دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

"مقاله پژوهشی"

بررسی تنوع ژنتیکی توده‌های گندم نان از لحاظ صفات زراعی و نشانگرهای مولکولی SSR

فاطمه باوندپوری[۱]، عزت‌اله فرشادفر[۲] و محسن فرشادفر[۳]

۱- دانش‌آموخته دکتری اصلاح‌نباتات، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، دانشگاه رازی کرمانشاه،
(نویسنده مسوول: f.bavandpori@yahoo.com)
۲- استاد گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، دانشگاه رازی کرمانشاه
۳- دانشیار گروه کشاورزی دانشگاه پیام نور، تهران، ایران
تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۲/۹ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۵/۱
صفحه: ۱۵۶ تا ۱۷۳

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: بررسی تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی برای برنامه‌های به‌نژادی و حفاظت از ذخایر توارثی امری ضروری است و یک گام کلیدی در ارزیابی سازگاری جمعیت با شرایط جدید محیطی و در نتیجه انتخاب ارقام جدید می‌باشد. روش‌های مختلفی به منظور برآورد تنوع ژنتیکی در گونه‌های مختلف گیاهی وجود دارد که از آن موارد می‌توان به استفاده از صفات مورفولوژی و نشانگرهای DNA اشاره نمود.

مواد و روش‌ها: بدین منظور در این پژوهش تنوع ژنتیکی بین ۲۵ توده گندم نان از نظر ۲۳ صفت زراعی و ۲۰ نشانگر مولکولی SSR بررسی شد. آزمایشی مزرعه‌ای در سال ۹۶-۱۳۹۵ در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در شرایط دیم و آبیاری آخر فصل در مزرعه تحقیقاتی و آزمایشگاه‌های پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه رازی به اجرا درآمد.

یافته‌ها: نتایج تجزیه واریانس نشان داد که اختلاف معنی‌داری بین توده‌ها برای اکثر صفات مورد بررسی وجود داشت. براساس نتایج تجزیه خوشه‌ای توده‌ها در چهار گروه قرار گرفتند. نتایج مقایسه میانگین و تجزیه خوشه‌ای حاکی از آن بود که توده‌های شماره ۲، ۱۳، ۶، ۱۵، ۱۸ و ۱۰ برترین توده‌ها بر مبنای خصوصیات زراعی بودند که بر این اساس قابل پیشنهاد برای برنامه‌های اصلاحی هستند و در مقابل توده‌های شماره ۳، ۲۴، ۱۱، ۱۲ و ۱۶ به عنوان ضعیف‌ترین توده‌ها از نظر صفات زراعی مورد مطالعه شناسایی شدند. در ارزیابی تنوع ژنتیکی توده‌ها با استفاده از ۲۰ نشانگر SSR، ۱۶ ترکیب آغازگری که چندشکلی مناسبی داشتند، انتخاب شدند. درصد چندشکلی کل ۹۳/۷۵ برآورد گردید. آغازگرهای XCFD168-2D، XGWM350-7D و XGWM136-1A با صد درصد چند شکلی، بیشترین تعداد آلل، مقدار بالای شاخص‌های محتوی اطلاعات چندشکلی، شاخص نشانگری، شاخص نسبت چندشکلی مؤثر و شاخص قدرت تفکیک و با توجه به تکثیر بالای باندها و تولید نوارهای چندشکلی بالا به عنوان مناسب‌ترین آغازگرها برای گندم در مطالعات بعدی معرفی شدند. تجزیه واریانس مولکولی نشان داد که میزان تنوع درون گروه‌ها بیشتر از تنوع بین گروه‌ها بود. نتایج تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA بر مبنای ضریب تشابه جاکارد منجر به طبقه‌بندی ۲۵ توده گندم نان در چهار گروه متفاوت گردید که با نتایج تجزیه به مختصات اصلی تطابق بالایی نشان داد و در نهایت توده‌های شماره ۱، ۳ و ۲۵ بیشترین فاصله ژنتیکی با توده‌های شماره ۱۳، ۷ و رقم پیشگام داشتند بنابراین می‌توان انتخاب والدین از این دو گروه را برای برنامه‌های اصلاحی پیشنهاد نمود.

نتیجه‌گیری: ارزیابی خصوصیات زراعی نشان داد که توده‌های شماره ۲، ۱۳، ۶، ۱۵، ۱۸ و ۱۰ توده‌های برتری هستند که در بین آن‌ها، توده‌هایی با منشأ خارجی و داخلی مشاهده شد. در ارزیابی تنوع ژنتیکی توده‌ها، آغازگرهای XCFD168-2D، XGWM350-7D و XGWM136-1A به‌عنوان مناسب‌ترین آغازگرها برای گندم در مطالعات بعدی شناسایی شدند. نشانگرهای با پلی‌مورفیسم بالا و همچنین نشانگرها و توده‌های دارای باندهای منحصر به فرد در الگوی نواربندی نیز از ارزش بالایی جهت برنامه‌های اصلاحی به عنوان مثال، شناسایی ژن‌های مفید برای مقاومت به انواع تنش‌های زیستی و غیرزیستی در گندم و ارتقاء ارقام مختلف آن برخوردار هستند.

واژه‌های کلیدی: تنوع، صفات زراعی، فاصله ژنتیکی، نشانگر SSR، Triticum aestivum

مقدمه

گندم نان (*Triticum aestivum* L.) از سازگارترین گونه‌های غلات می‌باشد که خاستگاه و مرکز تنوع آن را هلال حاصلخیز می‌دانند که غرب ایران را نیز در برمی‌گیرد، مصرف عمده این نوع گندم در تهیه نان است (۱۷). این گیاه مهم‌ترین محصول زراعی از لحاظ سطح زیر کشت و میزان تولید بوده و نقش مهمی در تأمین نیاز غذایی بشر دارد (۲۲). در سال‌های اخیر مطالعات زیادی در خصوص به دست آوردن ژنوتیپ‌های سازگار گندم در شرایط دیم از طریق واریته‌های بومی و خویشاوندان وحشی به عنوان منابع اصلی تحمل به خشکی انجام شده است، به‌طوری‌که نتایج حاصل از این تحقیقات زمینه را جهت بررسی دقیق‌تر برخی از گونه‌های موجود در ژرم‌پلاسم گندم را فراهم کرده‌اند (۲۷،۳۵،۴۴). اصلاح انواع جدید گندم مقاوم به خشکی با عملکرد بالا به‌عنوان یک اولویت تحقیقاتی به‌ویژه در مناطقی قرار می‌گیرد که پیش‌بینی می‌شود تغییرات آب و هوایی منجر به شرایط خشکی بیشتر شود (۲۳). ارزیابی تنوع ژنتیکی یک گام کلیدی در ارزیابی سازگاری جمعیت با شرایط جدید محیطی و در نتیجه انتخاب ارقام جدید است (۲۱). روش‌های مختلفی به منظور برآورد تنوع ژنتیکی در گونه‌های مختلف گیاهی وجود دارد که از آن موارد می‌توان به استفاده از صفات مورفولوژی و نشانگرهای DNA اشاره نمود (۳۸). امروزه ردیابی صفات مطلوب و سهولت انتخاب به کمک نشانگرها از طریق تعیین پیوستگی (لینکاژ) آن‌ها با صفات مهم زراعی (کمی و کیفی) امکان‌پذیر شده است. این موضوع، امکان گزینش سریع و دقیق ژنوتیپ‌های مطلوب را در مراحل اولیه رشد فراهم کرده و طول دوره به‌نژادی را کوتاه می‌نماید. به جای ارزیابی صفات، گزینش غیر مستقیم به کمک نشانگرهای پیوسته صورت می‌گیرد (۲،۱۰). نشانگرهای مولکولی به عنوان ابزاری مفید جهت ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در ژرم‌پلاسم، تعیین مکان ژن‌های مقاومت به بیماری، تنش‌های محیطی و همچنین رابطه بین اجداد وحشی و رقم‌های اصلاح شده در گیاهان با استفاده از تکنیک‌های پیشرفته و اصلاح نشانگر به کاربرده می‌شوند (۱۱). طیف وسیعی از نشانگرهای ژنومی

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

مولکولی برای تجزیه و تحلیل محصولات کشاورزی در دسترس است. این نشانگرها براساس نحوه استفاده از آن‌ها به گروه‌های مختلفی طبقه‌بندی می‌شوند، از جمله این نشانگرها که در دهه گذشته رایج شده‌اند و برای ارزیابی صفات مهم زراعی بسیار مفید هستند، توالی‌های ساده تکراری (SSR) می‌باشند. این نشانگرها همچنین نقش مهمی در نقشه‌یابی QTL[1] (جایگاه صفات کمی) ژن‌های مرتبط با صفات زراعی دارند (۴۶). در این میان، ریزماهواره‌ها به علت برتری‌هایی که دارند، برای مطالعات ژنتیک جمعیت نسبت به سایر نشانگرها ارجح هستند (۴۳). نشانگرهای SSR به دلیل قابلیت تکرارپذیری خوب و عموماً از لحاظ گزینشی خنثی هستند، برای تعیین روابط خویشاوندی کاربرد بیشتری دارند. از این رو، به منظور بررسی تنوع ژنتیکی ۲۲ رقم گندم نان از ۲۲ جفت آغازگر ریزماهواره استفاده شد که ۱۱ جفت توانستند چندشکلی مطلوبی را نشان دهند (۱۵). در تحقیق نقوی و همکاران (۳۲) بر روی ۲۰ رقم گندم بهاره از نظر صفات فیزیولوژیک، مورفولوژیک و زراعی، نتایج حاصل از تجزیه واریانس صفات نشان داد که بین سطوح تنش و همچنین بین ارقام از نظر تمامی صفات مورد بررسی اختلاف معنی‌داری وجود داشت. تنش باعث کاهش معنی‌دار عملکرد دانه، اجزای عملکرد، ارتفاع و سایر خصوصیات مورفولوژیک گردید. کارا و همکاران (۲۱) به ارزیابی تنوع ژنتیکی ۱۷ ژنوتیپ هگزاپلوئید گندم نان رشد یافته در الجزایر با استفاده از ۱۶ نشانگر ریزماهواره SSR پرداختند. در میان ۱۶ نشانگر ریزماهواره‌ای آزمایش شده، تنها ۱۱ نشانگر دارای بیشترین چندشکلی و تکرارپذیری بودند. محتوی اطلاعات چندشکلی (PIC)[2] در هر مکان از ۰/۱۴ تا ۰/۷۰ با میانگین ۰/۴۸ و ۰/۴۹ متغیر بود. الوندی و همکاران (۸) به بررسی تنوع ژنتیکی ۲۵ ژنوتیپ گندم دوروم با استفاده از خصوصیات زراعی و نشانگرهای ISSR[3] پرداختند. نتایج تجزیه واریانس و مقایسه میانگین‌ها نشان داد که اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها برای اکثر صفات مورد بررسی وجود داشت. تجزیه کلاستر و تابع تشخیص براساس صفات وارد شده در مدل رگرسیون عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها را در چهار دسته گروه‌بندی کردند. در ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌ها با استفاده از نشانگرهای ISSR و تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA[4] براساس ضریب تشابه دایس ژنوتیپ‌ها را در سه گروه دسته‌بندی نمود. کوهستانی و همکاران (۲۵) در بررسی تنوع ژنتیکی ۴۰ ژنوتیپ گندم دوروم برای صفات زراعی و با استفاده از ۱۶ نشانگر SSR[5] نشان دادند که می‌توان نشانگرهای دارای همبستگی بالا با صفات زراعی مهم و مرتبط با عملکرد و اجزای عملکرد را شناسایی نمود و از آن نشانگرها در بهبود عملکرد ارقام بهره جست. سالم و همکاران (۳۹) تنوع ژنتیکی هفت واریته گندم را با استفاده از ۴۸ جفت آغازگر SSR و ۹ خصوصیت مورفولوژیکی مورد ارزیابی قرار دادند. میزان محتوی اطلاعات چندشکلی در محدوده‌ی ۰/۲۷ تا ۰/۸۱ و با میانگین ۰/۵۴ بود. با توجه به اهمیت تنوع و استفاده همزمان از نشانگرهای مختلف، پژوهش حاضر به منظور برآورد میزان تنوع ژنتیکی موجود در توده‌های گندم نان از لحاظ واکنش به شرایط دیم و آبیاری آخر فصل براساس نشانگرهای مولکولی SSR، صفات زراعی و مورفولوژیکی انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

آزمایش مزرعه‌ای

مواد گیاهی مورد استفاده در این پژوهش شامل دو رقم پیشتاز و پیشگام و ۲۳ توده (Accessions) گندم نان زمستانه (جدول ۱) بود، که توده‌ها از مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج تهیه و جهت سهولت کار از ۱ تا ۲۵ کدگذاری شدند. آزمایش مزرعه‌ای در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار، در سال زراعی (۹۶-۱۳۹۵) در دو شرایط دیم و آبیاری آخر فصل در مزرعه تحقیقاتی و آزمایشگاه‌های گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه رازی به اجرا درآمد. موقعیت جغرافیایی و آب و هوایی محل اجرای آزمایش به شرح زیر می‌باشد: طول جغرافیایی (۴۷ درجه و ۹ دقیقه)، عرض جغرافیایی (۳۴ درجه و ۲۱ دقیقه)، ارتفاع از سطح دریا (۱۳۱۹متر)، متوسط بارندگی (۴۸۰-۴۵۰ میلی‌متر)، بافت خاک (سیلتی رسی)، وضعیت آب و هوایی و وضع طبیعی (سرد معتدل، رشته کوه‌های زاگرس شمالی)، متوسط درجه حرارت سالیانه (۱۳/۳ درجه سانتی‌گراد)، میزان بارندگی در سال ۹۶-۱۳۹۵ (۴۰۱/۵۱ میلی‌متر). هر کرت شامل پنج خط دو متری با فاصله خطوط ۲۳ سانتی‌متر و تراکم ۴۰۰ بذر در متر مربع بود. در شرایط دیم و آبیاری آخر فصل، اولین آبیاری پس از کاشت (۹۵/۰۸/۲۴) به عنوان تاریخ کشت در نظر گرفته شد. برای شرایط آبیاری تکمیلی در تاریخ ۲۵ اردیبهشت ماه در مرحله ۵۰ درصد سنبله‌دهی، آبیاری با روش غرقابی انجام شد و مرحله دوم آبیاری در اوایل خرداد ماه بعد از سنبله‌دهی کامل و مرحله‌ی سوم در ۱۵ خرداد و در مرحله‌ی شیری شدن دانه‌ها انجام شد. در شرایط دیم در تمام طول دوره رشد آبیاری انجام نشد. در طی اجرای آزمایش از هیچ‌گونه کود شیمیایی استفاده نشد و عملیات وجین به صورت دستی انجام گرفت. برای انجام یادداشت‌برداری از هر کرت ۵ نمونه به تصادف و با رعایت اثر حاشیه‌ای انتخاب شد. اندازه‌گیری صفات پس از آخرین آبیاری و در مرحله رشد دانه‌ها و با توجه به وضعیت ظاهری توده‌های مورد بررسی در شرایط دیم و آبیاری تکمیلی انجام گردید. برداشت در اوایل تیر ۱۳۹۶ انجام شد. صفات زراعی و مورفولوژیکی مورد مطالعه و نحوه اندازه‌گیری آن‌ها به شرح زیر ارائه می‌شود.

1- Quantitative trait locus
2- Polymorphic Information Content
3- Inter Simple Sequence Repeat
4- Unweighted Pair Group Means Analysis
5- Simple Sequence Repeat

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

جدول ۱- کد و نام ارقام و توده‌های گندم نان مورد مطالعه

Table 1. Code and name of cultivars and accessions of bread wheat studied

کد توده	نام توده	منشأ	کد توده	نام توده	منشأ	کد توده	نام توده	منشأ
۱	WC-4924	کلات	۱۰	WC-4987	نامشخص	۱۹	Pishtaz	پیشتاز
۲	WC-4582	کرمانشاه	۱۱	WC-47615	مکزیک	۲۰	Pishgam	پیشگام
۳	WC-4592	کرمانشاه	۱۲	WC-4612	بابرار کردستان	۲۱	WC-47640	مینه سوتا
۴	WC-47341	مونتانا	۱۳	WC-5001	نامشخص	۲۲	WC-47467	مکزیک
۵	WC-4965	کاشان	۱۴	WC-4994	نامشخص	۲۳	WC-4553	کرند
۶	WC-4840	سرخس	۱۵	WC-47638	پرو	۲۴	WC-4583	کرمانشاه
۷	WC-4958	بدرانلو	۱۶	WC-47583	کانادا	۲۵	WC-4554	کرند
۸	WC-47399	بلغارستان	۱۷	WC-47522	مکزیک			
۹	WC-4600	کرمانشاه	۱۸	WC-47569	مینه سوتا			

عملکرد دانه در متر مربع [۱](GY): پس از حذف اثر حاشیه‌ای، سنبله‌های سه ردیف یک متری از هر کرت برداشت و خرمنکوبی گردیدند سپس وزن دانه‌های بدست آمده محاسبه شد. تعداد سنبله در متر مربع (NSP)[۲]: برای این منظور تمام سنبله‌های سه خط یک متری از هر کرت با رعایت اثر حاشیه شمارش و سپس تعداد سنبله در متر مربع محاسبه گردید. تعداد دانه در سنبله [۳](NSPS): پنج سنبله به صورت تصادفی از هر کرت انتخاب گردید و سپس تعداد دانه‌های آنها شمارش شد. وزن هزاردانه (TSW)[۴]: وزن هزار دانه‌ی هر ژنوتیپ با استفاده از دانه‌های برداشت شده از هر کرت بر حسب گرم اندازه‌گیری شد. عملکرد بیولوژیک (BY)[۵]: با کف بر کردن بوته‌ها از سطح خاک و محاسبه وزن آن صورت گرفت. ارتفاع بوته [۶](PHe): ارتفاع پنج بوته برحسب سانتی‌متر از سطح خاک تا سنبلچه‌ی انتهایی بدون در نظر گرفتن ریشک اندازه‌گیری شد. وزن سنبله‌ها در متر مربع (عملکرد سنبله) (SW)[۷]: برای این منظور تمام سنبله‌های سه خط یک متری از هر کرت با رعایت اثر حاشیه‌ای که شمارش شده بودند، وزن شدند و سپس وزن سنبله‌ها در متر مربع محاسبه گردید. طول سنبله [۸](SL): فاصله‌ی پایه سنبله تا سنبلچه‌ی انتهایی بدون درنظر گرفتن طول ریشک برای هر بوته برحسب سانتی‌متر اندازه‌گیری شد. طول پدانکل [۹](PL): فاصله‌ی پایه سنبله تا اولین گره برحسب سانتی‌متر اندازه‌گیری شد. طول اکستراژن (XL)[۱۰]: فاصله‌ی پایه سنبله تا یقه برگ پرچم بر حسب سانتی‌متر برای پنج بوته محاسبه شد. طول پنالتی‌میت (PML)[۱۱]: فاصله‌ی اولین گره تا دومین گره برحسب سانتی‌متر اندازه‌گیری شد. وزن هکتولیتر (HW)[۱۲]: با وزن کردن بذرهای داخل استوانه مدرج که حجم آن یک لیتر بود و بر حسب گرم در لیتر محاسبه شد. وزن خشک سنبله (SDW)[۱۳]، وزن دانه در سنبله (SGW)[۱۴] و وزن خشک ساقه (StW)[۱۵]: به ترتیب با شمارش و وزن نمودن تصادفی پنج سنبله و سپس وزن نمودن ساقه‌های همان پنج بوته در هر کرت محاسبه شد. تعداد سنبلچه زایا و نازا (NPS[۱۶] و NNPS [۱۷]): به ترتیب با شمارش تعداد سنبلچه‌های بارور و نابارور پنج سنبله تصادفی انجام شد. تعداد سنبلچه در سنبله (NSS)[۱۸]: با شمارش مجموع سنبلچه‌های زایا و نازا مربوط به پنج سنبله تصادفی انجام شد. شاخص برداشت (HI)[۱۹]: این صفت مهم اقتصادی از تقسیم عملکرد دانه هر ژنوتیپ در هر تکرار بر عملکرد بیولوژیکی همان ژنوتیپ در همان تکرار محاسبه شد. شاخص برداشت سنبله (SHI)[۲۰]: عملکرد دانه تقسیم بر عملکرد سنبله. عملکرد کاه (SY)[۲۱]: عملکرد بیولوژیک منهای عملکرد سنبله. طول سایر میانگره‌ها (OIL)[۲۲]: ارتفاع بوته منهای مجموع طول پدانکل، پنالتی‌میت و سنبله. تراکم سنبله (SD)[۲۳]: در این روش برای هر توده در هر کرت و در هر تکرار به طور تصادفی پنج سنبله انتخاب شد. سپس طول هر سنبله و تعداد دانه در هر سنبله برای هر توده در هر کرت محاسبه و با استفاده از فرمول (۱۰× (طول سنبله /تعداد دانه در سنبله)) تراکم هر سنبله برای ده سانتی‌متر از طول سنبله به دست آمد. برای انجام تجزیه‌های آماری در ابتدا آزمون کلموگروف- اسمیرنوف (kmogorov-Smirnov) برای آزمون نرمال بودن و بررسی چولگی و کشیدگی داده‌های محیط‌های آزمایشی استفاده گردید. تجزیه واریانس و مقایسه میانگین داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار آماری SAS و محاسبه تجزیه خوشه‌ای و تابع تشخیص با استفاده از نرم افزار Minitab انجام شد.

آزمایش مولکولی

از گیاهچه‌های دو تا سه هفته‌ای حاصل از کشت بذرها، DNA به روش CTAB طبق دستورالعملی تغییر یافته (۱۲) و به صورت بالک استخراج شد. جهت بررسی تعیین کیفیت و کمیت DNA ژنومی استخراج شده از روش الکتروفورز بر روی ژل آگارز ۰/۸ درصد استفاده شد. واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با استفاده از دستگاه ترموسایکلر Bio Rad در حجم ۲۰ میکرولیتر انجام گردید. سپس از دستگاهGel Document مدل کوانتوم ST4 جهت نمایان‌شدن باندها استفاده شد. به خاطر کیفی بودن داده‌ها، نخست جدول توافقی صفر و یک باید تشکیل می‌شد. اما چنانچه ذکر شد به دلیل اینکه همه نمونه‌ها روی یک ژل قرار نمی‌گرفتند، در این آزمایش از سایز مارکر DNA ۱۰۰ تا ۱۵۰۰ Bb [۲۴] استفاده شد که بر روی ژل آگارز سه درصد ۱۱ نوار تولید می‌کرد. پس از ثبت اطلاعات، ژل بدست آمده برای هر آغازگر امتیازدهی شد. وجود نوار یک و عدم وجود آن صفر در نظر گرفته شد. با استفاده از برنامه Excel متغیرهای مربوط به هر آغازگر را در ردیف‌ها و نام توده‌ها در ستون‌ها ثبت شد. نام و توالی آغازگرهای مورد استفاده در جدول (۲) آورده شده است.

1- Grain Yeild 2- Number of Spike Per m^2 3- Number of Seed Per Spike 4- Thousand Seed Weight 5- Biological Yield 6- Plant High 7- Spike Weight 8- Spike Length 9- Peduncle Length 10- Xteragen Length 11- Mitt penalty Length 12- Hectoliter weight 13- Spike Dry Weight 14- Spike Grain Weight 15- Stem Weight 16- Number of Fertile Spikelets 17- Number of inFertile Spikelets 18- Number of Spikelets Per Spike 19- Harvest Index 20-Spike Harvest Index 21- Straw Yield 22-Other Inter nodes Length 23- Spike Density 24- Base Pair

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

جدول ۲- آغازگرهای SSR مورد استفاده در بررسی تنوع ژنتیکی ۲۵ توده گندم نان
Table 2. SSR primers used in the study of genetic diversity

شماره	اسم	توالی (5'-3')	T_M	GC%
۱	XGWM350-7D-F	5' ACCTCATCCACATGTTCTACG 3'	۵۷	۴۷/۶
	XGWM350-7D-R	5' GCATGGATAGGACGCCC 3'		۶۴/۷
۲	XGWM334-6A-F	5' AATTTCAAAAAGGAGAGAGA 3'	۵۰	۳۰
	XGWM334-6A-R	5' AACATGTGTTTTTAGCTATC 3'		۳۰
۳	XGWM155-3A-F	5' CAATCATTTCCCCCTCCC 3'	۵۸	۵۵/۶
	XGWM155-3A-R	5' AATCATTGGAAATCCATATGCC 3'		۳۶/۴
۴	XGWM577-7B-F	5' ATGGCATAATTTGGTGAAATTG 3'	۵۶	۳۱/۸
	XGWM577-7B-R	5' TGTTTCAAGCCCAACTTCTATT 3'		۳۶/۴
۵	XGWM70-6B-F	5' AGTGGCTGGGAGAGTGTCAT 3'	۵۲/۵	۵۵
	XGWM70-6B-R	5' GCCCATTACCGAGGACAC 3'		۶۱/۶
۶	XGWM642-1D-F	5' ACGGCGAGAAGGTGCTC 3'	۵۸	۴۵
	XGWM642-1D-R	5' CATGAAAGGCAAGTTCGTCA 3'		۶۴/۷
۷	XGWM136-1A-F	5' GACAGCACCTTGCCCTTTG 3'	۵۲	۵۷/۹
	XGWM136-1A-R	5' CATCGGCAACATGCTCAT 3'		۵۲/۶
۸	XGWM124-1B-F	5' GCCATGGCTATCACCCAG 3'	۵۷/۵	۶۱/۱
	XGWM124-1B-R	5' ACTGTTCGGTGCAATTTGAG 3'		۴۵
۹	XGWM265-2A-F	5' TGTTGCGGATGGTCACTATT 3'	۵۸/۵	۴۵
	XGWM265-2A-R	5' GAGTACACATTTGGCCTCTGC 3'		۵۲/۴
۱۰	XGWM410-2B-F	5' GCTTGAGACCGGCACAGT 3'	۵۱	۶۱/۶
	XGWM410-2B-R	5' CGAGACCTTGAGGGTCTAGA 3'		۵۵
۱۱	XGWM165-4B-F	5' TGCAGTGGTCAGATGTTTCC 3'	۵۰/۶	۵۰
	XGWM165-4B-R	5' CTTTTCTTTCAGATTGCGCC 3'		۴۵
۱۲	XGWM4-4A-F	5' GCTGATGCATATAATGCTGT 3'	۵۲/۵	۴۰
	XGWM4-4A-R	5' CACTGTCTGTATCACTCTGCT 3'		۴۷/۶
۱۳	XGWM192-5D-F	5' GGTTTTCTTTCAGATTGCGC 3'	۵۰/۷	۴۵
	XGWM192-5D-R	5' CGTTGTCTAATCTTGCCTTGC 3'		۴۷/۶
۱۴	XGWM233-7A-F	5' TCAAAACATAAATGTTCATTGGA 3'	۴۶/۷	۲۶/۱
	XGWM233-7A-R	5' TCAACCGTGTGTAATTTTGTCC 3'		۴۰/۹
۱۵	XGWM2-3D-F	5' CTGCAAGCCTGTGATCAACT 3'	۴۹/۴	۵۰
	XGWM2-3D-R	5' CATTCTCAAATGATCGAACA 3'		۳۵
۱۶	XCFD5-5B-F	5' TGCCCTGTCCACAGTGAAG 3'	۵۹/۵	۵۷/۹
	XCFD5-5B-R	5' TTGCCAGTTCCAAGGAGAAT 3'		۴۵
۱۷	XGWM129-5A-F	5' TCAGTGGGCAAGCTACACAG 3'	۵۰/۶	۵۵
	XGWM129-5A-R	5' AAAACTTAGTAGCCGCGT 3'		۴۴/۴
۱۸	XCFD168-2D-F	5' CTTCGCAAATCGAGGATGAT 3'	۵۶	۴۵
	XCFD168-2D-R	5' TTCACGCCCAGTATTAAGGC 3'		۵۰
۱۹	XGWM234-5B-F	5' GAGTCCTGATGTGAAGCTGTTG 3'	۵۴	۵۰
	XGWM234-5B-R	5' CTCATTGGGGTGTGTACGTG 3'		۵۵
۲۰	XGWM33-1A-F	5' GGAGTCACACTTGTTTGTGCA 3'	۵۹	۴۷/۶
	XGWM33-1A-R	5' CACTGCACACCTAACTACCTGC 3'		۴۵/۵

در این تحقیق با استفاده از نرم‌افزار آماری NTSYS ver ۲/۰۲ تعیین فاصله ژنوتیپ‌های مورد نظر، تجزیه کلاستر به روش UPGMA، رسم نمودار خوشه‌ای براساس ضرایب تشابه جاکارد و تجزیه به مختصات اصلی انجام شد. برای بررسی تجزیه و تحلیل واریانس مولکولی (ANOVA)[1] براساس داده‌های نشانگر مولکولی SSR و بررسی همبستگی بین ماتریس‌های حاصل از ضرایب فاصله نشانگر مولکولی SSR و صفات زراعی با آزمون مانتل از نرم‌افزار GenAlex ver 6.502 استفاده گردید. شاخص‌های مولکولی بدین شرح محاسبه گردیدند: درصد چندشکلی: برای محاسبه این شاخص تعداد نوارهای چندشکل یا پلی‌مورف بر تعداد کل نوارها تقسیم شد (۲۸). شاخص محتوی اطلاعات چندشکلی (PIC)[2]: این شاخص با استفاده از رابطه $PIC= 1-\sum pi^2$ محاسبه شد. در اینجا p برابر با مجموع نوارهای هر لوکوس برای کلیه توده‌ها بود (۹). شاخص نشانگری (MI)[3]: تعداد نوارهای چندشکل در شاخص محتوی اطلاعات چندشکلی ضرب شد (۲۶). شاخص نسبت چندشکلی مؤثر (EMR)[4]: این شاخص از درصد چندشکلی ضرب در تعداد نوارهای چندشکل بدست آمد (۲۶). قدرت تفکیک (RP)[5]: $RP=\sum IB$ در این رابطه $IB=1-[2\times (0.5-Pi)]$ و Pi نسبت افراد دارای نوار بود (۷).

نتایج و بحث

تجزیه واریانس نشان داد که در شرایط آبیاری آخر فصل برای اکثر صفات زراعی و مورفولوژیک به‌جز وزن هکتولیتر، تعداد سنبله در متر مربع، عملکرد بیولوژیک و عملکرد کاه و در شرایط دیم برای تمامی صفات به استثنای تعداد سنبله در متر مربع، عملکرد بیولوژیک و عملکرد کاه بین توده‌های مورد مطالعه تفاوت معنی‌داری در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد وجود داشت (جدول ۳). مقایسه میانگین صفات تحت شرایط دیم

1- Analysis of molecular variance
2- Polymorphic Information Content
3- Marker Index
4- Effective Multiplex Ratio
5- Resolving Power

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

(جدول ۴) نشان داد که حداکثر مقادیر صفات در توده شماره ۱۰ برای عملکرد دانه در متر مربع (۴۲۴/۷)، در توده شماره ۱۶ برای وزن هکتولیتر (۹۳۷/۵)، در توده شماره ۹ برای وزن هزاردانه (۳۴/۱)، در توده شماره ۴ برای تعداد دانه در سنبله (۴۱/۶)، در توده شماره ۳ برای تعداد سنبله در مترمربع (۴۶۰/۴)، در توده شماره ۱۵ برای عملکرد بیولوژیک (۱۴۳۴/۷)، در توده شماره ۱۰ برای وزن سنبله‌ها (۶۴۳/۷)، در توده شماره ۲۵ برای عملکرد کاه (۷۳۴/۳)، در توده شماره ۱۶ برای شاخص برداشت سنبله (۶۸/۲)، در توده شماره ۱۵ برای ارتفاع گیاه (۱۰۲/۵)، در توده شماره ۱۰ برای طول اکستراژن (۱۹/۹)، در توده شماره ۱۰ برای طول پدانکل (۴۱/۶)، در توده شماره ۱۰ برای طول پنالتی‌میت (۲۷/۶)، در توده شماره ۲۰ برای طول سنبله (۱۱/۹)، در توده شماره ۸ برای طول سایر میانگره‌ها (۳۹/۸)، در توده شماره ۱۶ برای تراکم سنبله (۵۱/۵)، در توده شماره ۱۸ برای تعداد سنبلچه زایا (۱۹/۱)، در توده شماره ۱۲ برای تعداد سنبلچه نازا (۳/۷)، در توده شماره ۲۵ برای تعداد سنبلچه در سنبله (۲۰/۷)، در رقم پیشگام برای وزن خشک سنبله (۲)، در توده شماره ۲۵ برای وزن خشک ساقه (۱/۵)، در رقم پیشگام برای وزن دانه در سنبله (۱/۴) و در توده شماره ۱۰ برای شاخص برداشت (۳۲/۳)، البته حداقل مقادیر برای این صفات به‌ترتیب در توده‌های شماره ۱۶، ۷، ۱، ۱۲، ۷، ۴، ۱۶، ۳، ۲۱، ۱۹، ۷، ۴، ۴، ۱۶، ۱۹، ۱۲، ۱۲، ۱۰ و ۱۸، ۳، ۱۲، ۱۲، ۱۲ و ۲۲ مشاهده شد. در شرایط آبیاری آخر فصل حداکثر مقادیر صفات در توده شماره ۱۰ برای عملکرد دانه در مترمربع (۵۶۵/۸)، در توده شماره ۲۴ برای وزن هکتولیتر (۹۸۲/۱)، در توده شماره ۹ برای وزن هزاردانه (۴۷/۱)، در توده شماره ۷ برای تعداد دانه در سنبله (۴۴/۹)، در توده شماره ۱۰ برای تعداد سنبله در متر مربع (۶۳۸/۷)، در توده شماره ۱۴ برای عملکرد بیولوژیک (۱۵۷۰)، در توده شماره ۱۰ برای وزن سنبله‌ها (۷۷۷)، در توده شماره ۸ برای عملکرد کاه (۹۰۹/۱)، در توده شماره ۲۱ برای شاخص برداشت سنبله (۷۵/۶)، در توده شماره ۱۵ برای ارتفاع گیاه (۱۱۴/۶)، در توده شماره ۲۲ برای طول اکستراژن (۲۱/۴)، در توده شماره ۲۲ برای طول پدانکل (۴۳/۱)، در توده شماره ۱۵ برای طول پنالتی‌میت (۲۹/۲)، در توده شماره ۷ برای طول سنبله (۱۲/۷)، در توده شماره ۲۵ برای طول سایر میانگره‌ها (۲۹/۴)، در توده شماره ۱۶ برای تراکم سنبله (۵۲/۸)، در توده شماره ۲۵ برای تعداد سنبلچه زایا (۱۹/۹)، در توده شماره ۱۲ برای تعداد سنبلچه نازا (۲/۸)، در توده شماره ۲۵ برای تعداد سنبلچه در سنبله (۲۱/۵)، در رقم پیشتاز و توده شماره ۷ برای وزن خشک سنبله (۲/۹)، در توده‌های شماره ۱۳ و ۲۵ برای وزن خشک ساقه (۱/۶)، در توده‌های شماره ۱۰ و ۷ برای وزن دانه در سنبله (۲/۱) و در توده شماره ۱۰ برای شاخص برداشت (۴۰/۶) و البته کمترین میزان در در توده‌های شماره ۱۶، ۱۸، ۱، ۳، ۱۶، ۱۶، ۱۶، ۲۴، ۱۱، ۱۹، ۱۹، ۱۹، ۱۹، ۱۶، ۱۹، ۱۲، ۳، ۲، ۳، ۱۶، ۳، ۱۱ و ۲۲ دیده شد. در ضمن درصد تغییرات محیط آبی نسبت به دیم برای تمامی صفات عملکرد دانه در متر مربع، وزن هکتولیتر، وزن هزار دانه، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبله در متر مربع، عملکرد بیولوژیک، عملکرد سنبله، عملکرد کاه، شاخص برداشت سنبله، ارتفاع گیاه، طول اکستراژن، طول پدانکل، طول پنالتی‌میت، طول سنبله، تراکم سنبله، تعداد سنبلچه زایا، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن خشک سنبله، وزن خشک ساقه، وزن دانه در سنبله و شاخص برداشت به‌ترتیب ۲۸/۳، ۱۱/۲، ۲۸/۱، ۸/۹، ۲۲/۴، ۱۶/۵، ۲۱/۳، ۱۸/۱، ۱۱/۸، ۶/۴، ۲۲/۹، ۱۰/۳، ۷، ۴/۱، ۷/۲، ۳/۷، ۲/۳، ۲۷/۲، ۱۰/۹، ۳۱/۷ و ۱۵/۳ درصد و به صورت افزایشی بود، که این مسئله نشان دهنده این است که در شرایط آبی میانگین همه صفات بیشتر از دیم می‌باشد و حالت افزایشی داشته‌اند، البته در مورد دو صفت طول سایر میانگره‌ها و تعداد سنبلچه نازا به‌ترتیب ۱۷/۳ و ۲۵/۸ درصد و به‌صورت کاهشی بود و این گونه می‌توان تفسیر کرد که با اعمال تنش مقادیر این دو صفت افزایش یافتند. بنابراین در مجموع دسترسی رطوبت در شرایط آبیاری آخر فصل سبب افزایش خصوصیات زایشی و رویشی گندم گردید و تنها در بعضی موارد مقادیر کاهشی برای برخی صفات مشاهده شد که به‌نظر می‌رسد، این تغییرات کاهشی ناشی از ارتباط صفات و فیزیولوژی رشد گیاه باشد. عبدلی و سعیدی (۱) بیان کردند که تنش کم آبی عملکرد دانه و وزن هزار دانه را به‌ترتیب ۳۴ و ۲۷ درصد کاهش داد که با نتایج این پژوهش تطابق داشت و این تنش اثر معنی‌داری بر تعداد دانه در سنبله و تعداد سنبله در واحد سطح ندارد. سلیمانی‌فرد و ناصری (۴۲) در بررسی روابط بین عملکرد دانه و صفات آگروفیزیولوژیکی ۱۴ ژنوتیپ گندم نان در شرایط دیم به این نتیجه رسیدند که ژنوتیپ‌های مورد مطالعه به‌غیر از طول پدانکل و شاخص برداشت که از لحاظ شاخص برداشت با نتایج این تحقیق در تطابق بود، از نظر سایر صفات مورد بررسی، اختلاف معنی‌داری با یکدیگر داشتند. ژنوتیپ‌های مورد بررسی برای اکثر صفات تنوع مطلوبی نشان دادند. بیوماس، شاخص برداشت، میزان پرولین، تعداد سنبله در مترمربع و زودرسی را می‌توان به‌عنوان معیارهای گزینش برای بهبود عملکرد دانه در شرایط دیم معرفی نمود. جوکار و همکاران (۱۹) در ارزیابی صفات مورفوفیزیولوژیکی (شامل ارتفاع بوته، طول خوشه، طول پدانکل، طول دوره پر شدن دانه، تعداد بوته در متر مربع، وزن هزار دانه و عملکرد دانه) و شاخص‌های تحمل به خشکی در ۱۲ لاین پیشرفته گندم دوروم در شرایط آبیاری تکمیلی و بدون آبیاری به این نتیجه رسیدند که کلیه صفات مورد بررسی در لاین‌ها (به‌جز طول پدانکل) واکنش متفاوتی به شرایط آبیاری تکمیلی و بدون آبیاری نشان دادند که می‌تواند نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی بالا بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه باشد که با نتایج این پژوهش مطابقت داشت.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

جدول ۳- تجزیه واریانس در دو شرایط دیم و آبیاری آخر فصل برای صفات مورفولوژیک، عملکرد و اجزای عملکرد ۲۵ توده گندم نان

Table 3. Analysis of variance in both rainfed and irrigation at the end of the growing season conditions for morphological traits,

			میانگین مربعات						
	منابع تغییرات	درجه آزادی df	Grain Yeild	Hectoliter weight	Thousand Seed Weight	Number of Seed Per Spike	Spike Weight	Spike Harvest Index	Plant Hight
آبیاری آخر فصل	بلوک	۲	۳۲۹۲۹/۸**	۹۵۰۷/۰ns	۸/۲ns	۱۰۲/۴*	۴۱۳۱۹/۲**	۳۱/۸ns	۳۰/۷ns
	توده	۲۴	۲۴۶۱۲/۷**	۸۹۲۶/۴ns	۸۷/۴**	۵۴/۱*	۳۴۸۴۶/۱**	۴۲/۸**	۲۴۷/۹**
	خطا	۴۸	۴۴۱۱/۲	۹۳۹۷/۱	۴/۱	۲۹/۹	۱۱۹۹۲/۹	۱۸/۹	۶۳/۹
	ضریب تغییرات ٪		۱۶/۸	۱۱/۳	۵/۱	۱۴/۳	۱۸/۸	۶/۴	۸/۳
	منابع تغییرات	درجه آزادی df	Grain Yeild	Hectoliter weight	Thousand Seed Weight	Number of Seed Per Spike	Spike Weight	Spike Harvest Index	Plant Hight
دیم	بلوک	۲	۱۰۰۵۱/۹ns	۱۰۲۳/۴ns	۱۰/۸*	۹/۷ns	۲۴۴۲۳/۶ns	۱۷/۸ns	۱۴/۹ns
	توده	۲۴	۹۸۷۵**	۱۱۷۵۶/۷**	۳۱/۴**	۶۳/۳**	۱۹۸۶۶/۳**	۶۳/۹**	۳۲۶/۳**
	خطا	۴۸	۴۵۸۱/۶	۳۰۱۸/۱	۲/۹	۲۲/۴	۹۵۹۱/۳	۱۵/۹	۶۲/۲
	ضریب تغییرات ٪		۲۳/۹	۷/۲	۵/۹	۱۳/۶	۲۱/۳	۶/۶	۸/۸

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد و ns: غیر معنی‌دار

ادامه جدول ۳- تجزیه واریانس در دو شرایط دیم و آبیاری آخر فصل برای صفات مورفولوژیک، عملکرد و اجزای عملکرد ۲۵ توده گندم نان

Table 3. Continued Analysis of variance in both rainfed and irrigation at the end of the growing season conditions for morphological traits, yield and yield components of 25 accessions of bread wheat yield and yield components of 25 accessions of bread wheat

			میانگین مربعات						
	منابع تغییرات	درجه آزادی df	Xteragen Length	Peduncle Length	Mitt penalty Length	Spike Length	Other Inter nodes Length	Spike Density	Number of Fertile Spikelets
آبیاری آخر فصل	بلوک	۲	۲۴/۶ns	۴۷/۷*	۱۳ns	۰/۶ns	۵/۵ns	۱۱۸/۲**	۰/۴ns
	توده	۲۴	۳۴/۴**	۴۲/۹**	۲۲/۴**	۴/۴**	۶۷/۶**	۱۰۲/۱**	۵/۴**
	خطا	۴۸	۱۲/۹	۱۴/۱	۴/۹	۰/۷	۱۰/۷	۲۴/۵	۱/۸
	ضریب تغییرات ٪		۲۲/۹	۱۰/۴	۹/۲	۸/۴	۱۴/۱	۱۲/۹	۷/۵
	منابع تغییرات	درجه آزادی df	Xteragen Length	Peduncle Length	Mitt penalty Length	Spike Length	Other Inter nodes Length	Spike Density	Number of Fertile Spikelets
دیم	بلوک	۲	۱۲/۶ns	۲۷/۸ns	۱۲/۹ns	۳/۴**	۱۸۶/۳**	۴۶/۸ns	۶/۲*
	توده	۲۴	۴۶/۸**	۶۱/۵**	۲۶/۳**	۳/۴**	۹۳/۴**	۱۰۱/۱**	۵/۹**
	خطا	۴۸	۱۰/۹	۱۲/۳	۵/۲	۰/۷	۳۴/۸	۲۱/۳	۱/۵
	ضریب تغییرات ٪		۲۷/۵	۱۰/۸	۱۰/۲	۸/۵	۲۱/۶	۱۳/۱	۷/۲

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد و ns: غیر معنی‌دار

ادامه جدول ۳- تجزیه واریانس در دو شرایط دیم و آبیاری آخر فصل برای صفات مورفولوژیک، عملکرد و اجزای عملکرد ۲۵ توده گندم نان

Table 3. Continued Analysis of variance in both rainfed and irrigation at the end of the growing season conditions for morphological traits, yield and yield components of 25 accessions of bread wheat

			میانگین مربعات						
	منابع تغییرات	درجه آزادی df	Number of inFertile Spikelets	Number of Spikelets Per Spike	Spike Dry Weight	Stem Weight	Spike Grain Weight	Harvest Index
آبیاری آخر فصل	بلوک	۲	۰/۲ns	۰/۴ns	۰/۷**	۰/۰۲ns	۰/۲*	۱۱۱/۳**
	توده	۲۴	۱/۱**	۳/۱*	۰/۴**	۰/۱**	۰/۳**	۸۵/۱**
	خطا	۴۸	۰/۲	۱/۶	۰/۱	۰/۰۴	۰/۱	۲۱/۵
	ضریب تغییرات ٪		۲۴/۸	۶/۴	۱۷/۲	۱۵/۱	۱۶/۲	۱۵/۴
	منابع تغییرات	درجه آزادی df	Number of inFertile Spikelets	Number of Spikelets Per Spike	Spike Dry Weight	Stem Weight	Spike Grain Weight	Harvest Index
دیم	بلوک	۲	۰/۹*	۱/۸ns	۰/۰۴ns	۰/۱ns	۰/۰۳ns	۲۵/۲ns
	توده	۲۴	۱/۴**	۲/۳*	۰/۲**	۰/۱**	۰/۱**	۳۴/۳**
	خطا	۴۸	۰/۳	۱/۳	۰/۱	۰/۰۴	۰/۰۴	۱۲/۴
	ضریب تغییرات ٪		۲۵/۴۵	۶	۱۷/۳	۱۷/۹	۱۸	۱۳/۸

* و **: به‌ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد و ns: غیر معنی‌دار

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]

[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

جدول ۴- مقایسه میانگین توده‌های مورد مطالعه گندم در دو شرایط دیم و آبیاری آخر فصل برای صفات مورفولوژیک، عملکرد و اجزای عملکرد

Table 4. Comparison of the mean of studied wheat accessions in both rainfed and irrigation at the end of the growing season conditions for morphological traits, yield and yield components

توده	Grain Yeild (g m^{-2})		Hectoliter weight (g l^{-1})		Thousand Seed Weight (g)		Number of Seed Per Spike	
	دیم	آبیاری آخر فصل	دیم	آبیاری آخر فصل	دیم	آبیاری آخر فصل	دیم	آبیاری آخر فصل
۱	۲۳۹/۴	۳۲۲/۲	۷۸۰/۱	۸۴۹/۴	۲۲/۳	۲۹/۳	۳۶/۷	۳۸/۶
۲	۲۸۳/۴	۵۲۶/۶	۷۳۶/۳	۸۳۸/۳	۳۲	۴۲/۶	۳۴/۴	۴۲/۱
۳	۲۶۲/۸	۳۵۵/۶	۸۱۳/۸	۹۵۰/۲	۲۸/۲	۳۸/۴	۳۰/۱	۳۰/۵
۴	۲۰۸/۸	۳۰۴/۶	۷۴۰/۳	۹۰۳/۲	۲۲/۵	۳۰	۴۱/۶	۴۳
۵	۲۶۱/۵	۳۵۳/۳	۶۸۶	۸۱۳/۶	۳۱/۶	۴۴/۵	۳۴/۵	۳۶/۴
۶	۳۴۲/۷	۴۴۲/۴	۷۱۷/۸	۷۹۹/۳	۳۰/۳	۴۴/۲	۳۵/۸	۳۸/۱
۷	۲۷۷/۳	۴۳۱/۷	۶۶۲/۷	۷۸۴/۳	۲۷	۴۱/۸	۳۸/۳	۴۴/۹
۸	۳۳۸/۵	۳۵۸/۱	۶۸۸/۴	۸۷۱/۸	۳۲/۲	۴۵/۳	۲۸/۷	۳۲/۹
۹	۲۷۵/۱	۴۱۰/۲	۷۷۷	۸۰۸/۹	۳۴/۱	۴۷/۱	۳۱/۶	۳۵/۱
۱۰	۴۲۴/۷	۵۶۵/۸	۷۲۹/۸	۸۶۵/۹	۳۱/۶	۴۵/۹	۳۳/۳	۴۱/۴
۱۱	۲۰۱/۹	۳۱۷/۲	۸۰۳/۵	۸۴۳/۲	۲۶	۳۴/۵	۳۰/۱	۳۱/۸
۱۲	۲۳۶/۹	۲۹۸/۹	۸۲۵/۶	۹۱۲/۶	۳۱/۹	۴۴/۲	۲۳	۳۱/۶
۱۳	۳۰۹/۵	۵۰۸/۵	۷۲۱/۶	۸۸۹/۱	۳۰/۳	۴۵/۹	۳۴	۴۱/۹
۱۴	۲۶۳/۹	۴۸۲/۶	۸۳۸/۷	۸۶۴/۲	۲۹/۴	۴۳/۱	۳۹/۹	۴۰/۳
۱۵	۳۷۲/۹	۴۸۲	۶۸۱/۳	۸۸۷/۴	۳۱/۱	۴۵/۲	۳۵	۳۸/۳
۱۶	۱۹۰/۲	۲۱۴/۲	۹۳۷/۵	۹۵۰/۴	۲۴/۵	۳۳/۱	۳۳	۳۵/۷
۱۷	۳۱۹/۱	۳۵۴	۷۸۷/۳	۸۲۴/۵	۳۲	۳۷/۸	۳۲/۵	۳۳/۶
۱۸	۳۵۴/۳	۵۴۴/۳	۶۹۷/۶	۷۷۵/۲	۲۲/۲	۳۹/۵	۳۶/۳	۳۷/۹
۱۹	۳۱۸/۷	۴۹۲/۲	۷۰۶/۷	۸۲۲/۷	۲۵/۵	۴۲/۳	۴۰	۴۲
۲۰	۲۸۵/۱	۳۸۴	۷۳۸/۶	۷۹۴/۷	۲۸/۱	۴۰/۸	۴۱/۵	۴۲/۴
۲۱	۳۰۳/۵	۳۱۳/۹	۷۹۷/۷	۸۱۴/۱	۲۸/۹	۳۴/۳	۳۷/۳	۴۲/۴
۲۲	۱۹۷/۴	۳۳۱/۹	۸۱۷/۸	۸۶۷/۷	۲۳/۶	۳۱	۳۷/۱	۴۱/۹
۲۳	۲۴۰/۳	۴۰۳/۷	۷۴۳/۷	۸۸۰/۷	۲۹/۳	۴۳/۱	۳۸/۴	۳۹/۷
۲۴	۲۹۲	۳۰۴/۲	۸۰۶	۹۸۲/۱	۲۹/۶	۳۷/۴	۲۷/۴	۳۲/۳
۲۵	۲۹۳/۷	۳۹۱/۱	۷۶۷/۱	۸۱۱/۳	۲۷//۶	۳۶/۲	۳۹/۳	۴۰/۷
LSD 5%	۱۱۱/۱	۱۰۹	۹۰/۲	۱۵۹/۱	۲/۸	۳/۳	۷/۸	۸/۹
حداقل	۱۹۰/۲	۲۱۴/۲	۶۶۲/۷	۷۷۵/۲	۲۲/۳	۲۹/۳	۲۳	۳۰/۵
حداکثر	۴۲۴/۷	۵۶۵/۸	۹۳۷/۵	۹۸۲/۱	۳۴/۱	۴۷/۱	۴۱/۶	۴۴/۹
میانگین	۲۸۳/۸	۳۹۵/۷	۷۶۰/۲	۸۵۶/۲	۲۸/۷	۳۹/۹	۳۴/۸	۳۸/۲

ادامه جدول ۴- مقایسه میانگین توده‌های مورد مطالعه گندم در دو شرایط دیم و آبیاری آخر فصل برای صفات مورفولوژیک، عملکرد و اجزای عملکرد

Table 4. Continued Comparison of the mean of studied wheat accessions in both rainfed and irrigation at the end of the growing season conditions for morphological traits, yield and yield components

توده	Spike Weight (g m^{-2})		Spike Harvest Index (%)		Plant Hight (cm)		Xteragen Length (cm)	
	دیم	آبیاری آخر فصل	دیم	آبیاری آخر فصل	دیم	آبیاری آخر فصل	دیم	آبیاری آخر فصل
۱	۴۳۸/۷	۵۰۴/۷	۵۴/۶	۶۳/۹	۹۴/۳	۹۶/۷	۱۴	۱۹/۱
۲	۴۴۶/۲	۷۳۴/۳	۶۳/۲	۷۱/۶	۹۱/۴	۹۸/۶	۱۵/۵	۱۷/۱
۳	۴۲۹/۲	۵۱۷/۲	۶۰/۲	۶۸/۷	۸۳/۳	۸۴/۶	۱۱/۲	۱۱/۴
۴	۳۷۱/۱	۴۸۶/۴	۵۵/۹	۶۲/۵	۷۲/۳	۸۷/۲	۴/۹	۱۸/۹
۵	۴۳۵/۴	۵۱۲/۲	۵۹/۹	۶۸/۹	۹۹/۲	۹۹/۷	۱۰/۵	۱۵/۳
۶	۵۱۲/۳	۶۱۹/۵	۶۷/۹	۷۱/۳	۹۸/۶	۱۰۰/۳	۱۴/۳	۱۵/۷
۷	۴۸۵/۵	۶۳۲/۵	۵۷/۲	۶۷/۶	۹۵/۹	۱۰۱/۱	۳/۹	۱۴
۸	۵۱۶/۲	۵۴۰/۱	۶۵/۸	۶۷/۲	۹۱/۳	۱۰۵/۱	۱۰/۷	۱۱/۴
۹	۴۷۹	۵۸۴/۸	۵۷/۳	۷۰	۹۰/۶	۱۰۰/۲	۱۱/۵	۱۴/۳
۱۰	۶۴۳/۷	۷۷۷	۶۵/۹	۷۲/۸	۱۰۱/۷	۱۰۲/۷	۱۹/۹	۲۰/۲
۱۱	۳۶۱/۴	۵۱۸	۵۵/۹	۶۱/۱	۷۷/۷	۹۱/۱	۶/۴	۱۴/۶
۱۲	۳۳۹/۵	۴۵۲/۶	۶۱/۱	۶۶/۱	۷۴/۶	۸۴/۹	۷/۹	۱۰/۵
۱۳	۵۰۳/۵	۷۰۳	۶۱/۷	۷۲/۲	۱۰۱/۲	۱۰۴/۸	۱۵/۵	۱۷/۳
۱۴	۴۲۷/۳	۶۸۷/۹	۶۱/۳	۷۰/۳	۹۷/۹	۱۰۱/۲	۱۴/۲	۱۸/۸
۱۵	۵۸۱/۳	۶۷۲/۲	۶۴/۱	۷۱/۹	۱۰۲/۵	۱۱۴/۶	۱۶/۸	۱۸/۶
۱۶	۲۷۳/۱	۳۱۳	۶۸/۲	۷۰/۳	۷۳/۶	۷۸/۸	۱۰/۹	۱۴/۳
۱۷	۵۰۱/۴	۵۷۰/۶	۶۳/۶	۶۴	۹۳/۸	۹۶/۳	۱۷/۶	۲۱/۳
۱۸	۵۳۷	۷۴۲/۸	۶۵/۸	۷۳/۳	۸۷	۹۴/۶	۱۳/۸	۱۶/۳
۱۹	۵۵۲	۷۳۴/۳	۵۷/۸	۶۷/۱	۶۳/۳	۷۳/۷	۹/۵	۱۰/۲
۲۰	۴۷۱/۹	۵۷۱/۶	۶۰/۴	۶۷/۱	۹۴/۵	۹۷/۲	۸/۴	۱۱/۴
۲۱	۴۹۲/۵	۴۹۹/۳	۴۹	۷۵/۶	۸۴/۸	۹۴/۴	۱۶/۹	۱۷/۹
۲۲	۳۵۵/۳	۵۳۵/۵	۵۵/۷	۶۱/۹	۹۶/۷	۹۹/۸	۱۲/۸	۲۱/۴
۲۳	۴۰۸/۶	۵۶۷/۴	۵۸/۸	۷۱/۱	۹۴/۴	۹۵/۹	۱۰/۸	۱۵/۵
۲۴	۴۴۶/۱	۵۳۹/۱	۵۶/۸	۶۶/۶	۸۹/۷	۹۰/۴	۱۱/۲	۱۲/۶
۲۵	۴۷۴/۷	۵۷۰	۶۱/۹	۶۸/۸	۹۷/۱	۱۰۶/۹	۱۲	۱۲/۵
LSD 5%	۱۶۰/۸	۱۷۹/۸	۶/۶	۷/۱	۱۲/۹	۱۳/۱	۵/۴	۵/۹
حداقل	۲۷۳/۱	۳۱۳	۴۹	۶۱/۱	۶۳/۳	۷۳/۷	۳/۹	۱۰/۲
حداکثر	۶۴۳/۷	۷۷۷	۶۸/۲	۷۵/۶	۱۰۲/۵	۱۱۴/۶	۱۹/۹	۲۱/۴
میانگین	۴۵۹/۳	۵۸۳/۴	۶۰/۴	۶۸/۵	۸۹/۹	۹۶	۱۲	۱۵/۶

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]

[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

ادامه جدول ۴- مقایسه میانگین توده‌های مورد مطالعه گندم در دو شرایط دیم و آبیاری آخر فصل برای صفات مورفولوژیک، عملکرد و اجزای عملکرد

Table 4. Continued Comparison of the mean of studied wheat accessions in both rainfed and irrigation at the end of the growing season conditions for morphological traits, yield and yield components

توده	Peduncle Length (cm)		Mitt penalty Length (cm)		Spike Length (cm)		Other Inter nodes Length (cm)	
	دیم	آبیاری آخر فصل	دیم	آبیاری آخر فصل	دیم	آبیاری آخر فصل	دیم	آبیاری آخر فصل
۱	۳۵/۶	۴۰	۲۱/۹	۲۲/۳	۹/۸	۹/۹	۲۶/۹	۲۴/۶
۲	۳۵/۹	۳۷/۵	۲۵/۳	۲۵/۹	۹/۷	۹/۸	۲۵/۴	۲۰/۶
۳	۳۱/۳	۳۱/۳	۲۰/۵	۲۰/۹	۱۰/۱	۱۰/۸	۲۱/۷	۲۱/۴
۴	۲۲/۹	۳۷/۳	۱۶/۴	۲۲/۵	۹/۵	۹/۹	۲۳/۴	۱۷/۵
۵	۳۲/۷	۳۷/۳	۲۱/۹	۲۳/۲	۹/۳	۹/۵	۳۵/۷	۲۹/۲
۶	۳۶/۳	۳۷/۴	۲۴/۷	۲۸/۹	۹/۸	۱۰/۶	۲۷/۸	۲۳/۴
۷	۲۸/۵	۳۸/۴	۱۹/۹	۲۴/۲	۱۱/۷	۱۲/۷	۳۴/۸	۲۵/۹
۸	۳۰/۶	۳۲/۸	۲۱/۹	۲۲/۵	۹/۹	۹/۹	۳۹/۸	۲۸/۹
۹	۳۲/۶	۳۵/۶	۲۳/۲	۲۵/۳	۹/۹	۱۰/۸	۲۸/۶	۲۴/۸
۱۰	۴۱/۶	۴۲/۲	۲۷/۶	۲۷/۹	۹/۹	۱۰/۲	۲۲/۶	۲۲/۳
۱۱	۲۳/۷	۳۲/۵	۱۸/۶	۲۲/۴	۹/۱	۹/۱	۲۷/۱	۲۶/۲
۱۲	۲۵/۹	۳۰/۲	۱۷/۶	۲۰/۶	۱۰/۵	۱۲/۲	۲۲	۲۰/۶
۱۳	۳۷/۴	۳۹/۱	۲۷/۱	۲۸/۷	۹/۹	۱۰/۵	۲۶/۸	۲۶/۵
۱۴	۳۴/۵	۳۸/۶	۲۳/۷	۲۵/۹	۱۰/۳	۱۰/۵	۲۹/۴	۲۶/۲
۱۵	۳۸/۹	۴۱/۸	۲۶/۹	۲۹/۲	۹/۹	۱۰/۵	۳۳/۱	۲۶/۶
۱۶	۲۷	۳۱/۵	۲۳/۱	۲۳/۲	۶/۴	۶/۸	۱۷/۳	۱۷
۱۷	۳۴/۸	۳۷/۶	۲۵/۲	۲۵/۳	۸/۴	۹/۳	۲۷/۸	۲۱/۶
۱۸	۳۳/۸	۳۹/۲	۲۳/۵	۲۳/۶	۹/۱	۹/۱	۲۲/۷	۲۰/۶
۱۹	۲۷/۸	۲۹/۴	۱۷/۷	۱۸/۴	۹/۹	۱۰	۱۵/۹	۷/۹
۲۰	۳۲/۳	۳۵/۲	۲۲/۱	۲۴/۷	۱۱/۹	۱۲/۳	۲۸/۲	۲۵/۱
۲۱	۳۳/۶	۳۵/۳	۲۲/۹	۲۳/۶	۹/۳	۹/۴	۲۶/۱	۱۸/۹
۲۲	۳۴/۱	۴۳/۱	۲۲/۵	۲۲/۹	۹/۹	۱۰/۲	۳۰/۱	۲۳/۶
۲۳	۳۲/۵	۳۴/۹	۲۳/۴	۲۳/۶	۱۱	۱۱/۳	۲۷/۴	۲۶/۳
۲۴	۳۱/۷	۳۱/۷	۱۹/۹	۲۰/۶	۱۰/۴	۱۰/۸	۲۷/۷	۲۷/۴
۲۵	۳۵/۵	۳۵/۶	۲۱/۱	۲۴/۶	۱۱/۱	۱۱/۷	۳۵/۱	۲۹/۴
LSD 5%	۵/۸	۶/۲	۳/۷	۳/۶	۱/۴	۱/۴	۹/۷	۵/۴
حداقل	۲۲/۹	۲۹/۴	۱۶/۴	۱۸/۴	۶/۴	۶/۸	۱۵/۹	۷/۹
حداکثر	۴۱/۶	۴۳/۱	۲۷/۶	۲۹/۲	۱۱/۹	۱۲/۷	۳۹/۸	۲۹/۴
میانگین	۳۲/۵	۳۶/۲	۲۲/۴	۲۴	۹/۹	۱۰/۳	۲۷/۳	۲۳/۳

ادامه جدول ۴- مقایسه میانگین توده‌های مورد مطالعه گندم در دو شرایط دیم و آبیاری آخر فصل برای صفات مورفولوژیک، عملکرد و اجزای عملکرد

Table 4. Continued Comparison of the mean of studied wheat accessions in both rainfed and irrigation at the end of the growing season conditions for morphological traits, yield and yield components

توده	Spike Density		Number of Fertile Spikelets		Number of inFertile Spikelets		Number of Spikelets Per Spike	
	دیم	آبیاری آخر فصل	دیم	آبیاری آخر فصل	دیم	آبیاری آخر فصل	دیم	آبیاری آخر فصل
۱	۳۷/۲	۳۸/۹	۱۶/۵	۱۶/۵	۲/۳	۲	۱۸/۵	۱۸/۷
۲	۳۵/۶	۴۲/۹	۱۸/۷	۱۸/۹	۱/۲	۰/۵	۱۹/۳	۱۹/۹
۳	۲۸/۴	۲۹/۵	۱۴/۵	۱۵/۱	۲/۴	۱/۷	۱۶/۸	۱۶/۹
۴	۴۳/۶	۴۳/۶	۱۷/۴	۱۷/۷	۱/۵	۱/۳	۱۸/۹	۱۹/۱
۵	۳۷/۹	۳۸/۳	۱۵/۵	۱۶	۲/۶	۲/۵	۱۸/۱	۱۸/۵
۶	۳۶/۶	۳۶/۷	۱۸	۱۸/۹	۲	۱/۲	۲۰	۲۰/۱
۷	۳۱	۳۶/۲	۱۸/۳	۱۸/۷	۲/۲	۱/۹	۱۹/۱	۲۰/۶
۸	۲۹/۵	۳۳/۴	۱۵/۸	۱۶/۳	۲/۸	۲/۷	۱۸/۶	۱۸/۹
۹	۳۱/۸	۳۳/۴	۱۶/۱	۱۶/۷	۲/۷	۱/۹	۱۸/۷	۱۸/۷
۱۰	۳۳/۶	۴۰/۶	۱۸/۲	۱۸/۳	۱	۰/۹	۱۹/۲	۱۹/۲
۱۱	۳۳	۳۴/۹	۱۵/۶	۱۶/۶	۳/۱	۲/۵	۱۸/۷	۱۹/۱
۱۲	۲۱/۹	۲۶	۱۴/۱	۱۶/۶	۳/۷	۲/۸	۱۷/۹	۱۹/۴
۱۳	۳۴/۲	۳۹/۸	۱۸/۴	۱۹/۳	۱/۱	۰/۷	۱۹/۵	۲۰
۱۴	۳۸/۴	۳۹/۴	۱۷/۳	۱۷/۷	۲/۱	۱/۷	۱۹/۳	۱۹/۴
۱۵	۳۵/۲	۳۶/۳	۱۸/۲	۱۹/۳	۱/۵	۱/۳	۱۹/۷	۲۰/۶
۱۶	۵۱/۵	۵۲/۸	۱۶/۹	۱۷/۳	۱/۶	۱/۳	۱۸/۵	۱۸/۷
۱۷	۳۶/۴	۳۸/۴	۱۵/۹	۱۶/۷	۲/۳	۱/۷	۱۸/۲	۱۸/۴
۱۸	۳۹/۹	۴۱/۵	۱۹/۱	۱۹/۶	۱	۱	۲۰/۱	۲۰/۶
۱۹	۴۰/۳	۴۷/۸	۱۶/۶	۱۷/۶	۲/۳	۱/۵	۱۸/۹	۱۹/۱
۲۰	۳۴/۴	۳۴/۸	۱۷/۹	۱۹/۱	۲	۱/۵	۱۹/۹	۲۰/۵
۲۱	۴۰	۴۴/۷	۱۶/۸	۱۷/۵	۱/۶	۱/۳	۱۸/۴	۱۸/۹
۲۲	۳۷/۵	۴۱/۳	۱۶/۷	۱۶/۷	۲/۵	۲/۳	۱۹/۱	۱۹/۲
۲۳	۳۵	۳۵/۳	۱۷/۶	۱۷/۷	۲/۴	۱/۷	۱۹/۴	۲۰
۲۴	۲۶/۴	۲۹/۹	۱۵	۱۵/۵	۲/۹	۲/۱	۱۷/۶	۱۷/۹
۲۵	۳۴/۶	۳۵/۶	۱۸/۸	۱۹/۹	۱/۹	۱/۷	۲۰/۷	۲۱/۵
LSD 5%	۷/۶	۸/۱	۱/۹	۲/۲	۰/۹	۰/۷	۱/۹	۲
حداقل	۲۱/۹	۲۶	۱۴/۱	۱۵/۱	۱	۰/۵	۱۶/۸	۱۶/۹
حداکثر	۵۱/۵	۵۲/۸	۱۹/۱	۱۹/۹	۳/۷	۲/۸	۲۰/۷	۲۱/۵
میانگین	۳۵/۴	۳۸/۱	۱۶/۹	۱۷/۶	۲/۱	۱/۷	۱۸/۹	۱۹/۴

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]

[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

ادامه جدول ۴- مقایسه میانگین توده‌های مورد مطالعه گندم در دو شرایط دیم و آبیاری آخر فصل برای صفات مورفولوژیک، عملکرد و اجزای عملکرد

Table 4. Continued Comparison of the mean of studied wheat accessions in both rainfed and irrigation at the end of the growing season conditions for morphological traits, yield and yield components

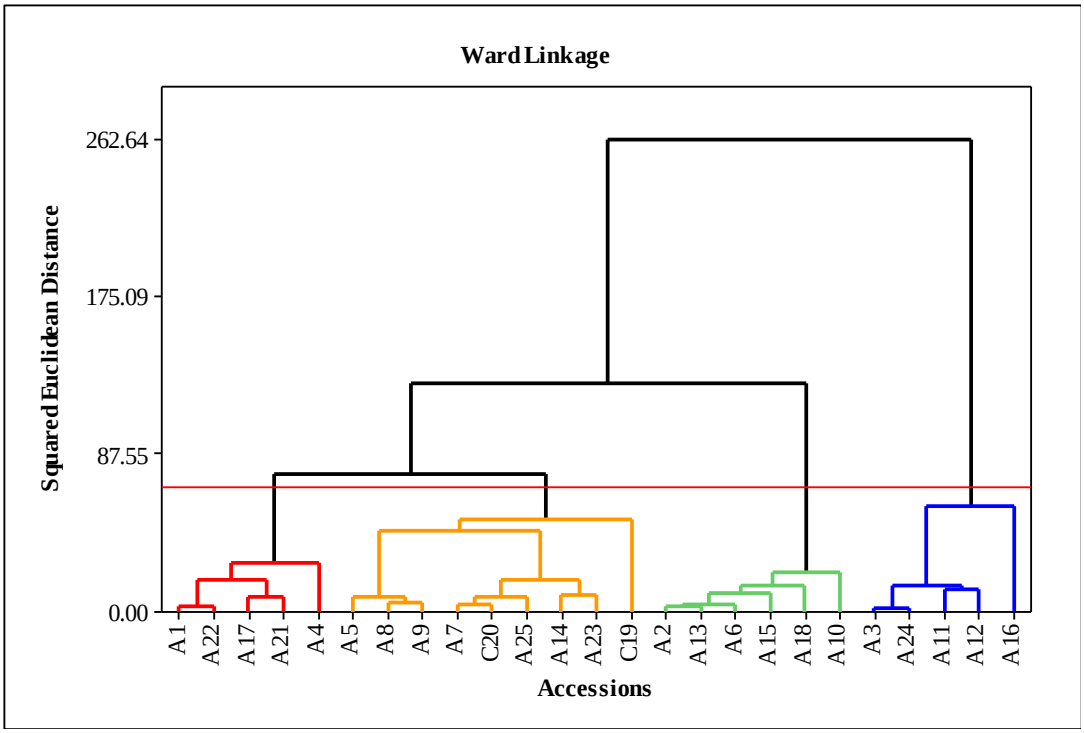
توده	Spike Dry Weight ($g\ m^{-2}$)		Stem Weight ($g\ m^{-2}$)		Spike Grain Weight ($g\ m^{-2}$)		Harvest Index (%)	
	دیم	آبیاری آخر فصل	دیم	آبیاری آخر فصل	دیم	آبیاری آخر فصل	دیم	آبیاری آخر فصل
۱	۱/۴	۱/۹	۱/۲	۱/۲	۰/۹	۱/۲	۲۰/۹	۲۴/۸
۲	۱/۸	۲/۲	۱/۲	۱/۵	۱/۳	۱/۸	۲۸/۶	۳۵/۷
۳	۱/۵	۱/۶	۰/۸	۰/۹	۱	۱/۱	۲۹/۴	۳۰/۹
۴	۱/۵	۲	۰/۹	۱/۱	۰/۹	۱/۴	۲۳/۱	۲۴/۳
۵	۱/۶	۲/۳	۱/۳	۱/۴	۱/۲	۱/۷	۲۶/۹	۲۷/۵
۶	۱/۶	۲/۴	۱/۳	۱/۴	۱/۱	۱/۸	۲۹	۳۶/۱
۷	۱/۹	۲/۹	۱/۳	۱/۵	۱/۱	۲/۱	۲۲/۸	۳۱/۹
۸	۱/۴	۲/۱	۱	۱/۴	۰/۹	۱/۶	۲۵/۶	۲۷/۶
۹	۱/۷	۲/۳	۱/۲	۱/۳	۱/۲	۱/۸	۲۶/۶	۲۸
۱۰	۱/۷	۲/۸	۱/۳	۱/۵	۱/۲	۲/۱	۳۲/۳	۴۰/۶
۱۱	۱/۴	۱/۶	۰/۹	۱/۲	۰/۸	۱	۲۱/۳	۲۵/۷
۱۲	۱/۱	۲	۰/۶	۱	۰/۷	۱/۴	۲۴/۴	۲۴/۶
۱۳	۱/۷	۲/۶	۱/۳	۱/۶	۱/۲	۱/۹	۲۷/۱	۳۶/۵
۱۴	۱/۹	۲/۵	۱/۳	۱/۳	۱/۳	۱/۸	۲۵	۳۰/۷
۱۵	۱/۸	۲/۳	۱/۴	۱/۵	۱/۲	۱/۷	۲۶/۷	۳۴/۳
۱۶	۱/۳	۱/۴	۰/۹	۰/۹	۰/۹	۱/۱	۲۰/۶	۲۱/۴
۱۷	۱/۷	۲/۱	۱/۱	۱/۳	۱/۱	۱/۴	۲۸	۳۰/۲
۱۸	۱/۷	۲/۱	۱/۲	۱/۳	۱/۱	۱/۶	۲۹/۶	۳۷/۸
۱۹	۱/۷	۲/۹	۰/۹	۱	۱/۱	۱/۸	۲۷/۱	۳۳/۶
۲۰	۲	۲/۴	۱/۳	۱/۴	۱/۴	۱/۷	۲۵/۵	۳۴/۶
۲۱	۱/۸	۲/۲	۱/۲	۱/۴	۱/۲	۱/۵	۲۵/۴	۲۷
۲۲	۱/۳	۲/۱	۱/۳	۱/۳	۰/۸	۱/۳	۱۷	۱۹/۱
۲۳	۱/۹	۲/۵	۱/۲	۱/۳	۱/۳	۱/۸	۲۶/۲	۳۳/۵
۲۴	۱/۳	۱/۸	۰/۸	۰/۹	۰/۹	۱/۳	۲۷/۶	۲۸/۱
۲۵	۱/۷	۲/۲	۱/۵	۱/۶	۱/۲	۱/۶	۲۳/۵	۳۰/۹
LSD 5%	۰/۵	۰/۶	۰/۳	۰/۳	۰/۳	۰/۴	۵/۸	۷/۶
حداقل	۱/۱	۱/۴	۰/۶	۰/۹	۰/۷	۱	۱۷	۱۹/۱
حداکثر	۲	۲/۹	۱/۵	۱/۶	۱/۴	۲/۱	۳۲/۳	۴۰/۶
میانگین	۱/۶	۲/۲	۱/۲	۱/۳	۱/۱	۱/۶	۲۵/۶	۳۰/۲

گروه‌بندی توده‌های مورد مطالعه تحت شرایط دیم و آبیاری آخر فصل براساس تجزیه خوشه‌ای

به‌منظور گروه‌بندی توده‌های مورد مطالعه از تجزیه خوشه‌ای به‌روش Ward و با مربع فاصله اقلیدسی استفاده گردید (شکل ۱). در این روش توده‌های مورد مطالعه در دو شرایط دیم و آبیاری آخر فصل براساس تجزیه تابع تشخیص در چهار گروه قرار گرفتند. گروه اول توده‌های شماره ۱، ۲۲، ۱۷، ۲۱ و ۴ را به خود اختصاص دادند که کمترین وزن هزار دانه و طول سنبله و بیشترین تعداد دانه در سنبله را داشتند و از لحاظ مابقی صفات در رده‌ی متوسطی قرار داشتند. توده‌های شماره ۵، ۸، ۹، ۷، ۲۵، ۱۴، ۲۳ و ارقام پیشتاز و پیشگام در گروه دوم که بیشترین تعداد دانه در سنبله، طول سنبله، وزن خشک سنبله و وزن دانه در سنبله را در بین خوشه‌ها داشتند و کمترین وزن هکتولیتر و تعداد سنبله در متر مربع را به خود اختصاص دادند و از لحاظ مابقی صفات مقدار متوسطی داشتند. در گروه سوم توده‌های شماره ۲، ۱۳، ۶، ۱۵، ۱۸ و ۱۰ که دارای بیشترین عملکرد دانه در متر مربع، وزن هزار دانه، تعداد سنبله در متر مربع، عملکرد بیولوژیک، عملکرد سنبله، ارتفاع گیاه، طول اکستراژن، طول پدانکل، طول پنالتی‌میت، تعداد سنبلچه زایا، وزن خشک ساقه و وزن دانه در سنبله در بین گروه‌ها بوده و از نظر وزن هکتولیتر و تعداد سنبلچه نازا کمترین مقدار را داشتند و از لحاظ مابقی صفات در رده‌ی متوسطی قرار داشتند. در گروه چهارم توده‌های شماره ۳، ۲۴، ۱۱، ۱۲ و ۱۶ قرار گرفتند که تعداد سنبلچه نازا و وزن هکتولیتر بالاتری نسبت به سایر خوشه‌ها داشتند و از نظر وزن هزار دانه و تعداد سنبله در متر مربع در رده‌ی متوسطی قرار داشتند و از لحاظ عملکرد دانه در متر مربع و مابقی صفات کمترین مقدار را دارا بودند. اما آنچه که حائز اهمیت بود گروه‌بندی متفاوت توده‌ها برای صفات مختلف از جمله عملکرد تحت دو شرایط متفاوت دیم و آبیاری آخر فصل بود که این مسئله بیانگر روند متفاوت واکنش توده‌ها به شرایط رطوبتی متفاوت بود. در نتیجه‌گیری کلی می‌توان گفت که گروه اول از نظر اکثر صفات تقریباً در رده‌ی متوسطی قرار داشتند، گروه دوم از نظر صفات مربوط به سنبله و دانه در سنبله بیشترین مقدار را داشتند، گروه سوم از لحاظ عملکرد دانه و اجزای آن، صفات مربوط به قامت گیاه و وزن دانه در سنبله بالاترین مقادیر را دارا بودند و گروه چهارم از نظر عملکرد دانه و اکثر صفات کمترین مقدار را به‌خود اختصاص دادند. بنابراین باتوجه به گروه‌بندی‌های ایجاد شده می‌توان بیان داشت عملکرد بیشتر با اجزاء آن، صفات مربوط به قامت گیاه و وزن دانه در سنبله در ارتباط بوده و واکنش آن‌ها روند یکسانی داشته است، از طرف دیگر صفات مرتبط با سنبله روندهای متفاوتی نسبت به عملکرد داشته‌اند و همین امر سبب شده که توده‌ها براساس این خصوصیات در گروه‌های جداگانه‌ای قرار بگیرند. در مجموع می‌توان چنین استنباط کرد که توده‌های شماره ۲، ۱۳، ۶، ۱۵، ۱۸ و ۱۰ (به ترتیب با منشأ کرمانشاه، نامشخص، سرخس، پرو، مینه سوتا و نامشخص) برترین توده‌ها بر مبنای خصوصیات زراعی بودند

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

که قابلیت معرفی برای برنامه‌های اصلاحی را دارند و در مقابل توده‌های شماره ۳، ۲۴، ۱۱، ۱۲ و ۱۶ به عنوان ضعیف‌ترین توده‌ها شناسایی شدند. نادری زرنقی و فتوت (۳۰) در مطالعه‌ای، به گروه‌بندی تحمل به خشکی ۱۹ ژنوتیپ گندم متعلق به سه گروه حساس، بینابین و متحمل تحت سه شرایط آبیاری (عادی، تنش متوسط و تنش شدید) با استفاده از برخی صفات زراعی و فیزیولوژیکی مرتبط با تحمل به خشکی، از طریق تجزیه‌ی خوشه‌ای به روش UPGMA پرداختند. تجزیه‌ی خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را در هر دو شرایط تنش، در سه گروه قرار داد و ژنوتیپ‌های حساس و متحمل شناسایی شدند. نادری و همکاران (۳۱) تجزیه خوشه‌ای به‌روش وارد در شرایط تنش ژنوتیپ‌های مورد بررسی را به چهار گروه تقسیم کرد. روند گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها تا حدودی متفاوت بود که ناشی از واکنش متفاوت ژنوتیپ‌های گندم نان به تنش کمبود آب و تفاوت در حساسیت یا مقاومت نسبی آنها به تنش بود که با نتایج این پژوهش مطابقت داشت. در تحقیق ابری و همکاران (۳) به منظور بررسی تنوع صفات مختلف زراعی و مورفولوژی در خویشاوندان وحشی گندم، دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای، ارقام و گونه‌های مورد بررسی را بر اساس کلیه صفات به سه گروه کلی تفکیک نمود. آنها به این نتیجه رسیدند که 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. براساس نتایج تجزیه کلاستر و تجزیه تابع تشخیص علی‌پور و همکاران (۶) ژنوتیپ‌های مورد بررسی در سه گروه متمایز طبقه‌بندی شدند. به طوری‌که در گروه اول و سوم اکثراً توده‌های بومی گروه‌بندی شدند و گروه دوم بیشتر شامل ارقام زراعی بودند که می‌تواند بیانگر انتخاب مناسب روی این صفات در طول روند به‌نژادی باشد که خود نشان‌دهنده اهمیت صفات ارزیابی شده در برنامه‌های به‌نژادی می‌باشد. با توجه به تنوع بالایی که بین صفات و ژنوتیپ‌های ارزیابی شده در مطالعه حاضر مشاهده شد، می‌توان با انتخاب و اصلاح برای این صفات و از طرف دیگر انتخاب ژنوتیپ‌های مناسب برای تلاقی در برنامه اصلاحی آتی، عملکرد دانه را به نحو مطلوبی افزایش داد.



شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۲۵ توده گندم نان با روش Ward بر اساس صفات زراعی-مورفولوژیکی اندازه‌گیری شده در شرایط دیم و آبیاری آخر فصل

Figure 1. Dendrogram obtained from cluster analysis of 25 bread wheat accession by Ward method measured based on agronomic-morphological traits in rainfed and irrigation at the end of the growing season conditions

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

ارزیابی تنوع ژنتیکی توده‌های بومی گندم نان مورد مطالعه با استفاده از نشانگر SSR

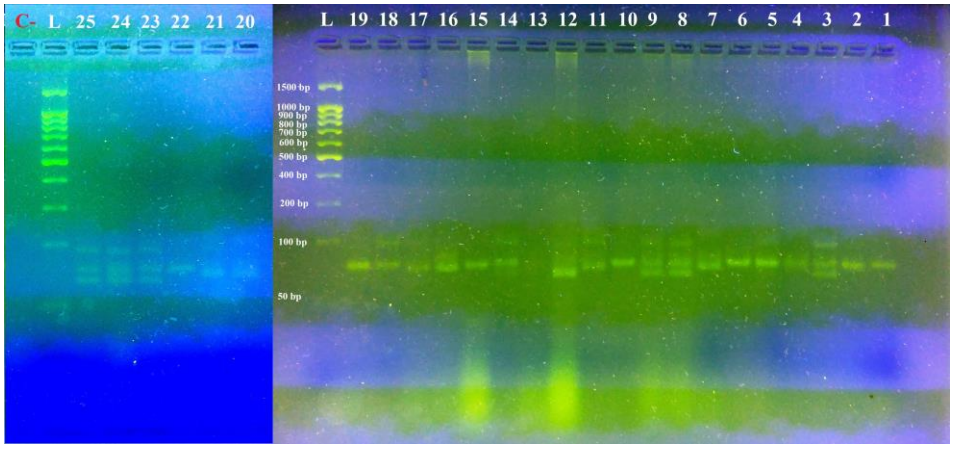
از ۲۰ جفت آغازگر ریزماهواره‌ای مورد بررسی در ۲۵ توده گندم نان، ۱۶ جفت آغازگر چندشکلی مناسبی نشان دادند بنابراین جهت بررسی تنوع ژنتیکی انتخاب شدند. نتایج حاصل در جدول ۵ ارائه شده است. تعداد کل نوارها یا آلل‌های تکثیر شده در لوکوس‌های مورد مطالعه ۳۵ نوار بود که ۳۳ نوار چندشکل بودند و درصد چندشکلی کل ۹۳/۸ برآورد گردید. بنابراین می‌توان بیان داشت که آغازگرها در بین توده‌های مورد بررسی دارای چندشکلی بالایی بودند. همه آغازگرها به جز XGWM334 و XGWM642 دارای صد درصد چندشکلی بودند و کمترین میزان چندشکلی (۵۰ درصد) نیز به این دو آغازگر تعلق داشت. از این رو تمام آغازگرهای این پژوهش برای مطالعات تنوع ژنتیکی در گندم مفید شناخته شدند. متوسط تعداد کل نوارها و متوسط چندشکلی به ترتیب برابر با ۲/۲ و ۲/۱ بود. بیشترین تعداد آلل مربوط به آغازگر XGWM136 با پنج آلل و کمترین تعداد آلل مربوط به آغازگرهای XGWM155، XGWM410 و XGWM234 با دو آلل بود. بیشترین شاخص محتوی اطلاعات چندشکلی مربوط به آغازگرهای XGWM155، XGWM234، XCFD168، XGWM577، XGWM642 و XCFD5 بود، بنابراین این آغازگرها قدرت بیشتری در ایجاد چندشکلی در بین توده‌های مورد بررسی داشتند و با توجه به این مسئله، می‌توان نتیجه گرفت که این آغازگرها قابلیت استفاده در برنامه تنوع ژنتیکی در بین توده‌های بومی گندم نان دارند. از طرف دیگر کمترین آن مربوط به آغازگرهای XGWM334 و XGWM4 بودند. در بین شاخص‌های مولکولی مورد بررسی، بیشترین شاخص نشانگری متعلق به آغازگرهای XGWM136، XCFD168 و XGWM350 و کمترین آن متعلق به آغازگرهای XGWM334 و XGWM642 با کمترین مقدار بود. نجفی و همکاران (۳۳) مقادیر شاخص نشانگری را از ۰/۴۱ تا ۳/۳۶ برآورد کردند. بیشترین شاخص نسبت چندشکلی مؤثر (EMR) مربوط به آغازگرهای XGWM136، XGWM350، XCFD168 و XGWM165 و کمترین متعلق به آغازگرهای XGWM334 و XGWM642 بودند. بیشترین شاخص قدرت تفکیک (RP) مربوط به آغازگرهای XGWM4، XCFD168 و XGWM350 و کمترین مربوط به XGWM334 بود. مقادیر بالای این معیار دلالت بر چند شکلی زیاد و وجود آلل یا آلل‌های نادر در یک جایگاه نشانگری است و بیانگر قدرت تفکیک و تمایز بالای آن نشانگر می‌باشد (۴۱). در مجموع نشانگرهای XCFD168، XGWM350 و XGWM136 با صد درصد چندشکلی، بیشترین تعداد آلل، مقدار بالای شاخص‌های محتوی چندشکلی، شاخص نشانگری، شاخص EMR[1] و شاخص RP و با توجه به تکثیر باندهای زیاد و چندشکل می‌توانند به‌عنوان مناسب‌ترین آغازگرهای ریزماهواره در مطالعات بعدی گندم پیشنهاد شوند و بهتر از نشانگرهای دیگر می‌توانند فاصله ژنتیکی توده‌ها را مشخص و آن‌ها را از هم متمایز کنند. نشانگر XCFD168 در مطالعه رامیا و همکاران (۳۷) به عنوان نشانگر برتر معرفی شد که با نتایج این مطالعه مطابقت داشت. بنابراین آغازگرهای استفاده شده در این مطالعه کارایی لازم جهت بررسی روابط بین ژنوتیپ‌ها و ساختارهای ژنتیکی را دارا هستند. همچنین تعداد زیاد مکان‌های تکثیر شده در این آزمایش نشان می‌دهد که تعداد کمی از آغازگرهای SSR با میزان اطلاعات چندشکل بالا، می‌تواند تعداد زیادی نمونه و جمعیت‌های مختلف نمونه را تفکیک نماید. قبلاً نیز تحقیقات مختلفی کارایی بالای نشانگرهای SSR را در مطالعات مرتبط با تعیین تنوع ژنتیکی و روابط تکاملی در گونه‌های گیاهی مختلف نشان داده است (۴، ۱۵، ۱۶، ۲۴، ۲۹، ۳۶). نشانگرهایی با مقادیر محتوی اطلاعات چندشکلی بالا توانایی آشکارسازی تنوع بین آلل‌ها را داشته و می‌توانند به طور مؤثری برای نقشه‌یابی مولکولی و تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی در جمعیت‌ها مورد استفاده قرار گیرند (۲۰). اوجا و همکاران (۳۴) خصوصیات مورفولوژیکی با استفاده از ۱۲ صفت مربوط به سنبله و تجزیه تنوع ژنتیکی مجموعه گندم دوروم (*Triticum Turgidum* Var. Durum) با استفاده از ۱۰ نشانگر SSR را ارزیابی نمودند و سطح تنوع ژنتیکی را بالا تشخیص دادند. فلتاوس (۱۴) در بررسی تنوع ژنتیکی ارقام گندم نان با نشانگرهای ریزماهواره نشان داد که محتوی اطلاعات چندشکلی بالا (PIC)[2] و شاخص نشانگر بالا (MI)[3] بود و تنوع زیادی در ژنوم‌های A و B نسبت به ژنوم D یافت شد. در مطالعه جباری و همکاران (۱۸) بر روی تنوع هاپلوتایپی و ارتباط آلل‌های ریزماهواره واقع بر روی کروموزوم 4B گندم نان با برخی صفات زراعی، میانگین آلل‌های چندشکل، میزان محتوی اطلاعات چندشکل (PIC) و شاخص قدرت (RP) به ترتیب ۴/۵، ۰/۲۹ و ۱/۵۸ بود، همچنین میانگین شاخص نشانگری (MI) و نسبت چندگانه مؤثر (EMR) به ترتیب ۰/۰۰۳ و ۰/۹۹ برآورد گردید و از ۱۰ نشانگر ریزماهواره استفاده شده، تعداد شش نشانگر چندشکلی خوبی بین ژنوتیپ‌ها نشان دادند. کوهستانی و همکاران (۲۵) در تحقیقی که با هدف شناسایی نشانگرهای SSR پیوسته با صفات زراعی در گندم دوروم انجام دادند؛ اعلام کردند که میزان شاخص محتوی اطلاعات چندشکلی برای ۱۶ جفت آغازگر مورد مطالعه از ۰/۳۹ تا ۰/۴۹ متغیر بود و از لحاظ داده‌های زراعی و نشانگرهای مولکولی در بین ژنوتیپ‌ها تنوع کافی مشاهده شد.

1- Effective Multiplex Ratio
2- Polymorphic Information Content
3- Marker Index

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

جدول ۵- ویژگی‌های ترکیب آغازگرهای SSR چندشکل در ۲۵ توده گندم نان
Table 5. Characteristics of the composition of polymorphic SSR primers in 25 accession of bread wheat

ردیف	ترکیب آغازگر	مکان ژنومی	تعداد قطعات تکثیر شده	تعداد قطعات چند شکل	درصد چند شکلی	شاخص نشانگری	نسبت چندشکلی مؤثر	قدرت تفکیک	محتوی اطلاعاتی چندشکل
۱	XGWM350	7D	۳	۳	۱۰۰	۱	۳	۳/۱	۰/۳
۲	XGWM334	6A	۲	۱	۵۰	۰/۱	۰/۵	۰/۲	۰/۲
۳	XGWM155	3A	۱	۱	۱۰۰	۰/۵	۱	۰/۹	۰/۵
۴	XGWM577	7B	۲	۲	۱۰۰	۰/۹	۲	۱/۶	۰/۵
۵	XGWM70	6B	۲	۲	۱۰۰	۰/۶	۲	۱/۳	۰/۳
۶	XGWM642	1D	۲	۱	۵۰	۰/۲	۰/۵	۰/۷	۰/۵
۷	XGWM136	1A	۵	۵	۱۰۰	۱/۸	۵	۲/۳	۰/۴
۸	XGWM124	1B	۲	۲	۱۰۰	۰/۸	۲	۱/۹	۰/۴
۹	XGWM265	2A	۲	۲	۱۰۰	۰/۶	۲	۱/۷	۰/۳
۱۰	XGWM410	2B	۱	۱	۱۰۰	۰/۴	۱	۰/۵	۰/۴
۱۱	XGWM165	4B	۳	۳	۱۰۰	۰/۹	۳	۲/۹	۰/۳
۱۲	XGWM4	4A	۲	۲	۱۰۰	۰/۴	۲	۳/۵	۰/۲
۱۳	XGWM2	3D	۲	۲	۱۰۰	۰/۸	۲	۲/۲	۰/۴
۱۴	XCFD5	5B	۲	۲	۱۰۰	۰/۹	۲	۱/۸	۰/۴
۱۵	XCFD168	2D	۳	۳	۱۰۰	۱/۵	۳	۳/۲	۰/۵
۱۶	XGWM234	5B	۱	۱	۱۰۰	۰/۵	۱	۰/۹	۰/۵
کل	–	–	۳۵	۳۳	–	–	–	–	–
میانگین	–	–	۲/۲	۲/۱	۹۳/۹	۰/۷	۲	۱/۸	۰/۴

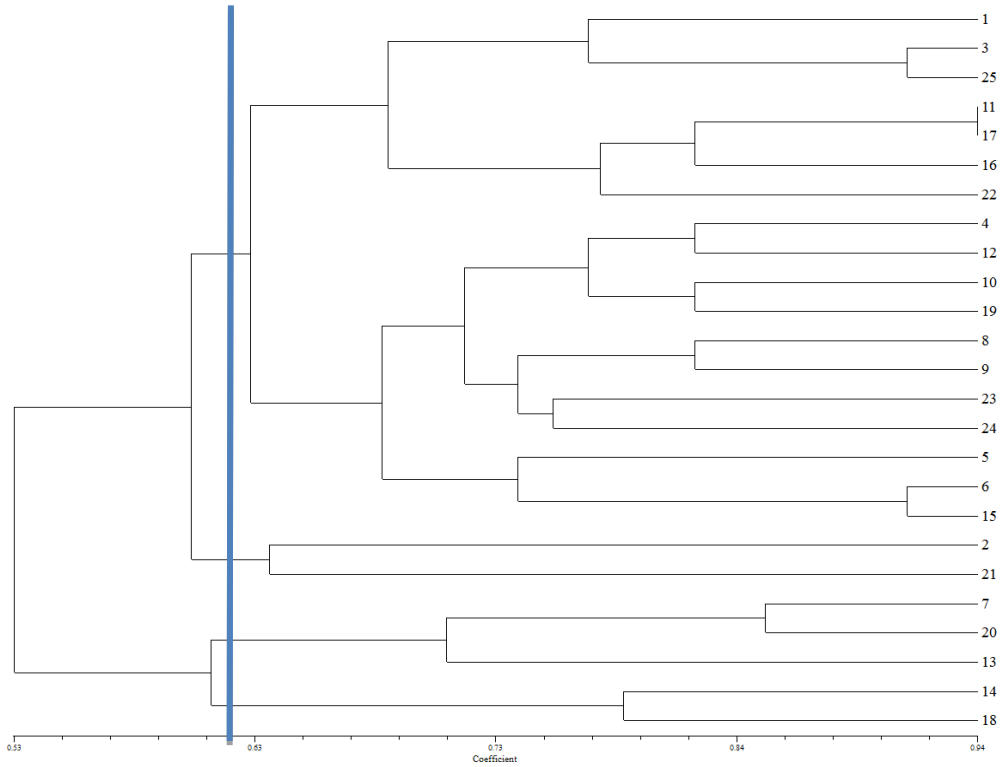


شکل ۲- الگوی نواربندی نشانگرهای SSR بر روی ژل آگارز سه درصد با استفاده از آغازگر XGWM350 در ۲۵ توده گندم نان مورد بررسی
Figure 2. SSR marker banding pattern on 3% agarose gel using XGWM350 primer in 25 bread wheat accessions

از مقایسه نتایج حاصل از روش‌های مختلف تجزیه خوشه‌ای و ضرایب تشابه مختلف، در نهایت تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA بر مبنای ضریب تشابه جاکارد به دلیل ارائه دندروگرام مناسب، همبستگی کوفنیتک بالاتر و گروه بندی مناسب انجام شد که منجر به طبقه‌بندی ۲۵ توده گندم در چهار گروه متفاوت گردید (شکل ۳). ضریب همبستگی کوفنتیک بین ماتریس تشابه (ماتریس ورودی) حاصل از ضریب تشابه جاکارد و ماتریس خروجی حاصل از دندروگرام تجزیه خوشه‌ای ۰/۷۴ بود. مقدار بالای ضریب همبستگی کوفنتیک نشان داد که تجزیه خوشه‌ای با استفاده از ضریب تشابه جاکارد براساس داده‌های بدست آمده از نشانگر SSR در گروه‌بندی توده‌های گندم مورد بررسی بسیار مناسب بوده است. نتایج حاصل از گروه‌بندی نشان داد که گروه اول شامل توده‌های شماره ۱، ۳، ۲۵، ۱۱، ۱۷، ۱۶، ۲۲، ۴، ۱۲، ۱۰، ۱۵، ۸، ۹، ۲۳، ۲۴، ۵، ۶ و رقم پیشتاز (به‌ترتیب با منشأ کلات، کرمانشاه، مونتانا، کاشان، سرخس، بلغارستان، کرمانشاه، نامشخص، مکزیک، بابرار کردستان، پرو، کانادا، مکزیک، مکزیک، کرند، کرمانشاه و کرند)، گروه دوم شامل توده‌های شماره ۲ و ۲۱ (به‌ترتیب با منشأ کرمانشاه و مینه سوتا)، گروه سوم شامل توده‌های شماره ۷، ۱۳ و رقم پیشگام (به‌ترتیب با منشأ بدرانلو و نامشخص) و گروه چهارم شامل توده‌های شماره ۱۴ و ۱۸ (به‌ترتیب با منشأ نامشخص و مینه سوتا) بود. در بررسی احمد و همکاران (۵) با استفاده از نشانگرهای SSR، کلاستر UPGMA، نرم‌افزار DARWIN و تجزیه ساختار، ۱۰۵ ژنوتیپ گندم نان را به چهار گروه یا خوشه طبقه‌بندی کردند. فواصل ژنتیکی در میان خوشه‌ها به وضوح تغییرات و تنوع ژنتیکی بین هر یک از خوشه‌ها را نشان داد. آزمایش حاضر نشان دهنده قابلیت اطمینان نشانگرهای SSR بود که می‌توانند برای مطالعات ژنتیکی در آینده، به‌عنوان ساخت نقشه ژنتیکی، تجزیه مقایسه‌ای ژنومی، تنوع ژنتیکی و

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

اصلاح به‌کمک نشانگر مولکولی در گندم برای انتخاب ژنوتیپ‌های امیدبخش مفید باشند. در بررسی فلتاوس (۱۴) بر روی ارقام گندم نان با استفاده از نشانگر SSR، دندروگرام براساس ماتریس تشابه ساخته شد و ارقام به سه گروه اصلی تقسیم شدند، که شباهت بین ارقام براساس خصوصیات مورفولوژیکی دامنه محدودی را نشان داد، در حالی که شباهت بین ارقام براساس SSR دامنه گسترده‌ای را نشان داد. براساس شباهت، نشانگرهای SSR دقیق‌تر و مفیدتر از ویژگی‌های مورفولوژیکی بودند. شهاب‌زاده و همکاران (۴۰) در گروه‌بندی جمعیت‌ها براساس کل نشانگرهای مولکولی به روش‌های UPGMA و بیزی، جمعیت‌های فسکیوی پابلند (*Festuca arundinacea*) را به دو گروه چمنی و علوفه‌ای تقسیم نمودند. نتایج نشان داد براساس هر دو نشانگر مورفولوژیکی و ژنتیکی مورد استفاده تنوع مناسبی بین جمعیت‌ها وجود داشت.



شکل ۳- گروه‌بندی ۲۵ توده گندم نان مورد مطالعه براساس ضریب تشابه جاکارد و به روش UPGMA
Figure 3. Grouping of 25 bread wheat accessions based on Jaccard similarity coefficient and UPGMA method

نتایج تجزیه واریانس مولکولی براساس تجزیه کلاستر

تجزیه واریانس مولکولی براساس داده‌های حاصل از نشانگرهای SSR در توده‌های بومی مورد مطالعه و براساس گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای، در چهار گروه انجام شد. میزان واریانس بین گروهی ۱۰ درصد و واریانس درون گروهی نیز ۹۰ درصد برآورد گردید (جدول ۶). در تجزیه واریانس مولکولی، اختلاف بین گروه‌ها در سطح احتمال پنج درصد معنی‌دار شد که می‌تواند نشان‌دهنده این امر باشد که گروه‌بندی توده‌های گندم نان براساس نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای تا حدودی به وسیله تنوع نشانگرهای SSR قابل توجیه است. آماره φ'_{PT} به‌عنوان معیاری برای آزمون فرض تمایز جمعیت در سطح مربوطه استفاده می‌شود. تجزیه واریانس مولکولی نشان داد که به‌دلیل تنوع ژنتیکی بالا در درون جمعیتها، میزان آماره φ_{PT} پایین بود. پورسیاه‌بیدی و همکاران (۳۶) براساس نتایج تجزیه واریانس مولکولی برای ۳۴ جمعیت گندم اینکورن، اختلاف بین و درون جمعیت‌های مورد مطالعه را به‌ترتیب ۷ و ۹۳ درصد تشخیص دادند. در ارزیابی خدادادی و همکاران (۲۴) بر روی دو گونه تریتیکوم و آژیلوپس با استفاده از نشانگرهای SSR، نتایج حاصل از تجزیه واریانس مولکولی (ANOVA) نشان داد که بیشترین سهم تنوع ژنتیکی مربوط به تنوع درون گونه‌ای (۸۶ درصد) بود که با نتایج این پژوهش مطابقت داشت.

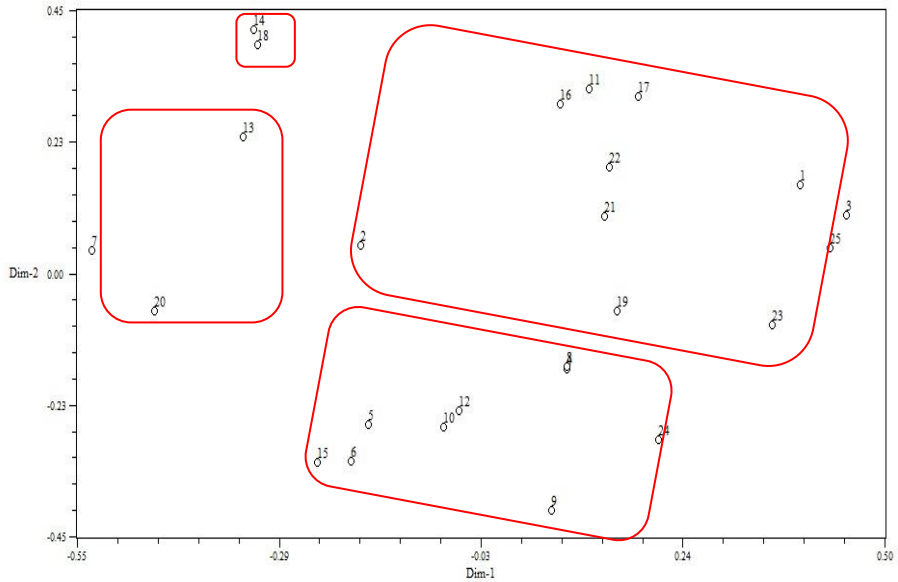
1- PhiPT

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

جدول ۶- تجزیه واریانس مولکولی (ANOVA) براساس نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای در ۲۵ توده گندم نان
Table 6. Molecular analysis of variance (ANOVA) based on the results of cluster analysis in 25 bread wheat accessions

گروه‌های پیش‌بینی شده	منبع تغییر	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	واریانس برآورد شده	درصد واریانس کل	φ_{PT}
	بین گروه‌ها	۳	۲۵/۹	۸/۶	۰/۷	۱۰٪	۰/۰۴*
۴	داخل گروه‌ها	۲۱	۱۲۶/۸	۶/۱	۶/۱	۹۰٪	
	کل	۲۴	۱۵۲/۷		۶/۷	۱۰۰٪	

تجزیه به مختصات اصلی یک روش مقیاس‌گذاری است که با ماتریس شباهت‌ها یا تفاوت‌های بین مجموعه‌ای از افراد شروع می‌شود و هدف آن ایجاد یک نمودار گرافیکی از داده‌ها با ابعاد کمتر است بطوریکه فاصله بین نقاط در نمودار نزدیک به تفاوت‌های اصلی می‌باشد (۱۳). در تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) براساس نشانگر SSR دو بردار اولیه ۳۵/۴۵ درصد تغییرات مولکولی را تبیین کردند. نتایج حاصل از تجزیه به مختصات اصلی با نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA بر مبنای ضریب تشابه جاکارد تطابق بالایی نشان داد و براساس نمودار پراکنش دو بعدی نیز توده‌ها در چهار گروه قرار گرفتند (شکل ۴) و در نهایت توده‌های شماره ۱، ۳ و ۲۵ بیشترین فاصله ژنتیکی با توده‌های شماره ۱۳، ۷ و رقم پیشگام داشتند و این دو گروه برای برنامه‌های اصلاحی به منظور استفاده از هتروزیس می‌توانند پیشنهاد شوند. فاصله هندسی بین افراد در نمودار منعکس‌کننده فاصله ژنتیکی بین آن‌ها با حداقل انحراف از حالت طبیعی است. تجمع افراد در چنین نموداری مجموعه‌ای از افراد را نشان می‌دهد که از نظر ژنتیکی مشابه هستند (۱۳). سهم اندک دو محور مختصات اول و دوم از واریانس کل داده‌های مولکولی بیانگر استقلال مکان‌های نشانگری از همدیگر است. این وضعیت بیانگر پراکنش مناسب نشانگرهای انتخاب شده در سرتاسر ژنوم گندم نان می‌باشد. در ارزیابی موانگی و همکاران (۲۹) بر روی لاین‌های اصلاحی آفتابگردان با استفاده از نشانگرهای SSR، سه مؤلفه اول در تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) به ترتیب ۳۴٪ ، ۱۳/۳۸٪ و ۴۷/۳۸٪ تغییرات کلی را توجیه نمود. مشخص شد که تنوع ژنتیکی موجود در منابع اصلاحی آفتابگردان کنیا نسبت به سایر منابع ژرم‌پلاسم آفتابگردان محدودتر است و این نشان دهنده اهمیت و امکان معرفی ژنوتیپ‌های نخبه[1] از خاستگاه‌های مختلف برای انتخاب لاین‌های اصلاحی با پایه ژنتیکی گسترده در برنامه اصلاح آفتابگردان کنیا بود. در ارزیابی خدادادی و همکاران (۲۴) بر روی دو گونه تریتیکوم و آژیلوپس با استفاده از نشانگرهای SSR، نتایج تجزیه به مختصات اصلی نشان داد دو مؤلفه نخست ۵۰/۳۸ درصد تغییرات مولکولی را توجیه نمودند و بای‌پلات ترسیم شده بر اساس دو مؤلفه نخست منطبق با الگوی گروه‌بندی مشاهده شده توسط تجزیه خوشه‌ای بود.



شکل ۴- نمودار پراکنش دو بعدی ۲۵ توده گندم نان با استفاده از نشانگرهای SSR براساس ضریب تشابه جاکارد
Figure 4. Two-dimensional distribution diagram of 25 accessions of bread wheat using SSR markers based on Jacquard similarity coefficient

1- Elit

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

آزمون مانتل

آزمون مانتل یا آزمون ارتباط ماتریس یک رگرسیون است که در آن خود متغیرها ماتریس‌های فاصله هستند که شباهت‌ها یا عدم شباهت‌های جفتی بین واحدهای مورد مطالعه را خلاصه کرده‌اند. با توجه به اینکه آزمون مانتل از ماتریس فاصله- شباهت استفاده می‌کند می‌توان از آن برای تجزیه تنوع ژنتیکی که از داده‌های متفاوتی برای ارزیابی روابط بین افراد یا جمعیت‌ها بهره می‌گیرد، استفاده نمود (۱۳). در پژوهش حاضر آزمون مانتل برای تشخیص رابطه بین ماتریس فاصله توده‌ها براساس ضریب جاکارد برای داده‌های مولکولی و ماتریس فاصله اقلیدسی توده‌ها براساس روش اقلیدسی برای داده‌های زراعی استفاده شد (جدول ۷). نتایج آزمون مانتل حاصل از این مطالعه نشان داد که ماتریس فاصله توده‌ها براساس داده‌های حاصل از صفات زراعی در شرایط دیم و آبیاری آخر فصل با ماتریس فاصله توده‌ها براساس داده‌های حاصل از نشانگرهای SSR رابطه‌ای نشان نداد و همبستگی معنی‌داری مشاهده نشد، به احتمال زیاد می‌توان بیان داشت که الگوی تنوع بدست آمده با صفات زراعی شباهت یا ارتباط معنی‌داری با الگوی تنوع بدست آمده با نشانگرهای SSR نداشته است. از دلایل دیگر عدم وجود ارتباط بین خصوصیات زراعی و نشانگر SSR می‌تواند تأثیر عوامل محیطی بر خصوصیات زراعی و کاهش ارتباط آنها با خصوصیات مولکولی دانست. یاقوتی‌پور و همکاران (۴۵) میزان همبستگی برآورد شده بین ماتریس تشابه حاصل از داده‌های نشانگر ISSR با ماتریس تشابه حاصل از صفات مورفولوژیکی ۲۰ توده گندم نان از طریق آزمون مانتل پایین و غیرمعنی‌دار بود، که نشان‌دهنده تطابق پایین میزان تشابه ارقام به وسیله داده‌های مورد مطالعه بود. الوندی و همکاران (۸) در بررسی رابطه همبستگی بین ماتریس تشابه صفات زراعی و فیزیولوژیکی در شرایط دیم و داده‌های مولکولی با استفاده از آزمون مانتل به این نتیجه رسیدند که همبستگی منفی و غیرمعنی‌داری بین این صفات با نشانگرهای مولکولی ISSR وجود داشت و علت آن را اینگونه تفسیر نمودند که صفات زراعی و فیزیولوژیکی مربوط به بخش‌های رمزکننده ژنوم است و همچنین این صفات تحت تأثیر شرایط محیطی نیز قرار می‌گیرند، پس عدم وجود همبستگی بالا بین نشانگرهای مولکولی و صفات موفولوژیک دور از انتظار نبود.

جدول ۷- همبستگی بین داده های حاصل از نشانگرهای SSR با صفات مورد مطالعه در شرایط دیم و آبیاری آخر فصل ۲۵ توده گندم نان با استفاده از آزمون مانتل

Table 7. Correlation between SSR markers data and studied traits in rainfed and irrigation at the end of the growing season conditions of 25 accessions of wheat bread using Mantel test

		صفات زراعی
نشانگر SSR	دیم	-۰/۰۷^{ns}
	آبیاری آخر فصل	-۰/۱^{ns}

نتیجه‌گیری کلی

به‌طور کلی نتایج بدست آمده نشان داد که تنوع ژنتیکی بالایی در توده‌های مورد مطالعه وجود داشت. ارزیابی خصوصیات زراعی نشان داد که توده‌های شماره ۲، ۱۳، ۶، ۱۵، ۱۸ و ۱۰ توده‌های برتری هستند که در بین آنها، توده‌هایی با منشأ خارجی و داخلی مشاهده شد و از طرفی پراکنش جغرافیایی این توده‌ها با تنوع ژنتیکی آنها مطابقت چندانی نداشت. علاوه بر این با توجه به شاخص‌های مولکولی محاسبه شده و تکثیر بالای باندها مشخص شد آغازگرهای به کار گرفته شده در این پژوهش به خوبی سطح بالایی از چندشکلی را در بین توده‌های ارزیابی شده آشکار ساختند و کارایی لازم جهت بررسی روابط بین ژنوتیپ‌ها و ساختارهای ژنتیکی را دارا بودند. در مجموع، در ارزیابی تنوع ژنتیکی توده‌ها، آغازگرهای XCFD168-2D، XGWM350-7D و XGWM136-1A با صد درصد چند شکلی، بیشترین تعداد آلل، مقدار بالای شاخص‌های محتوی اطلاعات چندشکلی، شاخص نشانگری، شاخص نسبت چندشکلی مؤثر و شاخص قدرت تفکیک و با توجه به تکثیر بالای باندها و تولید نوارهای چندشکلی بالا به‌عنوان مناسب‌ترین آغازگرها برای گندم در مطالعات بعدی شناسایی شدند. تجزیه واریانس مولکولی نشان داد که میزان تنوع درون گروه‌ها بیشتر از تنوع بین گروه‌ها بود. توده‌های شماره ۱، ۳ و ۲۵ بیشترین فاصله ژنتیکی با توده‌های شماره ۱۳، ۷ و رقم پیشگام داشتند و این دو گروه برای برنامه‌های اصلاحی به‌منظور استفاده از هتروزیس قابل معرفی هستند. استفاده از توده‌های برتر در برنامه‌های اصلاحی و همچنین توده‌های دارای فاصله ژنتیکی بالا براساس مطالعات مولکولی برای استفاده از هتروزیس و افزایش تنوع ژنتیکی در برنامه‌های ایجاد تنوع ژنتیکی قابل توصیه است. همچنین نشانگرهای ریزماهواره حاضر می‌توانند به عنوان ابزاری مفید به‌منظور بررسی مجدد توده‌های مربوطه و گروه‌بندی آن‌ها در پژوهشی بر مبنای تنوع ژنتیکی و فنوتیپی، جهت شناسایی هر چه بهتر توده‌ها و ارقام با بیشترین اختلاف، برای تولید واریته‌های با هتروزیس بالا به کار برده شوند. نشانگرهای با پلی‌مورفیسم بالا و همچنین نشانگرها و توده‌های دارای باندهای منحصر به فرد در الگوی نواربندی نیز از ارزش بالایی جهت برنامه‌های اصلاحی به عنوان مثال، شناسایی ژن‌های مفید برای مقاومت به انواع تنش‌های زنده و غیرزنده در گندم و ارتقاء ارقام مختلف آن برخوردار هستند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]

[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

منابع

1. Abdoli, M. and M. Saeidi. 2012. Using different indices for selection of resistant wheat cultivars to post anthesis water deficit in the west of Iran. Annals of Biological Research, 3(3): 1322-1333.
2. Abdollahi Mandoulakani, B. and H. Azizi. 2014. Identification of ISSR markers associated with morphological traits in cultivated alfalfa (*Medicago sativa* L.) populations. Journal of Cellular and Molecular Research, 27(2): 260-268 (In Persian).
3. Abri, A., K.Z. Nezhad, M. Alami and S. Bagherikia. 2020. Study of Haplotype Variation and Association of Microsatellite Alleles on Chromosome 4B of Bread Wheat with Some Agronomic Traits. Journal of Crop Breeding, 12(34): 1-14.
4. Ahmed, K., Gh. Shabbir, M. Ahmed and K. Nawaz Shah. 2020a. Phenotyping for drought resistance in bread wheat using physiological and biochemical traits. Science of the Total Environment, 729: 1-14.
5. Ahmed, H.G.M.D., M. Kashif, M.A.R. Rashid, M. Sajjad and Y. Zeng. 2020b. Genome Wide Diversity in Bread Wheat Evaluated by SSR Markers. International Journal of Agriculture and Biology: 1-10.
6. Ali Pour, H., M.R. Bihamta, V. Mohammadi and S.A. Peyghmbari. 2017. Evaluation of Genetic Variability of Agronomic Traits in Iranian Wheat Landraces and Cultivars. Journal of Crop Breeding, 9(22): 168-177 (In Persian).
7. Altintas, S., F. Toklu, S. Kafkas, B. Kilian, A. Brandolini and H. Ozkan. 2008. Estimating genetic diversity in durum and bread wheat cultivars from Turkey using AFLP and SAMPL markers. Plant breeding, 127: 9-14.
8. Alvandi, R., A. Etminan, R. Mohammadi and L. Shoshtari. 2016. Genetic Diversity of Durum Wheat Genotypes Using Agronomic Characteristics and Molecular Markers. Journal of Seedling and Seed Breeding, 1-31(3): 441-458 (In Persian).
9. Anderson, J.A., G.A. Churchill, J.E. Autrique, S.D. Tanksley and M.E. Sorrells. 1993. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. Genome, 36(1): 181-186.
10. Ashraf, M. 2010. Inducing drought tolerance in plants: Recent advances. Biotechnology Advances, 28(1): 169-183.
11. Condon, F.C., C.R. Gustus Donald and K.P. Smith. 2008. Effect of advanced cycle breeding on genetic diversity in barley breeding germplasm. Crop Science, 48: 1027-1036.
12. Doyle, J.J. and J.L. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemistry Bulletin, 19: 11-15.
13. Farshadfar, A. 2010. New Topics in Biometric Genetics. Islamic Azad University Publications, 722 pp. (In Persian).
14. Feltaous, Y.M. 2019. Genetic diversity among some Egyptian bread wheat cultivars based on morphological characters and SSR markers. Assiut Journal Agricultural Science, 50(4): 35-50.
15. Ghasemi, N., R.H. Mirfarkhai and A.S. Abbasi. 2019. Genetic diversity of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars using microsatellite markers. Journal Crop Breed Research, 29: 9-16 (In Persian).
16. Haghpanah, K., R. Mirfakhraee, M. Khodadadi and S. Shamsifar. 2020. Study on Genetic Diversity of some Barley (*Hordeum vulgare* L.) Cultivars using SSR Marker and Physiological Traits Plant Pigments and Proline undar Late Cold Stress. Journal of Crop Breeding, 12(34): 199-209 (In Persian).
17. Imam, Y. 2008. Cereal cultivation. Shiraz University Press. Third edition. 190 pp (In Persian).
18. Jabari, M., A. Golparvar, B. Sorkhilalehloo and M. Shams. 2022. Investigation of Diversity of Different Agronomic and Morphological Traits in Wild Wheat Relatives. Journal of Crop Breeding, 14(41): 29-41 (In Persian).
19. Jowkar, F., A. Masomi Asl and R. Karimizadeh. 2020. Evaluation of morphophysiological traits and drought tolerance indices in some advanced durum wheat (*Triticum durum* L.) lines under supplementary irrigation and irrigation conditions. Journal of Plant Ecophysiology, 12(42): 162-173 (In Persian).
20. Kalivas, A., F. Xanthopoulos, O. Kehagia and A.S. Tsaftaris. 2011. Agronomic characterization genetic diversity and association analysis of cotton cultivars using simple sequence repeat molecular markers. Genetics and Molecular Research, 10: 208-217.
21. Kara, K., M. Rached-Kanouni, S. Mnasri, H. Khammar and M.B. Ben Naceur. 2020. Genetic variability assessment in bread wheat (*Triticum aestivum*) grown in Algeria using microsatellites SSR markers. Biodiversitas, 21(6): 2638-2644.
22. karimi dastgerdi, Z., Sh. Mohammady, S. Hyshmand and M. Rabiei. 2020. The Study of different irrigation regimes influences on heritability and some physiological characteristics in wheat genotypes (*Triticum aestivum* L.). Journal of Crop Production, 13(4): 111-134 (In Persian).
23. Khadka, K., H.J. Earl, M.N. Raizada and A. Navabi. 2020. A Physio-Morphological Trait-Based Approach for Breeding Drought Tolerant Wheat. Frontiers in Plant Science, 11(715): 1-26.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]

[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

24. Khodadadi, Z., M. Omidi, A. Etminan and A. Ebrahimi. 2020. Analysis of genetic Diversity and relationships among different genotypes of *Triticum aestivum* and *Aegilops tauschii* using SSR markers. Modern Genetics journal, 15(4): 287-296 (In Persian).
25. Kouhestani, M., B. Sadeghzade, M.A. Ebrahimi and V. Yousefi. 2016. Identification of continuous SSR markers with agronomic traits in durum wheat. The 2nd International Congress and 14th National Congress of Genetics of Iran. Tehran, Shahid Behashti university, 1-5 pp (In Persian).
26. Kumar, P., V.K. Gupta, A.K. Misra, D.R. Modi and B.K. Pandy. 2009. Potential of Molecular Markers in Plant Biotechnology. Plant Omics Journals, 2(4): 141-162.
27. Mohammadi, R. and A. Amri. 2008. Comparison of parametric and non-parametric methods for selecting stable and adapted durum wheat genotypes in variable environments. Euphytica, 159: 419-432.
28. Mohammadi, S.A. and B.M. Prasanna. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants: Salient statistical tools and considerations. Crop Science, 43: 1235-1248.
29. Mwangi, E.W., S. Marzougui, J. Suk Sung, C.E. Bwalya, Y.M. Choi and M.Ch. Lee. 2019. Assessment of Genetic Diversity and Population Structure on Kenyan Sunflower (*Helianthus annus* L.) Breeding Lines by SSR Markers. Korean Journal Plant Research, 32(3): 244-253.
30. Naderi Zarnaghi, R. and R. Fotovat. 2017. Evaluation of Drought Tolerance of someWinter Wheat Genotypes. Journal of Crop Ecophysiology, 10(4): 945-958 (In Persian).
31. Naderi, F., F. Bavandpori, E. Farshadfar and M. Farshadfar. 2020. Screening and Identification of Drought Tolerant Bread Wheat Landraces (*Triticum aestivum* L.). Journal of Crop Ecophysiology, 14(2): 275-292 (In Persian).
32. Naghavi, M.R., M. Moghaddam, M. Toorchi and M.R. Shakiba. 2016. Evaluation of Spring wheat Cultivars for Physiological, Morphological and Agronomic Traits under Drought Stress. Journal of Crop Breeding, 8(18): 64-77 (In Persian).
33. Najaphy, A., R. Ashrafi and E. Farshadfar. 2012. Evaluation of Genetic Diversity in Wheat Cultivars and Breeding Lines using Inter Simple Sequence Repeat Markers. Biotechnology and Biotechnological Equipment, 25: 2634-2638.
34. Ouaja, M., B.A. Bahri, L. Aouini, S. Ferjaoui, M. Medini, T. Marcel and S.M. Hamza. 2020. Morphological characterization and genetic diversity analysis of Tunisian Durum wheat (*Triticum Turgidum* Var. *Durum*) collection. BMC Genetics: 1-17.
35. Pour-Aboughadareh, A., M. Omidi, A. Etminan and A.A. Mehrabi. 2018. The importance of wild wheat germplasm in breeding for resistance to abiotic stresses. Modern Genetics Journal, 51:489-504 (In Persian).
36. Poursiahbidi, M.M., K. Cheghamirza, S. Bahraminejad, A. Arzani and A.A. Mehrabi. 2020. Evaluation of genetic variation in einkorn wheat originated from west Iran using microsatellite markers. Agricultural Biotecnology Journal, 12(2): 184-208 (In Persian).
37. Ramya, P., A. Chaubal, K. Kulkarni, L. Gipta, N. Kadoo, H.S. Dhaliwal, P. Chhuneja, M. Lagu and V. Gupta. 2010. QTL mapping of 1000-kernel weight, kernel length, and kernel width in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Journal of Applied Genetics, 51: 421-429.
38. Safari, S. and A.A. Mehrabi. 2014. Evaluation of Genetic Diversity in Rapeseed Genotypes Using ISSR Markers. Biotechnology in Agriculture, 13(2): 37-44 (In Persian).
39. Salem, K.F.M., A.M. El-zanaty and R.M. Esmail. 2008. Assessing wheat (*Triticum aestivum* L.) genetic diversity using morphological characters and microsatellite markers. World Journal of Agricultural Sciences, 4: 538-544.
40. Shahabzadeh, Z., R. Darvishzadeh, R. Mohammadi, M. Jafari and H. Alipour. 2020. Study of genetic diversity and association analysis of agronomic traits with ISSR and EST-SSR markers in tall fescue (*Festuca arundinacea*). Crop Biotechnology, 9(3): 1-20 (In Persian).
41. Shiri, A., S.S. Ramezanpour, H. Soltanloo, M. Kalateh Arabi and Sh. Kia. 2014. Evaluation of genetic diversity of some cultivated barley (*Hordeum vulgare* L.) lines by AFLP markers. Modern Genetics journal, 9(4): 429-438 (In Persian).
42. Soleymani Fard, A. and R. Naseri. 2020. Evaluation of relationships between grain yield and agro-physiological traits of bread wheat genotypes under rainfed conditions. Environmental Stresses in Crop Sciences, 13(3): 701-714 (In Persian).
43. Vajed Ebrahimi, M.T., M.R. Mohammadabadi and A.K. Esmailizadeh. 2017. Genetic Diversity Analysis of Four Sheep Breeds Existing in Iran Using Microsatellite Markers. Agricultural Biotechnology, 8: 59-66 (In Persian).
44. Warschefsky, E., R.V. Penmetsa, D.R. Cook and E.J.B. Von Wettberg. 2014. Back to the wilds: tapping evolutionary adaptations for resilient crops through systematic hybridization with crop wild relatives. American Journal of Botany, 101: 1791-1800.
45. Yaghotipoor, A. 2016. Association analysis of drought resistance indices and stability parameters in bread wheat. PhD Thesis in Plant Breeding. Razi University Campus of Agriculture and Natural Resources (In Persian).
46. Younis, A., F. Ramzan, Y. Ramzan, F. Zulfiqar, M. Ahsan and K.B. Lim. 2020. Molecular Markers Improve Abiotic Stress Tolerance in Crops: A Review. Plants, 9(1374): 1-16.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]

[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]

Investigation of Genetic Diversity of Bread Wheat Accessions in terms of Agronomic Traits and SSR Molecular Markers

Fatemeh Bavandpouri[1], Ezatollah Farshadfar[2] and Mohsen Farshadfar[3]

1- PhD Student in Plant Breeding, Department of Plant Production Engineering and Genetics, Faculty of Agricultural Science and Engineering, Razi University of Kermanshah, (Corresponding author: f.bavandpori@yahoo.com)
2- Professor, Department of Plant Production Engineering and Genetics, Faculty of Agricultural Science and Engineering, Razi University, Kermanshah
3- Associate Professor, Department of Agriculture, Payame Noor University, Tehran, Iran
Received: 29 April, 2022 Accepted: 23 July, 2022

Extended Abstract

Introduction and Objective: The study of genetic diversity in crops is essential for breeding programs and conservation of heritage resources and is a key step in assessing the adaptation of the population to new environmental conditions and thus the selection of new cultivars. There are various methods for estimating genetic diversity in different plant species, including the use of morphological traits and DNA markers.

Material and Methods: For this purpose, in this study, genetic diversity between 25 bread wheat accessions in terms of 23 agronomic traits and 20 SSR molecular markers was investigated. A field experiment was conducted in 2016-2017 in the form of a randomized complete block design with three replications in rainfed and irrigation at the end of the growing season conditions in the research farm and laboratories of the Faculty of Agriculture and Natural Resources of Razi University.

Results: The results of analysis of variance showed that there was a significant difference between the accessions for most of the studied traits. Based on the results of cluster analysis, the accessions were divided into four groups. The results of comparing the mean and cluster analysis showed that accessions 2, 13, 6, 15, 18 and 10 were the best accessions based on agronomic characteristics, which can be suggested for breeding programs, and in contrast to accessions 3, 24, 11, 12 and 16 as the weakest accessions in terms of The studied agronomic traits were identified. In assessing the genetic diversity of the populations using 20 SSR markers, 16 primers with suitable polymorphisms were selected. The percentage of total polymorphism was estimated to be 93.75. XCFD168-2D, XGWM350-7D and XGWM136-1A primers with 100% polymorphism, maximum number of alleles, high amount of polymorphic information content indices, marker index, effective multiplex ratio index and resolving index due to the high proliferation of bands and the production of high polymorphic bands, they were introduced as the most suitable primers for wheat in subsequent studies. Molecular analysis of variance showed that the degree of diversity within the groups was greater than the diversity between the groups. The results of cluster analysis by UPGMA method based on Jaccard similarity coefficient led to the classification of 25 bread wheat accessions in four different groups, which showed high agreement with the results of analysis to the main coordinates, and finally accessions 1, 3 and 25 had the greatest genetic distance with accessions 13 , 7 and pioneer cultivars, so it is possible to suggest the selection of parents from these two groups for breeding programs.

Conclusion: Evaluation of agronomic characteristics showed that accessions 2, 13, 6, 15, 18 and 10 are superior accessions, among which, oxides of external and internal origin were observed. In evaluating the genetic diversity of the accessions, the primers XCFD168-2D, XGWM350-7D and XGWM136-1A were identified as the most suitable primers for wheat in subsequent studies. Markers with high polymorphism as well as markers and accessions with unique bands in the banding pattern are also of great value for breeding programs, for example, identifying genes useful for resistance to various biological and abiotic stresses in wheat and promoting its various cultivars.

Keywords: Agronomic traits, Diversity, SSR marker,Triticum aestivum

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-05-10]

[DOI: 10.52547/jcb.14.44.156]