۵	میانگین
۱۵/۱۳	۷۷/۳۵	۰/۰۰۰۶	۰/۲۱	۱/۱۳	۲/۵۷	۰/۰۱	۰/۱۴	۱۳/۸۸	۱۳۸/۸۴	۱۴۴/۲۷	۴/۲۲	۴۰۵/۸۹	واریانس فنوتیپی
-	۳۷/۹۲	-	۰/۱۵	۰/۸۴	-	-	-	-	۱۳۱/۹۹	۱۰۴/۰۸	۲/۲۱	۳۰۴/۵۱	واریانس ژنتیکی
۳۶/۷۲	۳۹/۴۲	۰/۱۳	۰/۰۵	۰/۲۹	۴۳/۶۷	۰/۶۸	۱/۵۷	۳۵/۳۸	۶/۸۴	۳۹/۱۹	۲	۱۰۱/۳۷	واریانس محیطی
-	۳۸/۹۸	-	۲۱/۸۶	۱۴/۰۸	-	-	-	-	۴۷/۸۴	۴۶/۹۵	۲۶/۰۶	۳۸/۲۲	ضریب تغییرات ژنتیکی
-	بلا	-	بلا	متوسط	-	-	-	-	بلا	بلا	بلا	بلا	گروه بندی ضریب تغییرات ژنتیکی
۲۶/۶۲	۵۵/۶۸	۱۶/۳۷	۲۵/۴۳	۱۶/۳۷	۲۴/۱۰	۳۷/۵۸	۴۵/۷۷	۳۶/۷۲	۴۹/۰۷	۵۵/۰۹	۳۵/۹۶	۴۴/۱۳	ضریب تغییرات فنوتیپی
بلا	بلا	متوسط	بلا	متوسط	بلا	بلا	بلا	بلا	بلا	بلا	بلا	بلا	گروه بندی ضریب تغییرات فنوتیپی
۴۱/۴۷	۳۹/۷۵	۲۴۰/۵۳	۱۲/۹۹	۸/۳۵	۱۲۳/۴۴	۱۹۶/۱۸	۱۴۹/۹۳	۵۸/۶۳	۱۰/۹۰	۲۸/۸۱	۲۴/۷۷	۲۲/۰۵	ضریب تغییرات محیطی
-	۴۹/۰۳	-	۷۳/۹۰	۷۳/۹۸	-	-	-	-	۹۵/۰۶	۷۲/۶۴	۵۲/۵۳	۷۵/۰۲	وراثت پذیری خصوصی
-	متوسط	-	بلا	بلا	-	-	-	-	بلا	بلا	متوسط	بلا	گروه بندی وراثت پذیری خصوصی
-	۸/۸۹	-	۰/۶۹	۱/۶۲	-	-	-	-	۲۳/۱۰	۱۷/۹۳	۲/۲۲	۳۱/۱۸	پیشرفت ژنتیکی
-	۵۶/۳۲	-	۳۸/۷۸	۲۴/۹۹	-	-	-	-	۹۶/۲۴	۸۲/۵۵	۳۸/۹۷	۶۸/۳۰	پیشرفت ژنتیکی (درصد)
-	بلا	-	بلا	بلا	-	-	-	-	بلا	بلا	بلا	بلا	گروه بندی پیشرفت ژنتیکی

طول دانه و تعداد دانه در سنبله به ترتیب وارد مدل شده و در مجموع ۹۷/۸ درصد از تغییرات عملکرد دانه را توجیه کردند. در میان این صفات نخستین متغیری که وارد مدل شد وزن سنبله بود که به تنهایی ۹۵/۷ درصد از تغییرات عملکرد دانه را توجیه کرد. سایر صفات نیز به ترتیب ۰/۸، ۰/۶، ۰/۴ و ۰/۳ درصد از تغییرات دانه را توجیه کردند. به این ترتیب وزن سنبله به عنوان مهم ترین صفت تعیین کننده عملکرد در شرایط آزمایش حاضر تعیین شد. در نهایت معادله کلی رگرسیون خطی چندگانه به صورت زیر محاسبه شد:

$$Y = -0.029 + 0.603X_1 + 0.144X_2 + 0.098X_3 - 0.069X_4 + 0.275X_5 \quad R^2 = \% 97.8$$

که در آن Y عملکرد دانه، X_1 وزن سنبله، X_2 شاخص برداشت، X_3 ارتفاع، X_4 طول دانه و X_5 تعداد دانه در سنبله می باشد. وارد نشدن اجزای عملکرد غیر از تعداد دانه در سنبله به مدل رگرسیونی دلیل بر عدم تاثیر آن ها نیست و شاید صفات مورد بحث دارای روابط غیرخطی با عملکرد باشند و به این دلیل در مدل قرار نگرفتند. جهت تفسیر بهتر نتایج رگرسیون گام به گام، تجزیه علیت انجام شد. در بررسی روابط بین صفات اگر همبستگی بین عملکرد و یک صفت به علت اثر مستقیم آن صفت باشد، این مطلب منعکس کننده ی یک رابطه واقعی بین آن ها است و لذا می توان صفت مذکور را به منظور اصلاح عملکرد انتخاب نمود، اما اگر همبستگی به دلیل اثر غیر مستقیم صفت از طریق صفات دیگر باشد، باید صفتی که سبب اثر غیر مستقیم شده است را انتخاب نمود (۲۸). نتایج حاصل از تجزیه علیت (جدول ۶) نشان داد که صفات وزن سنبله، شاخص برداشت و ارتفاع اثر مستقیم و

بررسی ضرایب همبستگی بین صفات مورد مطالعه (جدول ۴) نشان داد که عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی داری با طول سنبله ($r=0/674$)، وزن کل ساقه ($r=0/944$)، وزن سنبله ($r=0/979$)، تعداد دانه در سنبله ($r=0/974$)، عرض دانه ($r=0/632$)، شاخص برداشت ($r=0/580$) و وزن هزاردانه ($r=0/809$) داشت. همبستگی مثبت و معنی دار بین وزن کل ساقه با ارتفاع، طول سنبله و طول برگ پرچم نشان می دهد که ژنوتیپ های دارای رشد رویشی بهتر عملکرد بیولوژیک بهتری تولید کرده اند که در زمان پر کردن دانه از عملکرد بیولوژیک برای پر کردن دانه و تولید عملکرد بیشتر استفاده کرده اند (همبستگی مثبت و معنی دار بین وزن کل ساقه با وزن سنبله ($r=0/968$)، تعداد دانه در سنبله ($r=0/951$)، عملکرد دانه ($r=0/944$)، عرض دانه ($r=0/592$) و وزن هزاردانه ($r=0/732$)). رگمی و همکاران (۴۰) نیز عنوان کردند همبستگی معنی دار بین وزن دانه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت نشان دهنده سهم مهم این صفات در عملکرد دانه است. نوری و همکاران (۲۹) نیز بیان کردند بین عملکرد دانه با وزن سنبله، عملکرد بیولوژیکی، ارتفاع و طول سنبله همبستگی مثبت و معنی داری وجود دارد. همچنین همبستگی مثبت و معنی دار بین عملکرد با قطر دانه، تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه توسط محققین دیگر نیز گزارش شده است (۵،۲۱،۴۸،۱۳،۳۱).

بر اساس نتایج تجزیه رگرسیون گام به گام (جدول ۵) برای عملکرد دانه، پنج متغیر وزن سنبله، شاخص برداشت، ارتفاع،

جدول ۷- نتایج تجزیه به عامل‌ها، مقادیر ویژه، درصد واریانس و واریانس تجمعی برای صفات زراعی و مورفولوژی
 Table 7. Results of Factor analysis, Eigenvalues, variance and cumulative variance percentage for agronomic and morphology traits

عامل سوم	عامل دوم	عامل اول	
-۰/۲۳	۰/۷۰	۰/۶۴	ارتفاع
۰/۴۵	-۰/۰۷	۰/۷۳	طول سنبله
-۰/۲۱	۰/۸۵	۰/۴۲	طول بیرون آمدگی پدانکل
-۰/۱۱	۰/۹۵	۰/۰۷	طول پدانکل
۰/۲۰	۰/۴۳	۰/۶۱	طول برگ پرچم
۰/۰۶	۰/۰۱	۰/۹۷	وزن کل ساقه
۰/۰۷	-۰/۱۷	۰/۹۶	وزن سنبله
۰/۰۸	-۰/۱۶	۰/۹۴	تعداد دانه در سنبله
۰/۶۹	۰/۳۷	۰/۲۳	طول دانه
-۰/۳۹	-۰/۱۵	۰/۶۸	عرض دانه
-۰/۰۲	-۰/۲۲	۰/۹۵	وزن دانه
-۰/۰۱	-۰/۷۷	۰/۴۲	شاخص برداشت
-۰/۱۳۶	-۰/۲۶	۰/۸۱	وزن هزاردانه
۱/۱۴	۳/۲۶	۶/۵۶	مقدار ویژه
۸/۷۸	۲۵/۱۰	۵۰/۵۰	درصد واریانس
۸۴/۳۹	۷۵/۶۰	۵۰/۵۰	درصد واریانس تجمعی

Kaiser-Meyer-Olkin (KMO) = ۷۶ / ۳

Bartlett's test = ۱۰۷۵ / ۱۵**

تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مختلف و برش دندروگرام حاصل (شکل ۱) باعث ایجاد ۲، ۳ و ۵ گروه شد که بر اساس نتایج تجزیه تابع تشخیص و تجزیه واریانس چند متغیره (جدول ۸)، حالت سه گروهی که بیشترین مقدار F (۳۵/۶۷۱) و کمترین مقدار آماره ویلکس لامبدا (صفر) و بیشترین درصد صحت گروه‌بندی (۹۸/۱) را داشت انتخاب شد. علاوه بر این معنی‌دار شدن هر چهار آماره ویلکس لامبدا (صفر)، اثر پیلاهی (۲/۷۴۵)، اثر هتلینگ (۶۸/۲۷۲) و بزرگترین ریشه روی (۵۱/۳۶۴) در سطح احتمال یک درصد بر اساس نتایج تجزیه واریانس چند متغیره نشان‌دهنده گروه‌بندی صحیح می‌باشد در نتیجه ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه‌های متفاوت از نظر این صفات شباهت بیشتری با هم دارند. بر اساس این حالت گروه‌بندی، ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۵، ۱۳، ۱۷، ۲۰، ۲۳، ۲۴، ۲۷، ۲۸، ۲۹، ۳۰، ۳۱، ۳۷، ۴۰، ۴۱، ۴۴ در گروه اول، ژنوتیپ‌های شماره ۲، ۳، ۸، ۱۵، ۱۶، ۱۸، ۱۹، ۲۱، ۲۴، ۳۴، ۳۵، ۳۶، ۳۹، ۴۳، ۴۷ و ۴۸ در گروه دوم، ارقام شاهد در گروه سوم، ژنوتیپ‌های شماره ۶، ۷، ۱۴، ۲۵، ۲۶ و ۳۸ در گروه چهارم و ژنوتیپ‌های شماره ۱، ۹، ۱۰، ۱۱، ۱۲، ۲۲، ۳۲، ۳۳، ۴۲، ۴۵، ۴۶ و ۴۹ در گروه پنجم قرار گرفتند. بر اساس نتایج مقایسه میانگین صفات در گروه‌ها (جدول ۹) مشخص شد که ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه اول با داشتن انحراف از میانگین کل منفی برای تمام صفات به غیر از شاخص برداشت، کمترین مقدار میانگین را نیز برای صفات مورفولوژیک شامل ارتفاع بوته، طول بیرون آمدگی پدانکل، طول پدانکل و طول برگ پرچم به خود اختصاص دادند. ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه دوم دارای انحراف از میانگین کل منفی برای تمام صفات غیر از طول برگ پرچم بودند. ارقام شاهد که در گروه سوم قرار گرفتند دارای انحراف از میانگین کل مثبت برای تمام صفات غیر از طول پدانکل و طول بیرون آمدگی پدانکل و طول دانه متعلق به ارقام شاهد قرار گرفته در این گروه بود. شش ژنوتیپ قرار گرفته در گروه چهارم دارای انحراف از میانگین کل مثبت برای صفات

بر اساس نتایج تجزیه عاملی، مقدار آماره KMO (۷۶/۳) و معنی‌دار شدن آزمون اسفیرستی بارتلت بیانگر کافی بودن مقادیر همبستگی متغیرهای اولیه برای تجزیه عاملی بود. پس از انجام تجزیه عاملی با در نظر گرفتن مقادیر ویژه بزرگ‌تر از یک، سه عامل اول توانستند به ترتیب ۵۰/۵۰، ۲۵/۱۰ و ۸/۷۸ درصد از واریانس بین صفات را تبیین کنند (جدول ۷). در مؤلفه اول بالاترین سهم در توجیه واریانس متعلق به صفات وزن کل ساقه، وزن سنبله، وزن دانه، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه، طول سنبله، طول برگ پرچم و عرض دانه بود. لذا این عامل را می‌توان عامل مؤثر بر عملکرد و اجزای عملکرد نامگذاری کرد. از آنجا که این عامل به تنهایی ۵۰ درصد از تغییرات کل را توجیه کرده است، لذا صفاتی که در این عامل دارای ضرایب بزرگ هستند، مهم‌ترین صفات در گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب می‌باشند. عامل دوم که دارای ضرایب بزرگ و مثبت برای صفات طول پدانکل، طول بیرون آمدگی پدانکل و ارتفاع بوته و ضریب بزرگ و منفی برای شاخص برداشت بود، به عنوان عامل مؤثر بر شاخص برداشت و عامل سوم که دارای ضریب بزرگ برای طول دانه بود، می‌تواند عامل مؤثر بر طول دانه معرفی گردد.

حامدی و همکاران (۱۱) در مطالعه‌ای که به منظور گروه‌بندی جمعیت‌های مختلف گندم وحشی انجام دادند، با انجام تجزیه عاملی موفق به شناسایی سه عامل شدند که در مجموع ۷۶/۶۵ درصد از تغییرات کل را توجیه می‌نمودند. این محققان عامل اول را عامل مورفولوژی، عامل دوم را عامل ارتفاع و عامل سوم را عامل خصوصیات دانه نام‌گذاری کردند. نقدی‌پور و همکاران (۲۷) با تجزیه به عامل‌ها با استفاده از روش مؤلفه‌های اصلی با صفات زراعی در ۱۷ لاین گندم، چهار عامل مستقل که ۶۷/۹۳ درصد از تغییرات کل را توجیه می‌نمود شناسایی کردند. بررسی ضرایب عاملی در تحقیق آن‌ها نشانگر اهمیت صفات عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، طول سنبله و طول بیرون آمدگی پدانکل در گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب بود.

ویکرام و همکاران (۴۹) ۲۴۰۳ نمونه از گونه‌های بومی گندم جمع‌آوری شده از سراسر ایران را در ۲۲ گروه اصلی گروه‌بندی کردند.

نتایج حاصل از تجزیه تابع تشخیص برای بررسی صحت گروه‌بندی‌ها در جدول ۱۰ ارائه شده است. نتایج به دست آمده حاکی از آن بود که از ۱۵ ژنوتیپ گروه دوم، شش ژنوتیپ گروه سوم و از پنج ژنوتیپ گروه سوم همگی به طور صحیح گروه‌بندی شدند اما از ۱۶ ژنوتیپ گروه اول ۱۵ ژنوتیپ به طور صحیح گروه‌بندی شده و یک ژنوتیپ متعلق به گروه دوم بود و از ۱۲ ژنوتیپ گروه پنجم ۱۰ ژنوتیپ متعلق به این گروه و یک ژنوتیپ متعلق به گروه دوم و یک ژنوتیپ متعلق به گروه چهارم بود. به این ترتیب از ۵۴ ژنوتیپ مورد بررسی ۵۱ ژنوتیپ به طور صحیح گروه‌بندی شده و درصد صحت گروه‌بندی ۹۴/۴ درصد برآورد شد.

ارتفاع بوته، طول بیرون آمدگی پدانکل، طول پدانکل، طول برگ پرچم، عملکرد بیولوژیک و طول دانه بودند و انحراف از میانگین کل این ژنوتیپ‌ها برای سایر صفات منفی برآورد گردید. بیشترین مقدار میانگین برای صفات طول بیرون آمدگی پدانکل، طول پدانکل و طول دانه و کمترین مقدار میانگین برای صفت شاخص برداشت مربوط به ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه چهارم بود. ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه پنجم دارای انحراف از میانگین کل منفی برای صفات وزن سنبله، تعداد دانه در سنبله، عرض دانه، عملکرد دانه، شاخص برداشت و وزن هزار دانه بودند و انحراف از میانگین کل این ژنوتیپ‌ها برای سایر صفات مثبت بود. حامدی و همکاران (۱۱) نیز ۲۷ جمعیت گندم وحشی را با استفاده از تجزیه خوشه‌ای در سه گروه، طبقه‌بندی کردند. پوراوقداره و همکاران (۳۲) ۱۸۰ توده از گونه‌های مختلف خوشه‌بندی گندم را با استفاده از تجزیه خوشه‌ای در دو گروه اصلی و

جدول ۸- برآورد مقادیر ویلکس-لامبدا و F و درصد صحت گروه‌بندی برای تعیین محل برش در تجزیه خوشه‌ای در ژنوتیپ‌های گندم
Table 8. Estimation of Wilkes-Lambda and F values and grouping accuracy percentage to determine the cutting location in cluster analysis of wheat genotypes

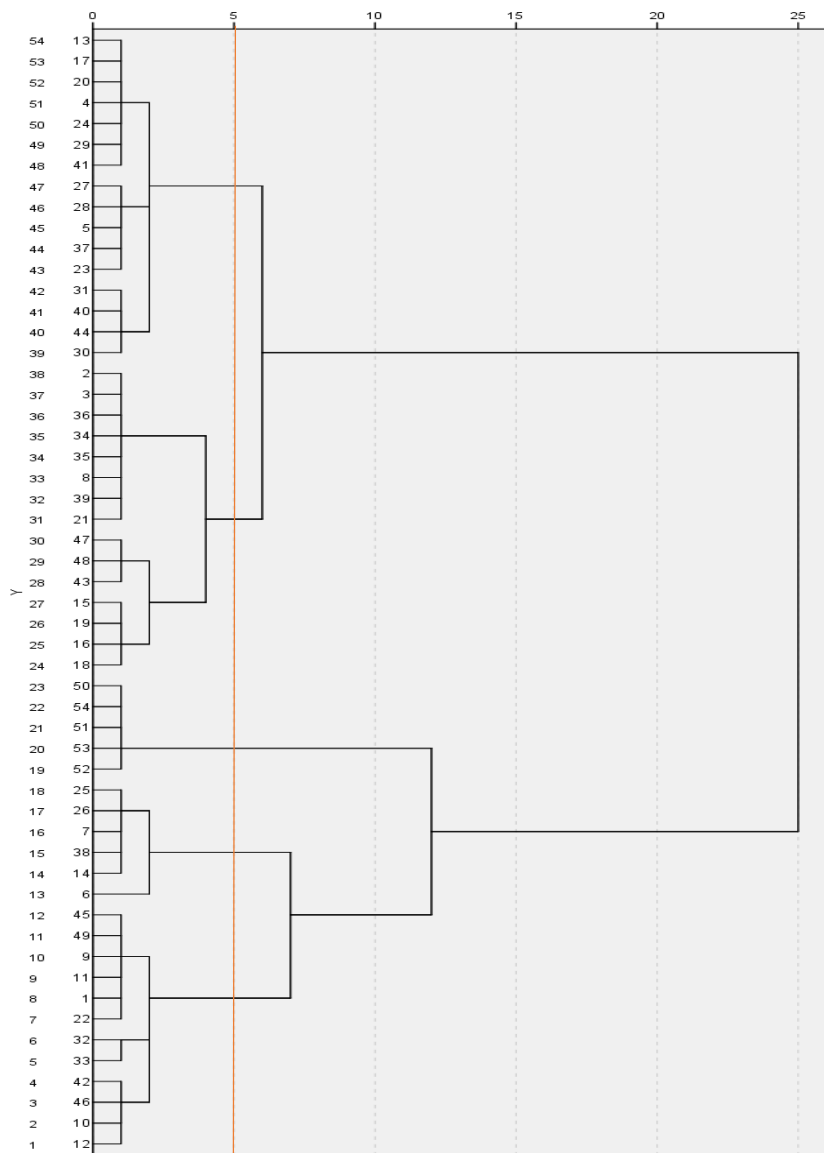
درصد صحت گروه‌بندی	F	ویلکس-لامبدا	تعداد گروه
۹۴/۴	۲۵/۶۷۱	.	۲
۹۲/۶	۱۸/۹۱۰	۰/۰۰۶	۳
۹۲/۶	۱۱/۹۷۴	۰/۲۰۴	۵

جدول ۹- میانگین و درصد انحراف از میانگین کل هر گروه از ژنوتیپ‌های گندم در تجزیه خوشه‌ای
Table 9. Mean and percentage deviation from the mean of each group of wheat genotypes in cluster analysis

خوشه	تعداد ژنوتیپ	ارتفاع	طول سنبله	طول بیرون آمدگی پدانکل	طول پدانکل	طول برگ پرچم	وزن کل ساقه	وزن سنبله	تعداد دانه در سنبله	طول دانه	عرض دانه	وزن دانه	شاخص برداشت	وزن هزار دانه
۱	۱۶	۲۲/۸۷ ^d	۴/۵۳ ^b	۱۰/۰۳ ^c	۱۳/۰۳ ^d	۶/۴۰ ^c	۰/۳۳ ^c	۰/۲۰ ^b	۳/۲۳ ^b	۶/۵۵ ^{ab}	۱/۶۰ ^b	۰/۰۵ ^b	۲۰/۸۷ ^b	۹/۹۳ ^b
۲	۱۵	-۴۹/۸۸	-۲۰/۷۸	-۵۳/۸۳	-۴۵/۷۷	-۳۶/۹۰	-۶۳/۷۲	-۵۸/۸۷	-۵۳/۲۹	-۰/۶۴	-۱۰/۷۰	-۷۴/۰۱	۳۲/۱۳	-۳۲/۰۳
۳	۵	۸۰/۳۱ ^a	۱۰/۴۳ ^a	۳۳/۰۳ ^b	۱۸/۷۴ ^c	۵/۶۲	-۵۱/۱۴	۴/۰۸ ^a	۲/۵۶ ^a	۶/۵۳ ^{ab}	۲/۹۷ ^a	۱/۲۵ ^a	۳۱/۰۸ ^a	۲۸/۰۷ ^a
۴	۶	۷۹/۵۳ ^a	۴/۱۱ ^b	۴۴/۵۳ ^a	۴۷/۱۸ ^a	۹۶/۵۲	۱۰/۲۳	۰/۹۱ ^b	۳/۱ ^b	۶/۹۹ ^a	۱/۶۵ ^b	۰	۳/۸۶ ^d	۹/۲۸ ^d
۵	۱۲	۵۵/۰۳ ^b	۶/۲۳ ^b	۲۸/۲۳ ^c	۳۳/۷۱ ^b	۲۹/۹۶	۱۱/۵۳ ^b	۰/۹۰ ^b	۰/۴۵ ^b	۵/۸۶ ^b	۱/۷۷ ^b	۰/۱۵ ^b	۹/۲۹ ^{cd}	۱۳/۹۸ ^d
میانگین کل		۴۵/۶۵	۵/۷۱	۲۱/۷۲	۲۴/۰۱	۱۰/۱۴	-۰/۸۹	-۰/۴۸	۶/۹۴	۶/۵۱	۱/۸۰	-۰/۱۹	۱۵/۷۹	۱۴/۶۱

جدول ۱۰- نتایج تجزیه تابع تشخیص برای صحت گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد بررسی
Table 10. Results of discriminant analysis for grouping studied genotypes

جمع	گروه‌های پیش‌بینی شده					گروه‌های حاصل از خوشه‌ای
	۵	۴	۳	۲	۱	
۱۶	.	.	.	۱	۱۵	۱
۱۵	.	.	.	۱۵	.	۲
۵	.	.	۵	.	.	۳
۶	.	۶	.	.	.	۴
۱۲	۱۰	۱	.	۱	.	۵
۵۴	جمع کل					
۵۱	۱۰	۶	۵	۱۵	۱۵	تعداد صحیح
۹۴/۴	درصد صحت گروه‌بندی					



شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های گندم بر اساس صفات اندازه‌گیری شده
 Figure 1. Dendrogram derived from cluster analysis of wheat genotypes based on measured traits

بیولوژیک و همبستگی بالای عملکرد بیولوژیک با عملکرد دانه می‌توان از این ژنوتیپ‌ها در جهت افزایش عملکرد بیولوژیک و در نتیجه بهبود عملکرد دانه بهره برد. ژنوتیپ‌های موجود در گروه اول نیز که دارای انحراف از میانگین مثبت برای صفت شاخص برداشت بودند (به ویژه ژنوتیپ شماره ۴۱ که دارای بیشترین مقدار میانگین برای این صفت حتی در مقایسه با ارقام اصلاح شده بود) را می‌توان جهت اصلاح این صفت به کار برد.

بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه چهارم و پنجم برای صفات ارتفاع، طول برگ پرچم و طول دانه دارای انحراف از میانگین مثبت بودند که با توجه به وراثت‌پذیری بالای برآورد شده برای این صفات و با توجه به نتایج تجزیه رگرسیون و وارد شدن صفات ارتفاع و طول دانه به عنوان صفات موثر بر عملکرد دانه می‌توان از ژنوتیپ‌های موجود در این گروه برای کارهای اصلاحی و تولید ارقام جدید دارای عملکرد مناسب استفاده کرد. همچنین با در نظر گرفتن همبستگی بالای صفات ارتفاع و طول برگ پرچم با عملکرد

منابع

- Ahmadi, J., A. Pour-Aboughadareh, S. Fabriki-Ourang, A.A. Mehrabi and K.H.M. Siddique. 2018. Screening wild progenitors of wheat for salinity stress at early stages of plant growth: Insight into potential sources of variability for salinity adaptation in wheat. *Crop and Pasture Science*, 69: 649-658.
- Bhatta, M., A. Morgounov, V. Belamkar, J. Poland and P.S. Baenziger. 2018. Unlocking the novel genetic diversity and population structure of synthetic Hexaploid wheat. *BMC Genomics*, 19: 591. *Breeding Science*, 61: 347-357.
- Chhuneja, P., S. Kaur, T. Garg, M. Ghai, S. Kaur, M. Prashar, N.S. Bains, R.K. Goel, B. Keller and H.S. Dhaliwal. 2008. Mapping of adult plant stripe rust resistance genes in diploid a genome wheat species and their transfer to bread wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 116: 313-324.
- Dante, F.P., T. Malachy, J.J. Campbell, X.C. Folsom, R. Greg, P. Kumar, B. Stephen and W. Harkamal. 2013. Introgression of Novel traits from a wild wheat relative improves drought adaptation in wheat. *Plant Physiology*, 161: 1806-1819.
- Dayem, A.E.L., Y.A.E.L. Gohary and H.E. Ibrahim. 2021. Path-Coefficient Analysis and Correlation Studies on Grain Yield and its Components of some Bread Wheat Genotypes under Three Irrigation Treatments. *Journal of Plant Production*, 12(2): 115-123.
- De Ponti, O. 2010. Germplasm exploitation and ownership: Who owns what? 2nd International Symposium on Genomics of Plant Genetic Resources, Bologna, Italy, 30 pp.
- Dempewolf, H., G. Baute, J. Anderson, B. Kilian, C. Smith and L. Guarino. 2017. Past and future use of wild relatives in crop breeding. *Crop Science*, 57: 1070-1082.
- Djanaguiraman, M., P.V.V. Prasad, J. Kumari, S.K. Sehgal, B. Friebe, I. Djalovic, Y. Chen, K.H.M. Siddique and B.S. Gill. 2019. Alien chromosome segment from *Aegilops speltoides* and *Dasypyrum villosum* increases drought tolerance in wheat via profuse and deep root system. *BMC Plant Biology*, 19: 242.
- FAOSTAT, Food and Agricultural Commodities Production. [(accessed on 20 May 2021)]; Available online: <http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx>.
- Hairat, S. and P. Khurana. 2015. Evaluation of *Aegilops tauschii* and *Aegilops speltoides* for acquired thermotolerance: Implications in wheat breeding programmes. *Plant Physiology and Biochemistry*, 95: 65-74.
- Hamedi, M., M. Maleki, M. Rahimi, A. Baghizadeh and N.S. Alavi. 2017. Grouping of Different Populations of Wild Wheat (*Triticum Boeoticum*) by Multivariate Analysis. *Journal of Crop Breeding*, 9(21): 27-35 (In Persian).
- Janmohammadi, M., N. Sabaghnia and M. Nouraein. 2014. Path analysis of grain yield and yield components and some agronomic traits in breadwheat. *Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis*, 62: 945-952. <http://dx.doi.org/10.11118/actaun201462050945>
- Kandel, M., A. Bastola, P. Sapkota, O. Chaudhary, P. Dhakal and P. Chalise. 2017. Association and path coefficient analysis of grain yield and its attributing traits in different genotypes of wheat (*Triticum aestivum* L.). *International Journal of Applied Sciences and Biotechnology*, 5(4): 449-453.
- Kashif, M. and I. Khaliq. 2004. Heritability, correlation and path coefficient analysis for some metric traits in wheat. *International Journal of Agriculture and Biology*, 1: 138-142.
- Kiani, R., A. Arzani and F. Habibi. 2015. Physiology of salinity tolerance in *Aegilops cylindrica*. *Acta Physiologiae Plantarum*, 37: 135-145.
- Kishii, M. 2019. An update of recent use of *Aegilops* species in wheat breeding. *Frontiers in Plant Science*, 10: 585.
- Kumar, A., A. Sharma, R. Sharma, P. Srivastva and A. Choudhary. 2021. Exploration of wheat wild relative diversity from Lahaul valley: a cold arid desert of Indian Himalayas. *Cereal Research Communications*, <https://doi.org/10.1007/s42976-021-00166-w>.
- Kumar, R., B. Bhushan, R. Pal and S.S. Gaurav. 2014. Correlation and path coefficient analysis for quantitative traits in wheat (*Triticum aestivum* L.) under normal condition, *Annals of Agriculture Bio Research*, 19:447-450.
- Limin, A.E. and D.B. Fowler. 1981. Cold hardiness of some wild relatives of hexaploid wheat. *Botany*, 59: 572-573.
- Masoomi-Aladizgeh, F., A. Aalami, M. Esfahani, M.J. Aghaei and K. Mozaffari. 2015. Identification of CBF14 and NAC2 genes in *Aegilops tauschii* associated with resistance to freezing stress. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, 176: 1059-1070.
- Maurya, A.K., R.K. Yadav, A.K. Singh, A. Deep and V. Yadav. 2020. Studies on correlation and path coefficients analysis in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 9(4): 524-527.
- Milner, S.G., M. Jost, S. Taketa, L.R. Mazon, A. Himmelbach, M. Oppermann, S. Weise, H. Knüpfner, M. Basterrechea, P. König, D. Schuler, R. Sharma, R.K. Pasam, T. Rutten, G. Guo, D. Xu, J. Zhang, G. Herren, T. Muller, S.G. Krattinger, B. Keller, Y. Jiang, M.Y. Gonzalez, Y. Zhao, A. Habeku, S. Färber, F. Ordon, M. Lange, A. Börner, A. Graner, J.C. Reif, U. Scholz, M. Mascher and

- N. Stein. 2019. Genebank genomics highlights the diversity of a global barley collection. *Nature Genetics*, 51: 319-326.
23. Mishra, A., P. Kumar, M.D. Shamim, K.K. Tiwari, P. Fatima, D. Srivastava, R. Singh and P. Yadav. 2019. Genetic diversity and population structure analysis of Asian and African aromatic rice (*Oryza sativa* L.) genotypes. *Journal of Genetics*, 98: 92-111.
 24. Mondal, S., A. Sallam, D. Sehgal, A.K. Biswal, M. Farhad, N.J. Krishnan, U. Kumar, S. Sukumaran and Y. Nehela. 2021. Advances in breeding for abiotic stress tolerance in wheat. In book: *Genomic Designing for Abiotic Stress Resistant Cereal Crops* Publisher: Springer.
 25. Moradi Sarabsheli, A., M.R. Naghavi, M.J. Aghaei. 2011. The Study of Genetic Diversity in Wild Wheat Species by Morphological Traits. *Plant Productions*, 34(2): 41-55 (In Persian).
 26. Müller, T., B. Schierscher-Viret, D. Fossati, C. Brabant, A. Schori, B. Keller and S.G. Krattinger. 2018. Unlocking the diversity of genebanks: whole-genome marker analysis of Swiss bread wheat and spelt. *Theoretical and Applied Genetics*, 131: 407-416.
 27. Naghdipour, A., M. Khodarahmi, A. Pourshahbazi and M. Esmaeilzade. 2011. Factor analysis for grain yield and other traits in durum wheat. *Journal of Agronomy and Plant Breeding*, 7: 84-96 (In Persian).
 28. Nasri, R., F. Paknezhad, M. Sadeghi SHoa, S. Ghorbani and Z. Fatemi. 2012. Correlation and path analysis of drought stress on yield and yield components of barley (*Hordeum vulgare*) in Karaj region. *Journal of Agronomy and Plant Breeding*, 8(4): 155-165 (In Persian).
 29. Noori, A., A.A. Mehrabi and H. Safari. 2017. Study of Correlation and Path Coefficient Analysis of Agronomic Traits and Grain Yield for *Aegilops cylindrica* Accessions under Non-Stress and Drought Stress Conditions in Ilam. *Journal of Crop Breeding*, 9(23): 76-84 (In Persian).
 30. Nowak, J.L., S. Okon and A. Wieremczuk. 2020. Molecular diversity analysis of genotypes from four *Aegilops* species based on retrotransposon-microsatellite amplified polymorphism (REMAP) markers. *Cereal Research Communications*, 49(1): 37-44.
 31. Pandey, G., L. Yadav, A. Tiwari, H.B. Khatri, S. Basnet, K. Bhattarai and N. Khatri. 2017. Analysis of yield attributing characters of different genotypes of wheat in Rupandehi, Nepal. *International Journal of Environment, Agriculture and Biotechnology*, 2(5): 2389-15.
 32. Pour-Aboughadareh, A., J. Ahmadi, A.A. Mehrabi, M. Moghaddam and A. Etminan. 2017. Evaluation of agro-morphological diversity in wild relatives of wheat collected in Iran. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 19: 943-956.
 33. Pour-Aboughadareh, A., M. Omidi, M.R. Naghavi, A. Etminan, A.A. Mehrabi and P. Poczai. 2020. Wild relative of wheat respond well to water deficit stress: a comparative study of antioxidant enzyme activities and their encoding gene expression. *Agriculture*, 10(9): 425.
 34. Pour-Aboughadareh, A., M. Moghaddam, S.S. Alavikia and A.A. Mehrabi. 2016. Assessing heritability of agro-morphological characters and relationship between genetic diversity with geographical factors in Einkorn wild wheat populations collected from West and Northwest of Iran. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 24(2): 287-304.
 35. Pour-Aboughadareh, A., J. Ahmadi, A.A. Mehrabi, A. Etminan, M. Moghaddam and K.H.M. Siddique. 2017. Physiological responses to drought stress in wild relatives of wheat: Implications for wheat improvement. *Acta Physiologiae Plantarum*, 39: 106.
 36. Pour-Aboughadareh, A., F. Kianersi, P. Poczai and H. Moradkhani. 2021. Potential of Wild Relatives of Wheat: Ideal Genetic Resources for Future Breeding Programs. *Agronomy*, 11(8): 1656. <https://doi.org/10.3390/agronomy11081656>
 37. Pour-Aboughadareh, A., M. Omidi, A. Etminan and A.A. Mehrabi. 2017. The importance of wild wheat germplasm in breeding for resistance to abiotic stresses. *Modern Genetics Journal*, 12(4): 489-504.
 38. Pradheep, K., M. Singh, S.M. Sultan, K. Singh, R. Parimalan and S.P. Ahlawat. 2019. Diversity in wild relatives of wheat: an expedition collection from cold-arid Indian Himalayas. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 66: 275-285.
 39. Rahmati, M., A. Ahmadi and T. Hosseinpour. 2018. Study of Genetic Variability, Heritability and Relationship between Grain Yield and Yield-Related Traits on Bread Wheat Genotypes under Dry Land Conditions. *Journal of Crop Breeding*, 10(25): 167-175 (In Persian).
 40. Regmi, S., B. Poudel, B.R. Ojha, R. Kharel, P. Joshi, S. Khanal and B.P. Kandel. 2021. Estimation of Genetic Parameters of Different Wheat Genotype Traits in Chitwan, Nepal. *International of Agronomy*. Article ID 6651325, 10 pp.
 41. Reynolds, M.P., F. Dreccer and R. Trethowan. 2007. Drought adaptive traits derived from wheat wild relatives and landraces. *Journal of Experimental Botany*, 58: 177-186.
 42. Riar, A.K., S. Kaur, H.S. Dhaliwal, K. Singh and P. Chhuneja. 2012. Introgression of a leaf rust resistance gene from *Aegilops caudata* to bread wheat. *Journal of Genetics*, 91: 155-161.
 43. Sansaloni, C., J. Franco, B. Santos, L. Percival-Alwyn, S. Singh, C. Petroli, J. Campos, K. Dreher, T. Payne, D. Marshall, B. Kilian, I. Milne, S. Raubach, P. Shaw, G. Stephen, J. Carling, C. Saint Pierre, J. Burgueño, J. Crosa, H. Li, C. Guzman, Z. Kehel, A. Amri, A. Kilian, P. Wenzl, C. Uauy, M.

- Banziger, M. Caccamo and K. Pixley. 2020. Diversity analysis of 80,000 wheat accessions reveals consequences and opportunities of selection footprints. *Nature Communications*, 11: 4572.
44. Shahid, M., M. Fida and M. Tahir. 2002. Path coefficient analysis in wheat. *Sarhad Journal of Agriculture*, 18: 383-388.
45. Shirzad, H., J. Ahmadi, M.J. Aghaei and B. Sorkhi. 2020. Morphological Genetic Variation of Native Species of *Aegilops triuncialis* L. Collected from the northern half of Iran. *Journal of Plant Researches*, 34(3): 682-693 (In Persian).
46. Sohail, Q., T. Inoue, H. Tanaka, A.E. Eltayeb, Y. Matsuoka and H. Tsujimoto. 2011. Applicability of *Aegilops tauschii* drought tolerance traits to breeding of hexaploid wheat.
47. Topal, A., C. Aydın, N. Akgun and M. Babaoglu. 2004. Diallel crosses analysis in durum wheat (*Triticum durum* Desf.): identification of best parents for some kernel physical features. *Field Crops Research*, 87: 1-12.
48. Upadhyay, K. 2020. Correlation and path coefficient analysis among yield and yield attributing traits of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. *Archives of Agriculture and Environmental Science*, 5(2): 196-199.
49. Vikram, P., J. Franco, J. Burgueño, H. Li, D. Sehgal, C. Saint-Pierre, C. Ortiz, V.K. Singh, C. Sneller, A. Sharma, M. Tattaris, C. Guzman, J. Pena, C.P. Sansaloni, J.A.C. Serna, K. Thiyagarajan, G.F. Davila, M. Reynolds, K. Sonder, V. Govindan, M. Ellis, S. Bhavani, M.R. Jalal Kamali, M. Roosatei, S. Singh, D. Basandrai, N.S. Bains, A. Basandrai, T. Payne, J. Crossa and S. Singh. 2020. Strategic use of Iranian bread wheat landrace accessions for genetic improvement: Core set formulation and validation. *Plant Breeding*, 43(1): 87-99.
50. Wang, S.C., D. Wong, K. Forrest, A. Allen, S.M. Chao, B.E. Huang, M. Maccaferri, S. Salvi, S.G. Milner, L. Cattivelli, A.M. Mastrangelo, A. Whan, S. Stephen, G. Barker, R. Wieseke, J. Plieske, International Wheat Genome Sequencing Consortium, Lillemo, M., D. Mather, R. Appels, R. Dolferus, G. Brown-Guedira, A. Korol, A.R. Akhunova, C. Feuillet, J. Salse, M. Morgante, C. Pozniak, M.C. Luo, J. Dvorak, M. Morell, J. Dubcovsky, M. Ganal, R. Tuberosa, C. Lawley, I. Mikoulitch, C. Cavanagh, K.J. Edwards, M. Hayden and E. Akhunov. 2014. Characterization of polyploid wheat genomic diversity using a high-density 90000 single nucleotide Orphism array. *Plant Biotechnology Journal*, 12: 787-796.
51. Weide, A., S. Rieh, M. Zeidi and N.J. Conard. 2013. Using new morphological criteria to identify domesticated emmer wheat at the aceramic Neolithic site of Chogha Golan (Iran). *Journal of Archaeological Science*, 57: 109-118.

Investigation of Diversity of Different Agronomic and Morphological Traits in Wild Wheat Relatives

Maryam Jabari¹, Ahmadreza Golparvar², Behzad Sorkhilalehloo³ and Majid shams⁴

1- Department of Agronomy and Plant Breeding, College of Agriculture, Isfahan (Khorasgan) Branch, Islamic Azad University, Isfahan, Iran

2- Department of Agronomy and Plant Breeding, College of Agriculture, Isfahan (Khorasgan) Branch, Islamic Azad University, Isfahan, Iran, (Corresponding author: dragolparvar@gmail.com)

3- Assistance of professor, Genetic Department, Seed and Plant Improvement Institute, AREEO, Karaj, Iran

4- Assistance of professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, College of Agriculture, Isfahan (Khorasgan) Branch, Islamic Azad University, Isfahan, Iran

Received: 24 August 2021

Accepted: 9 January 2022

Extended Abstract

Introduction and Objective: Wild relatives of wheat are one of the most important genetic resources for use in wheat breeding programs. Therefore, identifying wheat wild relatives and Awareness of the diversity in them, also protecting these species is undeniably effective in expanding the richness of the gene pool and the genetic base of new cultivars and can be a good tool for future breeders.

Material and Methods: The present study was conducted to evaluate the genetic diversity and to investigate the relationships between traits in 49 species of wild wheat relatives in augmented design in five blocks in the Genetic Research and National Plant Gene Bank of Iran of Seed and Plant Breeding Research Institute in 2019-2020 crop year.

Results: Based on the results of analysis of variance, there was a significant difference in the probability level of 0.01 between different wild relatives of wheat in terms of height, peduncle extrusion length, peduncle length and grain length and grain width. The values of diversity coefficients also indicated high diversity between different species of wild relatives in terms of morphological traits other than flag leaf length. The highest coefficient of genetic variation and the highest heritability was related to peduncle length trait. Based on the results of estimating the correlation coefficients between traits, there was a positive and significant relationship between yield and yield components. Based on the results of regression analysis, five traits of spike weight, harvest index, height, grain length and number of grains per spike were determined as traits affecting grain yield. Among these traits, spike weight was mainly direct and number of grains per spike was indirectly, affected grain yield. The results of factor analysis led to the identification of three factors that explained 84.39% of the differences between the data. The dendrogram obtained from the cluster analysis divided cultivars and species into three general groups based on all traits. The genotypes in the fourth and fifth groups can be used for breeding and production of new cultivars by improving biological yield and grain yield, due to positive deviation from the total mean for height, flag leaf length and grain length traits, and the first group genotypes can be used to harvest index improvement.

Conclusion: There was a significant variation in morphological traits among the studied wheat wild relatives, which can be used for breeding programs of genetic resource.

Keywords: Cluster analysis, Genetic diversity, Factor analysis, Wheat, Wild relatives