



ارزیابی مورفولوژیکی و مبتنی بر نشانگر برای سنبله‌دهی در گندم

ساسان گل چشمه^۱، محمدهادی پهلوانی^۲، محسن اسماعیل‌زاده مقدم^۳ و خلیل زینلی‌نژاد^۴

۱ و ۴- دانش‌آموخته کارشناسی‌ارشد و استادیار، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان
۲- دانشیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، (نویسنده مسوول: hpahlavani@yahoo.com)
۳- دانشیار موسسه تحقیقات، اصلاح و تهیه نهال بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، البرز، ایران
تاریخ دریافت: ۹۶/۷/۴ تاریخ پذیرش: ۹۶/۱۰/۲۳

صفحه: ۱۵۳ تا ۱۶۰

چکیده

پژوهش حاضر به منظور مطالعه تنوع مورفولوژیکی و بررسی ارتباط بین نشانگر مولکولی مرتبط با سنبله‌دهی در ژنوتیپ‌های گندم نان، در دو بخش مزرعه و آزمایشگاه صورت پذیرفت. در آزمایش مزرعه‌ای از سه میزان تراکم بذر شامل ۱۵۰، ۳۰۰ و ۴۵۰ دانه در مترمربع به‌عنوان عامل اصلی و از ۱۰ ژنوتیپ گندم نان شامل ارقام آرتا، اینیا، تجن، دریا، شیرودی، گلستان، گنبد، مروارید، مغان^۳ و لاین N-87-20 به‌عنوان عامل فرعی به‌صورت کرت‌های خرد شده در سه تکرار استفاده گردید. صفات شامل تعداد سنبله‌های فرعی، وزن سنبله‌های اصلی و فرعی، سهم سنبله‌های اصلی و فرعی، عملکرد دانه در کرت و در بوته، طول سنبله اصلی و ارتفاع بوته بودند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد عامل ژنوتیپ روی همه صفات تأثیر معنی‌دار داشته، درحالی‌که اثر عامل تراکم برای متغیرهای وزن سنبله‌های اصلی و فرعی، عملکرد دانه در کرت و در بوته و طول سنبله اصلی معنی‌دار بود. هیچ یک از صفات تحت تأثیر اثر متقابل ژنوتیپ × تراکم قرار نگرفتند. با توجه به نتایج، تراکم و ژنوتیپ نقش مهم در عملکرد دانه ژنوتیپ‌های گندم داشتند ولی اثر ژنوتیپ بیش‌تر از تراکم بود. در آزمایش مولکولی از نشانگر SSR با نام Xgwm136 مرتبط با ژن tin (مربوط به تعداد سنبله) در ژنوتیپ‌های گندم استفاده شد. بررسی محصول PCR این نشانگر بر روی ژل پلی‌اکریل‌امید نشان داد حضور باند با اندازه ۳۰۰ تا ۳۵۰ جفت‌باز که احتمالاً با کاهش تعداد سنبله‌های فرعی (پنجه) مرتبط است، در ژنوتیپ‌های تجن، شیرودی، گلستان، دریا و گنبد که قبلاً پایین بودن تعداد سنبله‌های فرعی آن‌ها در آزمایش مزرعه‌ای اثبات شده بود، تأیید گردید. بنابراین می‌توان گفت کارایی نشانگر tin برای غربال‌گری ژنوتیپ‌های گندم نان برای تعداد سنبله‌های فرعی کم‌تر اثبات گردید.

واژه‌های کلیدی: پنجه، تراکم، سنبله، گندم نان، نشانگر، SSR

مقدمه

گندم به‌عنوان مهم‌ترین و سازگارترین گیاه زراعی، غذای اصلی انسان به‌شمار می‌آید که به‌طور مستقیم و یا محصولات فرآوری شده مورد مصرف قرار می‌گیرد. گندم نان (*Triticum aestivum* L.) گیاهی است تک لپه، خودگشن، علفی و یک‌ساله از تیره غلات که دارای انواع مختلفی است (۱۳۶). کشت و تولید جهانی گندم از سایر محصولات بیش‌تر است و میزان تولید سالانه آن در جهان ۷۳۷/۸ میلیون تن و مصرف معادل ۷۱۸ میلیون تن است و کشور چین با تولید ۱۳۱ میلیون تن در رتبه نخست و سه کشور قزاقستان، روسیه و اکراین جمعاً با تولید ۱۰۵ میلیون تن در رتبه دوم و کشور هند با تولید ۹۷ میلیون تن در رتبه سوم ایستاده‌اند (۷). در سال زراعی ۹۴-۱۳۹۳ میزان تولید گندم ایران حدود ۱۱/۵ میلیون تن گزارش شده که معادل ۱۴/۹۶ درصد از کل تولید محصولات زراعی کشور است (۴). آمار جهانی و داخلی تولید گندم نشان می‌دهد از نظر تولید گندم، ایران در رتبه دوازدهم قرار دارد (۷). از طرفی کوچک شدن زمین‌های کشاورزی و کاهش منابع آبی، صنعت کشاورزی را به سمتی پیش می‌برد که با کم‌ترین منابع، بیش‌ترین عملکرد حاصل آید. لذا محققان با به‌نژادی ژنوتیپ‌ها و یا اجرای طرح‌های تحقیقاتی و بررسی اجزای مختلف و مرتبط با عملکرد، سعی در افزایش تولید گندم دارند. بررسی رابطه بین اجزای گیاه با عملکرد در گیاهان زراعی مانند گندم، یکی از موضوعات مورد مطالعه محققان است. عملکرد دانه گندم ناشی از اثرات جمعی اجزای متشکله آن شامل تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبله در

واحد سطح و وزن هزار دانه می‌باشد. از آنجایی که ژنوتیپ‌های گندم از لحاظ اندازه صفات مورفولوژیک همانند ارتفاع بوته و طول سنبله با هم تفاوت دارند و عملکرد دانه نیز تحت تأثیر مستقیم و غیرمستقیم این صفات است، لذا معیار قرار دادن صفات گزینشی دیگری غیر از عملکرد دانه که دارای ثبات بیش‌تری نسبت به این صفت هستند می‌تواند به گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب کمک نماید (۲۱). تعداد سنبله در واحد سطح اغلب مهم‌ترین جزء عملکرد برای گندم به‌حساب می‌آید (۱۱) و درک ارتباط بین سنبله‌ها با عملکرد دانه می‌تواند در افزایش تولید کمک شایانی نماید. معمولاً تعداد پنجه‌ها هم‌ارز با تعداد سنبله می‌باشد که به سنبله اصلی که روی ساقه اصلی و سنبله‌های فرعی که روی پنجه‌ها ظاهر می‌شوند تفکیک می‌گردند. نخستین ساقه‌ای که پس از کاشت بذر از خاک بیرون می‌آید ساقه اصلی نامیده می‌شود و ساقه‌های فرعی که بعد ظاهر می‌شوند را پنجه می‌نامند (۱۹). سنبله‌های فرعی زیاد در گندم زمانی مفید شناخته می‌شوند که عوامل جوی مانند سرمای زمستان و خشکی اوایل بهار تعدادی از ساقه‌ها را از بین برده باشد؛ در این صورت، ساقه‌های بعدی می‌توانند جای ساقه‌های از بین رفته قبلی را پر کنند (۱۶). بنا به گفته ثیری و همکاران (۲۲) بخش اعظم عملکرد دانه گندم از سنبله‌های فرعی تولید می‌شود که در شرایط طبیعی حدود ۷۰ درصد می‌باشد. صفت سنبله‌دهی در غلات یک صفت ژنتیکی است، اما عوامل آب و هوایی، رژیم‌های غذایی، نور و حرارت و روش‌های کاشت نیز بر آن تأثیر می‌گذارند (۲۴). یکی از عوامل مؤثر محیطی در سنبله‌دهی گندم، تراکم بوته در واحد

شرایط محیطی نمی‌تواند بر روی آن‌ها تاثیر بگذارد و کوچک‌ترین اختلاف بین دو ژنوتیپ توسط نشانگرهای مولکولی قابل رویت است. در این زمینه نشانگرهای متنوعی وجود دارد. اگر هدف، رهگیری ژن‌های مرتبط با صفاتی مانند سنبله‌دهی باشد، نشانگرهای ریزماهوره می‌توانند گزینه خوبی در این زمینه باشند. به‌عنوان نمونه در پژوهشی که با هدف شناسایی نشانگرهای مرتبط با صفات زراعی شامل بیوماس، وزن سنبله و عملکرد دانه در ۴۰ ژنوتیپ مختلف گندم دوروم با استفاده از ۱۶ آغازگر SSR مورد مطالعه قرار گرفت، نشان داده شد که از لحاظ داده‌های صفات زراعی و نشانگر مولکولی در بین ژنوتیپ‌ها تنوع کافی وجود دارد (۱۷).

هدف از انجام این تحقیق تعیین سهم نسبی سنبله اصلی و سنبله‌های فرعی در عملکرد دانه ژنوتیپ‌های گندم و اثر سطوح مختلف تراکم کشت بر این نسبت بود. همچنین با استفاده از نشانگر مولکولی مرتبط وجود ژن کاهش‌دهنده تعداد سنبله (*tin*)^۱ در این ژنوتیپ‌ها مورد ارزیابی قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

این مطالعه در دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان در سال‌های ۱۳۹۴ و ۱۳۹۵ در دو بخش مزرعه و آزمایشگاه انجام شد. در آزمایش مزرعه‌ای طرح آزمایشی مورد استفاده طرح کرت‌های خرد شده با سه تکرار بود. فاکتورهای مورد بررسی شامل تراکم کاشت با سه سطح ۱۵۰، ۳۰۰ و ۴۵۰ دانه در مترمربع به‌عنوان عامل اصلی و ۱۰ ژنوتیپ گندم نان شامل ارقام آرتا، اینیا، تجن، دریا، شیروودی، گلستان، گنبد، مروارید، مغان^۳ و به‌همراه لاین N-87-20 به‌عنوان عامل فرعی بودند. این ژنوتیپ‌ها به‌دلیل رواج استفاده در منطقه و تنوع در سنبله‌دهی مورد استفاده قرار گرفتند. ویژگی‌های ژنوتیپ‌های مورد استفاده در مطالعه حاضر در جدول ۱ شرح داده شده است.

سطح است، به‌طوری که با افزایش تراکم بوته، از تعداد سنبله‌های بارور کاسته می‌شود، هر چند ژنوتیپی که به‌طور ژنتیکی از قدرت پنجه‌زنی بالایی برخوردار است در تراکم‌های بالا نیز پنجه‌زنی بالایی خواهد داشت، ولی درصد کمی از این پنجه‌ها، بارور شده و به سنبله منتهی می‌شود و در این میان سنبله‌های غیربارور، سبب هدر رفت مقدار زیادی از انرژی گیاه می‌شوند. از این رو قدرت سنبله‌دهی بسته به شرایط مختلف محیطی، متفاوت و بسیار متغیر است. این شرایط باعث می‌شود تا غلات و از جمله گندم، قابلیت انعطاف‌پذیری زیادی از نظر قدرت سنبله‌دهی داشته باشند (۱۴). در آزمایشی عبدالرحمنی نشان داد که تراکم‌های مختلف کاشت بر عملکرد و اجزای عملکرد ژنوتیپ‌های گندم تأثیر به‌سزایی دارد (۱).

تعداد سنبله بارور، یک ویژگی ژنتیکی پیچیده است که تحت اثر چندین ژن قرار دارد (۲۴). مسلماً انتخاب ژنوتیپ با میزان سنبله‌دهی خوب با تراکم مناسب می‌تواند در افزایش عملکرد دانه گندم نقش بازی کند. انتخاب منوط به وجود تنوع ژنتیکی در بین ژنوتیپ‌ها می‌باشد که باید اندازه‌گیری شود. بررسی تنوع ژنتیکی و روابط بین عملکرد دانه با صفات زراعی موضوع مطالعات بسیاری از محققان بوده است (۵،۳). از روش‌های مرسوم ارزیابی تنوع ژنتیکی، اندازه‌گیری صفات زراعی و استفاده از نشانگرهای مولکولی می‌باشد (۱۵). انجام طرح‌های تحقیقاتی و کشت ژنوتیپ‌هایی با تنوع کافی و در نهایت تجزیه و تحلیل داده‌های حاصل از اندازه‌گیری صفات زراعی می‌تواند روشی مناسب برای انتخاب باشد. ولی صفات زراعی اگر تحت تاثیر محیط قرار گیرند، اندازه‌گیری آن‌ها در شرایط مختلف گمراه‌کننده خواهد بود. روش دیگر استفاده از نشانگرهای مولکولی مرتبط با صفات مورفولوژیکی می‌باشد که به‌راحتی می‌توانند تنوع را در بین ژنوتیپ‌های گندم نشان دهند. زیرا نشانگرهای مولکولی در سطح ژنوم عمل کرده و

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های گندم مورد بررسی در مطالعه حاضر

Table 1. Characteristics of wheat genotypes investigated in this study

نام ژنوتیپ	منشاء	سال معرفی	ویژگی‌های مهم
آرتا	برنامه ملی ایران - کراس داخلی	۱۳۸۵	بهاره، مناسب اقلیم گرم و مرطوب ساحل خزر
اینیا	سیمیت	-	-
تجن	سیمیت	۱۳۷۴	بهاره، مناسب مناطق جلگه‌ای ساحل خزر
دریا	سیمیت	۱۳۸۵	بهاره، مناسب اقلیم گرم و مرطوب ساحل خزر
شیروودی	سیمیت	۱۳۷۶	بهاره، مناسب سواحل دریای خزر
گلستان	سیمیت	۱۳۶۵	بهاره، دیررس، مناسب مناطق گرم
گنبد	برنامه ملی ایران - کراس داخلی	۱۳۹۲	بهاره، مقاوم به بیماری‌های قارچی و عارضه‌جوانه‌زنی قبل از برداشت
مروارید	سیمیت	۱۳۸۸	بهاره، مقاوم به بیماری‌های قارچی، مناسب مناطق گرم و مرطوب شمال ایران
مغان ^۳	برنامه ملی ایران - کراس داخلی	۱۳۸۵	بهاره، مناسب اقلیم گرم و مرطوب ساحل خزر
N-87-20	سیمیت	-	بهاره، مقاوم به ورس، زنگ زرد و سفیدک پودری

با علف هرز نیز انجام شد. صفات مورد ارزیابی در این مطالعه شامل عملکرد دانه در کرت و در بوته بر حسب گرم، وزن سنبله‌های اصلی و فرعی بر حسب گرم، سهم سنبله‌های اصلی و فرعی بر حسب درصد، تعداد سنبله‌های فرعی (تعداد پنجه)، طول سنبله اصلی بر حسب سانتی‌متر و ارتفاع بوته بر حسب سانتی‌متر بود. متغیر سهم سنبله اصلی از نسبت وزن

هر کرت آزمایشی دارای شش ردیف کاشت با طول ۱/۵ متر و فاصله ردیف ۲۰ سانتی‌متر بود که بسته به تراکم موردنظر، بذرها با فاصله‌های مختلف روی خطوط کشت شدند. عملیات کاشت شامل شخم زمین، دیسک، کولتیواتور و در نهایت کشت محصول به‌صورت دیم در زمان‌های مناسبی صورت گرفت. همچنین کوددهی با کود ازته و سم‌پاشی جهت مبارزه

گردید. یک جفت آغازگر ریزوماهواره مرتبط با ژن کاهش دهنده تعداد سنبله‌های فرعی (پنجه) با نام Xgwm136، جهت ارزیابی ژنوتیپ‌های گندم برای سنبله‌دهی و همچنین رهگیری ژن‌های مربوط به سنبله، موسوم به ژن‌های گروه tin به کار گرفته شد. نشانگر مولکولی به کار گرفته شده از نوع مکان اختصاصی است و انتظار بر این است که در الگوی الکتروفورز محصول PCR، تک باند با اندازه ۳۰۰ تا ۳۵۰ جفت باز مشاهده گردد (۱۸). مشخصات نشانگر مولکولی مورد استفاده در جدول ۲ شرح داده شده است.

دانه سنبله‌های اصلی هر کرت به عملکرد دانه در کرت و متغیر سهم سنبله‌های فرعی از نسبت وزن دانه سنبله‌های فرعی هر کرت به عملکرد دانه در کرت به دست آمده‌اند. متغیرهای ارتفاع بوته، طول سنبله اصلی، تعداد سنبله‌های فرعی با نمونه‌گیری تصادفی ۱۰ بوته از ردیف‌های میانی هر کرت اندازه‌گیری شدند. در آزمایش مولکولی تعدادی بذر از هر ۱۰ ژنوتیپ مورد مطالعه در پتری‌دیش کاشته شد و پس از رسیدن بذرها به مرحله پنج برگی، عمل نمونه‌برداری از برگ‌ها انجام گرفت و سپس DNA آن‌ها به روش دوپل و دوپل (۱۰) استخراج

جدول ۲- نام، توالی و سایر ویژگی‌های آغازگر SSR، Xgwm136 مورد استفاده در مطالعه کومار و همکاران (۱۸)

نام آغازگر	توالی آغازگر (mer)	مکان کروموزومی	دمای اتصال	محدوده باند مورد انتظار (bp)
GWM136_F	5'-GAC AGC ACC TGG CCC TTT G-3'	IAS	۵۹/۵	۳۰۰-۳۵۰
GWM136_R	5'-CAT CGG CAA CAT GCT CAT C-3'		۵۷/۳	

جهت انجام PCR تیوب‌ها به دستگاه ترموسایکلر در حجم نهایی ۱۵ میکرولیتر منتقل شدند. برنامه مورد استفاده برای انجام PCR در جدول ۳ شرح داده شده است.

جدول ۳- برنامه مورد استفاده در واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز (PCR)

نام مرحله	دما (درجه سانتی‌گراد)	زمان
واشرشت سازی اولیه	۹۴	۵ دقیقه
واشرشت سازی	۹۴	۱ دقیقه
اتصال	۵۷	۱ دقیقه
سنتز و بسط	۷۲	۲ دقیقه
چرخه (برای ۴۰ بار)	-	-
بسط نهایی	۷۲	۱۰ دقیقه
نگهداری	۴	۱ ساعت

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس نشان داد ژنوتیپ بر روی همه خصوصیات مورد بررسی تأثیر معنی‌دار داشته است که به معنای وجود تفاوت ژنتیکی در بین ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی می‌باشد. تنوع بین ژنوتیپ‌ها امکان بهبود صفات را فراهم می‌آورد و به طور محسوس میزان تنوع ژنتیکی در تعیین سودمندی انتخاب مؤثر می‌باشد (۲). اثر تراکم تنها بر متغیرهای عملکرد دانه در کرت و در بوته، وزن سنبله‌های اصلی و فرعی و طول سنبله اصلی معنی‌دار بود (جدول ۴). اثر متقابل عامل اصلی (تراکم کشت) با عامل فرعی (ژنوتیپ‌ها) در مورد هیچ یک از صفات معنی‌دار نبود (جدول ۴).

همچنین از دستگاه الکتروفورز ژل عمودی ساخت شرکت APELEX جهت بارگذاری محصول PCR و مشاهده باندهای ایجاد شده استفاده گردید. از هر نمونه محصول PCR به میزان چهار میکرولیتر به همراه دو میکرولیتر محلول دای درون چاهک‌ها بارگذاری شد. رنگ‌آمیزی ژل پلی‌اکریل‌امید با روش نیرات نقره انجام شد (۹).

به منظور تجزیه و تحلیل داده‌ها از نرم افزار Excel، تجزیه واریانس و مقایسه میانگین‌ها با آزمون LSD در سطح احتمال پنج درصد از نرم‌افزار SAS نسخه 9/0 استفاده شد. در بخش مولکولی، تنوع ژنتیکی در بین ژنوتیپ‌های به کار برده شده با توجه به حضور و یا عدم حضور باند ژن مرتبط با تعداد پنجه در الگوی باندهای به دست آمده از واکنش سنتز شده و با نتایج مورفولوژی مطالعه تطبیق داده شد.

جدول ۴- نتایج تجزیه واریانس متغیرهای اندازه‌گیری شده در مطالعه ۱۰ ژنوتیپ گندم تحت سه تراکم متفاوت

Table 4. The results of analysis of variance of variables evaluated in the study of 10 wheat genotypes under three different densities

ارتفاع بوته (cm)	طول سنبله اصلی (cm)	تعداد سنبله‌های فرعی	سهم سنبله‌های فرعی (%)	سهم سنبله اصلی (%)	وزن سنبله‌های فرعی (g)	وزن سنبله اصلی (g)	عملکرد دانه در بوته (g)	عملکرد دانه در کرت (g)	df	S.O.V
۱/۸۲ ^{ns}	۰/۷۵ ^{ns}	۰/۰۳ ^{ns}	۱/۵۸ ^{ns}	۱/۵۸ ^{ns}	۱/۶۵ ^{ns}	۵/۴۷ ^{ns}	۱/۹۴ ^{ns}	۱/۹۳ ^{ns}	۲	بلوک
۳/۰۵ ^{ns}	۱۰/۱۳*	۰/۹۰ ^{ns}	۲/۴۲ ^{ns}	۲/۴۲ ^{ns}	۱۵/۶۳*	۱۰/۶۲*	۱۷/۳۹*	۱۷/۳۸*	۲	تراکم
۳/۰۷	۶/۴۰	۱۳/۶۰	۲/۲۲	۲/۲۲	۳/۲۱	۱/۵۸	۳/۱۳	۳/۱۳	۴	خطای ۱
۵۳/۲۴**	۱۸/۴۵**	۵/۱۲**	۳/۰۵**	۳/۰۵**	۱۶/۳۸**	۳۹/۲۰**	۲۰/۴۵**	۲۰/۴۷**	۹	ژنوتیپ
۱/۰۷ ^{ns}	۱/۰۰ ^{ns}	۱/۰۳ ^{ns}	۰/۹۶ ^{ns}	۰/۹۶ ^{ns}	۱/۵۲ ^{ns}	۰/۸۶ ^{ns}	۱/۵۹ ^{ns}	۱/۵۹ ^{ns}	۱۸	تراکم × ژنوتیپ
۲/۱۹**	۰/۹۴ ^{ns}	۱/۳۱ ^{ns}	-	-	-	-	-	-	۵۴	خطای ۲
۳۶/۰۳	۳۵/۲۰	۱۲۲/۸۶	۲/۹۳	۲۴/۲۰	۲۴/۸۳	۱۶/۸۰	۲۲/۴۱	۲۲/۴۱	-	ضریب تغییرات خطای ۱
۹/۵۶	۱۳/۵۰	۳۸/۱۲	۱/۹۷	۱۶/۲۴	۱۳/۸۵	۱۳/۳۹	۱۲/۶۷	۱۲/۶۶	-	ضریب تغییرات خطای ۲
۶/۴۶	۱۳/۹۲	۳۳/۲۹	-	-	-	-	-	-	-	ضریب تغییرات خطای نمونه برداری

همچنین در جدول ۵ مقادیر مقایسه میانگین صفات مورفولوژیکی برای عامل ژنوتیپ نشان داده شده است. میانگین صفات مورفولوژیکی برای عامل ژنوتیپ نشان داده شده است.

جدول ۵- مقایسه میانگین متغیرهای مورفولوژیکی ارزیابی شده ژنوتیپ‌های گندم در تراکم‌های مختلف

Table 5. Average comparison of morphological variables evaluated of wheat genotypes in different densities

ارتفاع بوته (cm)	طول سنبله اصلی (cm)	تعداد سنبله‌های فرعی	سهم سنبله‌های فرعی (%)	سهم سنبله اصلی (%)	وزن سنبله‌های فرعی (g)	وزن سنبله اصلی (g)	عملکرد دانه در بوته (g)	عملکرد دانه در کرت (g)	متغیرها	تراکم‌ها
۸۲/۵۷ ^a	۹/۷۰ ^a	۸/۲۶ ^a	۹۰/۰۰ ^a	۱۰/۰۰ ^a	۱۶۱/۷۹ ^a	۱۷/۸۰ ^a	۱۷/۹۶ ^a	۱۷۹/۵۹ ^a		۱۵۰
۸۸/۶۵ ^a	۸/۷۹ ^b	۷/۲۷ ^a	۸۸/۵۴ ^a	۱۱/۴۶ ^a	۱۲۰/۱۷ ^b	۱۵/۴۱ ^b	۱۳/۵۵ ^b	۱۳۵/۵۸ ^b		۳۰۰
۸۶/۸۸ ^a	۸/۶۱ ^b	۸/۱۳ ^a	۸۸/۹۹ ^a	۱۱/۰۱ ^a	۱۲۰/۱۶ ^b	۱۴/۷۶ ^b	۱۳/۴۹ ^b	۱۳۴/۹۳ ^b		۴۵۰

جدول ۶- مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورفولوژیکی مورد بررسی

Table 6. Average comparison of genotypes in terms of morphological traits

ارتفاع بوته (cm)	طول سنبله اصلی (cm)	تعداد سنبله‌های فرعی	سهم سنبله‌های فرعی (%)	سهم سنبله اصلی (%)	وزن سنبله‌های فرعی (g)	وزن سنبله اصلی (g)	عملکرد دانه در بوته (g)	عملکرد دانه در کرت (g)	متغیرها	ژنوتیپ‌ها
۷۷/۲۹ ^f	۸/۶۵ ^{de}	۸/۷۷ ^a	۹۰/۱۱ ^a	۹/۸۸ ^b	۱۲۶/۰۰ ^{de}	۱۳/۶۴ ^d	۱۳/۹۶ ^{de}	۱۳۹/۶۴ ^{de}		آرتا
۸۸/۸۶ ^c	۸/۹۳ ^{cd}	۸/۵۰ ^{ab}	۹۰/۱۵ ^a	۹/۸۴ ^b	۱۳۵/۴۴ ^{cd}	۱۴/۴۷ ^d	۱۴/۹۹ ^{cd}	۱۴۹/۹۳ ^{cd}		اینیا
۷۹/۰۹ ^e	۹/۲۵ ^{bc}	۷/۶۶ ^c	۸۸/۵۹ ^a	۱۱/۴۰ ^b	۱۱۶/۱۴ ^e	۱۴/۲۹ ^d	۱۳/۰۴ ^e	۱۳۰/۴۳ ^e		تجن
۸۸/۹۴ ^c	۹/۱۱ ^c	۷/۷۶ ^{bc}	۸۸/۹۰ ^a	۱۱/۰۹ ^b	۱۲۸/۷۷ ^{cde}	۱۵/۶۰ ^d	۱۴/۴۳ ^{cde}	۱۴۴/۳۸ ^{cde}		دریا
۷۷/۶۰ ^{ef}	۸/۴۳ ^e	۸/۱۲ ^{abc}	۸۹/۹۶ ^a	۱۰/۰۳ ^b	۱۲۶/۲۰ ^{de}	۱۳/۷۸ ^d	۱۴/۰۰ ^{de}	۱۳۹/۹۹ ^{de}		شیرودی
۸۵/۰۵ ^d	۹/۱۳ ^c	۸/۴۶ ^{ab}	۹۰/۲۳ ^a	۹/۷۷ ^b	۸۷/۸۶ ^f	۹/۱۵ ^e	۹/۷۰ ^f	۹۷/۰۱ ^f		گلستان
۸۵/۲۹ ^d	۹/۸۱ ^d	۶/۲۱ ^d	۸۶/۸۸ ^b	۱۳/۱۱ ^a	۱۳۶/۶۴ ^{cd}	۲۰/۰۳ ^b	۱۵/۶۶ ^{bcd}	۱۵۶/۶۷ ^{bcd}		گنبد
۹۳/۱۳ ^b	۸/۰۰ ^{abc}	۸/۰۳ ^{abc}	۸۹/۲۱ ^a	۱۰/۷۸ ^b	۱۵۵/۱۹ ^b	۱۸/۴۸ ^{bc}	۱۷/۳۶ ^b	۱۷۳/۶۷ ^b		مروارید
۹۰/۱۷ ^c	۹/۵۴ ^c	۷/۴۶ ^c	۸۸/۸۷ ^a	۱۱/۱۳ ^b	۱۴۴/۲۳ ^{bc}	۱۴/۶۸ ^c	۱۶/۱۹ ^{bc}	۱۶۱/۹۳ ^{bc}		مغان ۳
۹۴/۹۶ ^a	۹/۵۲ ^{bc}	۷/۹۴ ^{bc}	۸۸/۸۵ ^a	۱۱/۱۴ ^b	۱۸۳/۹۱ ^a	۲۲/۷۸ ^a	۲۰/۶۷ ^a	۲۰۶/۶۹ ^a		N-87-20

عملکرد دانه در کرت و در بوته

هدف اصلاح‌گران گندم از بررسی تراکم‌های مختلف یافتن تراکمی است که در آن حداکثر عملکرد دانه به‌دست می‌آید. در مطالعه حاضر برای عامل تراکم، بیش‌ترین میانگین عملکرد دانه برای هر دو متغیر عملکرد در کرت و در بوته در تراکم ۱۵۰ دانه در مترمربع مشاهده گردید (جدول ۵). این نتایج نشان می‌دهد احتمالاً در این تراکم بوته‌ها از نظر متغیرهای یاد شده به‌دلیل رقابت کم‌تر در سطح مناسبی ظاهر شده‌اند. درحالی‌که زین‌آبادی و احسان‌زاده (۲۳)، افزایش عملکرد دانه در تراکم بالا را گزارش کردند و دلیل آن را وجود رابطه مثبت عملکرد با تعداد سنبله در مترمربع ذکر نمودند. حال آن‌که با افزایش تراکم از تعداد سنبله‌های بارور کاسته می‌شود. همچنین کم‌ترین میانگین‌ها برای دو متغیر نام‌برده در تراکم‌های ۴۵۰ و ۳۰۰ دانه در مترمربع مشاهده شد (جدول ۵). نتایج مقایسه میانگین برای ژنوتیپ‌ها نشان داد برای هر دو متغیر عملکرد دانه در کرت و در بوته، بیش‌ترین میانگین‌ها مربوط به لاین N-87-20 و کم‌ترین میانگین‌ها مربوط به رقم گلستان بوده است (جدول ۶).

وزن سنبله اصلی و وزن سنبله‌های فرعی

هدف اصلاح‌گران گندم افزایش وزن سنبله اصلی به‌خصوص در تراکم‌های بالا و افزایش وزن سنبله‌های فرعی در تراکم‌های پایین می‌باشد. چرا که با افزایش تراکم عملکرد دانه اصولاً بر روی سنبله اصلی و با کاهش تراکم عملکرد دانه بر روی سنبله‌های فرعی متمرکز می‌باشد. نتایج موجود در مطالعه قربانی و همکاران (۱۲) برای دو متغیر اخیر مطابق با نتایج این مطالعه می‌باشد. در مطالعه حاضر بیش‌ترین میانگین برای هر دو متغیر در تراکم ۱۵۰ دانه در مترمربع مشاهده شد (جدول ۵). نتایج مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها برای وزن سنبله اصلی و وزن سنبله‌های فرعی نشان می‌دهد لاین N-87-20 دارای بیش‌ترین میانگین‌ها و رقم گلستان دارای کم‌ترین میانگین‌ها از حیث این دو صفت می‌باشند (جدول ۶).

سهم سنبله اصلی و سهم سنبله‌های فرعی

سهم سنبله‌های اصلی و فرعی به‌ترتیب از نسبت وزن سنبله اصلی به عملکرد دانه در کرت و وزن سنبله‌های فرعی به عملکرد دانه در کرت به‌دست آمده است. این مقادیر به‌ترتیب نشان می‌دهند که از کل عملکرد دانه به‌دست آمده در هر ژنوتیپ چند درصد از سنبله اصلی و چند درصد از سنبله‌های فرعی استحصال شده است. زیاد بودن سهم سنبله‌های اصلی و یا فرعی نشان دهنده این است که بخش قابل توجهی از عملکرد در کدام یک از این دو بخش ایجاد می‌گردد. در مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها، برای هر متغیر فقط دو گروه آماری ایجاد شد. برای متغیر سهم سنبله اصلی رقم گنبد (گروه a) دارای بالاترین میانگین بود و سایر ژنوتیپ‌ها در گروه b قرار گرفتند که در بین آن‌ها رقم گلستان کم‌ترین میانگین را از نظر سهم سنبله اصلی دارا بود (جدول ۶). برای متغیر سهم سنبله‌های فرعی دقیقاً عکس حالت قبل مشاهده گردید. به‌نحوی که رقم گلستان با بالاترین میانگین به‌همراه سایر ژنوتیپ‌ها (به جز گنبد) در گروه a قرار گرفتند و رقم گنبد با کم‌ترین میانگین در گروه b قرار گرفت (جدول ۶).

رقم گلستان از نظر تعداد سنبله‌های فرعی با رقم آرتا که بالاترین تعداد سنبله‌های فرعی را داشت، هیچ اختلافی از نظر آماری نداشت و جزء ژنوتیپ‌هایی با سنبله زیاد محسوب می‌شود (جدول ۶)، ولی رقم گلستان از نظر سایر متغیرهای وزنی همواره دارای میانگین پایین‌تری نسبت به ژنوتیپ‌های دیگر بود (جدول ۶). بنا بر مطالعات قربانی و همکاران (۱۲)، همیشه زیاد بودن تعداد سنبله‌های فرعی به معنی افزایش سهم سنبله‌های فرعی نیست. در نتایج حاصل از بررسی دو متغیر سهم سنبله‌های اصلی و فرعی می‌توان استنباط نمود که سنبله‌های فرعی نقش مهم و اساسی در عملکرد گندم دارند. زیرا سنبله‌های فرعی در ژنوتیپ‌ها، درصد قابل توجهی از عملکرد کل را به خود اختصاص دادند (جدول ۶).

تعداد سنبله‌های فرعی

اگر چه تغییرات ایجاد شده در متغیر اخیر محسوس نبود، با این حال بیش‌ترین تعداد سنبله‌های فرعی، در تراکم ۱۵۰ دانه در مترمربع مشاهده شد. اگر هدف اصلاح‌گران گندم متکی کردن عملکرد دانه بر روی سنبله اصلی باشد، می‌توانند با افزایش تراکم به آن دست یابند. زیرا با افزایش تراکم از تعداد سنبله‌های فرعی کاسته شده و همین امر سبب می‌شود که سنبله اصلی سنگین‌ترین سنبله‌ها را داشته باشد. از سوی دیگر اگر هدف اصلاح‌گران افزایش تعداد سنبله‌های فرعی به‌خصوص در تراکم‌های پایین باشد، در صورت بارور شدن سنبله‌های فرعی افزایش قابل توجهی در عملکرد دانه گندم مشاهده خواهد شد. نتایج مطالعه حاضر با یافته‌های موجود در مطالعه چگنی (۸) مشابه می‌باشد. در بین ژنوتیپ‌ها رقم آرتا دارای بیش‌ترین میانگین و رقم گنبد دارای کم‌ترین میانگین از حیث متغیر اخیر بودند (جدول ۶).

طول سنبله

در مقایسه میانگین تراکم برای طول سنبله اصلی، در تراکم ۱۵۰ دانه در مترمربع بیش‌ترین میانگین مشاهده شد (جدول ۵). هدف اصلاح‌گران گندم در مورد صفت یاد شده افزایش طول و وزن آن می‌باشد. همچنین در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه رقم گنبد و مروارید به‌ترتیب دارای بیش‌ترین و کم‌ترین میانگین‌ها از نظر طول سنبله اصلی بودند (جدول ۶). همچنین سالک‌زمانی و توکلی (۲۰) نیز نتایجی مشابه برای متغیر طول سنبله اصلی به‌دست آورده‌اند.

ارتفاع بوته

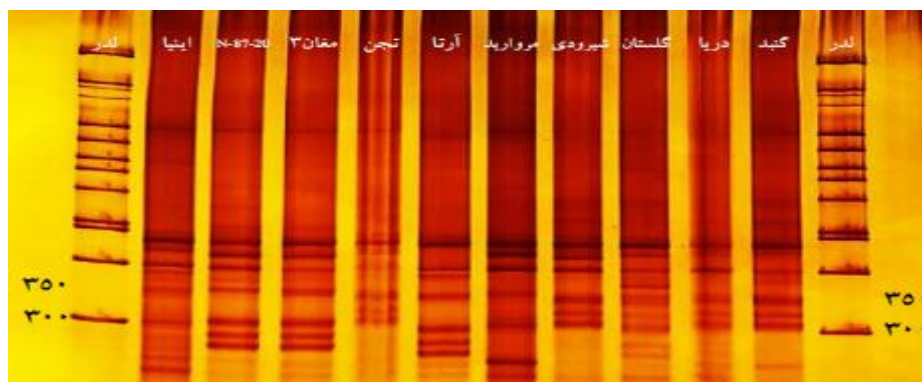
نتایج تجزیه واریانس نشان داد افزایش تراکم تأثیر معنی‌داری بر ارتفاع بوته ژنوتیپ‌های مورد بررسی نداشته است (جدول ۴)؛ که مطابق با نتایج چگنی (۸) است. هدف اصلاح‌گران گندم برای این صفت کاهش آن می‌باشد؛ زیرا با کاهش ارتفاع بوته به‌خصوص در تراکم‌های پایین، ساقه گندم در برابر ورس مقاومت می‌کند. در مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها لاین N-87-20 دارای بیش‌ترین ارتفاع و رقم آرتا دارای کم‌ترین ارتفاع بوته بودند (جدول ۶).

ارزیابی مبتنی بر نشانگر

با توجه به یافته‌های کومار و همکاران (۱۸)، ژن tin بر روی کروموزوم 1AS گندم قرار دارد. در الگوی الکتروفورز ژل پلی‌اکریل‌امید محصول PCR در بین محدوده ۳۰۰ تا ۳۵۰

فرعی)، فقط رقم آرتا و در گروه b (ژنوتیپ با کم‌ترین تعداد سنبله‌های فرعی)، فقط رقم گنبد حضور داشت (جدول ۶). از طرفی با توجه به الگوی بانندی حاصل از الکتروفورز ژل پلی‌اکریل‌آمید، در بین محدوده ۳۰۰ تا ۳۵۰ جفت‌باز رقم آرتا هیچ بانندی را ایجاد نکرده است و به معنای وجود تعداد بیش‌تر سنبله‌های فرعی در رقم مذکور است (شکل ۱).

جفت‌باز تنها ژنوتیپ‌های تجن، شیرودی، گلستان، دریا و گنبد تولید باند کردند. انتظار بر این است که پنج ژنوتیپ نام‌برده دارای تعداد سنبله‌های فرعی نسبتاً کم‌تری در مقایسه با پنج ژنوتیپ دیگری باشند که در بین محدوده مدنظر باند نداده‌اند. در نتایج صفات مورفولوژیکی مربوط به تعداد سنبله‌های فرعی، در گروه a (ژنوتیپ با بیش‌ترین تعداد سنبله‌های



شکل ۱- الگوی بانندی الکتروفورز ژل پلی‌اکریل‌آمید ژنوتیپ‌های گندم نان حاصل از آغازگر *Xgwm136*
 Figure 1. Pattern of polyacrylamide gel electrophoresis of bread wheat genotypes derived from *Xgwm136* primer.

در مطالعه حاضر اثبات شد تراکم و نوع ژنوتیپ نقش تعیین‌کننده در عملکرد دانه ژنوتیپ‌های گندم دارند. با این حال اثر ژنوتیپ بیش‌تر از تراکم بوده است. در مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها برای متغیرهای سهم سنبله اصلی و سهم سنبله‌های فرعی نیز سهم بیش‌تر سنبله‌های فرعی در عملکرد گندم به اثبات رسید. در یک جمع‌بندی کلی، استفاده از لاین N-87-20 در تراکم ۱۵۰ دانه در مترمربع عملکرد بیش‌تری در پی دارد. همچنین نشانگر مولکولی مورد استفاده در مطالعه حاضر رابطه بسیار نزدیکی با صفت سنبله‌دهی داشته و می‌تواند بین ژنوتیپ با بیش‌ترین تعداد سنبله‌های فرعی و ژنوتیپ با کم‌ترین تعداد سنبله‌های فرعی تنوع را نشان دهد. در ضمن نشانگر اختصاصی مذکور می‌تواند ژن کاهش‌دهنده تعداد سنبله‌های فرعی (ژن *tin*) را در مکان موجود بر روی کروموزوم 1AS گندم شناسایی نموده و در این زمینه مورد استفاده قرار گیرد.

درحالی‌که رقم گنبد باند مربوطه را ایجاد کرده است و نوید از کم بودن تعداد سنبله‌های فرعی در رقم گنبد نسبت به رقم آرتا را می‌دهد که این منطبق با نتایج صفات مورفولوژیکی مربوط به صفت تعداد سنبله‌های فرعی در مطالعه حاضر می‌باشد (جدول ۶). اما در مورد ژنوتیپ‌های تجن، شیرودی، گلستان و دریا که در بین محدوده ۳۰۰ تا ۳۵۰ جفت‌باز تولید باند نموده‌اند، باید متذکر شد که این ژنوتیپ‌ها در نتایج مورفولوژی مطالعه حاضر، رفتار بینابینی در تولید سنبله‌های فرعی از خود نشان دادند (جدول ۶)؛ و احتمالاً ژنوتیپ‌های مذکور تا حدودی تحت تأثیر محیط قرار گرفته‌اند. لذا باید مطالعات تکمیلی در مورد نحوه سنبله‌دهی در این ژنوتیپ‌ها صورت بپذیرد، و یا ژنوتیپ‌های مذکور با استفاده از نشانگرهای اختصاصی دیگری که مربوط به تعداد سنبله در گندم هستند مورد مطالعه قرار گیرند. به هر حال نشانگر مولکولی مورد استفاده در پژوهش حاضر به‌خوبی توانست بین ژنوتیپ با بیش‌ترین تعداد سنبله‌های فرعی و ژنوتیپ با کم‌ترین تعداد سنبله‌های فرعی تنوع را نشان دهد.

منابع

1. Abdolrahmani, B. 2016. Determination of appropriate rainfed wheat varieties density in cold region Journal of Applied Research of Plant Ecophysiology, 3(1): 155-174 (In Persian).
2. Abedini, S., G. Mohammadi Nejad and B. Nakhoda. 2016. Evaluation of agronomics traits and yield potential diversity inbred wheat inbred lines *Triticum aestivum* L. derived from Roshan×Falat cultivar. Journal of Crop Breeding, 8(20): 1-10 (In Persian).
3. Alipour, H., M.R. Bihamta, V. Mohammadi and S.A. Peyghambari. 2017. Evaluation of genetic variability of agronomic traits in Iranian wheat landraces and cultivars. Journal of Crop Breeding, 9(22): 168-177 (In Persian).
4. Agricultural Statistics Crop Years 2014-2015. 2016. First Volume. 158 pp (In Persian).
5. Babaeizarch, M.J., M.H. Fotokian and S. Mahmoodi. 2014. Evaluation of genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes for morphological traits using multivariate analysis methods. Journal of Crop Breeding, 6(14): 1-14 (In Persian).
6. Zand, B. and A.A. Lalinia. 2011. Crop cereal. Tehran, Payam Nour University. 277 pp (In Persian).
7. Bond, J. and O. Liefert. 2017. Wheat outlook. United States Department of Agriculture, 30 pp.
8. Chegeni, H. 2014. Effect of plant density on yield and yield components of wheat cultivars Agronomy Journal, 104: 9-12 (In Persian).
9. Creste, S., A. Tulmann Neto and A. Figueria. 2001. Detection of single sequence repeat polymorphisms in denaturing polyacrylamide sequencing gels by silver staining. Plant Molecular Biology Reporter, 19: 299-306.
10. Doyle, J. and J. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemical Bulletin, 19: 11-15.
11. Garcia Del Moral, L.F., Y. Rharrabti, D. Villegas and C. Royo. 2003. Evaluation of grain yield and its components in durum wheat under Mediterranean conditions: an ontogenic approach. Agronomy Journal, 95: 266-274.
12. Ghorbani, M.H., H. Harutyunyan, A. Soltani and B. Kamkar. 2010. Tillers contribution on wheat yield in rainfed and saline soil in different row spacing and plant density. Electronic Journal of Crop Production, 3(4): 125-142 (In Persian)
13. Gupta, P.K., R.R. Mir and J. Kumar. 2008. Wheat genomics: Present status and future prospects (Review Article). International Journal of Genomics, 896451, 36 pp.
14. Hossainpour, T., A. Ahmadi, F. Mohammadi and R. Darikvand. 2014. The effect of seed rate on grain yield and its components of wheat cultivars in rain fed conditions. Agronomy Journal, 104: 101-110 (In Persian).
15. Kakaei, M., H.A. Mazaherilaghah and D. Kahrizi. 2013. Study of morphological and biochemical to determine the genetic diversity of cultivated Oat (*Avena sativa* L.). Journal of Agricultural Biotechnology, 5(2): 119-138 (In Persian).
16. Karimi, H. 1992. The wheat. Tehran, University of Tehran Publishing Center. 599 pp (In Persian).
17. Kouhestani, M., B. Sadeghzadeh, M.A. Ebrahimi and V. Yousefi. 2016. Identification of SSR markers associated with agronomic traits in Durum Wheat. 2nd International and 14th Iranian Genetics Congress. 5 pp. Tehran, Iran. (In Persian).
18. Kumar, S., S.S. Singh, C.N. Mishra, M. Saroha, V. Gupta, P. Sharma, V. Tiwari and I. Sharma. 2015. Assessment of tiller inhibition (*tin*) gene molecular marker for its application in marker-assisted breeding in wheat. National Academy Science Letters, 38(6): 457-460.
19. Rahnama, A.A., A.M. Bakhshandeh, S.A.H. Hashemidezfouli and GH. Nourmohammadi. 1999. Effect of tiller number per plant on grain yield and yield components of durum wheat at different planting densities. Iranian Journal of Crop Sciences, 1(3): 24-34 (In Persian).
20. Salekzamani, A. and A. Tavakoli. 2004. The effect of seed rate on grain yield and its components of three new varieties and line of rainfed wheat. Iranian Journal of Crop Sciences, 6(3): 214-223 (In Persian).
21. Taleei, A. and B. Bahramnejad. 2003. A study of relationship between yield and its components in landrace populations of wheat from western parts of Iran using multivariate analysis. Iranian Journal of Crop Sciences, 34(4): 949-959 (In Persian).
22. Thiry, D.E., R.G. Sears, J.P. Shroyer and G.M. Paulsen. 2002. Planting date effects on tiller development and productivity of wheat. Agricultural Experimental Station and Cooperative Service Kansas University.
23. Zarrinabadi, I. and P. Ehsanzadeh. 2003. Growth, yield and yield components of three durum wheat genotypes under different planting densities in Isfahan. Science and Technology of Agriculture and Natural Resources, 7(4): 129-140 (In Persian).
24. Zhang, J., J. Wu, W. Liu, X. Lu, X. Yang, A. Gao, X. Li, Y. Lu and L. Li. 2013. Genetic mapping of a fertile tiller inhibition gene, *ftin*, in wheat. Molecular breeding, 31: 441-449.

Morphological Evaluation and Marker Assisted for Tillering of Wheat

Sasan Golcheshmeh¹, Mohammad Hadi Pahlavani², Mohsen Esmaeilzadeh Moghaddam³
and Khalil Zaynali Nezhad⁴

1 and 4- Graduated M.Sc. and Assistant Professor of Plant breeding, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

2- Associate Professor Department of Plant Breeding, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources (Corresponding author: hpahlavani@yahoo.com)

3- Associate Professor Seed and Plant improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization

Received: September 26, 2017 Accepted: January 13, 2018

Abstract

The present research was performed for studying morphological variation and investigating the presence of relationship between molecular markers related tillering in some genotypes of bread wheat under the field farm and laboratory conditions. In the field experiment, three seed densities including 150, 300 and 450 seed per square meter as the main plot factor and also 10 genotypes including the cultivars of Arta, Inia, Tajan, Darya, Shirudi, Golestan, Gonbad, Morvarid, Moghan³ and Line N-87-20 as sub plot factor at three replications were applied. Evaluating characteristics were included of the number of secondary spikes, the weight of main and secondary spikes, the contribution of main and secondary spikes, seed yield per plant and plot, length of main spike and the height of plant. The results of analysis of variance showed that genotypes had significant different on all investigating characteristic, while the effect of factor density was significant only for the weight of the spikes, yield per plant and plot and the length of main spike. None of the characteristic was not affected by the interaction of genotype × density. Based on the results, density and genotype had important effect on seed yield of the genotypes, however the effect of genotype was more than density. Mean comparison of the genotypes showed that secondary spikes had more contribution in the grain yield. In molecular experiment, SSR marker namely *Xgwm136* associated to gene *tin* (tiller inhibition gene) was tested. Evaluation of the PCR product of this marker showed that the presence of band with the size of 300 to 350 base per is relating to reduction that tillering was confirmed in cultivar Tajan, Shirudi, Golestan, Darya and Gonbad genotypes that their low number of spikes had already been proven. So the efficiency of *tin* marker was proved for screening wheat for tillering.

Keywords: Bread Wheat, Density, Marker, SSR, Spike, Tiller