Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 15, No 47, Autumn 2023 p: 65-75

OPEN ACCESS

"Research Paper"

Investigation of Genetic Diversity in Durum Wheat Germplasm Based on Grain Yield and Some Agronomic Traits

Peyman Ebrahimi[1], Ezzat Karami[2], Alireza Etminan[3], Reza Talebi[4] and Reza Mohammadi[5]

1. Ph. D Student of Genetic and Plant Breeding, Department of Agronomy and Plant Breeding, Sanandaj Branch, Islamic Azad University, Sanandaj, Kordestan Province
2. Department of Agronomy and Plant Breeding, Sanandaj Branch, Islamic Azad University, Sanandaj, Kordestan Province (Corresponding Author: ezzatut81@yahoo.com)
3. Department of Agronomy and Plant Breeding, Kermanshah Branch, Islamic Azad University, Kermanshah, Kermanshah Province
4. Department of Agronomy and Plant Breeding, Sanandaj Branch, Islamic Azad University, Sanandaj, Kordestan Province
5. Dryland Agricultural Research Institute (DARI), AREEO, Sararood Branch, Kermanshah, Iran
Received: 23 September, 2022 Accepted: 20 December, 2023

Extended Abstract

Introduction and Objective: Durum wheat (*Triticum turgidum subsp*. durum) also called macaroni wheat is a tetraploid species of wheat that has been improved during consecutive selection processes in Emmer wheat. Hence, it seems that a high level of genetic diversity exists in its germplasm and it can serve as an ideal gene pool for the improvement of cultivated varieties. The main objective of this study was to evaluate genetic diversity in a set of durum wheat genotypes in terms of grain yield and some agronomic traits.

Materials and Methods: In this research, 94 durum wheat genotypes were investigated at the country's dryland agriculture research station in Serarud, Kermanshah, in the form of an augmented design with six repeated controls during two crop years 2016-2017 and 2017-2028. To study the genetic diversity of the studied genotypes agronomic traits such as the number of days to heading, number of days to physiological maturity, plant height, 1000-kernals weight, and grain yield were measured. After collecting experimental data, analysis of variance was done based on the best linear unbiased estimation (BLUE) models. The GT-biplot method was used to identify the superior genotypes based on grain yield and other traits.

Results: The results showed that the genotypic effect was significant for all measured traits in both years (except for grain yield for the first year). The estimated genotypic variance for each of the measured traits was high in both agronomic years. According to the results obtained from the comparison of the genotypes' mean, it was found that genotypes numbers 24, 80, and 83 were relatively superior to other genotypes in terms of grain yield and other agronomic traits. Also, the results of GT analysis indicated the existence of a higher level of genetic diversity in terms of measured traits. As another result of this study, grain yield positively and significantly correlated with 1000-kernel weight.

Conclusion: In general, according to the results obtained from this research, a high level of genetic diversity was found for grain yield and other measured traits in the investigated durum wheat genotypes, so this genetic diversity can be used in breeding programs to improve yield performance. Moreover, it seems that some selected genotypes for grain yield and other agronomic traits can be exploited for the simultaneous improvement of more than one trait in crossbreeding programs.

Keywords: Best Linear Unbiased Estimation, Correlation, Durum wheat, Grain yield

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.65]

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

"مقاله پژوهشی"

بررسی تنوع ژنتیکی موجود در ژرم‌پلاسم گندم دوروم بر اساس عملکرد دانه و برخی از صفات زراعی

پیمان ابراهیمی[۱]، عزت کرمی[۲]، علیرضا اطمینان[۳]، رضا طالبی[۴] و رضا محمدی[۵]

۱- گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد سنندج، دانشگاه آزاد اسلامی، سنندج، استان کردستان
۲- گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد سنندج، دانشگاه آزاد اسلامی، سنندج، استان کردستان، (نویسنده مسوول: ezzatut81@yahoo.com)
۳- گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد کرمانشاه، دانشگاه آزاد اسلامی، کرمانشاه، استان کرمانشاه
۴- گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد سنندج، دانشگاه آزاد اسلامی، سنندج
۵- موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، معاونت سرارود، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۱۰/۲ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۲/۱
صفحه: ۶۵ تا ۷۵

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: گندم دوروم که گندم ماکارونی نیز نامیده می‌شود، گونه تتراپلوئید از گندم است که طی فرآیندهای متوالی گزینش از گندم‌های امر (Emmer) توسعه و تکامل یافته است. از این‌رو به نظر می‌رسد که سطح بالایی از تنوع ژنتیکی در ژرم‌پلاسم این گیاه زراعی وجود داشته باشد که می‌تواند به منبع ژنی غنی برای اصلاح و بهبود ارقام موجود مورد استفاده قرار گیرد. این پژوهش با هدف ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در مجموعه‌ای از ژنوتیپ‌های گندم دوروم از نظر عملکرد دانه و برخی از صفات زراعی انجام شد.

مواد و روش‌ها: در این پژوهش ۹۴ ژنوتیپ گندم دوروم در ایستگاه تحقیقات کشاورزی دیم کشور واقع در سرارود کرمانشاه در قالب طرح حجیم‌شده (آگمنت) با شش شاهد تکرارشونده طی دو سال زراعی ۱۳۹۷-۱۳۹۶ و ۱۳۹۸-۱۳۹۷ مورد ارزیابی قرار گرفتند. به‌منظور مطالعه تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مورد بررسی صفات زراعی شامل: تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه اندازه‌گیری و ثبت شدند. پس از جمع‌آوری داده‌های آزمایشی، تجزیه واریانس بر اساس مدل بهترین برآوردهای ناریب خطی ثابت (Best Linear Unbiased Estimation) صورت گرفت. به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بر اساس عملکرد دانه و سایر صفات مورد بررسی تجزیه گرافیکی ژنوتیپ- صفت (GT-biplot) انجام گردید.

یافته‌ها: نتایج به‌دست‌آمده از تجزیه و تحلیل‌های آماری نشان داد اثر ژنوتیپی برای کلیه صفات در هر دو سال (به‌جز عملکرد دانه در سال اول) معنی‌دار بود. واریانس ژنوتیپی برآورد شده برای هر یک از صفات اندازه‌گیری شده نشان داد، در هر دو سال زراعی بیشترین میزان تنوع مربوط به عملکرد دانه بود. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده از مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات اندازه‌گیری شده مشخص شد ژنوتیپ‌های شماره ۲۴، ۸۰ و ۸۳ از نظر عملکرد دانه و دیگر صفات زراعی نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها از برتری نسبی برخوردار بودند. همچنین نتایج حاصل از تجزیه GT بیانگر وجود سطح بالایی از تنوع ژنتیکی از نظر صفات اندازه‌گیری شده بود. وجود همبستگی مثبت و معنی‌دار عملکرد دانه با وزن هزار دانه از دیگر نتایج به‌دست‌آمده از این پژوهش بود.

نتیجه‌گیری: به‌طور کلی با توجه به نتایج به‌دست‌آمده از این پژوهش سطح بالایی از تنوع ژنتیکی از نظر عملکرد دانه و سایر صفات اندازه‌گیری شده درون مجموعه ژنوتیپ‌های ارزیابی‌شده گندم دوروم مشاهده شد، به‌طوریکه این تنوع ژنتیکی می‌تواند به نحو مطلوبی در برنامه‌های اصلاحی برای بهبود عملکرد دانه مورد استفاده قرار گیرد. علاوه براین، به نظر می‌رسد برخی از ژنوتیپ‌های گزینش‌شده از نظر عملکرد دانه و سایر صفات می‌توانند برای بهبود ارقام موجود جهت اصلاح هم‌زمان بیش از یک صفت در برنامه‌های دورگ‌گیری استفاده شوند.

واژه‌های کلیدی: برآوردهای ناریب خطی، عملکرد دانه، گندم دوروم، همبستگی

مقدمه

گندم دوروم (Triticum turgidum L. var durum) بخش کوچکی معادل پنج درصد از سطح زیر کشت گندم در دنیا و حدود ۱۰٪ از کل تولید گندم را شامل می‌شود (Mohammadi *et al*., 2014) . درسال‌های اخیر میزان تولید گندم دوروم افزایش یافته و به حدود بیش از ۳۰ میلیون تن رسیده است که اتحادیه اروپا، کانادا و ایالات‌متحده آمریکا ٪ ۶۰ این میزان را تولید می‌نمایند (Mohammadi *et al*., 2014). گندم دوروم یکی از مهم‌ترین گیاهان زراعی در منطقه ساوانا[۱] و کشورهای حاشیه دریای مدیترانه می‌باشد. منطقه ساوانا سالانه حدود ۱۳ میلیون تن گندم دوروم تولید می‌کند که کشورهای ترکیه، سوریه، مراکش، تونس، الجزایر و ایران ۸۴٪ این میزان تولید را به خود اختصاص داده‌اند (Mohammadi and Amri, 2013). بیشتر کشورهای منطقه ساوانا جزء شبکه وارد کننده گندم دوروم ب وده و در میان آن‌ها ایران تنها کشوری است که دارای پتانسیل بالایی برای تولید این محصول زراعی مهم می‌باشد (Mohammadi and Amri, 2013).

توسعه‌ی کشت گندم دوروم در طیف وسیعی از جغرافیا و اقلیم‌های متفاوت بیانگر تکامل و سازگاری بالای این گیاه در طول تاریخ می‌باشد. به علت تنوع در محیط‌های مختلف و اثرات متقابل محیط و ژنوتیپ و همچنین پیش‌بینی تنوع بالا در فنوتیپ نهایی ارقام گندم دوروم، بررسی تنوع ژنتیکی اهمیت ویژه‌ای برای محققین ژنتیک و به‌نژادی این گیاه زراعی دارد. از طرف دیگر، دامنه تنوع ژنتیکی در ارقام در حال کشت گندم دوروم، به دلیل کاربرد پایه‌های ژنتیکی محدود و افزایش تمایل به کشت گیاهان خالص، همچون سایر گیاهان زراعی رو به کاهش است (Mohammadi and Prasanna, 2003). همچنین تنوع موجود در ارقام بومی گندم دوروم نیز به علت کاهش جمعیت در حال زوال است؛ بنابراین بهره‌برداری از تنوع موجود در یک ژرم‌پلاسم می‌تواند، منجر به شناسایی والدین مناسب و ارقام بهتر و همچنین استفاده از این تنوع در جهت بهبود خصوصیات ارقام زراعی گردد (Mohammadi and Prasanna, 2003).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.65]

از این‌رو ارزیابی تنوع ژنتیکی به‌عنوان یکی از پایه‌های اساسی هر برنامه به‌نژادی در نظر گرفته شده و پیشرفت در گزینش و توسعه ارقام به میزان تنوع موجود در جمعیت‌های اصلاحی بر می‌گردد. به‌منظور ارزیابی و تخمین میزان تنوع موجود در جمعیت‌های گیاهی ابزارهای گوناگونی توسط محققان ابداع و معرفی شده است. علی‌رغم پیشرفت ابزارهای بیوتکنولوژی و توسعه انواع متفاوتی از نشانگرهای مولکولی، بررسی خصوصیات مورفولوژیکی،زراعی و فیزیولوژیکی تعیین‌کننده عملکرد دانه از جمله روش‌های مناسب برای ارزیابی تنوع ژنتیکی و دستیابی به معیارهای گزینش در جهت بهبود عملکرد دانه و اصلاح ارقام تجاری گندم دوروم می‌باشد (Kaviani *et al*., 2013). در واقع صفات مورفولوژیکی به‌سادگی و با دقت زیادی قابل اندازه‌گیری بوده و توارث‌پذیری بالایی دارند، لذا این دو عامل سبب شده است که این صفات به‌عنوان نشانگرهای قابل اعتمادی در راستای غربال جامع گیاهی و تخمین تنوع ژنتیکی مورد استفاده قرار گیرند (Dehghan *et al*. 2011). پیچیتی و آنیچاریکو (Peccitti and Annicchiari, 1998) با بررسی مجموعه‌ای از ژرم‌پلاسم گندم دروم ایتالیا، صفات وزن هزار دانه و تعداد پنجه‌های بارور را به‌عنوان صفات مهم در تمایز اختلاف بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی خود معرفی کردند و اظهار داشتند این صفات نقش مهمی در افزایش عملکرد دانه دارند. نقوی و همکاران (Naghavi *et al*., 2002) به‌منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی در ژرم‌پلاسم گندم دوروم مربوط به کشورهای مکزیک، ایتالیا و ترکیه از مجموعه‌ای از صفات زراعی و مورفولوژیک استفاده کردند. نتایج این آزمایش نشان داد از نظر کلیه صفات بین ۱۰۸ ژنوتیپ گندم دوروم اختلاف معنی‌داری وجود داشت و صفات تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه می‌توانندبه‌عنوان شاخص‌هایی برای گزینش ژنوتیپ‌های ایده‌آل و برخوردار از عملکرد دانه بالا مورد استفاده قرار گیرند.

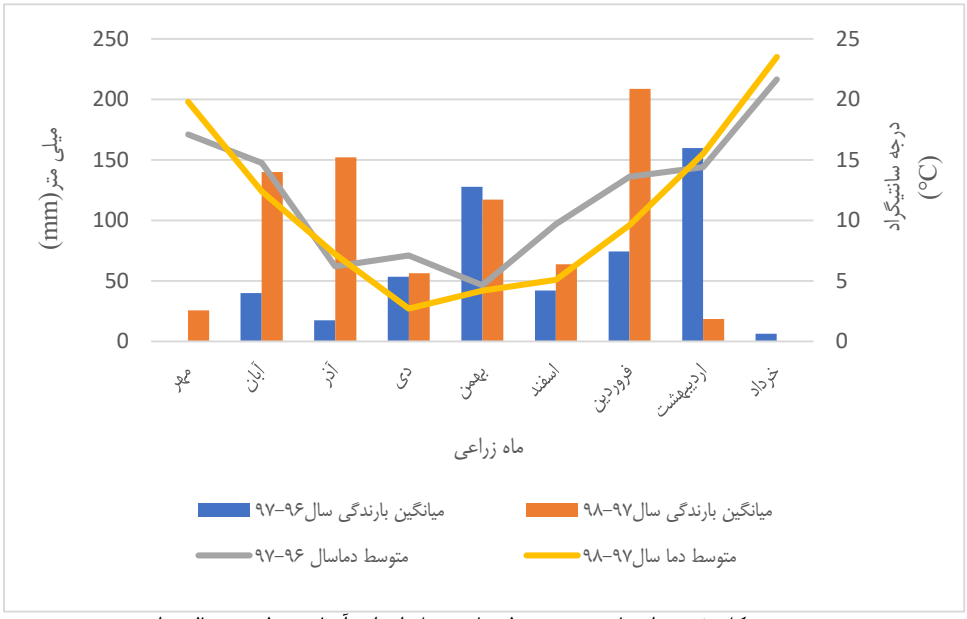
در مطالعه‌ای به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی در مجموعه‌ای از ارقام بومی و لاین‌های اصلاحی گندم دوروم، پورابوقداره و همکاران (Pour-Aboughadareh *et al*., 2020) از مجموعه‌ای از صفات فیزیولوژیکی استفاده کردند. نتایج این محققان نشان داد ارقام بومی نسبت به لاین‌های اصلاحی از میزان تنوع بالاتری برخوردار بوده و می‌توانند به‌عنوان منبع ژنتیکی مناسبی برای برنامه‌های اصلاحی گندم دوروم مورد استفاده قرار گیرند. در مطالعه دهقان و همکاران (Dehghan *et al*. 2011) تنوع ژنتیکی موجود در ۱۰۲ لاین خالص گندم دوروم از طریق برخی از صفات مورفولوژیکی مورد بررسی قرار گرفت. نتایج به‌دست‌آمده از این پژوهش بیانگر وجود سطح بالایی از تنوع ژنتیکی درون ژرم‌پلاسم گندم دوروم ایران از نظر صفات رسیدگی فیزیولوژیکی، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله و عملکرد دانه بود. در یک پژوهش انجام‌شده توسط دستفال و همکاران (Dastfal *et al*., 2022) تنوع ژنتیکی موجود در ۱۲۰ لاین خالص گندم دوروم با استفاده از صفات فنولوژیکی، زراعی و عملکرد دانه مورد بررسی قرار گرفت. نتایج پژوهش این محققان نشان داد تمامی لاین‌ها بر اساس صفات اندازه‌گیری شده در ۵ گروه تقسیم‌بندی شدند به‌طوری‌که تنوع ژنتیکی موجود در هر گروه نیز بالا بود. آقایی سربرزه (Aghaee-Sarbarzeh, 2012) نیز تنوع ژنتیکی ۶۰ ژنوتیپ گندم دوروم انتخابی از مواد ژنتیکی موجود در بانک ژن گیاهی ملی ایران و کلکسیون بخش تحقیقات غلات موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر را مورد بررسی قرار دادند و اظهار داشتند این ژنوتیپ‌ها در شش گروه از یکدیگر قابل تفکیک‌اند، به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های موجود در هر گروه دارای خصیصه‌های ویژه‌ای همچون پتانسیل عملکرد، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه هستند. ارزیابی تنوع ژنتیکی ۳۰۴ توده گندم دوروم بومی تونس با استفاده از نشانگرهای مورفولوژیکی نشان داد، صفات طول سنبله، اندازه دانه، رنگ دانه و شکل سنبله مهم‌ترین صفات مورفولوژیکی در تمایز ژنتیکی توده‌های بومی می‌باشند (Ouaja *et al*., 2021). در مطالعه پورسیاه‌بیدی و همکاران (Poursiahbidi *et al*., 2013) علاوه بر مشاهده سطح بالایی از تنوع ژنتیکی در ارقام گندم دوروم، صفات دوره پرشدن دانه، ارتفاع بوته، تعداد سنبلچه در سنبله و وزن هزار دانه به‌عنوان کلیدی‌ترین صفات در گروه‌بندی مواد ژنتیکی مورد ارزیابی شناسایی شدند. نتایج ارائه‌شده توسط مهرابی و همکاران (Mehrabi *et al*., 2020) نیز بیانگر سطح بالایی از تنوع ژنتیکی برآورده شده با استفاده از صفات مرتبط با ساختار ریشه و سایر صفات زراعی در مجموعه‌ای متشکل از ۱۲۰ توده گندم دوروم بومی ایران و سایر کشورهای جهان بود. به‌طورکلی با توجه به نقش گندم دوروم در تأمین بخشی از نیاز غذایی مردم و همچنین جایگاه ایران در میان سایر کشورهای تولید‌کننده گندم دوروم، لازم است مطالعات بنیادین در رابطه با سطح تنوع ژنتیکی در مجموعه‌های ژرم‌پلاسمی با هدف شناسایی صفات مرتبط با عملکرد دانه و ژنوتیپ‌های مناسب جهت شرکت در برنامه‌های به‌نژادی صورت گیرد. از این‌رو هدف از مطالعه حاضر بررسی تنوع ژنتیکی ۹۴ لاین اصلاحی گندم دوروم بر اساس برخی از صفات فنولوژیکی و زراعی بود.

مواد و روش‌ها

در این آزمایش ۹۴ ژنوتیپ گندم دوروم تهیه‌شده از مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور واقع در سرارود کرمانشاه مورد ارزیابی قرار گرفت (جدول ۱). مواد آزمایشی در قالب طرح حجیم‌شده (آگمنت) با شش شاهد تکرارشونده طی دو سال زراعی متوالی ۱۳۹۷-۱۳۹۶ و ۱۳۹۸-۱۳۹۷ کاشته شدند. داده‌های هواشناسی شامل میانگین درجه حرارت و میزان بارندگی در دو سال مورد نظر در شکل ۱ ارائه شده است. قبل از انجام کاشت تمام عملیات زراعی بر اساس دستورالعمل کارشناسان ایستگاه انجام شد. پس از عملیات تهیه زمین شامل شخم و دیسک، کلیه عملیات کاشت، داشت و برداشت به‌صورت دستی انجام گردید.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.65]



شکل ۱- میزان بارش و متوسط دمای محل اجرای آزمایش طی دو سال زراعی

Figure 1. The amount of precipitation and the average temperature of the test site during two cropping years

اندازه‌گیری صفات بر اساس سیستم استاندارد بانک ژن ملی تونس (NGBT descriptors for durum wheat) برای صفات تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه صورت گرفت. تعداد روز از زمان کاشت تا ظهور سنبله در ۵۰ درصد بوته‌های موجود در هر کرت آزمایشی به‌عنوان صفت روز تا گلدهی ثبت گردید. فاصله زمانی از کاشت تا رسیدن دانه به‌عنوان صفت روز تا رسیدگی در نظر گرفته شد. ارتفاع بوته بر اساس میانگین پنج بوته انتخاب‌شده در هر کرت از سطح زمین تا انتهای سنبله بدون در نظر گرفتن ریشک توسط خط کش برحسب سانتی‌متر برای هر ژنوتیپ اندازه‌گیری گردید. در پایان دوره رشد و در زمان رسیدگی فیزیولوژیکی بوته‌های موجود در هر کرت برداشت و عملکرد دانه برحسب کیلوگرم در هکتار تخمین زده شد. وزن هزار دانه ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی نیز از طریق شمارش ۱۰۰۰ دانه و توزین آن با استفاده از ترازوی دیجیتال با دقت ۰/۰۰۱ برحسب گرم محاسبه شد. پس از جمع‌آوری داده‌های آزمایشی، ابتدا نرمال بودن داده‌های بدست‌آمده با آزمون کولموگروف-اسمیرنوف و آزمون چولگی و کشیدگی با استفاده از نرم‌افزار SPSS-16 بررسی شد و پس از حصول اطمینان از نرمال بودن توزیع داده‌ها، تجزیه واریانس بر اساس مدل بهترین برآورد خطی ناریب (Best Linear Unbiased Estimation) صورت گرفت. به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بر اساس عملکرد دانه و سایر صفات مورد بررسی تجزیه گرافیکی ژنوتیپ-صفت(GT-biplot) انجام شد. در این روش ارزیابی و شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب بر پایه داده‌های دو طرفه ژنوتیپ در صفت صورت گرفته و علاوه بر آن ارتباط بین ژنوتیپ‌ها و صفات اندازه‌گیری شده نیز مورد بررسی قرار خواهد گرفت (Yan & Rajcan, 2002). محاسبات آماری با استفاده از نرم‌افزار آماری R و پکیج Meta R انجام گردید.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.65]

جدول ۱- اسامی و شجره ژنوتیپ‌های ارزیابی‌شده گندم دوروم
Table 1. List of the investigated durum genotypes along with their pedigrees

کد Code	ژنوتیپ/ شجره Genotype / Pedigree	کد Code	ژنوتیپ/ شجره Genotype / Pedigree
1	Saji	48	Ossl1/Stj5/5…….Waha/3/Stj/Mrb3/6/Stk/Hau//Heca1
2	Zahab	49	Omrabi5 (Jori c69/Hau)
3	SRN-1/KILL//2*FOLTA-1	50	Azeghar1/6/……./Cr/3/F9.3/7/Azeghar1//Msbl1/Quarmal
4	Imren	51	Aghrass1/3/HFN94N8/Mrb5//Zna1/4/IcamorTA0458
5	Baniswaf4/Miki2	52	Ouasloukos1/5/Azn1/……./Waha/3/Gdr2
6	Bcr/Lks4//Mrf1/Stj2/3/Mrf2/NormalHamari//Bcr/Lks4	53	Ter1/3/Stj3//Bcr/Lks4/4/Aghrass1/3/Mrf1//Mrb16/Ru
7	Bicrederaa1//Ossl1/Stj5/3/Ammar8	54	Ter1/3/Stj3//Bcr/Lks4/4/Aghrass1/3/Mrf1//Mrb16/Ru
8	Bcr/Lks4/4/Berghouata1.....CandocrossH25/3/	55	Korifla/AegSpeltoidesSyr//Amedakul
9	Korifla(DS15/Geier)	56	Korifla/AegSpeltoidesSyr//Mrb5
10	CandocrossH25/BEZAIZAHF//Adnan2	57	Korifla/AegSpeltoidesSyr//Loukos
11	CandocrossH25/BEZAIZAHF/3/Sebatel2//Wdz6/Gil4	58	MINIMUS/COMB DUCK_2//……/11/ALTAR 84/S
12	../4/Bcrch1//Ossl1/Stj5/5/Ysf....CandocrossH251/Otb6	59	Younes/TdicoAlpCol//Korifla
13	CandocrossH25/Ouasbar2//Berghouata1	60	Waha (Plc/Ruff//Gta/Rtte)
14	CandocrossH25/Ouasbar2//Miki2	61	Korifla/AegSpeltoidesSyr//Lahn
15	CM829/CandocrossH25//Massine	62	T.dic.Crosses61/4/…….NormalHamari//Bcr/Lks4
16	EMN093/Icarasha1	63	Younes1/6/Ouasloukos1/……..SD19539/Waha/3/Gd2
17	Geruftel2/Ammar8	64	Icarasha1/T.Aeg.Crosses
18	IcaJihan39//Marsyr3/Murlagost2	65	Terbol975/Geruftel2/7/……/3/Mtl5/4/Lahn
19	Icamilmus1/Waha/4/Icasyr1/3/Bcr/Sbl5//Turartu	66	Icamilmus1/3/Marsyr3//……..Mgnl3/Ainzen1
20	Gidara2(Stojocri/Omrabi3)	67	Icasyr1/3/Gcn//Stj…….3/Bcr/Gro1//Mgnl1
21	Icamilmus3/Younes1/4/Marsyr3/3/Gcn//Stj/Mrb3	68	Marsyr3/Murlagost2//T.dicocconIG91683/Ammar9
22	Icamilmus4/3/Bcrch1//Ossl1/Stj5/4/Adnan2	69	Waha//Azeghar2/RedSeedTer112
23	Icamilmus4/Adnan2//Adnan2	70	Icasyr1/3/Bcr/Sbl5//T.urartu/4/T.Aeg.Crosses
24	Icamilmus5/Miki2//Geromtel1/Icasyr1	71	Icarasha2 (Stj3//Bcr/Lks4/3/Ter3)
25	Icarasha1/IcaKader2	72	Marsyr3/3/Gcn//Stj/Mrb3/4/T.Aeg.Crosses
26	Icasyr1/3/Bcr/Sbl5//Turartu/4/13376/Bcrch1//Ossl1/Stj5	73	Marsyr3//Saadi1989/Chan/3/T.Aeg.Crosses
27	Icasyr1/3/Bcr/Sbl5//Turartu/4/Icarasha1	74	ICAMORTA0469/…….Geromtel1/Icasyr1
28	Maamouri3/Sebatel2	75	Jk/Ch1613//TpolonicumIG97746
29	Mrb5/Tdicds600545…..Gil4/4/Saadi1989/Chan/5/Geruftel2	76	PLATA_7/ILBOR_1//……..//GUAYACAN INIA
30	Ossl1/Stj5/5/….SD19539/Waha/3/Stj/Mrb3/6/Icajihan1	77	Jk/Ch1523//Atlas2/3/Mrb5/Lahaucan
31	Quarmal/Gbch2/3/Mrf2/NormalHamari//Bcr/Lks4/4/IcaKader2	78	Jk/Ch1604//Ysf1/Otb6/3/Adnan2/Berghouata1
32	Sbh/4/D68193A1A…..5/Marsyr3//Saadi1989/Chan	79	Icamilmus1/3/Marsyr3//……Mgnl3/Ainzen1
33	SwAlg/Gd112/4/…../Mrf2/NormalHamari//Bcr/Lks4	80	Mgnl3/Aghrass2/4/……Bicrederaa1/Azeghar2
34	CM829/CandocrossH25//Icajihan7	81	Icasyr1//Mrf2/T……..Waha/3/Gd2
35	Mrf1/Stj2//Gdr2/Mgnl1/3/Bcrch1	82	Icasyr1//Mrf2/T.dids20123……Waha/3/Gd2
36	Ter1//Mrf1/Stj2/3/Icasyr1	83	Stj3//Bcr/Lks4/3/……Sebatel2//Wdz6/Gil4
37	Icarasha2 (Stj3//Bcr/Lks4/3/Ter3)	84	Icarasha1//Quabrach3/RedSeedTer109
38	Adnan1//Mgnl3/Ainzen1	85	Miki3 (Stj3//Bcr/Lks4)
39	Geromtel1/IRANYT053//Mgnl3/Ainzen1	86	Mrb3/Tboeoticum500648……..//Mrb16/Ru
40	IcamorTA0462/4/Gdr243…..TA0463/5/Ter1//Mrf1/Stj2	87	Mrb3/Tboeoticum500648…../3/Mrf1//Mrb16/Ru
41	IcamorTA0471//……../3/Mgnl3/Ainzen1	88	SwAlgia/Gd181…./4/EMN0917/Adnan2
42	IcamorTA041/4/……Bcr/Gro1//Mgnl1/5/MIKI2	89	ALTAR 84
43	Waha (Plc/Ruff//Gta/Rtte)	90	SORA/2*PLATA_12/3/SORA/2*PLATA_12//SOMAT_3/4/AJAIA_13/YAZI//DIPPER_2/BUSHEN_3
44	Mrb3/Mna1//Ter1/3/……../Ammar7/4/Beltagy2	91	ALTAR84/STINT//……..RASCON_21
45	Maamouri1/5/…….Bcr/Lks4/3/Icamor"s"/6/Mgnl3/Ainzen1	92	CAMAYO//HYDRANASSA30……2*RASCON_21
46	Azeghar2/5/……/Lks4/3/Icamor"s"/6/Stj3//Bcr/Lks4/3/Ter3	93	ALTAR 84/ ……DUCK_2//CHAM_3/3/GREEN_19
47	Mgnl3/Ainzen1/3/Bcr/Gro1//Mgnl1	94	PLATA_7/ILBOR_1…….POD_9/11/CIRNO C 2008

نتایج و بحث

روش‌های بهترین پیش‌بینی‌های خطی نااریب تصادفی (BLUP) و بهترین برآوردهای خطی نااریب ثابت (BLUE) از روش‌های چند متغیره پیشرفته بیومتری شناخته شده هستند که برای ارزیابی داده‌های آزمایش‌های چندمحیطی به کار می‌رود. در واقع این روش‌ها میانگین اثرات تصادفی را با دقت بسیار بالایی تخمین می‌زند(Searle, 1997). نتایج تجزیه واریانس به روش BLUE به تفکیک دو سال اجرای آزمایش (به‌ترتیب E1 و E2) در جدول ۲ ارائه شده است. با توجه به نتایج حاصل از این تجزیه مشخص شد اثر ژنوتیپی برای کلیه صفات در هر دو سال (به‌جز عملکرد دانه در سال اول) معنی‌دار بود. واریانس ژنوتیپی برآورد شده برای هر یک از صفات اندازه‌گیری شده نشان داد، در هر دو سال زراعی بیشترین میزان تنوع مربوط به عملکرد دانه بود. علاوه براین، ضریب تغییرات برای این صفت بیش از سایر صفات برآورد شد. برآورد وراثت‌پذیری صفات نقش مهمی در جهت شناسایی و توصیه ژنوتیپ‌ها دارد (Olivoto *et al*., 2019; Pour-Aboughadareh *et al*., 2021).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.65]

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های گندم دروم بر اساس تجزیه بهترین برآورد ناااریب خطی (BLUE)
Table 2. Analysis of variance for measured traits in investigated durum wheat genotypes based on BLUE models

محیط Environment	آماره statistics	صفات -Traits				
		تعداد روز تا گلدهی Days to flowering	روز تا رسیدگی Days to Maturity	ارتفاع بوته Plant height	وزن هزار دانه 1000-Seed weight	عملکرد دانه Grain Yield
سال اول (محیط ۱) First year (Environment 1)	وراثت‌پذیری Heritability	0.90	0.90	0.93	0.91	0.33
	واریانس ژنوتیپی Genotypic variance	6.27	2.02	54.16	12.06	26734.65
	باقیمانده واریانس Residual variance	4.23	1.27	24.10	6.83	323321.56
	میانگین Average	124.11	175.51	80.23	44.17	4144.04
	حداقل تفاوت‌های معنی دار LSD	3.04	1.69	7.80	3.99	306.80
	ضریب تغییرات(CV%)	1.66	0.64	6.12	0.92	13.72
	تکرار Replication	6	6	6	6	6
	سطح احتمال آماری The level of statistical probability	0.006	0.00001	0.00001	0.0004	0.64
سال دوم (محیط ۲) Second year (Environment 2)	وراثت‌پذیری Heritability	0.76	0.73	0.81	0.91	0.45
	واریانس ژنوتیپی Genotypic variance	1.89	3.83	35	14.18	30107
	باقیمانده واریانس Residual variance	3.54	8.59	50.05	8.34	402432.41
	میانگین Average	125.23	167.47	88.40	38.89	3458.17
	حداقل تفاوت‌های معنی دار LSD	2.14	3.14	8.73	4.38	1090.54
	ضریب تغییرات (CV%)	1.50	1.75	8	7.43	18.34
	تکرار Replication	6	6	6	6	6
	سطح احتمال آماری The level of statistical probability	0.0002	0.0001	0.00002	0.04	0.03

بیش‌ترین و کم‌ترین میزان وراثت‌پذیری در سال اول متعلق به صفات ارتفاع بوته و عملکرد دانه بود که به ترتیب برابر ۰/۹۳ و ۰/۳۳ بود. در سال دوم نیز صفت عملکرد دانه با ۰/۴۵ کم‌ترین و صفت وزن هزار دانه با ۰/۹۱ بیش‌ترین مقدار وراثت‌پذیری را به خود اختصاص دادند. میزان وراثت‌پذیری صفت روز تا گلدهی، در سال اول ۸۹ درصد و در سال دوم ۷۶ درصد برآورد گردید. بر این اساس میانگین وراثت‌پذیری دو سال برای صفت روز تا گلدهی۸۳ درصد تخمین زده شد. میزان وراثت‌پذیری وزن هزار دانه در هر دو سال برابر ۹۱ درصد تخمین زده شد، این نتیجه می‌تواند نشان‌دهنده‌ی توارث منوژنتیک و لذا پایداری احتمالی و نسبی این صفت در محیط‌های مختلف باشد. صفت روز تا رسیدگی در سال اول دارای وراثت‌پذیری ۹۰ درصد بود که این مقدار با وراثت‌پذیری سال دوم که تقریباً برابر ۷۲ درصد گزارش شد،تفاوت معنی‌داری داشت. میزان وراثت‌پذیری صفت ارتفاع بوته به‌ترتیب برای سال اول و دوم برابر ۹۳ و ۸۰ درصد برآورد گردید و بر این اساس میانگین وراثت‌پذیری این صفت در دو سال برابر ۸۶ درصد تخمین زده شد. در خصوص صفت مهم عملکرد دانه، وراثت‌پذیری در دو محیط آزمایشی در حد پایینی گزارش شد. این مقادیر در سال اول ۳۳ درصد و در سال دوم ۴۴ درصد محاسبه شد که در مجموع دارای میانگین کل ۳۸ درصد بود. با توجه به جدول ۲ میزان وراثت‌پذیری در اغلب صفات در سال اول بیش‌تر از سال دوم گزارش شد، که نشان از تفاوت معنی‌دار شرایط محیطی در دو سال مجزا می‌باشد. از طرف دیگر وجود سطح بالایی از تنوع ژنتیکی در جمعیت ارزیابی‌شده می‌تواند دلیل دیگر در مشاهده تفاوت در نتایج دو سال باشد. در واقع، وجود تنوع ژنتیکی برای صفات اندازه‌گیری شده سبب خواهد شد تا بتوان ژنوتیپ‌های مطلوب از نظر تطبیق با هر یک شرایط محیطی را پیدا کرد. این نتیجه به‌طور مشخصی با پاسخ متفاوت هر یک از ژنوتیپ‌ها در هر یک از سال‌های اجرای آزمایش قابل توجیه می‌باشد. در این راستا نتایج به‌دست‌آمده در این پژوهش با بسیاری از مطالعات انجام‌شده در رابطه با معنی‌داری اثر محیط بر عملکرد دانه و سایر صفات زراعی و مورفولوژیکی مطابقت داشت
(Vaezi *et al*., 2019; Vaezi *et al*., 2018; Mohammadi *et al*., 2017; Khalili *et al*., 2016; Ghazvini *et al*., 2022; Ahakpaz *et al*., 2021).

به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌های برتر از نظر هر صفت، مقایسه میانگین‌ها به تفکیک هر سال و بر اساس روش حداقل اختلاف معنی‌داری (LSD) انجام گردید و ده ژنوتیپ برتر از نظر هر صفت مشخص و در جدول ۳ آورده شده است. همان‌گونه که در جدول ۳ مشاهده می‌شود، ژنوتیپ‌های شماره ۱۰، ۱۸، ۲۰، ۲۱، ۲۲، ۲۳، ۲۴، ۳۹ و ۴۳ نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها دارای کمترین تعداد روز تا ظهور سنبله در سال اول بودند. نتایج سال دوم متفاوت بود و ژنوتیپ‌های شماره ۲۱، ۲۷، ۳۳، ۵۰، ۵۵، ۶۴، ۶۵، ۶۶، ۶۷ و ۹۷ از کمترین تعداد روز تا ظهور سنبله برخوردار بودند. از نظر تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها در سال اول مشاهده نشد به‌طوری‌که دامنه تغییرات این صفت بین ۱۷۵ روز تا ۱۷۹ متغیر بود و تنها دو ژنوتیپ شماره ۳ و ۴ دارای مقادیر خارج از این دامنه بودند (به ترتیب ۱۸۰ و ۱۸۳ روز). در سال دوم نیز دامنه تغییرات این صفت محدود و بین ۱۶۵ روز تا ۱۶۹ روز متغیر

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]
[DOI: 10.61186/jcb.15.47.65]

بود. با این وجود، برخی از ژنوتیپ‌های گزینش‌شده برای صفت روز تا ظهور سنبله از نظر این صفت فنولوژیکی نیز نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها زودرس‌تر بودند. اگرچه تمام صفات و ویژگی‌های رشدی نهایتاً در عملکرد دانه نمود پیدا خواهند کرد ولی انتخاب بر اساس صفات مختلف می‌تواند در بهبود روند برنامه‌های به‌نژادی مؤثر واقع شود. به‌عنوان مثال در برخی از مناطق که دارای آب و هوای گرم و خشک می‌باشند انتخاب تنها بر مبنای بالا بودن عملکرد دانه مطلوب نبوده و بهتر است برای چنین مناطقی در کنار عملکرد دانه به زودرسی نیز توجه نمود. زیرا در چنین شرایطی ارقام زودرس با دوره خشکی انتهای فصل رشد مواجه نشده و عملکرد خود را به‌خوبی حفظ خواهند کرد (Khalili *et al*., 2016).

جدول ۳- ژنوتیپ‌های برتر انتخاب‌شده از نظر هر یک از صفات اندازه‌گیری شده بر اساس آزمون مقایسه میانگین
Table 3. The selected superior genotypes in terms of measured traits based on comparison means

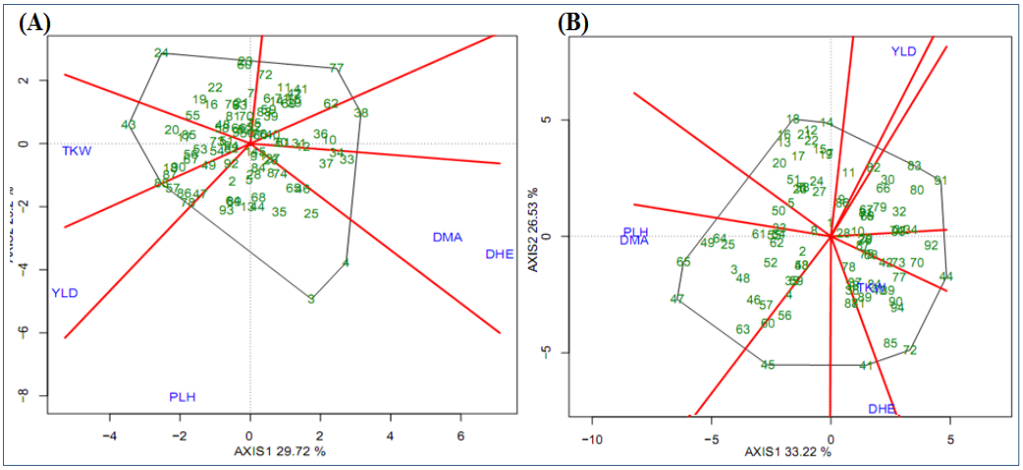
محیط Environment	صفت Trait	ژنوتیپ‌های گزینش شده Selected Genotypes
سال اول First year	تعداد روز تا ظهور سنبله Days to spike appearance	47, 43, 39, 24, 23, 22, 21, 20, 18, 10
	تعداد روز تا رسیدگی Days to Maturity	92, 91, 85, 79, 75, 70, 69, 60, 24, 16
	ارتفاع بوته Plant height	91, 77, 72, 60, 55, 48, 42, 24, 10, 6
	وزن هزار دانه 1000-Seed weight	88, 67, 63, 57, 55, 53, 39, 27, 24, 9
	عملکرد دانه Grain yield	92, 86, 53, 51, 49, 48, 47, 20, 2, 1
سال دوم Second year	تعداد روز تا ظهور سنبله Days to spike appearance	86, 83, 82, 80, 79, 67, 66, 65, 33, 27
	تعداد روز تا رسیدگی Days to Maturity	86, 83, 82, 80, 79, 67, 66, 65, 64, 21
	ارتفاع بوته Plant height	94, 92, 91, 83, 80, 72, 44, 34, 10, 1
	وزن هزار دانه 1000-Seed weight	88, 77, 72, 67, 59, 55, 53, 52, 27, 11
	عملکرد دانه Grain yield	93, 91, 83, 82, 80, 58, 53, 51, 30, 25

کمترین ارتفاع بوته در سال اول مربوط به ژنوتیپ‌های شماره ۶، ۱۰، ۲۴، ۴۲، ۴۸، ۵۵، ۶۰، ۷۲، ۷۷ و ۹۱ بود و در مقابل ژنوتیپ‌های شماره ۱، ۱۰، ۳۴، ۴۴، ۷۲، ۸۰، ۸۳، ۹۱، ۹۲ و ۹۴ در سال دوم به‌عنوان ژنوتیپ‌های پاکوتاه شناسایی شدند. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده در این رابطه مشخص شد سه ژنوتیپ شماره ۱۰، ۷۲ و ۹۱ به‌عنوان ژنوتیپ‌های پاکوتاه در هر دو سال اجرای آزمایش از سایر ژنوتیپ‌ها متمایز شدند، لذا این ژنوتیپ‌ها می‌توانند در جهت اصلاح ارقام با ارتفاع مناسب جهت جلوگیری از خوابیدگی ساقه و برداشت مکانیزه مورد توجه به‌نژادگران گندم دوروم قرار گیرند (Babaie Zarch *et al*., 2013). در سال اول اجرای آزمایش، بیشترین وزن هزار دانه به ژنوتیپ‌های شماره ۹، ۲۴، ۲۷، ۳۹، ۵۳، ۵۵، ۵۷، ۶۳، ۶۷ و ۸۸ تعلق داشت. در مقابل در سال دوم ژنوتیپ‌های شماره ۱۱، ۲۷، ۵۲، ۵۳، ۵۵، ۵۹، ۶۷، ۷۲، ۷۷ و ۸۸ نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها دارای بیشترین وزن هزار دانه بودند. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده پنج ژنوتیپ شماره ۲۷، ۵۳، ۵۵، ۵۷ و ۶۷ در هر دو سال به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها از نظر صفت مذکور شناسایی شدند. وزن هزار دانه به‌عنوان یکی از مهم‌ترین اجزاء عملکرد دانه در گندم و سایر گیاهان زراعی در نظر گرفته شده است و ژنوتیپ‌های برتر از نظر این صفت غالباً دارای عملکرد دانه بالایی هستند. علاوه بر این در بسیاری از مطالعات نیز همبستگی مثبت و معنی‌داری بین عملکرد دانه و وزن هزار دانه گزارش شده است (Rahmati *et al*., 2020; Kaviani *et al*., 2013; Dehghan *et al*., 2011; Dastfal *et al*., 2022). عملکرد دانه مهم‌ترین و اقتصادی‌ترین مؤلفه مورد بررسی در پژوهش‌های انجام‌شده در گندم و سایر غلات دانه‌ای مانند جو، ذرت و برنج و حتی سایر گیاهان زراعی می‌باشد. با این‌حال این صفت به‌واسطه ماهیت کمی بودن آن تحت تأثیر تعداد زیادی از فرآیندهای فیزیولوژیک و مورفولوژیک می‌باشد و شرایط محیطی، ساختار ژنتیکی گیاه و اثرهای متقابل آن‌ها بشدت بر آن تأثیرگذار است (Monneveux and Belhassen, 1996). نتایج مقایسه عملکرد دانه ژنوتیپ‌های ارزیابی‌شده در سال نشان داد ژنوتیپ‌های شماره ۵۳، ۴۷، ۴۹، ۹۲، ۲۰، ۸۶، ۴۸، ۵۱، ۱ و ۲ به ترتیب با عملکرد دانه ۵۳۶۷، ۵۲۴۷، ۵۱۰۷، ۵۰۸۳، ۵۰۷۷، ۵۰۷۰، ۵۰۰۰، ۴۹۷۳، ۴۹۶۷ و ۴۹۳۳ کیلوگرم در هکتار به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند. در سال دوم نیز ژنوتیپ‌های شماره ۵۳، ۹۱، ۳۰، ۵۱، ۸۲، ۹۳، ۸۳، ۵۸، ۸۰ و ۲۵ به ترتیب با عملکرد دانه ۵۲۰۰، ۵۰۳۳، ۴۸۳۳، ۴۶۶۷، ۴۶۶۷، ۴۴۳۳، ۴۴۱۷، ۴۴۱۷، ۴۱۳۳ و ۴۱۱۷ کیلوگرم در هکتار نسبت به سایر ژنوتیپ‌هااز بالاترین میزان عملکرد برخوردار بودند. با بررسی ژنوتیپ‌های گزینش شده مشخص شد شماره‌های ۵۱ و ۵۳ در هر دو سال به‌عنوان ژنوتیپ‌های پربازده شناسایی شدند که این نتیجه بیانگر پایداری عملکرد دانه این ژنوتیپ‌ها بوده و می‌توانند در برنامه‌های اصلاحی با هدف گزینش ژنوتیپ‌های سازگار برای مناطق مختلف شرکت و مورد ارزیابی‌های بیشتر قرار گیرند. پیش از این وجود سطح بالایی از تنوع ژنتیکی از نظر عملکرد دانه و سایر صفات وابسته به آن در گندم دوروم توسط سایر محققان گزارش شده است که در این راستا یافته‌های بدست‌آمده در این پژوهش با نتایج ارائه‌شده توسط سایر محققان مطابقت داشت (Poursiahbidi *et al*., 2013; Ouaja *et al*, 2021; Mehrabi *et al*., 2020; Dastfal *et al*., 2022).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.65]

یکی از اهداف اولیه هر برنامه به‌نژادی شناسایی و گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب از نظر صفات مختلف می‌باشد (Mohammadi *et al*., 2014). برای دستیابی به این هدف صفات مورد استفاده باید از نظر کمی و کیفی به‌وضوح مشخص بوده تا در ترکیب با صفات مهم اقتصادی بتوانند در به حداکثر رساندن عملکرد دانه ژنوتیپ‌های گزینش‌شده به کار گرفته شوند. در این راستا چندین روش آماری شامل تجزیه همبستگی، تجزیه رگرسیون چندگانه و تجزیه ضرایب مسیر توسط متخصصان و به‌نژادگران پیشنهاد و به‌طور گسترده مورد استفاده قرار گرفته‌اند. در این میان، یکی از مهم‌ترین روش‌های آماری که برای نیل به این هدف معرفی شده است تجزیه گرافیکی ژنوتیپ- صفت (GT) است که از طریق تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به‌دست می‌آید (Yan, 2001). در این روش بای‌پلات مورد استفاده از طریق دو مؤلفه نخست استخراج‌شده از طریق تجزیه مقادیر ویژه روی داده‌های صفت مورد نظر در چند محیط (سال، مکان و یا ترکیب سال و مکان) حاصل می‌شود. اگرچه این روش برای تجزیه آزمایش‌های چند محیطی معرفی شده است، با این‌حال برای هر نوع داده‌ای که ساختار دو طرفه داشته باشد قابل استفاده می‌باشد (Yan,2001). به‌طورکلی بر اساس نظر یان و راجکان (Yan and Rajcan, 2002) ژنوتیپ‌های مطلوب شناسایی شده از طریق این تجزیه می‌توانند به‌عنوان والد در برنامه‌های به‌نژادی و یا به‌طور مستقیم برای تولید ارقام تجاری مورد استفاده قرار گیرند. در تحقیق حاضر، نمودارهای GT مربوط به ۹۴ ژنوتیپ گندم دوروم مورد مطالعه بر اساس صفات مورد بررسی به تفکیک دو سال اجرای آزمایش انجام و در شکل ۱ نشان داده شده است. بر اساس داده‌های سال اول ۵۲/۹۲ درصد از کل تنوع ژنتیکی موجود در بین داده‌ها توسط دو مؤلفه نخست توجیه شد. با توجیه نمودار چندضلعی ترسیم‌شده در این بای‌پلات ژنوتیپ‌های شماره ۳، ۴، ۳۸، ۷۷، ۲۴، ۴۳ و ۸۶ در رئوس چندضلعی قرار گرفته‌اند. از این‌رو، می‌توان عنوان کرد از نظر صفت وزن هزار دانه، ژنوتیپ شماره ۴۳ دارای بیش‌ترین مقدار و از نظر ارتفاع بوته ژنوتیپ‌های شماره ۳ و ۴ دارای بیش‌ترین ارتفاع بوته بودند. همچنین بیشترین مقدار عملکرد دانه به ژنوتیپ شماره ۸۶ تعلق داشت (شکل A–۲). بای‌پلات ترسیم‌شده بر اساس داده‌های حاصل از سال دوم اجرای آزمایش نشان داد دو مؤلفه نخست به ترتیب با توجیه ۳۳/۲۲ و ۲۶/۵۳ درصد در مجموع ۵۹/۷۵ درصد از کل تغییرات مربوط به عملکرد دانه و سایر صفات را توجیه نمودند (شکل B–۲). بر این اساس ژنوتیپ‌های شماره ۱۸، ۱۴، ۹۱، ۴۴، ۷۲، ۴۱، ۴۵، ۴۷ و ۶۵ در رئوس چندضلعی قرار گرفته‌اند. همان‌گونه که در شکل B–۲ مشاهده می‌شود، ژنوتیپ ۷۲ از نظر وزن هزار دانه نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برتر بود. در مقابل برترین ژنوتیپ‌ها از نظر ارتفاع بوته و تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی شماره‌های ۴۷ و ۶۵ بودند. ژنوتیپ شماره ۴۱ نیز به‌عنوان دیررس‌ترین ژنوتیپ شناسایی شد. از نظر عملکرد دانه ژنوتیپ‌های شماره ۹، ۱۱ و ۸۶ دارای پتانسیل بهتری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها بودند. با توجه به این‌که بای‌پلات‌ها کل تغییرات موجود را توجیه نکردند، این پیش‌بینی‌ها ممکن است به‌طور دقیق بازتاب اعداد مشاهده شده نباشد. با این‌حال، پیش‌بینی‌ها تا حدود زیادی به واقعیت نزدیک است و می‌توان ژنوتیپ‌های دارای ارزش برتر نسبت به هر صفت را شناسایی نمود. پیش از این یان و کنگ (Yan & Kang. 2002) در گیاه سویا، یان و فریک (Yan and Fregeau-Reid, 2008) در یولاف، دهقانی و همکاران (Dehghani *et al*., 2008) در کلزای زمستانه و رحمتی و همکاران (Rahmati *et al*., 2020) در طالبی در از این روش جهت ارزیابی، مقایسه و انتخاب ارقام استفاده نمودند و گزارش کردند که این روش علاوه بر نمایش رابطه بین صفات مختلف به‌صورت گرافیکی، می‌تواند مقایسه بصری بین ژنوتیپ‌ها را به‌خوبی امکان‌پذیر کند.



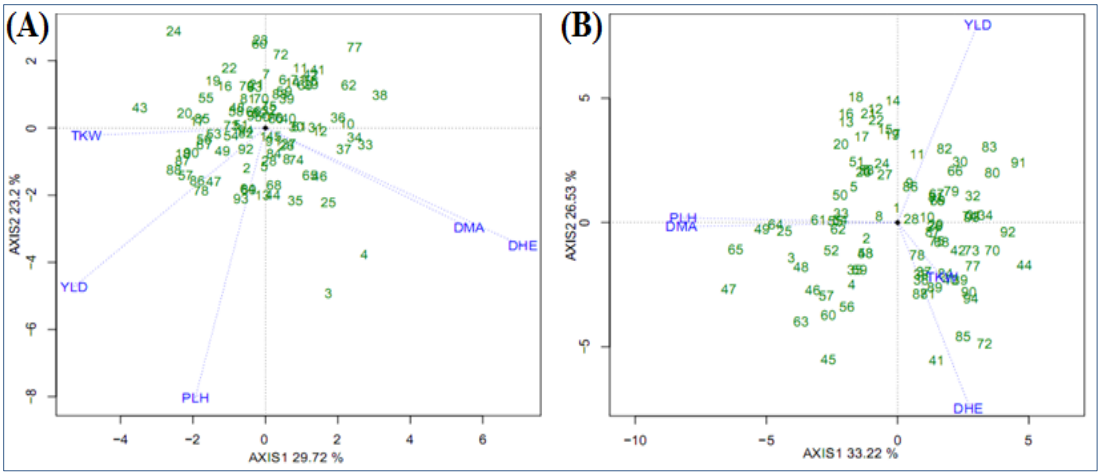
شکل ۲- بای‌پلات چندضلعی ترسیم‌شده بر اساس دو مؤلفه نخست برای صفات اندازه‌گیری شده در سال اول (A) و دوم (B) اجرای آزمایش. DHE، DM، PLH، TKW و YLD به ترتیب بیانگر تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه می‌باشند.

Figure 2. Polygon bi-plot drawn based on the first two components for the measured traits in the first (A) and second (B) years of the experiment. DHE, DM, PLH, TKW and YLD represent the number of days to the appearance of the spike, the number of days to the physiological maturity, the height of the plant, the weight of 1000 seeds and the grain yield, respectively.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.65]

از دیگر مزایای استفاده از تجزیه گرافیکی ژنوتیپ – صفت (GT) می‌توان به بررسی روابط بین صفات اشاره نمود. در این روش صفات از طریق بردار ژنوتیپ‌ها با مبدأ بای پلات در ارتباط هستند و زاویه بین بردار صفات نشان‌دهنده میزان همبستگی آن‌ها با یکدیگر می‌باشد. از این‌رو، زاویه حاده بین دو بردار نشان‌دهنده همبستگی مثبت، زاویه منفرجه نشان‌دهنده همبستگی منفی و زاویه قائم نشان‌دهنده عدم وجود همبستگی بین دو صفت می‌باشد (شکل ۳). علاوه براین، طول بردار نیز بیانگر میزان تنوع بیش‌تر ژنوتیپ‌ها برای صفت مورد نظر است. به عبارت دیگر، صفاتی که دارای طول بردار بلندتری هستند، قدرت بالایی برای تمایز ژنوتیپ‌ها دارند (۳۶). با توجه به نتایج به‌دست‌آمده مشخص شد در سال اول کم‌ترین میزان تنوع ژنوتیپی مربوط به صفت وزن هزار دانه و بیش‌ترین میزان آن مربوط به صفات ارتفاع بوته، روز تا گلدهی و عملکرد دانه بود (شکل A–۳). بیشترین میزان تنوع در سال دوم برای عملکرد دانه و روز تا گلدهی مشاهده شد و صفت وزن هزار دانه نیز دارای کمترین میزان بود (شکل B–۳). از نظر همبستگی صفات نیز، در سال نخست عملکرد دانه با وزن هزار دانه و ارتفاع بوته رابطه مثبت و معنی‌داری نشان داد. محمدی و امری (Mohammadi and Amri, 2011) نیز با استفاده از تجزیه بای‌پلات GT در ژنوتیپ‌های گندم دوروم نشان دادند همبستگی بین عملکرد دانه و وزن هزار دانه مثبت و معنی‌دار بوده و ژنوتیپ‌های با وزن هزار دانه بالاتر زودرس‌تر و دارای عملکرد دانه بالاتری بودند. از طرف دیگر همبستگی بین عملکرد دانه و صفات تعداد روز تا ظهور سنبله و تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی منفی بود که بیانگر عملکرد دانه بالاتر ژنوتیپ‌های زودرس می‌باشد. در همین راستا نتایج به‌دست‌آمده از این پژوهش با یافته‌های گزارش‌شده توسط زو و همکاران (Xu *et al*., 2017)، قلی‌زاده و دهقانی (Gholizadeh and Dehghani, 2016) و رحمتی و همکاران (Rahmati *et al*., 2020) مطابقت داشت. وجود رابطه منفی بین عملکرد دانه با دیگر صفات اندازه‌گیری شده در سال دوم نیز می‌تواند به دلیل تأثیر زیاد عوامل محیطی و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط بوده که خود معلول کمی بودن این صفت می‌باشد (Dehghani *et al*., 2008).



شکل ۳– روابط میان صفات مورد بررسی در ۹۴ ژنوتیپ گندم دوروم بر اساس داده‌های سال اول (A) و سال دوم (B) اجرای آزمایش. DHE، DM، PLH، TKW و YLD به ترتیب بیانگر تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه می‌باشند

Figure 3. The relationships between the examined traits in 94 durum wheat genotypes based on the first (A) and second years' data (B) of the experiment. DHE, DM, PLH, TKW and YLD represent the number of days until the emergence of the spike, the number of days to physiological maturity, plant height, thousand seed weight and grain yield, respectively

نتیجه‌گیری کلی

به‌طور کلی نتایج این پژوهش نشان داد از نظر عملکرد دانه و برخی از صفات زراعی تنوع بالایی در میان ژنوتیپ‌های گندم دوروم مورد بررسی وجود داشت. علاوه براین پاسخ متفاوت هر یک از ژنوتیپ‌ها از نظر صفات اندازه‌گیری شده به شرایط محیطی مختلف بیانگر وجود اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط بود. لذا به نظر می‌رسد ارزیابی دقیق‌تر ژنوتیپ‌های منتخب از نظر عملکرد دانه و سایر صفات برای استفاده از آن‌ها در برنامه‌های دورگ‌گیری یا بررسی پایداری و سازگاری آن‌ها به مناطق مختلف ضروری باشد. با توجه به تجزیه ژنوتیپ–صفت (GT) مشخص شد برخی از ژنوتیپ‌های ارزیابی‌شده همچون ژنوتیپ‌های شماره ۲۴، ۸۰ و ۸۳ از نظر صفات مختلف نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برتر بوده که امکان استفاده از آن‌ها را در برنامه‌های به‌نژادی برای اصلاح همزمان چند صفت فراهم می‌آورد.

تشکر و قدردانی

بدینوسیله از مجموعه دانشگاه آزاد اسلامی واحد سنندج و مؤسسه تحقیقات سرارود کرمانشاه جهت همکاری‌های صورت گرفته برای انجام هر چه بهتر پژوهش حاضر تشکر و قدردانی می‌گردد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.65]

منابع

Aghaee-Sarbarzeh, M. (2012). Variation of agronomic traits in durum wheat genotypes. Seed and Plant Improvement Journal, 1(28):481-502. (In Persian)

Ahakpaz, F., H. Abdi, E. Neyestani, A. Hesami, B. Mohammadi, K. Nader Mahmoudi, G. Abedi-Asl, M.R. Jazayeri Noshabadi, F. Ahakpaz and H. Alipour. (2021). Genotype-by-environment interaction analysis for grain yield of barley genotypes under dryland conditions and the role of monthly rainfall. Agricultural Water Management, 245:10666.

Ahmadi, J., B. Vaezi and A. Pour-Aboughadareh. (2016). Analysis of variability, heritability, and interrelationships among grain yield and related characters in barley advanced lines. Genetika, 48:73–85.

Babaie Zarch, M.J., M.H. Fotokian and S. Mahmoodi. (2013). Evaluation of genetic diversity of wheat (Triticum aestivum L.) genotypes for morphological traits using multivariate analysis methods. Journal of Crop Breeding, 5(12):85-98 (In Persian).

Barati, A., H. Zali., A. Pour-Aboughadareh., A. Gholipour, S. Koohkan., K. Shahbazi Homounlo K., A. Marzoghian., M. Jabari., O. Poodineh and M. Keirgoo. (2021). Identification of irrigated barley genotypes with high and stable grain yield in warm regions of Iran. Journal of Crop Breeding, 13(40):162-172 (In Persian).

Dastfal, M., M. aghaee Sarbarzeh and H. Zali. (2022). Genetic diversity and selection of durum wheat pure lines with desirable agronomy traits using SIIG index. Iranian Journal of Field Crop Science, 53(1):161-174. (In Persian)

Dehghan, A., M. Khodarahmi, E. and Majidi Heravan. (2011). Genetic variation of morphological and physiological traits in durum wheat lines. Seed and Plant Journal, 27(1):103-120. (In Persian)

Dehghani, H., H. Omidi and N. Sabaghnia. (2008). Graphic analysis of trait relations of rapeseed using the biplot method. Agronomy Journal, 100:1443-1449.

Ghazvini, H., Bagherikia, S., Pour-Aboughadareh, A., Sharifalhossaini, M., Razavi, S.A., Mohammadi, S., Ghasemi Kalkhoran, M., Fathihafshejani and G. Khakizade. (2022). GGE biplot analysis of promising barley lines in the cold regions of Iran. Journal of Crop Improvement, 36:461–472.

Gholizadeh, A. and H. Dehghani. (2016). Graphic analysis of trait relations of Iranian bread wheat germplasm under non-saline and saline conditions using the biplot method. Genetika, 48(2):473-486.

Kaviani, R., M. Aghaee Sarbarzeh, M.R. Bihamta and M. Mohammadi. (2013). Genetic diversity and factor analysis for agronomical and morphological traits in durum wheat landraces. Seed and Plant Journal, 29(4):673-692. (In Persian)

Khalili, M., A. Pour-Aboughadareh and M.R. Naghavi. (2016). Assessment of drought tolerance in barley: integrated selection criterion and drought tolerance indices. Environmental and Experimental Biology, 14:33–41.

Khalili, M., A. Pour-Aboughadareh and M.R. Naghavi. (2016). Assessment of drought tolerance in barley: integrated selection criterion and drought tolerance indices. Environmental and Experimental Biology, 14:33–41.

Mehrabi, A.A., A. Pour-Aboughadareh, S. Mansouri and A. Hosseini. (2020). Genome-wide association analysis of root system architecture features and agronomic traits in durum wheat. Molecular Breeding, 40:55.

Mohammadi, R. and A. Amri. (2011). Graphic analysis of trait relations and genotype evaluation in durum wheat. Journal of Crop Improvement, 25:680-696.

Mohammadi, R. and A. Amri. (2013). Genotype x environment interaction and genetic improvement for yield and yield stability of rain-fed durum wheat in Iran. Euphytica, 192:227-249.

Mohammadi, R., H. Dehghani and Gh. Karimzadeh. (2014). Graphic analysis of trait relations of cantaloupe using the biplot method. Journal of Plant Production Research, 21(4):43-62.

Mohammadi, R., M. Armion, B. Sadeghzadeh, S. Golkari, G.R. Khalilzadeh, H. Ahmadi, G.R. Abedi-Asl and M. Eskandari Torbaghan. (2017). Assessment of grain yield stability and adaptability of rain-fed durum wheat breeding lines. Applied Filed Crops Research, 113(4):25-42. (In Persian)

Mohammadi, S.A. and Prasanna, B.M. (2003). Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants-Salient Statistical Tools and Considerations. Crop Science, 43:1235-1248.

Monneveux, P. and E. Belhassen. (1996). The diversity of drought adaptation in the wide. Plant Growth Regulation, 20:85–92.

Naghavi, M.R., A. Shahbaze Poorshahbazi and A. Talei. (2002). Study of genetic variation in durum wheat germplasm for some morphological and agronomic characteristics. Iranian Journal of Crop Sciences, 4(2):81-86. (In Persian)

Olivoto, T., A.D.C. Licio, j.A.G. da Silva, V.S. Marchioro, V.Q. de Souza and E. Jost. (2019). Mean performance and stability in multi-environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. Agronomy Journal, 111:2949–2960.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.65]

Ouaja, M., B.A. Bahri, L. Aouini, S. Ferjaoui, M. Medini, T.C. Marcel and S. Hamza. (2021). Morphological characterization and genetic diversity analysis of Tunisian durum wheat (Triticum turgidum var. durum) accessions. BMC Genomic Data, 22(3):2-17.

Peccitti, A. and P. Annicchiari. (1998). Agronomic value and plant type of Italian durum wheat cultivars form different eras of breeding. Euphytica, 99:9-13.

Pour-Aboughadareh, A., A. Etminan, M. Abdelrahman, K. Siddique and L.S.P. Tran. (2020). Assessment of biochemical and physiological parameters of durum wheat genotypes at the seedling stage during polyethylene glycol-induced water stress. Plant Growth Regulation, 92:81-93.

Pour-Aboughadareh, A., S. Sanjani, H. Nikkhah-Chamanabad, M.R. Mehrvar, A. Asadi and A. Amini. (2021). Identification of salt-tolerant barley genotypes using multiple-traits index and yield performance at the early growth and maturity stages. Bulletin of the National Research Centre, 45:117.

Poursiahbidi, M.M., A. Pour-Aboughadareh, G.R. Tahmasebi, M. Temoori and M. Jassemi. (2013). Evaluation of genetic diversity and interrelationships of agro-morphological characters in durum wheat (Triticum durum Def.) lines using multivariate analysis. International Journal of Agriculture: Research and Review, 3(1):184-194.

Rahmati, M., T. Hoseinpour and A. Ahmadi. (2020). Assessment of interrelationships between agronomic traits of wheat genotypes under rain-fed conditions using double and triple biplots of genotype, trait and yield. Iranian Journal of Dryland Agriculture, 9(1):1-20. (In Persian)

Searle, S.R. (1997). The matrix handling of BLUE and BLUP in the mixed linear model. Linear Algebra and its Applications, 264:291-311.

Vaezi, B., A. Pour-Aboughadareh, A. Mehraban, T. Hossein-Pour, R. Mohammadi, M. Armion and M. Dorri. (2018). The use of parametric and non-parametric measures for selecting stable and adapted barley lines. Archives of Agronomy and Soil Science, 64: 597-611.

Vaezi, B., A. Pour-Aboughadareh, R. Mohammadi, A. Mehraban, T. Hossein-Pour, E. Koohkan, S. Ghasemi, H. Moradkhani and K.H. Siddique. (2019). Integrating different stability models to investigate genotype × environment interactions and identify stable and high-yielding barley genotypes. Euphytica, 215:63.

Xu, N., M. Fok., Y. Li., X. Yang and W. Yan. (2017). Optimization of cotton variety registration criteria aided with a genotype- by-trait biplot analysis. Scientific Reports, 7:17237.

Yan, W. (2001). GGE biplot a windows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types of two-way data. Agronomy Journal, 93:1111-1118.

Yan, W. and I. Rajcan. (2002). Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. Crop Science, 42:11-20.

Yan, W. and J. Fregeau-Reid. (2008). Breeding line selection based on multiple traits. Crop Science, 48:417-423.

Yan, W. M.S. Kang. (2002). GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL. 273p.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.65]