



توزیع آلی برخی از ژن‌های مؤثر در پاکوتاهی ارقام و لاین‌های گندم (*Triticum aestivum* L.) ایران

سیدحمید رضا رضانی^۱، حبیب اله قزوینی^۲، محمد رضا جلال کمالی^۳ و الیاس آرزمجو^۴

۱- استادیار گروه زراعت و اصلاح نباتات، آموزشکده کشاورزی سربان، دانشگاه بیرجند، (نویسنده مسوول: hrramazani@birjand.ac.ir)

۲- دانشیار، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج

۳- محقق ارشد برنامه جهانی اصلاح گندم، مرکز تحقیقات بین المللی اصلاح گندم و ذرت (سیمیت)، کرج

۴- محقق، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خراسان جنوبی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، بیرجند

تاریخ دریافت: ۹۵/۹/۵ تاریخ پذیرش: ۹۶/۶/۲۱

چکیده

یکی از اصلی‌ترین استراتژی‌های بهبود مقاومت به خوابیدگی، کودپذیری و به دنبال آن افزایش عملکرد گندم، کاهش ارتفاع گیاه از طریق ژن‌های پاکوتاهی است. در ایران همراه با سایر نقاط دنیا با معرفی و آزادسازی ارقام جدید این ژن‌ها در ارقام وارد شده‌اند. جهت بررسی تنوع آلی دو ژن اصلی پاکوتاهی (*Rht-D1* و *Rht-B1*) و اثرات آن‌ها بر صفات ظاهری در ۹۸ رقم اصلاح شده گندم ایران، آزمایش مزرعه‌ای و مولکولی طرح‌ریزی شد که در آن از آغازگر اختصاصی STS-PCR استفاده شد. همبستگی صفات ارتفاع بوته، تعداد برگ نهایی در ساقه اصلی، طول سنبله و تعداد روز تا گلدهی با آلل‌های پاکوتاهی مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد که بیشترین درصد ترکیب آلی مربوط به *Rht B1-b/Rht D1-a* با فراوانی ۶۶/۳۳ درصد بود. همچنین ۸۲/۶۵ درصد ارقام حداقل دارای یکی از آلل‌های پاکوتاهی بودند که نمایانگر ورود ژن‌های پاکوتاهی در ارقام ایرانی می‌باشد. فقط صفت ارتفاع بوته همبستگی منفی و معنی‌داری ($r = -0.571^{**}$) با آلل‌های پاکوتاهی نشان داد. نتایج حاصله از تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های مورد بررسی را در ۳ گروه مجزا قرار داد. گروه اول بیشتر دارای ژنوتیپ *Rht B1-b/Rht D1-a*، گروه دوم دارای ژنوتیپ *Rht B1-a/Rht D1-b* و گروه سوم دارای ژنوتیپ *Rht B1-a/Rht D1-a* بودند. استفاده مناسب از این ژن‌ها در برنامه‌های اصلاحی می‌تواند در بهبود مقاومت به ورس و افزایش عملکرد در گندم مؤثر باشد.

واژه‌های کلیدی: ارتفاع، تنوع آلی، خوابیدگی، ژن *Rht*

مقدمه

در طول زمان، اصلاح نباتات و بهبود شیوه‌های زراعی به طور قابل توجهی افزایش عملکرد گندم را در سراسر جهان ایجاد نموده است. در دهه ۱۹۶۰ میلادی، نورمن بورلاگ^۱ ژن پاکوتاهی را به ارقام گندم بهاره مکزیکی وارد کرد که باعث کوتاه‌تر شدن ارقام همراه با کودپذیری بیشتر گردید که به دنبال آن افزایش قابل توجهی در عملکرد دانه مشاهده گردید (۳). بهبود ژنتیکی از طریق اصلاح سنتی تقریباً نیمی از افزایش عملکرد گندم در طول قرن گذشته را باعث شده (۲۲)، که قسمت اعظم آن افزایش عملکرد با معرفی ارقام پاکوتاه بوجود آمده است. مطالعات افزایش بهبود ژنتیکی عملکرد در سراسر جهان افزایشی را از ۰/۴۴ تا ۱/۳ درصد (بطور متوسط ۱ درصد) در سال را در توده‌های پابلند نشان می‌دهد (۲۲). بنابراین جهت تقریب درست نرخ واقعی افزایش، بایستی بعد از تاریخ معرفی این ژن‌ها به ارقام، این نرخ افزایش گزارش شود.

استفاده از ژن *Rht* (کاهش‌دهنده ارتفاع گیاه) یکی از اصلی‌ترین استراتژی‌ها برای کاهش ارتفاع بوده و سبب بهبود مقاومت به خوابیدگی و افزایش عملکرد ارقام جدید گندم شده است. در حال حاضر، ۲۱ ژن که اثرات پایداری را روی ارتفاع گندم دارند، شناسایی شده‌اند (۱۸). این ژن‌ها به ۲ گروه تقسیم‌بندی می‌شوند: حساس و غیرحساس. که بستگی به پاسخ آنها به اسید جیبرلیک (GA) محیط دارد. آلل‌های *Rht-B1b* و *Rht-D1b* غیرحساس به اسید جیبرلیک بوده و موجب کاهش ارتفاع می‌شوند (۲۶، ۱۴) و به ترتیب روی

بازوی کوتاه کروموزوم 4B و 4D قرار دادند که منشأ آن‌ها رقم ژاپنی نورین ۱۰^۲ می‌باشند. این ژن‌ها در ارقام جدید از طریق برنامه‌های اصلاحی گندم سیمیت^۳ گسترش پیدا کرده‌اند و مقدمه‌ای بر ایجاد انقلاب سبز^۴ در کشاورزی شده‌اند (۵، ۱۴). بیشتر از ۷۰ درصد ارقام رایج گندم، حداقل یکی از این ژن‌ها را در خود دارد (۱۳). *Rht-B1b* از طریق کاهش طول سلول‌ها سبب کاهش ارتفاع می‌گردد، بنابراین کاهش طول کلئوپتیل، کاهش سطح برگ در مرحله دانه‌پالی و کاهش طول ساقه را به دنبال دارد (۱۵، ۱۷). معمولاً بجز در کاهش ارتفاع بوته، این ژن در ژنوم گندم همبستگی مثبتی با میزان کودپذیری و تعداد بیشتر دانه در سنبله دارد که همین امر سبب بهبود پایدار عملکرد دانه خواهد شد.

آلل‌های دیگر ژن *Rht-B1*، آللهایی هستند که در طی گذشت زمان به صورت a (تیپ وحشی)، b، c، d، e، f و g نامیده شدند (۲۱، ۶). در سال ۱۹۹۹، ژن *Rht-B1* بطور کامل توالی‌یابی شد، که موجب تشکیل نشانگرهای مولکولی آلل *Rht-B1b* گردید. حضور انواع دیگر آلی این ژن تنها از طریق تجزیه و تحلیل دوره‌ها و شجره‌نامه‌ها استنباط شد (۱۲). پیرس و همکاران (۱۹، ۲۰) توالی‌های نوکلئوتیدی *Rht-B1c* و *Rht-B1e* را مشخص کردند و نشانگرهای مولکولی برای آن ساخته‌اند. به غیر از ژن‌های کاهش‌دهنده ارتفاع *Rht-B1b*، *Rht-D1b* و *Rht-8* که گسترده‌ترین ژن‌ها در بین ارقام گندم می‌باشند، چندین ژن دیگر برای کنترل ارتفاع بوته شناخته شده‌اند. به عنوان مثال ژن *Rht-11* که بطور گسترده در جهت ایجاد ارقام نیمه پاکوتاه در

نمونه در آزمایشگاه مولکولی مرکز تحقیقات بین‌المللی گندم و ذرت مکزیکی انجام گرفت. واکنش زنجیره‌ای پلیمرز در حجم ۲۰ میکرولیتر برای هر واکنش با استفاده از بافر PCR (۱X)، آغازگرهای مورد نظر برای هر ژن یا بلوک ژنی (۲۰۰ میکرومولار از هر کدام)، آنزیم تگ پلیمرز (۱ واحد)، دزوکسی نوکلئوتیدها (۰/۲ میکرومولار)، کلرید منیزیم ۲ میلی‌مولار و دی‌ان‌ای (۵۰ نانوگرم) انجام شد (جدول ۲).

توالی آغازگرهای مورد استفاده برای هر یک از آل‌های مورد بررسی در جدول ۲ ارائه شده است. الکتروفورز محصول PCR از طریق ژل آگارز ۱٪ انجام و نوارهای مربوطه توسط ماده اتیدیوم بروماید رنگ‌آمیزی و توسط اشعه UV عکس برداری شدند. در نهایت نمره‌دهی آل‌ها توسط مقایسه با نشانگر وزنی به صورت صفر (عدم وجود نوار) و یک (وجود نوار) انجام گرفت. برای به دست آوردن درصد فراوانی ارقام و آل‌ها تعداد هر کدام به تعداد کل ارقام تقسیم و در صد ضرب شد. فراوانی آلی هر آل از تقسیم فراوانی آن آل در کل ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بدست آمد.

علاوه بر صفت ارتفاع بوته و عملکرد دانه، صفات مورفولوژیکی دیگری از قبیل تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد نهایی برگ در ساقه اصلی، طول سنبله در زمان رسیدگی و طول آخرین میانگره در ارقام و لاین‌های مورد بررسی یادداشت‌برداری شد و اثر ترکیب آل‌های پاکوتاهی بر این صفات مورد بررسی قرار گرفت. در این تحقیق همچنین اثرات ترکیب آلی بر صفات عملکرد دانه، تعداد برگ نهایی، ارتفاع بوته، طول سنبله، طول آخرین میانگره و تعداد روز تا گلدهی مورد بررسی قرار گرفت. نتایج توسط نرم‌افزار SAS-9.1 تجزیه گردید (۲۴).

برای تجزیه خوشه‌ای با استفاده از صفات مورد بررسی، از معیار مربع فاصله اقلیدسی و به روش وارد انجام شد. دندروگرام تجزیه خوشه‌ای با استفاده از نرم‌افزار SPSS-16 رسم گردید. نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای با تجزیه تابع تشخیص مورد بررسی قرار گرفت و خط برش بر این اساس انتخاب شد (۱۶).

نتایج و بحث

ارتفاع بوته در ژنوتیپ‌های مورد بررسی از ۵۲/۳۰ تا ۱۱۰/۴۰ سانتی‌متر با میانگین ۷۶/۳۱ متغیر بود (جدول ۳). بیشترین ارتفاع مربوط به ارقام روشن و طیبسی (با ۱۱۰/۴ و ۱۰۸/۷ سانتی‌متر) با آل‌ مشابه در هر دو مکان ژنی مورد مطالعه (*RhtB1-a/RhtD1-a*) یا به اختصار (aa) و کمترین آن در ارقام دز، آریا و دنا (به ترتیب با ۵۲/۳۰، ۵۴/۱۰ و ۵۴/۳۰ سانتی‌متر) با ترکیب آلی (*RhtB1-b/RhtD1-a*) (یا به اختصار (ba) مشاهده شد (جدول ۳).

کشورهای روسیه، اوکراین، مولداوی، ازبکستان، قرقیزستان، آذربایجان و ارمنستان استفاده می‌گردد (۱۰). این ارقام دارای پتانسیل تولید بالا، مقاومت به ورس، پنجه‌زنی بیشتر و شاخص برداشت بالا هستند.

تعویض آل‌های غیرحساسیت به اسید جیبرلیک *Rht-B1b* و *Rht-D1b* با آل‌های حساسیت به اسید جیبرلیک نشان‌دهنده کاهش معنی‌دار ارتفاع گیاه بدون تغییر محسوس در بینه گیاهچه می‌باشد (۱۱).

علاوه بر ژن *Rht8* جایگاه‌های اصلی دیگری برای ژن‌های پاکوتاهی مرتبط با اسید جیبرلیک (مانند *Rht4*، *Rht5*، *Rht12*، *Rht13* و *Rht18*) وجود دارند که کاهش ارتفاع ۵۰ درصدی را نسبت به والدین ایجاد می‌کنند (۱۲، ۱۱). اما به نظر می‌رسد اثرات این ژن‌ها بر روی طول کلئوپتیل و اندازه برگ در مرحله گیاهچه زیاد نیست (۱۱). تا امروز اطلاعات کمی در مورد بررسی بهبود پتانسیل عملکرد بوسيله این مکان‌های ژنی یا اثرات آن‌ها بر صفات مهم زراعی به‌دست آمده‌است (۱۱). دریکوند و همکاران (۱۰) با بررسی ژنتیکی برخی صفات مورفوفیزیولوژیک از جمله ارتفاع بوته در لاین‌های گندم نان در شرایط دیم با استفاده از روش تلاقی دی‌آل، نتیجه گرفتند که ژن‌های کنترل‌کننده این صفت دارای اثر افزایشی بوده که مبین بازده بالای انتخاب برای صفت ارتفاع بوته در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی می‌باشد.

هدف از انجام این پژوهش تعیین پراکندگی ترکیب آلی *RhtB/RhtD* در ارقام و لاین‌های امیدبخش گندم ایرانی و بررسی ارتباط این ترکیب آلی با تعدادی صفات مورفولوژیک گندم بود. همچنین گروه‌بندی و تعیین تنوع موجود در بین این ژنوتیپ‌ها می‌تواند منجر به معرفی گروه‌های برتر از لحاظ صفات مورد بررسی شده و ضمن حصول اطلاعات مربوط به پراکندگی آل‌های پاکوتاهی در ژنوتیپ‌های ایرانی گندم می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی بهبود مقاومت به ورس و افزایش عملکرد در گندم مؤثر باشد و امکان انتخاب ژنوتیپ‌های برتر را ایجاد کند.

مواد و روش‌ها

در این آزمایش تنوع آلی ژن‌های مؤثر در پاکوتاهی شامل *Rht-B* و *Rht-D* (جدول ۱) در ۹۸ رقم و لاین امیدبخش گندم که دارای اهمیت اقتصادی بوده و سطح زیر کشت زیادی داشتند، مورد بررسی قرار گرفتند. آزمایش به صورت سیستماتیک با سه تکرار در مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خراسان جنوبی کشت گردید. بذور هر ژنوتیپ در یک ردیف یک و نیم متری با ۵۰ بوته کشت گردیدند. عملیات متداول داشت مزرعه از قبیل وجین علف‌های هرز، مبارزه با آفات و آبیاری در سطح مزرعه‌ی آزمایشی انجام شد. تجزیه‌های مولکولی آزمایش، با ارسال

جدول ۱- خصوصیات ژن‌ها و آلل‌های مؤثر در کاهش ارتفاع در گندم
Table 1. Characteristics of effective genes and alleles on reducing of wheat height

Gene	کروموزوم	آلل	نشانهگر	چند شکلی	نوع اثر بر ارتفاع	منبع
<i>Rht-B1 (Rht1)</i>	4B-s	a	RhtB1_SNP	نوع وحشی موتانت	پا بلند	Ellis <i>et al.</i> , 2002
		b			پاکوتاه	Ellis <i>et al.</i> , 2002
<i>Rht-D1 (Rht2)</i>	4D-s	a	RhtD1_SNP	نوع وحشی موتانت	پا بلند	Ellis <i>et al.</i> , 2002
		b			پا کوتاه	Ellis <i>et al.</i> , 2002

جدول ۲- مشخصات آغازگرهای بکار رفته در آزمایش
Table 2. The description of primers that used in this experiment

نوع آلل	آغازگر	توالی آغازگر (5°-3°)	دمای اتصال (°C)	طول (bp)
<i>Rht-B1a</i>	BF-WR1	BF: GGTAGGGAGGCGAGAGGCGAG	۵۲	۲۳۷
		WR1: CATCCCCATGGCCATCTCGAGCTG		
<i>Rht-B1b</i>	BF-MR1	F: CCAGATACACAACTGCTGGC	۵۲	۲۳۷
		R: TGATCTTGAGGTTCTCGTCG		
<i>Rht-D1a</i>	DF2-WR2	DF2: GGCAAGCAAAAGCTTCGCG	۵۴	۲۵۴
		WR2: GGCCATCTCGAGCTGCAC		
<i>Rht-D1b</i>	DF-MR2	DF: CGCGCAATTATTGGCCAGAGATAG	۵۴	۲۵۴
		MR2: CCCCATGGCCATCTCGAGCTGCTA		

طول سنبله ژنوتیپ‌ها از ۵/۰۰ تا ۸/۶۷ سانتی‌متر با میانگین ۶/۵۲ متغیر بود (جدول ۳). بلندترین طول سنبله مربوط به رقم زمستانه گاسپارد (با ۸/۶۷ سانتی‌متر) با ترکیب آلی ab و کمترین آن در رقم کرخه (به میزان ۵/۰۰ سانتی‌متر) با ترکیب آلی (ba) مشاهده شد (جدول ۳).

تعداد روز تا گلدهی ژنوتیپ‌ها از ۹۰/۶۷ تا ۱۱۵/۶۷ روز با میانگین ۹۷/۴۹ متغیر بود (جدول ۳). بیشترین تعداد روز تا گلدهی مربوط به ارقام زمستانه رصد، اوحدی و کرج ۳ (به ترتیب با ۱۱۵/۶۷، ۱۰۹/۶۷ و ۱۰۹/۰۰ روز) بود که ترکیب آلی آن‌ها در این دو مکان به صورت aa بود. کمترین تعداد روز تا گلدهی مربوط به ارقام بهاره پارس، اترک، آریا و سیمره (به ترتیب با ۹۰/۶۷، ۹۱/۰۰، ۹۱/۰۰ و ۹۱/۰۰ روز) با ترکیب آلی ba بود (جدول ۳).

جدول ۳- صفات مورفولوژی و تنوع آلی مکان‌های ژنی *Rht-B1* و *Rht-D1* در ژنوتیپ‌های گندم مورد بررسی
Table 3. Morphological traits and gene allele variation in *Rht-B1* and *Rht-D1* loci of the wheat genotypes

ژنوتیپ	صفات مورفولوژیکی		تعداد برگ نهایی	ارتفاع (cm)	طول سنبله (cm)	تعداد روز تا ظهور سنبله	عملکرد دانه (kg/ha)	طول آخرین میانگره (cm)
	<i>Rht-1</i>	<i>Rht-2</i>						
کرج ۱	a	a	۶/۶۷	۱۰۳/۲۰	۷/۳۳	۱۰۲/۳۳	۴۷۸۲/۳۳	۴۱/۵۱
کرج ۲	a	a	۶/۶۷	۱۰۳/۰۰	۷/۶۷	۹۶/۳۳	۴۲۶۶/۶۷	۴۱/۴۳
کرج ۳	b	a	۶/۶۷	۷۱/۲۰	۸/۰۰	۱۰۹/۰۰	۵۵۸۳/۳۳	۲۸/۶۴
آزادی	b	a	۶/۰۰	۸۰/۷۰	۷/۰۰	۹۸/۰۰	۵۹۶۶/۶۷	۳۲/۴۶
قدس	b	a	۶/۶۷	۸۰/۳۰	۸/۳۳	۹۵/۳۳	۵۵۶۶/۶۷	۳۲/۳۰
مهدوی	b	a	۶/۶۷	۸۸/۲۰	۶/۱۷	۹۹/۳۳	۸۹۱۶/۶۷	۳۵/۴۸
نیک نژاد	b	a	۷/۰۰	۶۲/۵۰	۶/۵۰	۹۳/۰۰	۵۳۶۶/۶۷	۲۵/۱۴
پیشناز	b	a	۶/۳۳	۷۰/۴۰	۸/۰۰	۹۳/۰۰	۶۳۶۶/۶۷	۲۸/۳۲
شیراز	a	b	۶/۰۰	۸۸/۵۰	۸/۰۰	۹۹/۰۰	۵۶۱۶/۶۷	۳۵/۶۰
مرودشت	a	b	۶/۶۷	۷۴/۰۰	۷/۰۰	۹۸/۶۷	۴۹۵۰/۰۰	۲۹/۷۷
سپاهان	b	a	۶/۳۳	۶۷/۵۰	۷/۰۰	۹۴/۶۷	۵۰۳۳/۳۳	۲۷/۱۵
بهار	b	a	۷/۰۰	۶۷/۲۰	۶/۰۰	۹۹/۶۷	۶۲۵۰/۰۰	۲۷/۰۳
پارسی	b	a	۶/۳۳	۷۹/۱۰	۷/۰۰	۹۰/۶۷	۷۳۱۶/۶۷	۳۱/۸۲
سیوند	b	a	۶/۳۳	۷۶/۳۰	۶/۳۳	۹۸/۳۳	۷۸۶۶/۶۷	۳۰/۶۹
WS-82-9	b	a	۶/۶۷	۶۹/۱۰	۵/۸۳	۹۵/۶۷	۴۸۵۰/۰۰	۲۷/۸۰
WS-85-10 (Sirvan)	b	a	۷/۰۰	۷۲/۳۰	۵/۶۷	۱۰۰/۶۷	۵۸۳۳/۳۳	۲۹/۰۸
WS-86-14	b	a	۷/۳۳	۷۴/۵۰	۶/۳۳	۹۳/۶۷	۵۹۳۳/۳۳	۲۹/۹۷
بزوستایا	b	a	۷/۰۰	۷۶/۰۰	۷/۰۰	۱۰۰/۰۰	۵۰۱۶/۶۷	۳۰/۵۷
نوید	b	a	۷/۰۰	۷۶/۳۰	۷/۳۳	۱۰۳/۰۰	۶۵۱۶/۶۷	۳۰/۶۹
الموت	b	a	۷/۶۷	۷۰/۳۰	۸/۳۳	۱۰۰/۶۷	۶۶۸۳/۳۳	۲۸/۲۸
الوند	b	a	۷/۶۷	۷۹/۷۰	۸/۳۳	۹۴/۳۳	۶۶۱۶/۶۷	۳۲/۰۶
زرین	b	a	۷/۰۰	۸۴/۵۰	۶/۳۳	۱۰۰/۶۷	۴۸۰۰/۰۰	۳۳/۹۹
اروم	a	b	۶/۶۷	۷۳/۴۰	۷/۰۰	۹۵/۳۳	۴۴۰۰/۰۰	۲۹/۵۳
زارع	b	a	۷/۳۳	۸۹/۳۰	۷/۶۷	۱۰۰/۶۷	۱۱۸۳/۳۳	۳۵/۹۲
میهن	a	b	۶/۶۷	۶۲/۱۰	۶/۶۷	۹۸/۳۳	۴۶۵۰/۰۰	۲۴/۹۸
MV-17	b	a	۶/۶۷	۶۰/۵۰	۵/۳۳	۹۹/۶۷	۶۱۸۳/۳۳	۲۴/۳۴
گاسپارد	a	b	۶/۶۷	۶۰/۰۰	۸/۶۷	۱۰۲/۶۷	۵۲۶۶/۶۷	۲۴/۱۴
گاسکوژن	a	b	۷/۶۷	۶۲/۱۰	۷/۰۰	۹۸/۰۰	۶۹۳۳/۳۳	۲۴/۹۸
سویسون	b	a	۷/۰۰	۶۶/۱۰	۷/۶۷	۹۹/۳۳	۶۲۳۳/۳۳	۲۶/۵۹
شهریار	b	a	۷/۳۳	۷۸/۳۰	۸/۳۳	۹۹/۳۳	۵۵۳۳/۳۳	۳۱/۵۰
توس	b	a	۶/۶۷	۷۴/۳۰	۷/۳۳	۹۸/۳۳	۵۹۳۳/۳۳	۲۹/۸۹
C-85-3	b	a	۶/۳۳	۶۳/۲۰	۶/۳۳	۱۰۰/۰۰	۶۸۸۳/۳۳	۲۵/۴۲
C-85-6	b	a	۷/۳۳	۸۱/۴۰	۸/۰۰	۱۰۲/۶۷	۶۴۸۳/۳۳	۳۲/۷۴
C-86-3	b	a	۶/۰۰	۷۴/۲۰	۵/۶۷	۹۹/۳۳	۶۱۰۰/۰۰	۲۹/۸۵
C-86-5	b	a	۶/۳۳	۷۷/۰۰	۸/۰۰	۹۹/۰۰	۴۰۶۶/۶۷	۳۰/۹۷
C-86-6	a	b	۷/۶۷	۷۰/۴۰	۶/۶۷	۹۹/۶۷	۹۲۶۶/۶۷	۲۸/۳۲
پیشگام	a	b	۸/۰۰	۵۹/۷۰	۷/۰۰	۹۷/۳۳	۵۲۶۶/۶۷	۲۴/۰۲

Continued Table 3

ژنوتیپ	صفات مورفولوژیکی							
	RH1	RH2	تعداد برگ نهایی	ارتفاع (cm)	طول سنبله (cm)	تعداد روز تا ظهور سنبله	عملکرد دانه (kg/ha)	طول آخرین میانگره (cm)
	RH-B1	RH-D1						
تجن	b	a	۶/۶۷	۶۷/۴۰	۷/۶۷	۹۱/۶۷	۵۲۶۶/۶۷	۲۷/۱۱
شیرودی	b	a	۷/۶۷	۶۲/۳۰	۷/۳۳	۹۲/۶۷	۴۳۱۶/۶۷	۲۵/۰۶
دریا	a	b	۷/۰۰	۷۶/۴۰	۶/۶۷	۹۱/۳۳	۷۵۳۳/۳۳	۳۰/۷۳
آرتا	b	a	۷/۰۰	۸۲/۱۰	۶/۶۷	۹۲/۶۷	۷۷۵۰/۰۰	۲۳/۰۳
مروارید	a	a	۶/۶۷	۷۹/۷۰	۵/۵۰	۹۴/۶۷	۷۵۱۶/۶۷	۳۲/۰۶
گنبد	b	a	۷/۶۷	۷۰/۷۰	۵/۶۷	۹۹/۶۷	۸۱۸۳/۳۳	۲۸/۴۴
اروند	b	a	۷/۰۰	۷۲/۱۰	۵/۳۳	۹۷/۳۳	۳۲۳۳/۳۳	۲۹/۰۰
چناب	b	a	۷/۳۳	۷۱/۷۰	۶/۰۰	۹۷/۳۳	۲۷۳۳/۳۳	۲۸/۸۴
بیات	a	a	۶/۶۷	۹۰/۶۰	۷/۳۳	۱۰۳/۰۰	۸۵۱۶/۶۷	۳۶/۴۵
فلات	b	a	۷/۰۰	۷۴/۱۰	۵/۸۳	۹۳/۰۰	۴۸۱۶/۶۷	۲۹/۸۱
هیرمند	b	a	۷/۶۷	۷۱/۳۰	۵/۶۷	۹۶/۳۳	۴۵۸۳/۳۳	۲۸/۶۸
داراب ۲	b	a	۶/۰۰	۸۰/۳۰	۶/۶۷	۹۲/۶۷	۵۹۱۶/۶۷	۳۲/۳۰
اترک	b	a	۶/۳۳	۶۱/۴۰	۶/۰۰	۹۱/۰۰	۴۴۵۰/۰۰	۲۴/۷۰
چمران	b	a	۶/۰۰	۷۸/۰۰	۵/۸۳	۹۲/۰۰	۵۱۸۳/۳۳	۳۱/۳۸
استار	b	a	۶/۶۷	۷۰/۳۰	۶/۳۳	۹۴/۶۷	۳۸۰۰/۰۰	۲۸/۲۸
دز	b	a	۷/۳۳	۵۲/۳۰	۷/۰۰	۹۳/۶۷	۳۰۱۶/۶۷	۲۱/۰۴
ویناک	b	a	۶/۰۰	۵۶/۵۰	۶/۰۰	۹۷/۶۷	۳۹۶۶/۶۷	۲۲/۷۳
S-78-11	a	b	۶/۳۳	۸۰/۳۰	۶/۰۰	۹۹/۳۳	۶۴۵۰/۰۰	۳۲/۳۰
افلاک	b	a	۷/۰۰	۷۹/۸۰	۵/۶۷	۱۰۰/۶۷	۲۷۳۳/۳۳	۳۱/۶۸
چمران ۲	b	a	۷/۶۷	۷۸/۱۰	۶/۶۷	۹۹/۶۷	۵۱۸۳/۳۳	۲۹/۱۸
S-87-18	b	a	۷/۳۳	۶۹/۱۰	۶/۳۳	۹۱/۶۷	۴۴۰۰/۰۰	۳۰/۵۸
S-87-19	b	a	۷/۰۰	۸۰/۳۰	۵/۳۳	۹۶/۰۰	۶۴۵۰/۰۰	۳۲/۳۰
S-87-20	b	a	۷/۶۷	۶۶/۲۰	۵/۵۰	۹۶/۶۷	۶۶۳۳/۳۳	۲۶/۶۳
روشن	a	a	۷/۶۷	۱۱۰/۴۰	۷/۸۳	۹۵/۶۷	۴۵۶۶/۶۷	۳۴/۴۱
بک کراس روشن بهاره	b	a	۶/۰۰	۸۰/۴۰	۵/۱۷	۹۷/۶۷	۶۶۵۰/۰۰	۳۲/۳۴
بک کراس روشن زمستانه Roshan(W)	b	a	۷/۳۳	۸۴/۲۰	۸/۰۰	۱۰۱/۶۷	۶۸۶۶/۶۷	۳۳/۸۷
مارون	b	a	۶/۰۰	۷۰/۳۰	۷/۰۰	۹۱/۶۷	۵۷۰۰/۰۰	۲۸/۲۸
کوبر	b	a	۶/۶۷	۷۰/۳۰	۸/۰۰	۹۱/۳۳	۴۶۸۳/۳۳	۲۸/۲۸
هامون	a	b	۸/۰۰	۵۷/۴۰	۶/۰۰	۹۹/۳۳	۴۲۸۳/۳۳	۲۳/۰۹
بیم	a	b	۶/۰۰	۷۹/۹۰	۶/۳۳	۹۸/۳۳	۶۶۸۳/۳۳	۳۲/۱۴
نیشابور	a	b	۶/۳۳	۷۱/۰۰	۶/۵۰	۹۷/۶۷	۵۰۳۳/۳۳	۲۸/۵۶
سیستان	a	b	۷/۳۳	۷۶/۸۰	۷/۰۰	۹۸/۶۷	۶۵۳۳/۳۳	۳۰/۸۹
ارگ	a	b	۵/۶۷	۷۴/۵۰	۷/۱۷	۹۸/۰۰	۶۵۶۶/۶۷	۲۹/۹۷
آفق	b	a	۸/۰۰	۸۳/۷۰	۵/۳۳	۱۰۱/۶۷	۸۹۰۰/۰۰	۳۳/۶۷
یاوآروس	b	a	۷/۰۰	۶۲/۲۰	۷/۰۰	۹۵/۰۰	۵۹۱۶/۶۷	۲۵/۰۲
کرخه	b	a	۷/۳۳	۷۳/۸۰	۵/۰۰	۱۰۰/۰۰	۶۸۸۳/۳۳	۲۹/۶۹
آریا	b	a	۸/۳۳	۵۴/۱۰	۶/۱۷	۹۱/۰۰	۳۶۰۰/۰۰	۲۱/۷۶

Continued Table 3

ژنوتیپ	صفات مورفولوژیکی		تعداد برگ نهایی	ارتفاع (cm)	طول سنبله (cm)	تعداد روز تا ظهور سنبله	عملکرد دانه (kg/ha)	طول آخرین میانگره (cm)
	$Rht1$	$Rht2$						
دنا	b	a	۶/۰۰	۵۴/۳۰	۷/۸۳	۹۶/۳۳	۵۰۳۳/۳۳	۲۱/۸۴
آذر ۲	a	a	۷/۰۰	۹۸/۵۰	۶/۶۷	۹۴/۰۰	۴۲۶۶/۶۷	۴۳/۵۹
زاگرس	b	a	۶/۳۳	۷۲/۲۰	۸/۰۰	۹۱/۶۷	۵۱۳۳/۳۳	۳۱/۹۵
هما	a	a	۷/۳۳	۸۱/۴۰	۵/۳۳	۹۴/۰۰	۶۷۰۰/۰۰	۳۶/۰۲
رصد	a	a	۷/۰۰	۹۸/۲۰	۵/۶۷	۱۱۵/۶۷	۵۱۰۰/۰۰	۴۳/۴۶
اوحدی	a	a	۷/۳۳	۱۰۱/۴۰	۵/۳۳	۱۰۹/۶۷	۱۸۵۰/۰۰	۴۰/۷۹
کوهدشت	b	a	۶/۳۳	۷۵/۳۰	۵/۵۰	۹۹/۳۳	۱۷۶۶/۶۷	۳۰/۲۹
گهر	b	a	۶/۳۳	۷۴/۵۰	۵/۳۳	۹۹/۳۳	۶۶۸۳/۳۳	۲۷/۹۷
سیمره	b	a	۷/۶۷	۷۷/۲۰	۶/۶۷	۹۱/۰۰	۵۶۵۰/۰۰	۳۱/۰۵
کریم	a	b	۷/۶۷	۷۴/۸۰	۶/۳۳	۹۲/۳۳	۳۳۶۶/۶۷	۳۰/۰۹
C-85-D8	a	a	۷/۰۰	۷۸/۹۰	۶/۱۷	۱۰۰/۳۳	۵۹۱۶/۶۷	۳۱/۷۴
C-85-D9	a	a	۶/۶۷	۸۰/۴۰	۵/۶۷	۹۹/۶۷	۵۲۸۳/۳۳	۳۲/۳۴
C-85-D13	b	a	۶/۶۷	۷۸/۳۰	۵/۶۷	۱۰۰/۰۰	۵۱۰۰/۰۰	۳۱/۵۰
مغان ۳	b	a	۷/۰۰	۸۰/۱۰	۶/۰۰	۹۴/۶۷	۶۹۱۶/۶۷	۳۲/۲۲
گلستان	b	a	۶/۶۷	۸۳/۲۰	۶/۳۳	۹۶/۰۰	۵۸۱۶/۶۷	۳۳/۴۷
رسول	b	a	۷/۰۰	۶۸/۱۰	۷/۰۰	۹۲/۰۰	۵۹۰۰/۰۰	۲۷/۳۹
ریژاو	b	a	۷/۰۰	۷۸/۱۰	۶/۰۰	۹۲/۳۳	۵۱۱۶/۶۷	۳۱/۴۲
سبلان	a	a	۷/۰۰	۹۴/۰۰	۷/۳۳	۹۷/۳۳	۵۱۸۳/۳۳	۳۷/۸۱
سووین ۲۲۰	b	a	۷/۶۷	۶۰/۵۰	۵/۶۷	۱۰۱/۶۷	۴۱۰۰/۰۰	۲۴/۳۴
طیسی	a	a	۷/۶۷	۱۰۸/۷۰	۵/۳۳	۱۰۲/۶۷	۳۶۰۰/۰۰	۴۳/۷۳
ماهوتی	a	a	۷/۰۰	۹۴/۲۰	۷/۶۷	۹۹/۳۳	۳۲۱۶/۶۷	۳۷/۸۹
شعله	a	a	۷/۶۷	۹۰/۲۰	۷/۰۰	۱۰۰/۶۷	۷۳۰۰/۰۰	۳۹/۹۲
سرداری	a	a	۸/۰۰	۹۵/۵۰	۶/۶۷	۱۰۱/۰۰	۴۹۵۰/۰۰	۴۲/۲۶
بهاران	a	a	۷/۳۳	۹۳/۴۰	۶/۳۳	۹۴/۶۷	۵۲۵۰/۰۰	۴۱/۳۳
میانگین			۶/۹۳	۷۶/۳۱	۶/۵۲	۹۷/۴۹	۵۵۰۲/۸۹	۳۰/۹۶
ماکزیمم			۸/۳۳	۱۱۰/۴۰	۸/۶۷	۱۱۵/۶۷	۹۲۶۶/۶۷	۴۴/۴۱
مینیمم			۵/۶۷	۵۲/۳۰	۵/۰۰	۹۰/۶۷	۱۱۸۳/۳۳	۲۱/۰۴
LSD (P<0.05)			۰/۴۷	۸/۸۹	۰/۷۹	۳/۳۰	۱۵۱/۹۸	۴/۵۰

متوسط ارتفاع ۹۴/۲۲ سانتی‌متر بودند که از متوسط ارتفاع سایر ارقام ۲۳/۵ درصد بیشتر بودند. کاهش ارتفاع بوته سبب بهبود مؤثر عملکرد محصول در گندم نان و ماکارونی می‌گردد (۲). همچنین این ارقام دارای تعداد روز از جوانه‌زنی تا گلدهی بیشتر (تأخیر در تاریخ گلدهی) و تعداد برگ نهایی بیشتری از سایر ارقام بودند. این نتایج با نتایج دورا و همکاران (۷) که اثر ژن *Rht5* را در گندم بررسی کردند مشابهت داشت. آن‌ها گزارش کردند که ژن پاکوتاهی سبب کاهش ارتفاع ۲۳/۱۶ درصدی گردیده است و سبب تأخیر در تاریخ گلدهی و رسیدگی گردید.

ارقام دارای هر دو آلل پابلندی (aa) شامل ارقام کرج ۱، کرج ۲، مروراید، بیات، روشن، آذر ۲، هما، رصد، اوحدی، سبلان، طیسی، ماهوتی، شعله، سرداری، بهاران، C-85-D8 و C-85-D9 بودند که غالباً دارای رفتار رشدی زمستانه یا بینابین متمایل به زمستانه هستند. دلیل این امر آن است که گیاهانی که دیر گل می‌دهند، ارتفاع بلندتری دارند (۲۶). بنابراین به نظر می‌رسد بین آلل‌های پاسخ به بهاره‌سازی و

فراوانی آلل *Rht1-b* در بین آلل‌های مورد بررسی از بقیه آلل‌ها در ژنوتیپ‌های مورد بررسی بیشتر بود که نشان‌دهنده وجود این آلل پاکوتاهی در بین ژنوتیپ‌ها می‌باشد (جدول ۳ و ۴). با توجه به اینکه اغلب ارقام از طریق مراکز تحقیقاتی بین‌المللی وارد کشور شده‌اند و مراحل اصلاحی در داخل کشور انجام گرفته است احتمال ورود ژن‌های پاکوتاهی را از این مراکز تحقیقاتی به خصوص مرکز تحقیقات بین‌المللی گندم و ذرت زیاد می‌کند. ارقام دارای حداقل یکی از آلل‌های پاکوتاهی (یعنی ارقام دارای ژنوتیپ *Rht1-b/Rht1-a* و *Rht1-b/Rht1-a*) حدود ۸۲/۶۵ درصد از کل ارقام مورد بررسی را شامل شد. این فراوانی آلل‌های پاکوتاه با اظهارات ایوانز (۱۳) مطابقت دارد که اعلام داشت فراوانی آلل‌های پاکوتاهی در ارقام گندم کل دنیا بیشتر از ۷۰ درصد می‌باشد. کمترین ترکیب آلی مربوط به وجود آلل پابلندی در هر دو مکان مورد بررسی یعنی *Rht1-a/Rht1-a* با فراوانی ۱۷/۳۵ درصد بود (جدول ۴). این ارقام به دلیل عدم ورود این دو آلل پاکوتاهی دارای

ارتفاع گیاه ارتباط وجود داشته باشد (۲۳). این ارتباط در پژوهش دنگ و همکاران (۸) نیز گزارش شده است. این ارتباط از طریق تولید هورمون جیبرلین توسط ژن‌های بهاره‌سازی کنترل می‌گردد. تنظیم سطح هورمون‌های پایین دستی *VRNI* (مثل اسید جیبرلیک) که در بهاره‌سازی نقش دارند، ممکن است گلدهی یا دیگر فرآیندهای نموی گیاه مانند ارتفاع نهایی را تحت تأثیر قرار دهد (۱۹،۸،۴).
 بیشترین درصد ترکیب آلی مربوط به *RhtBI-b/RhtDI-a* با فراوانی ۶۶/۳۳ درصد بود (جدول ۴). این ترکیب آلی در ارقام مورد بررسی باعث ایجاد برگ نهایی ۶/۸۹ ارتفاع بوته ۷۲/۸۵ سانتی متر، طول سنبله ۶/۶ سانتی متر و تعداد روز تا گلدهی ۹۶/۷۶ روز شدند (جدول ۴). ۱۶ رقم از کل ارقام مورد بررسی دارای ترکیب آلی *Rht BI-a/Rht DI-b* بودند که ۱۶/۳۳ درصد کل ارقام مورد بررسی را شامل می‌شدند و به ترتیب دارای ۶/۹ برگ نهایی، ۷۱/۳۳ سانتی متر ارتفاع بوته،

۶/۸۸ سانتی‌متر طول سنبله و ۹۷/۷۵ روز تا گلدهی بودند (جدول ۴). ۱۷/۳۵ درصد از ارقام دارای ترکیب آلی *RhtBI-a/RhtDI-a* بودند که این ارقام دارای میانگین تعداد ۷/۰۸ برگ نهایی، ۹۴/۳۳ سانتی‌متر ارتفاع بوته، ۶/۵۲ سانتی‌متر طول سنبله و ۱۰۰/۰۶ روز تا گلدهی بودند (جدول ۴). تجزیه همبستگی صفات مورد بررسی با ترکیب آلی در ارقام گندم مورد بررسی در این تحقیق حاکی از آن بود که همبستگی معنی‌داری بین ترکیب آلی *RhtBI/RhtDI* با صفات تعداد روز تا گلدهی، طول سنبله و تعداد برگ نهایی وجود ندارد و این ترکیبات آلی فقط همبستگی منفی و معنی‌داری با صفت ارتفاع بوته در سطح احتمال ۱٪ داشتند (جدول ۵). در بین صفات مورد بررسی نیز تنها صفات ارتفاع بوته و تعداد روز تا گلدهی همبستگی مثبت و معنی‌دار داشتند که نشان‌دهنده آن است ارقام با ارتفاع بیشتر به تعداد روز بیشتری برای رسیدن به گلدهی نیاز دارند.

جدول ۴- اثرات ترکیب آلی بر صفات مختلف ژنوتیپ‌های گندم مورد بررسی

Table 4. Effect of allele compositions on different traits of wheat genotypes

گروه	<i>Rht-BI</i>	<i>Rht-DI</i>	درصد	تعداد برگ نهایی	ارتفاع (cm)	طول سنبله (cm)	تعداد روز تا ظهور سنبله	عملکرد دانه (kg/ha)	طول آخرین میانگه (cm)
۱	a	a	۱۷/۳۵	۷/۰۸±۰/۲۰*	۹۴/۲۲±۴/۶۷	۶/۵۲±۰/۴۴	۱۰۰/۰۶±۲/۷۴	۵۱۹۲±۷۸۵/۲	۳۹/۲۲±۲/۰۱
۲	a	b	۱۶/۳۳	۶/۹۰±۰/۳۷	۷۱/۳۳±۴/۳۲	۶/۸۸±۰/۳۴	۹۷/۷۵±۱/۳۵	۵۸۰۰±۷۱۶/۲	۲۸/۶۹±۱/۷۴
۳	b	a	۶۶/۳۳	۶/۸۹±۰/۱۴	۷۲/۸۵±۲/۰۱	۶/۶۰±۰/۹۶	۹۶/۷۶±۰/۹۵	۵۵۱۱±۳۶۶/۸	۲۹/۳۵±۰/۸۱

*: فاصله اطمینان ۹۵ درصد برآورد

جدول ۵- همبستگی صفات مختلف در ژنوتیپ‌های گندم مورد بررسی

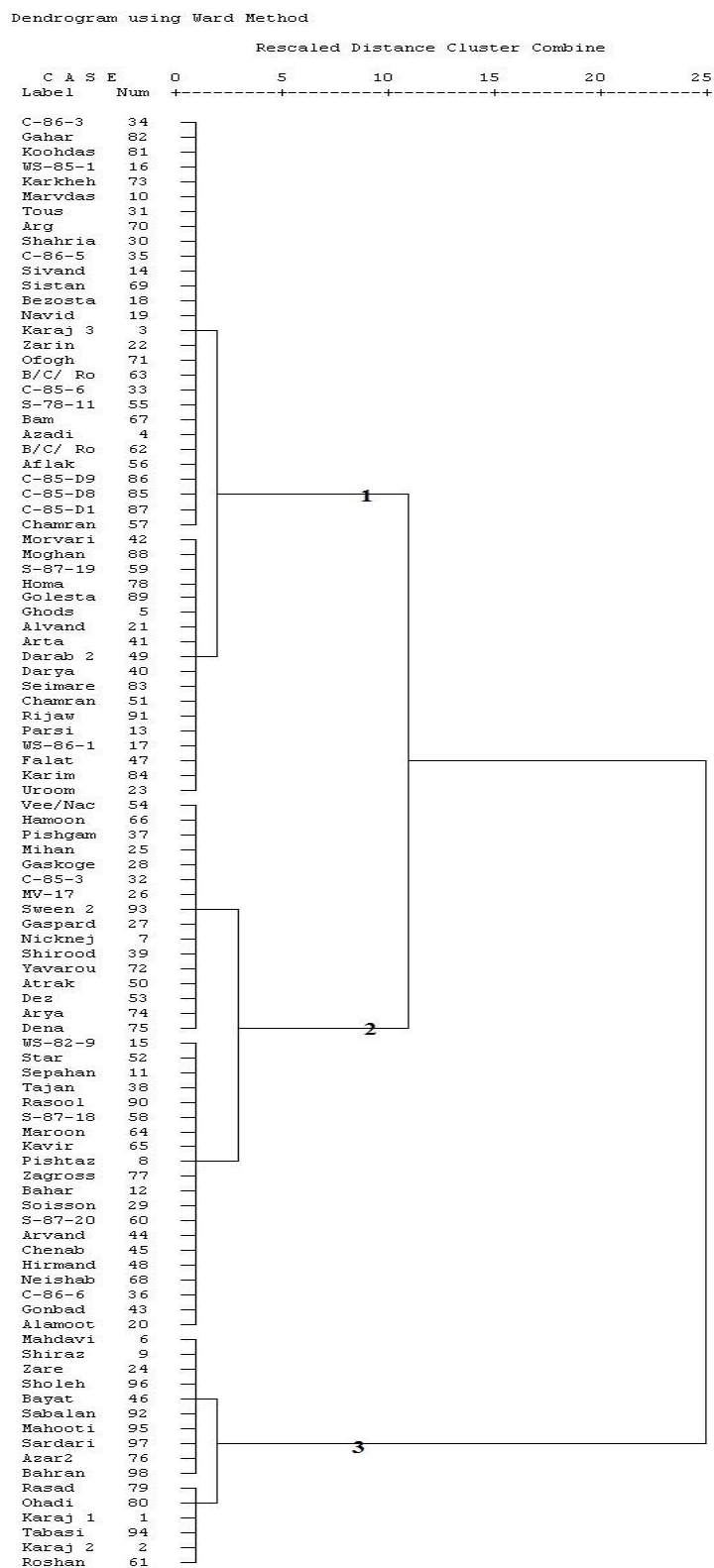
Table 5. The correlation between different traits of the studied wheat genotypes

	تعداد روز تا گلدهی	طول سنبله	ارتفاع	تعداد برگ نهایی	ترکیب آلی	طول آخرین میانگه	عملکرد دانه
تعداد روز تا گلدهی	۱						
طول سنبله	-۰/۰۷ ^{ns}	۱					
ارتفاع	۰/۳۱۰**	۰/۰۲۱ ^{ns}	۱				
تعداد برگ نهایی	۰/۰۷۸ ^{ns}	-۰/۰۷۶ ^{ns}	۰/۰۲۳ ^{ns}	۱			
ترکیب آلی	-۰/۱۶۴ ^{ns}	۰/۱۱۳ ^{ns}	-۰/۵۷۱**	-۰/۰۹۴ ^{ns}	۱		
طول آخرین میانگه	۰/۰۱۱ ^{ns}	۰/۳۵۵**	-۰/۸۵۱**	۰/۰۳۵ ^{ns}	-۰/۶۰۴**	۱	
عملکرد دانه	۰/۰۰۴ ^{ns}	۰/۰۰۹ ^{ns}	-۰/۰۱۴ ^{ns}	-۰/۰۸۲ ^{ns}	۰/۱۱۷ ^{ns}	-۰/۰۱۴ ^{ns}	۱

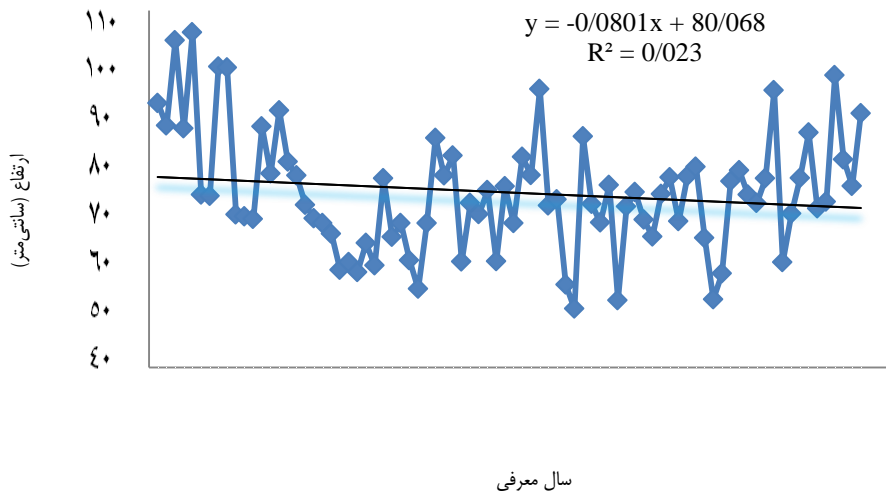
* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح ۵ و ۱ درصد و ns: غیر معنی‌دار

دو ژن پاکوتاهی مورد بررسی بودند، هر چند ژنوتیپ‌های این گروه از لحاظ صفات تعداد برگ نهایی در ساقه اصلی، تعداد روز تا گلدهی و طول سنبله در وضعیت حد واسط دو گروه دیگر قرار داشتند (شکل ۱). گروه سوم نیز فقط شامل ۱۶ ژنوتیپ بود. بر اساس جدول ۳ ژنوتیپ‌های این گروه بیشتر دارای ترکیب آلی aa هستند که بیشترین ارتفاع و بیشترین تعداد روز تا گلدهی را نسبت به ژنوتیپ‌های دیگر دارا بودند (جدول ۴).

پس از انجام تجزیه خوشه‌ای و برش دندروگرام حاصله در فاصله ۱۰ واحد در سطحی که اختلاف بین سطوح گروه‌بندی زیاد باشد (۱۶)، ۹۸ ژنوتیپ مورد بررسی در ۳ گروه قرار گرفتند (شکل ۱). گروه اول شامل ۴۶ ژنوتیپ بود که بیشتر ژنوتیپ‌های با ترکیب آلی ba را شامل می‌شود (شکل ۱) که بر اساس جدول ۴ نیز این گروه بیشترین فراوانی را به خود اختصاص داد و میانگین ارتفاع این گروه در حدود ۷۳ سانتی‌متر بود (جدول ۴). گروه دوم شامل ۳۶ ژنوتیپ بود که اغلب ژنوتیپ‌های این گروه نیز دارای ترکیب آلی ab برای



شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های گندم بر اساس صفات مورد بررسی به روش وارد
 Figure 1. The dendrogram of cluster analysis of wheat genotypes based on measured traits using Ward's method



شکل ۲- تغییرات مربوط به ارتفاع ژنوتیپ‌های گندم مورد بررسی بر اساس سال معرفی
Figure 2. The changes of wheat genotypes height based on the year of released

ارقام گندم کاسته شده است. بنابراین پس از گذشت زمان و با ورود ارقام پاکوتاه خارجی، فراوانی این آلل‌ها افزایش یافته‌است.

به‌طور کلی، گرایش به‌نژادی در ایران طی گذشت زمان به کاهش ارتفاع و افزایش تجمع آلل‌های پاکوتاهی منجر شده‌است. اکثر ارقام مورد بررسی دارای ترکیب آلی *Rht BI-b/RhtD1- a* بودند که باعث ایجاد کمترین ارتفاع در ارقام مورد بررسی شد. تأثیر این ترکیب آلی بر صفات تعداد برگ نهایی و تعداد روز تا گلدهی در مقایسه با ارقامی که این ترکیب آلی را نداشتند، کاهش قابل ملاحظه‌ای را ایجاد کرده بود.

با توجه به این‌که ژن‌های مختلفی در ایجاد ارتفاع در ارقام مختلف نقش دارند، پیشنهاد می‌گردد علاوه بر این دو ژن که اصلی‌ترین ژن‌ها هستند، ترکیب آلی سایر ژن‌ها نیز بخصوص در ارقام جدید مورد بررسی قرار گیرند تا تصویر واضح‌تری از اثرات این آلل‌ها بر صفت ارتفاع و متعاقب آن کودپذیری، مقاومت به ورس و در نهایت عملکرد داشته باشیم.

استفاده از این گروه‌بندی‌ها ضمن حصول اطلاعات مربوط به پراکندگی آلل‌های کوتاهی در ژنوتیپ‌های ایرانی گندم می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی بهبود مقاومت به ورس و افزایش عملکرد در گندم بر اساس همبستگی سه صفت مورفولوژیکی تعداد برگ نهایی در ساقه، تعداد روز تا گلدهی و طول سنبله با صفت عملکرد دانه، مؤثر باشد. به طوری‌که می‌توان ژنوتیپ‌های دارای آلل پاکوتاهی (مثلاً ترکیب آلی ترکیب آلی *Rht BI-b/RhtD1- a*) را در تلاقی‌ها شرکت داد یا بوسیله روش‌های مولکولی آلل‌های مؤثر در پاکوتاهی را به ارقام پابلند با سازگاری مناسب با منطقه مورد نظر انتقال داد تا گیاهانی کودپذیرتر، متحمل‌تر به خوابیدگی و در نهایت با توان تولیدی بیشتر داشته باشیم.

تغییرات ارتفاع بوته براساس سال معرفی ارقام در شکل ۲ آورده شده است. همان‌گونه که در این شکل مشاهده می‌شود، ارتفاع بوته تغییرات تصادفی داشته است، گرچه این تغییرات در طی این مدت با شیب ملایم کاهشی می‌باشد ($R^2=0/023$). نخستین ارقام اصلاح شده در ایران از میان ارقام بومی انتخاب شده‌اند اما به‌تدریج با ورود و معرفی ارقام جدید از مراکز تحقیقات بین‌المللی سمیت و ایکاردا از ارتفاع

منابع

- Allan, R.E. 1989. Agronomic Comparisons between *Rht1* and *Rht2* Semi dwarf genes in winter wheat. *Crop Science*, 29: 1103-1108.
- Bakshi, S., K.A. Nayeem, S.G. Bhagwat, A. Shitre and B.K. Das. 2014. Characterization of GA3 Insensitive Reduced Height Mutant of Emmer Wheat. Var. NP200 (*Triticum Dicoccum* L.). *Advances in Crop Science and Technology*, 2: 132. doi:10.4172/2329-8863.1000132
- Battenfield, S.D., A.R. Klatt and W.R. Raun. 2013. Genetic yield potential improvement of semi dwarf winter wheat in the Great Plains. *Crop Science*, 53: 946-955.
- Boden, S.A., D. Weiss, J.J. Ross, N.W. Davies, B. Trevaskis, P.M. Chandler and S.M. Swain. 2014. Early flowering3 regulates flowering in spring barley by mediating gibberellins production and flowering locus expression. *Plant Cell*, 29: 1557-1569.
- Borlaug, N.E. 1968. Wheat breeding and its impact on world food supply. In: Finlay, E.W. and K.W. Sheperd (eds.), *Proceedings of the 3rd International Wheat Genetics Symposium*, 5-15 pp. Canberra: Australian Academy of Science.
- Borner, A., J. Plaschke, V. Korzun and A.J. Worland. 1996. The relationship between the dwarfing genes of wheat and rye. *Euphytica*, 89:69-75.
- Daoura, B.G., L. Chen, and Y.G. Hu. 2013. Agronomic traits affected by dwarfing gene *Rht-5* in common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Australian Journal of Crop Science*, 7(9): 1270-1276.
- Deng, W., M.C. Casao, P. Wang, K. Sato, P. M. Hayes, E.J. Finnegan and B. Trevaskis. 2015. Direct links between the vernalization response and other key traits of cereal crops. *Nature Communications*, 6:58- 82. DOI: 10.1038/ncomms6882.
- Derikvand, R., E. Farshadfar and F. Nazarian. 2004. Genetic study of some morpho-physiological traits in bread wheat lines under dryland conditions using diallel crossing. *Seed and Plant Improvement Journal*, 20(4): 429-444 (In Persian).
- Divashuka, M.G., A.V. Vasilyevb, L.A. Bespalovab and G.I. Karlova. 2012. Identity of the *Rht11* and *Rht1le* reduced plant height genes. *Russian Journal of Genetics*, 48(7): 761-763.
- Ellis, M.H., G.J. Rebetzke and P. Chandler. 2004. The effect of different height reducing genes on the early growth of wheat. *Functional Plant Biology*, 31: 583-589.
- Ellis, M.H., W. Spielmeier and K.R. Gale. 2002. "Perfect" Markers for the *Rht_B1b* and *Rht_D1b* Dwarfing Genes in Wheat. *Theoretical Applied Genetics*, 105: 1038-1042.
- Evans, L.T. 1998. *Feeding the Ten Billion: Plant and Population Growth*, Cambridge: Cambridge University Press. 247 p.
- Gale, M.D. and S. Youssefian. 1985. Dwarfing genes in wheat, In: *progress in plant breeding*, Russell, G.E. (ed.), 1-35 pp. London: Butterworths, UK.
- Hoogendoorn, J., J.M. Richson and M.D. Gale. 1990. Differences in Leaf and Stem Anatomy Related to Plant Height of Tall and Dwarf Wheat. *Journal of Plant Physiology*, 136: 72-77.
- Jobson, J.D. 1992. *Applied Multivariate Data Analysis. Vol II: Categorical and Multivariate Methods*. Springer-Verlag Press. N.Y., USA. 768 pp.
- Keyes, G.J., D.J. Paolillo and M.E. Sorrells. 1989. The effects of dwarfing genes *Rht 1* and *Rht 2* on cellular dimensions and rate of leaf elongation in wheat. *Annals of Botany*, 64: 683-690.
- McIntosh, R.A., J. Dubcovsky and W.J. Rogers. 2009. *Catalogue of Gene Symbols for Wheat*, in *Komugi Integrated Wheat Science Database*, from <http://www.shigen.nig.ac.jp.wheat.komugi.genes.macgene>.
- Pearce, S., L. Vanzetti and J. Dubcovsky. 2013. Exogenous gibberellins induce wheat spike development under short days only in the presence of *vernalization1*. *Plant Physiology*, 163:1433-1445.
- Pearce, S., R. Saville and S.P. Vaughan. 2011. Molecular characterization of *Rht_1* dwarfing genes in hexaploid wheat. *Plant Physiology*, 157:1820-1831, doi:10.1104/pp.111.183657.
- Peng, J.R., D.E. Richards and N.M. Hartley. 1999. 'Green Revolution' genes encode mutant gibberellins response modulators. *Nature*, 400: 256-261.
- Rudd, J.C. 2009. Success in wheat improvement. In: B.F. Carver, editor, *Wheat: Science and trade*. Wiley-Blackwell, Ames, IA. pp: 387-395.
- Sadeghzadeh Ahari, D., S. Bahrami and H. Pashapour. 2006. Evaluation of durum wheat germplasm growth habit and its relationship with some agronomic traits and grain yield in cold dry land conditions. *Journal of Agricultural Sciences*, 12(3): 602-611.
- SAS Institute. 2003. *Foundation for 64-bit Microsoft Windows*. SAS Inst., Carry, NC.
- Tang, N., Y. Jiang, B. He and Y. Hu. 2009. The effects of dwarfing genes (*Rht-B1b*, *Rht-D1b*, and *Rht8*) with different sensitivity to *ga3* on the coleoptiles length and plant height of wheat. *Agricultural Sciences in China*, 8: 1028-1038.
- Wooten, D.R., D.P. Livingston, H.J. Lyerly, J.B. Holland, E.N. Jellen, D.S. Marshall and J.P. Murphy. 2009. Quantitative Trait Loci and Epistasis for Oat Winter-Hardiness Component Traits. *Crop Science*, 49:1989-1998.

Allelic Distribution in Some of Dwarfing Genes in Iranian Wheat (*Triticum aestivum* L.) Genotypes

Seyyed Hamid Reza Ramazani¹, Habibollah Ghazvini², Mohammad Reza Jalal Kamali³ and Elias Arazmjoo⁴

1- Assistant Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Sarayan Agricultural College, University of Birjand, Iran (Corresponding author: hrramazani@Birjand.ac.ir)

2- Associate Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

3- Principal Scientist-Wheat Breeder, Global Wheat Program, International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), Karaj, Iran

4- Researcher at Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, South Khorasan, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Birjand, Iran

Received: November 25, 2016 Accepted: September 12, 2017

Abstract

Decrease the plant height using the *Rht* genes is one of the main strategies to improve the resistance to lodging and fertilization and to increase the productivity in wheat. In Iran, like to other parts of world, these genes are entered to new introduced and released varieties. To study allelic diversity of two main dwarf genes (*Rht-D1b* and *Rht-B1b*) and their effects on morphological traits of 98 Iranian wheat cultivars, this study was conducted in filed and molecular level using specific STS-PCR primers. Correlation analysis among morphological traits such as plant height, final leaf number, spike length and days to heading with dwarfism alleles was done. Results showed that the highest percentage of allelic composition was related to *Rht B1-b/Rht D1-a* with 66.33%. Also 82.65% of the studied cultivars at least carried one of the dwarfism alleles that it verify the entrance of dwarfism genes into Iranian wheat cultivars. Only plant height had negative and significant correlation with dwarfism alleles ($r=-0.571^{**}$). The results of cluster analysis showed that genotypes were classified into 3 groups. The first group, have *Rht B1-b/Rht D1-a* genotype, Group II have *Rht B1-a/Rht D1-b* genotype and the third group have *Rht B1-a/Rht D1-a* genotype. Proper using of these genes in breeding programs can improve lodging resistance and also increase grain yield in wheat.

Keywords: Allelic diversity, Plant height, *Rht* gene