دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

ارزیابی تنوع ژنتیکی صفات زراعی در توده‌های بومی و ارقام زراعی گندم‌های ایرانی

هادی علی پور[۱]، محمدرضا بی‌همتا[۲]، ولی اله محمدی[۳] و سیدعلی پیغمبری[۲]

۱- استادیار گروه اصلاح و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه، (نویسنده مسوول: alipourhadi64@gmail.com)
۲ و ۳- استاد و دانشیار، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران، کرج
تاریخ دریافت: ۹۴/۱۱/۶ تاریخ پذیرش: ۹۵/۳/۱۹

چکیده

به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در کلکسیون گندم‌های بومی و ارقام زراعی ایران و تعیین ارتباط صفات مورد بررسی با عملکرد دانه، تعداد ۳۱۳ ژنوتیپ شامل ۲۰۳ شماره از توده‌های بومی ایرانی و ۱۱۰ رقم زراعی اصلاح شده قدیمی و جدید در قالب طرح آگمنت با ۳ رقم شاهد نوید، پیشتاز و آذر در ۷ بلوک ناقص با سه بار تکرار آزمایش آگمنت به صورت مجزا به‌طوری‌که ژنوتیپ‌ها در آزمایش‌ها به صورت مجزا تصادفی شده بودند، در سال زراعی ۹۴-۹۳ در مزرعهٔ تحقیقاتی گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشگاه تهران- کرج کشت شدند. در این تحقیق هر بلوک تصادفی به صورت طرح آگمنت با ۳ رقم شاهد نوید، پیشتاز و آذر در ۷ بلوک ناقص اجرا شد. با توجه به عدم معنی‌داری بلوک‌های ناقص برای صفات مورد بررسی، تجزیه واریانس به صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی انجام شد. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که از نظر تمامی صفات بین ژنوتیپ‌ها اختلاف بسیار معنی‌داری وجود دارد. با توجه به نتایج آمار توصیفی از نظر تمامی صفات، توده‌های بومی نسبت به ارقام زراعی ضریب تغییرات بالاتری را نشان دادند که بیانگر وجود تنوع فنوتیپی بالاتر در توده‌های بومی می‌باشد. بر اساس نتایج تجزیه همبستگی، رگرسیون گام‌به‌گام و تجزیه علیت صفات تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و وزن سنبله به‌عنوان صفات مهم و تأثیرگذار بر عملکرد دانه شناخته شدند. براساس تجزیه کلاستر و تجزیه تابع تشخیص کانونیکی، ژنوتیپ‌های مورد بررسی در سه گروه متمایز طبقه‌بندی شدند. به‌طوری‌که در گروه اول و سوم اکثراً توده‌های بومی گروه‌بندی شدند و گروه دوم بیشتر شامل ارقام زراعی بودند که بیانگر انتخاب مناسب روی این صفات در طول روند به‌نژادی می‌باشد که خود نشان‌دهنده اهمیت صفات ارزیابی شده در برنامه‌های به‌نژادی می‌باشد. با توجه به تنوع بالایی که بین صفات و ژنوتیپ‌های ارزیابی شده، مشاهده شد، می‌توان با انتخاب و اصلاح برای این صفات و از طرف دیگر انتخاب ژنوتیپ‌های مناسب برای تلاقی در برنامه اصلاحی آتی، عملکرد دانه را به نحو مطلوبی افزایش داد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه تابع تشخیص، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه علیت، تجزیه همبستگی، تنوع ژنتیکی، رگرسیون گام‌به‌گام

مقدمه

گندم (*Triticum aestivum* L.) مهم‌ترین گیاه زراعی است که غذای اصلی نزدیک به دو میلیارد نفر یعنی ۳۶ درصد جمعیت جهان بوده و حدود ۵۵ درصد کربوهیدرات و ۲۰ درصد کالری مردم دنیا از گندم و فرآورده‌های آن تأمین می‌شود (۲۵،۱۶). به‌نژادگران به طور مستمر ارقام جدید و پرمحصول را که دارای سازگاری وسیعی به تغییر سیستم‌های زراعی هستند را تولید می‌کنند (۲۹). انقلاب سبز در دهه‌های ۱۹۶۰ و ۱۹۷۰ نقش حیاتی در امنیت غذایی جهان داشت (۱۴). اما از سوی دیگر این موفقیت عظیم منجر به کاهش شدید تنوع ژنتیکی برای اغلب صفات مهم زراعی و مقاومت به تنش‌های زیستی و غیرزیستی در گندم شده است. هرچند تخمین کاهش تنوع ژنتیکی مشکل و یا غیر ممکن است، اما تردیدی نیست که ذخایر ژنتیکی با سرعت فزاینده‌ای کاهش یافته و بسیاری از ژن‌های مفید از دست رفته‌اند و به دنبال آن تهدید ناشی از شرایط نامناسب محیطی و تنش‌های زیستی و غیرزیستی روزافزون شده است (۴). بروز نژادهای جدیدی از بیماری‌ها به عنوان تهدید جدی در تولید گندم مطرح شده است که عمدتاً به دلیل کاهش تنوع ژنتیکی است. بررسی تنوع ژنتیکی و روابط بین عملکرد دانه با صفات زراعی موضوع مطالعات مختلفی بوده است. عبدوالمحسن و عبدوالشفی (۱) برای شناسایی صفات مهم زراعی در ۲۰ رقم گندم نان از تجزیه رگرسیون و تجزیه علیت استفاده نمودند. بابایی و همکاران (۹) از روش‌های آماری چند متغیره، تنوع ژنتیکی صفات مورفولوژیک را در ۳۵ ژنوتیپ گندم مورد مطالعه قرار دادند. نواب پور و کاظمی (۲۲) بر اساس نتایج تجزیه علیت نشان دادند که صفت وزن سنبله بیشترین اثر مستقیم را روی عملکرد دانه دارد. توده‌های بومی به دلیل سازگاری به شرایط مختلف آب و هوایی، تنش‌های محیطی و اعمال معیارهای مختلف گزینشی توسط کشاورزان در طول زمان، دارای پایه ژنتیکی متنوع و وسیعی بوده و حاوی ژن‌های مفید مقاومت به تنش‌های مختلف مانند تنش خشکی، شوری، سرما، آفات و بیماری‌ها هستند که می‌تواند در برنامه‌های به‌نژادی به منظور گسترش پایه ژنتیکی و افزایش عملکرد و تولید ارقام جدیدتر مورد استفاده قرار گیرد (۳۰،۲۸،۱۷،۱۰). ایران یکی از خاستگاه‌ها و مراکز تنوع گونه‌های گندم بوده و دارای تنوع ژنتیکی بسیار غنی برای اصلاح گندم و ایجاد ارقام پر محصول و سازگار است (۲۴). امروزه آگاهی از تنوع ژنتیکی و مدیریت منابع ژنتیکی به عنوان اجزای مهم پرژوه‌های اصلاح نباتات تلقی می‌شود (۱۵، ۲۷،۱۹). بدین منظور در برنامه‌های به‌نژادی گندم، در ابتدا باید میزان تنوع ژنتیکی برای صفت یا صفات مورد اصلاح

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.168]

درون و یا بین ارقام بومی مورد بررسی قرار گیرد (۳۲،۳۱). در حال حاضر، قسمت قابل توجهی از منابع ژرم‌پلاسم توده‌های بومی و ارقام زراعی بانک ژن گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران-کرج ذخیره شده‌اند که دارای تنوع فنوتیپی و ژنتیکی بسیار بالایی بوده و می‌توان از این تنوع در پیشبرد برنامه‌های اصلاحی و تولید ارقام جدید استفاده نمود. تحقیق حاضر با هدف بررسی تنوع موجود در کلکسیون ژنوتیپ‌های گندم نان بومی و ارقام زراعی ایرانی و تعیین اهمیت صفات مورد بررسی با عملکرد دانه برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی آتی به‌نژادی گندم انجام شد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی شامل ۳۱۳ ژنوتیپ (۲۰۳ شماره از توده‌های بومی ایرانی و ۱۱۰ رقم زراعی اصلاح شده کشور از گذشته تا کنون) به منظور ارزیابی صفات مهم عملکرد و اجزای عملکرد در مزرعهٔ تحقیقاتی گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشگاه تهران- کرج با عرض جغرافیایی ۳۵ درجه و ۵۶ دقیقهٔ شمالی و طول جغرافیایی ۵۰ درجه ۵۸ دقیقهٔ شرق با ارتفاع ۱۱۱۲/۵ از سطح دریا در قالب طرح آگمنت با ۳ رقم شاهد نوید، پیشتاز و آذر در ۷ بلوک ناقص با سه بار تکرار آزمایش آگمنت به صورت مجزا به‌طوری‌که ژنوتیپ‌ها در آزمایش‌ها به صورت مجزا تصادفی شده بودند، در سال زراعی ۹۴-۱۳۹۳ کشت شدند. براساس داده‌های سی‌ساله، میانگین بارندگی سالیانه محل اجرای آزمایش ۲۴۳ میلی‌متر و میزان کل بارندگی در طول فصل رشد (فروردین تا آخر تیر) برابر ۸۱/۷ میلی‌متر بود. عملیات تهیه زمین با عمق شخم ۲۵ سانتی‌متر در پاییز ۱۳۹۳ آغاز و قبل از کشت آماده‌سازی زمین با یک شخم بهاره، دیسک انجام شد. خاک مزرعه از نوع لومی با هدایت الکتریکی ۱/۷۴ دسی‌زیمنس بر متر و pH برابر ۸ بود. عملیات تهیه زمین با عمق شخم ۲۵ سانتی‌متری و کشت بذور به صورت دستی انجام شد. هر کرت آزمایشی شامل دو خط به طول ۱/۲ متر با فاصله ۲۰ سانتی‌متری بین خطوط و ۵ سانتی‌متری درون خطوط کشت شد. میزان کود نیتروژن بسته به نیاز خاک در مرحلهٔ کشت و پنجه‌زنی به خاک اضافه شد. صفات مهم زراعی شامل ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، تعداد دانه در بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه اندازه‌گیری شدند. با توجه به نرمال بودن خطاها، یکنواختی واریانس‌ها، افزایشی بودن اثر تیمار و محیط و عدم معنی‌داری بلوک‌های ناقص در طرح‌های آگمنت، هر یک از طرح‌های آگمنت به‌عنوان یک تکرار در نظر گرفته شد و تجزیه داده‌ها به صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی با استفاده از نرم‌افزار SAS 9.2 انجام شد. به منظور بررسی همبستگی از نرم‌افزار SAS 9.2، برای تجزیه رگرسیون چند متغیره، تجزیه خوشه‌ای و تجزیه تابع تشخیص از نرم‌افزار SPSS 21 و برای تجزیه علیت از نرم‌افزار Path74 استفاده شد.

نتایج و بحث

براساس نتایج جدول تجزیه واریانس (جدول ۱) اختلاف معنی‌داری از نظر تمامی صفات بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی در سطح احتمال ۱ درصد مشاهده شد که نشان دهنده وجود تنوع ژنتیکی در بین ژنوتیپ‌ها است. با توجه به جدول آمار توصیفی صفات مورد بررسی (جدول ۲)، ارقام زراعی به طور متوسط برای صفات ارتفاع بوته و طول سنبله مقادیر کمتری را نسبت به توده‌های بومی نشان دادند ولی از نظر صفات تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، وزن هزار دانه و عملکرد دانه، ارقام زراعی مقادیر بالاتری را نسبت به توده‌های بومی نشان دادند. این موضوع حاکی از آن است که در طول روند به‌نژادی ژنوتیپ‌های گندم، گزینش برای کاهش ارتفاع و افزایش صفات تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، وزن هزار دانه و در نهایت عملکرد دانه صورت گرفته است. اما در بین صفات مورد بررسی بیشترین تفاوت بین ارقام زراعی و توده‌های بومی در رابطه با صفت تعداد دانه در سنبله مشاهده شد که به نظر می‌رسد در طول روند به‌نژادی به صورت مسقیم یا غیرمستقیم انتخاب برای این صفت انجام شده است. از طرفی دیگر از نظر تمامی صفات مورد بررسی، توده‌های بومی نسبت به ارقام زراعی ضریب تغییرات بالاتری را نشان دادند که بیانگر وجود تنوع فنوتیپی بالاتر توده‌های بومی نسبت به ارقام زراعی می‌باشد که می‌تواند منبع ارزشمندی برای برنامه‌های به‌نژادی باشد. آقائی سریزه و امینی (۲) در بررسی تنوع ژنتیکی صفات زراعی در کلسیون ژنوتیپ‌های بومی گندم نان ایران نشان دادند که در بین صفات مورد بررسی، صفت تعداد دانه در سنبله برای ارقام اصلاح شده در مقایسه با توده‌های بومی بیشتر بوده و این صفت اثر بخشی بیشتری را نسبت به سایر اجزای عملکرد دارد. بنابراین در طول روند اصلاحی توجه بیشتری به این صفت شده است. ارشد و زهراوی (۶) نیز در بررسی ۵۰۸ نمونه ژنتیکی و خارجی گندم نشان دادند که صفات وزن دانه در سنبله، تعداد دانه در سنبله و طول سنبله بیشترین تنوع را دارند. صادق قول مقدم و همکاران (۲۳) نیز در ارزیابی تنوع ژنتیکی ۴۰۱ ژنوتیپ گندم دریافتی از مرکز بین‌المللی سیمیت نشان دادند که صفت عملکرد دانه به همراه صفات تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه بیشترین تنوع را دارند.

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.168]

جدول ۱- تجزیه واریانس صفات مورد بررسی در توده‌های بومی و ارقام زراعی گندم‌های ایران
Table 1. Analysis of variance of investigated traits in Iranian wheat landraces and cultivars

منابع تغییر	میانگین مربعات							درجه آزادی				
	ارتفاع بوته	طول سنبله	تعداد دانه در سنبله	وزن سنبله	وزن هزار دانه	عملکرد دانه	ارتفاع بوته	طول سنبله	تعداد دانه در سنبله	وزن سنبله	وزن هزار دانه	عملکرد دانه
بلوک	۲	۲	۲	۲	۲	۲	۵۷۸۸/۵۹۵**	۱۳/۷۱۶**	۴۷۲۹/۸۳۲**	۱/۴۳۷*	۲۵۸۲/۴۷۵**	۳/۳۴۷*
ژنوتیپ	۳۱۲	۳۱۲	۳۱۲	۳۱۲	۳۱۲	۳۱۲	۴۶۱/۹۷۶**	۵/۰۱۶**	۲۱۵/۲۲۲**	۰/۷۸۴**	۹۷/۰۶۸**	۱/۶۹۳**
اشتباه آزمایشی	۵۴۰	۵۲۵	۵۲۰	۵۲۶	۵۲۱	۵۲۶	۱۷۷/۹۵۲	۲/۰۴۹	۱۰۶/۰۹۵	۰/۳۶۸	۵۳/۱۸۴	۰/۸۵۸
ضریب تغییرات (٪)	-	-	-	-	-	-	۱۲/۳۳	۱۳/۸۰	۱۰/۳۰	۲۸/۵۷	۱۹/۹۰	۳۵/۰۰

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد

جدول ۲- آمار توصیفی صفات مورد بررسی در توده‌های بومی و ارقام زراعی گندم‌های ایران
Table 2. Descriptive statistics of investigated traits in Iranian wheat landraces and cultivars

صفات	جمعیت	مینیمم	ماکزیمم	میانگین	انحراف معیار	درصد ضریب تغییرات	چولگی	کشیدگی	مقدار t- استیودنت
ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	توده‌های بومی	۷۲/۰۰	۱۴۹/۱۱	۱۱۲/۶۳	۱۲/۰۸	۱۴/۷۶	۰/۴۶۹-	۰/۷۷۷	۹/۳۵**-
	ارقام زراعی	۷۸/۵۶	۱۲۹/۲۲	۹۹/۹۱	۱۰/۵۹	۱۴/۲۷	۰/۳۵۱	۰/۲۵۵-	
طول سنبله (سانتی‌متر)	توده‌های بومی	۶/۵۰	۱۴/۵۲	۱۰/۵۸	۱/۳۸	۱۷/۴۶	۰/۰۴۲	۰/۳۲۴	۳/۷۲**-
	ارقام زراعی	۶/۴۴	۱۳/۵۸	۹/۹۹	۱/۲۶	۱۵/۷۵	۰/۰۲۸-	۰/۵۴۴	
تعداد دانه در سنبله	توده‌های بومی	۱۴/۵۳	۶۲/۳۵	۳۳/۰۴	۸/۷۹	۳۶/۳۳	۰/۶۵۱	۰/۶۵۱	۸/۳۰**
	ارقام زراعی	۱۹/۰۱	۵۶/۶۷	۴۱/۲۴	۷/۷۱	۲۸/۳۱	۰/۳۰۷-	۰/۰۰۸-	
وزن سنبله (گرم)	توده‌های بومی	۰/۷۰	۳/۶۰	۱/۹۴	۰/۵۵	۳۶/۹۹	۰/۴۳۴	۰/۲۹۵	۸/۲۰**
	ارقام زراعی	۱/۱۳	۳/۶۲	۲/۴۰	۰/۴۳	۲۶/۱۶	۰/۰۹۵-	۰/۴۲۱	
وزن هزار دانه (گرم)	توده‌های بومی	۱۸/۲۶	۵۳/۹۹	۳۵/۸۱	۶/۵۷	۲۵/۱۴	۰/۱۴۸	۰/۰۷۴-	۲/۶۹**
	ارقام زراعی	۲۴/۲۷	۵۲/۵۴	۳۷/۶۴	۵/۱۷	۲۰/۸۸	۰/۲۰۱-	۰/۲۶۲	
عملکرد دانه (گرم در تک بوته)	توده‌های بومی	۰/۷۷	۴/۷۳	۲/۳۷	۰/۷۷	۴۳/۹۳	۰/۴۸۱	۰/۰۹۶	۸/۱۱**
	ارقام زراعی	۱/۰۸	۴/۹۹	۳/۰۸	۰/۶۸	۳۲/۱۴	۰/۱۰۰	۰/۴۵۷	

**: معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد

ضرایب همبستگی ساده

شناخت رابطه بین عملکرد دانه و صفات مورفولوژیک در اجرای برنامه‌های گزینشی اهمیت زیادی دارد. نتایج حاصل از تحلیل همبستگی بین صفات (جدول ۳) نشان داد که عملکرد دانه با صفات وزن سنبله (r= ۰/۹۳)، تعداد دانه در سنبله (r= ۰/۸۱) و وزن هزار دانه (r= ۰/۶۱) همبستگی مثبت و معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد، بین صفت طول سنبله (r= ۰/۱۱) همبستگی مثبت و معنی‌داری در سطح احتمال ۵ درصد و با ارتفاع بوته همبستگی غیرمعنی‌داری دارد. در بررسی‌های انجام شده روی تنوع ژنتیکی و روابط بین صفات مختلف در ارقام گندم، محققین همبستگی بالایی بین تعداد دانه در سنبله و وزن سنبله با عملکرد دانه مشاهده کرده و این دو صفت را به عنوان مهم‌ترین صفات تأثیر گذار در عملکرد دانه معرفی کردند (۲۰،۲۲،۹). تعداد دانه در سنبله در گندم در محدوده وسیع‌تری از نظر زمانی تحت تأثیر عوامل محیطی قرار می‌گیرد، در نتیجه هر عامل محدودکننده‌ای از شروع جوانه‌زنی تا مرحله گرده‌افشانی ممکن است موجب کاهش تعداد دانه شود، بنابراین تأثیر آن روی عمکرد دانه مهم‌تر به نظر می‌رسد (۲۲).

جدول ۳- ضرایب همبستگی بین صفات مورد بررسی در توده‌های بومی و ارقام زراعی گندم‌های ایران
Table 3. Correlation coefficients between investigated traits in Iranian wheat landraces and cultivars

صفات	ارتفاع بوته	طول سنبله	تعداد دانه در سنبله	وزن سنبله	وزن هزار دانه
طول سنبله	۰/۴۳۹**				
تعداد دانه در سنبله	۰/۰۲۳-^{ns}	۰/۱۲۴*			
وزن سنبله	۰/۰۵۹^{ns}	۰/۱۵۵*	۰/۸۰۴**		
وزن هزار دانه	۰/۱۱۳*	۰/۰۶۷^{ns}	۰/۰۷۶^{ns}	۰/۵۲۴**	
عملکرد دانه	۰/۰۰۸^{ns}	۰/۱۱۱**	۰/۸۰۹**	۰/۹۳۰**	۰/۶۱۲**

ns، * و **: به ترتیب غیر معنی‌دار، معنی‌دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.168]

تجزیه رگرسیون گام به گام

به منظور بررسی تغییرات عملکرد دانه در بوته با استفاده از صفات مورد بررسی و تعیین اهمیت این صفات در تغییرات مربوط به عملکرد، تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام انجام شد. البته قبل از تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام، فرض‌های تجزیه رگرسیون چندگانه شامل خطی بودن رابطه، یکنواختی واریانس‌های درون متغیرهای مستقل، نرمال بودن خطاها و مستقل بودن خطاهای آزمایشی انجام شد. مقدار دوربین واتسون (Durbin-Watson) برابر ۱/۸۸ بدست آمد که بیانگر مستقل بودن خطاهای آزمایشی می‌باشد. به منظور بررسی هم‌راستایی بین متغیرهای مستقل نیز مقادیر عامل تورم واریانس‌ها (۱۱) محاسبه گردید. مقادیر عامل تورم واریانس برای متغیرهای مستقل کوچکتر از ۱۰ به دست آمد که نشان‌دهنده عدم وجود هم‌راستایی بین متغیرهای مستقل می‌باشد. نتایج رگرسیون گام‌به‌گام (جدول ۴)، صفت وزن سنبله اولین متغیری بود که وارد مدلی رگرسیونی شد و به تنهایی حدود ۸۶/۵ درصد از تغییرات عملکرد دانه را توجیه کرد. سپس صفات وزن هزار دانه، تعداد دانه در سنبله و ارتفاع بوته به ترتیب بیشترین درصد تغییرات عملکرد دانه را توجیه کرده و وارد مدل رگرسیونی شدند که در نهایت به همراه وزن سنبله ۹۶/۵ درصد از تغییرات عملکرد دانه را توجیه کردند. در نهایت مدل نهایی برای عملکرد دانه به صورت زیر بدست آمد:

$$Y= -1.905 + 0.256X_1 + 0.063X_2 + 0.055X_3 - 0.003X_4$$
$$R^2_{adj.} = 96.5\%$$

که در آن X_1 تا X_4 به‌ترتیب نشان‌دهنده وزن سنبله، وزن‌هزار دانه، تعداد دانه در سنبله و ارتفاع بوته می‌باشد. به غیر از ارتفاع بوته که شیب خط رگرسیونی منفی داشته و رابطه معکوس با عملکرد دانه نشان داد، بقیه صفاتی که وارد مدل رگرسیونی شدند رابطه مستقیم با عملکرد دانه نشان دادند. ارشد و همکاران (۷) و آقائی سربزه و امینی (۲) نیز بر اساس تجربه رگرسیونی صفات تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه را به‌عنوان صفات مهم با بیشترین تأثیر مثبت روی عملکرد دانه معرفی کردند. بنابراین می‌توان این صفات را بهترین صفات برای گزینش ژنوتیپ‌هایی با عملکرد دانه بالا در ارقام و توده‌های بومی گندم معرفی نمود.

جدول ۴- تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام بین عملکرد دانه در بوته و سایر صفات مورد بررسی در توده‌های بومی و ارقام زراعی گندم‌های ایران

Table 4. Stepwise regression analysis for seed yield per plant and other investigated traits in Iranian wheat landraces and cultivars

مرحله	صفات	a	b_1	b_2	b_3	b_4	R^2 تصحیح‌شده	(VIF§)	P-value مدل
۱	وزن سنبله	−۰/۲۵۱**	۱/۳۶۴**	-	-	-	۰/۸۶۵	۷/۲۶۱	<۰/۰۰۱
۲	وزن هزار دانه	−۰/۷۷۹**	۱/۲۳۱**	۰/۰۲۳**	-	-	۰/۸۸۶	۲/۵۷۲	<۰/۰۰۱
۳	تعداد دانه در سنبله	−۲/۱۸۰**	۰/۲۴۶**	۰/۰۶۳**	۰/۰۵۶**	-	۰/۹۶۴	۵/۳۰۶	<۰/۰۰۱
۴	ارتفاع بوته	−۱/۹۰۵**	۰/۲۵۶**	۰/۰۶۳**	۰/۰۵۵**	−۰/۰۰۳**	۰/۹۶۵	۱/۰۱۸	<۰/۰۰۱

**: معنی‌دار در سطوح احتمال یک درصد

§: عامل تورم واریانس گزارش شده بر مبنای مدل نهایی می‌باشد

تجزیه علّیت

به منظور تبیین روابط رگرسیونی و شناسایی اجزاء عملکرد و پی بردن به روابط علّی و معلولی بین عملکرد دانه در بوته و سایر صفات مورفولوژیک، همبستگی‌های فنوتیپی به اثرهای مستقیم و غیرمستقیم تفکیک گردید که نتایج در جداول ۵ آمده است. با توجه به نتایج تجزیه علّیت، صفات تعداد دانه در سنبله (۰/۶۳۰) و وزن هزار دانه (۰/۴۷۶) به ترتیب بیشترین اثر مستقیم و مثبت و صفات ارتفاع بوته (−۰/۰۳۸) و طول سنبله (−۰/۰۱۱) کمترین اثر غیرمستقیم و منفی را داشتند. اما علیرغم اثر مستقیم پایین وزن سنبله، این صفت از طریق صفت تعداد دانه در سنبله بیشترین تأثیر غیرمستقیم و مثبت را روی عملکرد دانه نشان داد. بنابراین، با توجه به نتایج تجزیه علیت می‌توان نتیجه گرفت که انتخاب برای عملکرد دانه براساس سایر صفات بدون در نظر گرفتن روابط بین آنها ممکن است نتایج دقیقی ارائه ندهد و لازم است در برنامه‌های به‌نژادی برای افزایش کارایی انتخاب از نقش و روابط بین صفات درک صحیحی بدست آید. در حالت کلی می‌توان نتیجه گرفت، تعداد دانه در سنبله بیشترین اثر مستقیم را روی عملکرد دانه داشته و می‌تواند به‌عنوان یکی از معیارهای مهم انتخاب برای ارقام پرمحصول در گندم باشد. اما سرابی و همکاران (۲۶) در مطالعه ارزیابی تنوع ژنتیکی و روابط بین صفات مورفولوژیک در گندم نان، براساس نتایج تجزیه علیت نشان دادند که تعداد دانه در سنبله پس از وزن هزار دانه بیشترین اثر مستقیم را بر عملکرد دانه دارد. اما به علت اثر غیر مستقیم و مثبت این صفت از طرق صفاتی مثل وزن هزار دانه، تعداد سنبله، ارتفاع بوته و طول سنبله، در نهایت ضریب همبستگی بالاتری با عملکرد دانه نسبت به وزن هزار دانه نشان داد. محمد و همکاران (۱۸)، آیسیسک و ییلدیریم (۸)، علی و همکاران (۳)، ملاصادقی و شهریاری (۲۱) و عبدوالمحسن و عبدوالشفی (۱) نیز اثر مستقیم بالای تعداد دانه در سنبله روی عملکرد دانه را در ژنوتیپ‌های گندم گزارش کرده‌اند که با نتایج مطالعه حاضر منطبق می‌باشند.

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.168]

جدول ۵- تجزیه ضرایب علیت فنوتیپی برای عملکرد دانه در بوته در توده‌های بومی و ارقام زراعی گندم‌های ایران
Table 5. Phenotypic path coefficient analysis for grain yield per plant in Iranian wheat landraces and cultivars

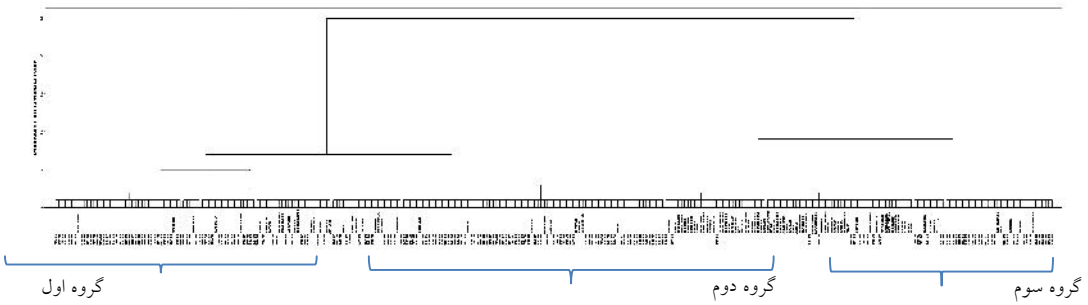
صفات	ضریب همبستگی	اثر مستقیم	اثر غیر مستقیم از طریق Indirect effect via			
			۱	۲	۳	۴
ارتفاع بوته	۰/۰۰۸	-۰/۰۴۲	-	-۰/۰۱۵	۰/۰۱۰	۰/۰۵۳
تعداد دانه در سنبله	۰/۸۰۹	۰/۶۳۰	۰/۰۰۰	-	۰/۱۴۱	۰/۰۳۶
وزن سنبله	۰/۹۳۰	۰/۱۷۵	-۰/۰۰۳	۰/۵۰۶	-	۰/۲۴۹
وزن هزار دانه	۰/۶۱۲	۰/۴۷۶	-۰/۰۰۵	۰/۰۴۷	۰/۰۹۲	-
Residual=۰/۱۸۷						

تجزیه خوشه‌ای

به منظور تعیین قرابت ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی آن‌ها بر مبنای صفات مورد بررسی، تجزیه خوشه‌ای به روش Ward و با استفاده از مربع فاصله اقلیدوسی انجام شد. ژنوتیپ‌های مورد بررسی در ۳ گروه دسته‌بندی شدند که ۱۹۱ ژنوتیپ در گروه اول، ۷۸ ژنوتیپ در گروه دوم و ۴۴ ژنوتیپ در گروه سوم قرار گرفتند (شکل ۱). به ترتیب حدود ۸۲ و ۸۰ درصد از ژنوتیپ‌هایی گروه‌بندی شده در گروه‌های اول و سوم شامل توده‌های بومی بودند. ارقامی تجاری گروه‌بندی شده در گروه‌های اول و سوم نیز اکثراً از ارقام قدیمی و توده‌های بومی ایرانی بودند که براساس گزینش‌های انجام شده توسط به‌نژادگران به عنوان رقم تجاری معرفی شده بودند. از طرف دیگر، تنها حدود ۱۹ درصد از ژنوتیپ‌های گروه‌بندی شده در گروه دوم شامل توده‌های بومی بوده و مابقی ژنوتیپ‌های گروه‌بندی شده در این گروه (۸۱ درصد)، ارقام زراعی بودند. بنابراین، می‌توان نتیجه گرفت صفات مورد بررسی از جمله صفات مهم گزینشی در برنامه‌های به‌نژادی بودند که به راحتی توانستند توده‌های بومی را از ارقام زراعی تفکیک کنند. به منظور تأیید اختلافات بین گروه‌ها، تجزیه واریانس چند متغیره بر پایه طرح کاملا تصادفی نامتعادل برای صفات مورد نظر انجام شد که در آن هر چهار آمارهٔ ویلکس لامبدا[1] (۰/۲۰۳)، اثر پیلای[2] (۱/۰۶۲)، اثر هتلینگ[3] (۲/۶۱۵) و بزرگترین ریشه روی[4] (۱/۹۴۲) در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار شدند. بنابراین، بطور قاطع می‌توان نتیجه گرفت، بین بردارهای میانگین‌ها اختلاف معنی‌داری وجود داشته است. در نتیجه ژنوتیپ‌های قرار گرفته در درون گروه‌ها نسبت به ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه‌های متفاوت از نظر این صفات شباهت بیشتری با هم داشته و گروه‌بندی صحیح بوده است. به منظور بررسی بهتر گروه‌ها، برای تک تک صفات مورد بررسی به صورت جداگانه تجزیه واریانس یک طرفه انجام شد. به طوری که ملاحظه می‌شود، بین گروه‌ها از نظر تمامی صفات مورد بررسی اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد وجود دارد (جدول ۶). با توجه به نتایج مقایسه میانگین گروه‌ها با استفاده از آزمون چند دامنه‌ای دانکن، گروه دوم که شامل ارقام زراعی بود، از نظر صفات تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، وزن هزار دانه و عملکرد دانه بیشترین مقادیر و از نظر ارتفاع بوته و طول سنبله به همراه گروه سوم کمترین مقادیر را نشان داد (جدول ۷). اما برعکس گروه اول و سوم که اکثراً شامل توده‌های بومی بود از نظر صفات عملکرد و اجزای عملکرد مقادیر کمتری را نشان دادند. به منظور شناسایی دقیق‌تر روابط خویشاوندی داخل توده‌های بومی و ارقام زراعی، تجزیه خوشه‌ای به صورت جداگانه برای توده‌های بومی (شکل ۲) و ارقام زراعی (شکل ۳) انجام شد. براساس نتایج تجزیه خوشه‌ای برای توده‌های بومی گندم‌های ایران، ژنوتیپ‌ها به دو گروه اصلی دسته‌بندی شدند که گروه اول به سه زیر گروه و گروه دوم به دو زیر گروه تقسیم شدند. گروه اول شامل ۱۲۸ ژنوتیپ بود که حدود ۹۷ درصد آنها با گروه اول تجزیه خوشه‌ای کلی مشترک بودند. گروه دوم ۷۵ درصد از ژنوتیپ‌ها را شامل شد که اکثراً توده‌های بومی موجود در گروه سوم و گروه دوم تجزیه خوشه‌ای کلی بودند. تجزیه خوشه‌ای در ارقام زراعی نیز، آنها را در دو گروه اصلی گروه‌بندی کرد که گروه اول خود به دو زیر گروه و گروه دوم به سه زیر گروه تقسیم شدند. به ترتیب در گروه اول و دوم، ۷۱ و ۳۹ رقم زراعی گروه‌بندی شدند. به طوری که حدود ۹۳ درصد از ارقام گروه‌بندی شده در گروه اول شامل گروه دوم تجزیه خوشه‌ای کلی بود که اکثراً ارقام زراعی وارد شده از CIMMYT یا ارقام حاصل از تلاقی ژنوتیپ‌های ایرانی و ارقام وارداتی را شامل می‌شود. در حالی که ارقام گروه‌بندی شده در گروه دوم اکثراً ارقامی را شامل می‌شود که اساساً توده‌های بومی ایرانی بودند که با روش‌های اصلاحی و گزینش‌های انجام شده به عنوان رقم زراعی معرفی شده‌اند که خود نشان دهنده تفاوت بین ارقام ایرانی و وارداتی می‌باشد که می‌توان با بهره‌گیری از این تفاوت‌ها در انتخاب والدین مناسب و تلاقی آنها برای تولید و بهبود ژنتیکی ارقام زراعی در برنامه‌های اصلاحی آتی استفاده نمود.

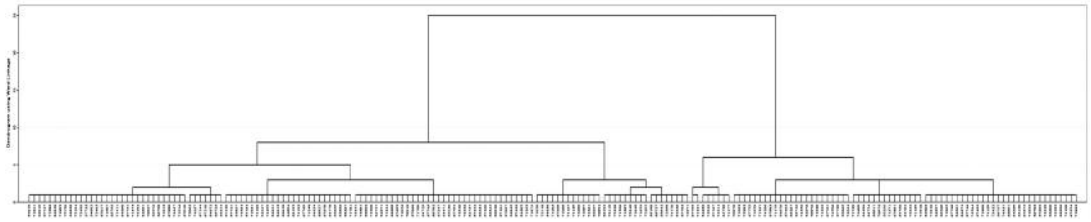
1- Wilks' Lambda
2- Pillai's Trace
3- Hotelling's Trace
4- Roy's Largest Root

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.168]



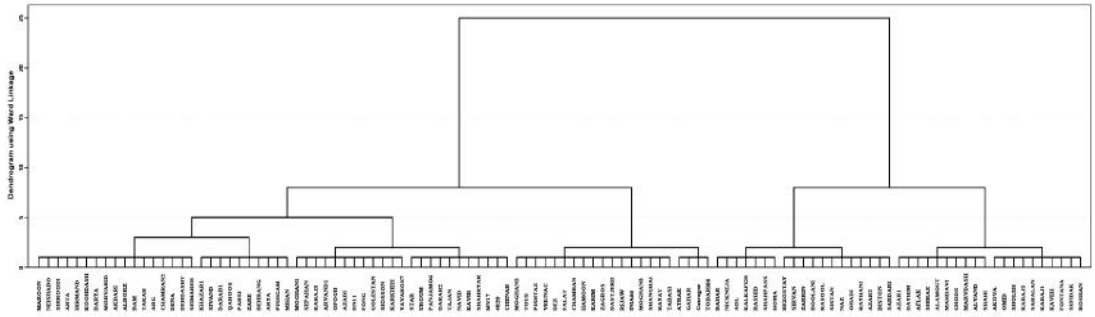
شکل ۱- دندروگرام مربوط به گروه‌بندی توده‌های بومی و ارقام زراعی گندم‌های ایران با استفاده از صفات زراعی (کدهای داخل و خارجی به ترتیب بیانگر ارقام زراعی و توده‌های بومی)

Figure 1. Classifying dendogram in Iranian wheat landraces and cultivars based on agronomic traits (Inner and Outer codes indicate cultivars and landraces, respectively)



شکل ۲- دندروگرام مربوط به گروه‌بندی توده‌های بومی گندم‌های ایران با استفاده از صفات زراعی

Figure 2. Classifying dendogram in Iranian wheat landraces based on agronomic traits



شکل ۳- دندروگرام مربوط به گروه‌بندی ارقام زراعی گندم‌های ایران با استفاده از صفات زراعی

Figure 3. Classifying dendogram in Iranian wheat cultivars based on agronomic traits

جدول ۶- تجزیه واریانس گروه‌ها براساس صفات مورد بررسی در توده‌های بومی و ارقام زراعی گندم نان ایرانی

Table 6. Analysis of variance between clusters in investigated traits in Iranian wheat landraces and cultivars

صفات	واریانس بین گروهی	واریانس درون گروهی
درجه آزادی	۲	۳۱۰
ارتفاع بوته	۱۷۰۰۹/۴۲۶**	۶۲/۶۹۵
طول سنبله	۳۹/۲۵۸**	۱/۶۴۵
تعداد دانه در سنبله	۵۴۱۳/۳۴۳**	۵۲/۰۳۵
وزن سنبله	۱۶/۰۴۱**	۰/۲۰۵
وزن هزار دانه	۲۸۰/۹۸۲**	۳۶/۵۹۱
عملکرد دانه	۳۴/۹۳۶**	۰/۴۳۸

**: معنی‌دار در سطوح احتمال یک درصد.

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.168]

جدول ۷- انحراف معیار و مقایسه میانگین گروه‌ها در صفات مورد بررسی در توده‌های بومی و ارقام زراعی گندم‌های ایران
Table 7. Mean comparison and standard deviation of clusters in Iranian wheat landraces and cultivars

صفات	گروه ۱	گروه ۲	گروه ۳	میانگین کل
تعداد ژنوتیپ	۱۹۱	۷۸	۴۴	۲۱۳
ارتفاع بوته	۱۱۶/۴۵ ^{a*} ±۸/۲۶	۶/۲۰^{D} ±۹۴/۸۷	۹/۰۴^{D} ±۹۵/۴۶	۱۳/۰۹ ±۱۰۸/۱۲
طول سنبله	۱/۲۸^{a} ±۱۰/۷۷	۱/۲۸^{D} ±۹/۸۳	۱/۲۸^{D} ±۹/۶۱	۱/۳۷ ±۱۰/۳۷
تعداد دانه در سنبله	۷/۹۶^{b} ±۳۵/۲۴	۶/۵۱^{a} ±۴۴/۰۷	۴/۳۶^{c} ±۲۴/۶۸	۹/۲۹±۳۵/۹۵
وزن سنبله	۰/۴۸^{D} ±۲/۱۰	۰/۴۴^{a} ±۲/۵۰	۰/۳۵^{c} ±۱/۴۴	۰/۵۵±۲/۱۰
وزن هزار دانه	۶/۳۲^{a} ±۳۶/۹۷	۵/۷۹^{a} ±۳۷/۰۳	۵/۲۳^{D} ±۳۳/۱۳	۶/۱۸ ±۳۶/۴۵
عملکرد دانه	۰/۷۰^{D} ±۲/۵۹	۰/۶۶^{a} ±۳/۲۴	۰/۴۴^{D} ±۱/۶۷	۰/۸۱±۲/۶۲

*: حروف مشابه در هر ردیف مربوط به صفات نشان‌دهنده عدم وجود اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد براساس آزمون دانکن می‌باشد

به منظور بررسی صحت گروه‌بندی تجزیه خوشه‌ای، از تابع تشخیص نیز استفاده شد که نتایج گروه‌بندی در جدول ۸ آورده شده است. نتایج تابع تشخیص نیز نشان داد که ژنوتیپ‌ها به درستی گروه‌بندی شده و میزان موفقیت تابع تشخیص در تشخیص گروه‌ها زیاد بوده و به ترتیب ۸۸، ۹۷/۴ و ۹۵/۵ درصد از ژنوتیپ‌ها در گروه‌های خود به درستی گروه‌بندی شده‌اند.

جدول ۸- نتایج تابع تشخیص برای صحت گروه‌بندی توده‌های بومی و ارقام زراعی گندم‌های ایران
Table 8. Result of discriminant analysis to confirmation classification of Iranian wheat landraces and cultivars

گروه‌بندی			عضویت پیش‌بینی شده			جمع کل
			۱	۲	۳	
اعتبار سنجی متقابل	مجموع	۱	۱۶۸	۱۷	۶	۱۹۱
		۲	۰	۷۶	۲	۷۸
		۳	۱	۱	۴۲	۴۴
	درصد	۱	۸۸	۸/۹	۳/۱	۱۰۰
		۲	۰	۹۷/۴	۲/۶	۱۰۰
		۳	۲/۳	۲/۳	۹۵/۵	۱۰۰

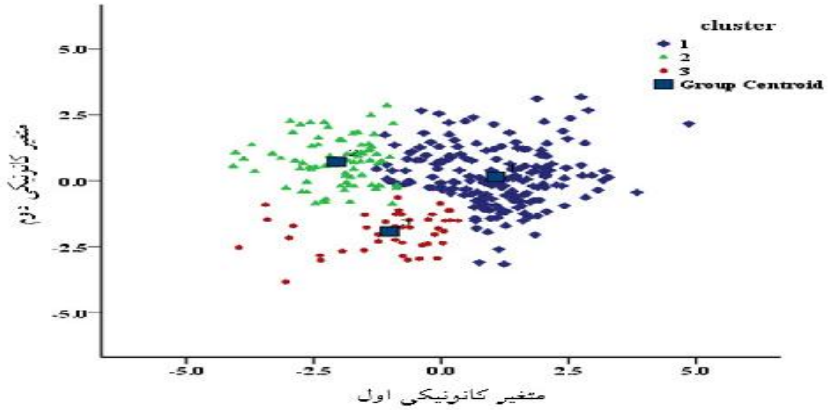
ضرایب تشخیص استاندارد شده کانونیکی، همبستگی خطی ساده بین متغیرهای اصلی و متغیرهای کانونیکی را نشان می‌دهد. بنابراین ضرایب تشخیص استاندارد شده کانونیکی نشان دهندهٔ واریانس مشترکی است که متغیرهای اندازه‌گیری شده با متغیرهای کانونیک دارند و می‌تواند در ارزیابی توجیه نسبی هر متغیر در هر معادله کانونیک مورد تفسیر قرار گیرد (۱۲). با توجه به ضرایب استاندارد شده کانونیکی (جدول ۹) صفات ارتفاع بوته و طول سنبله در اولین معادله تشخیصی کانونیکی قابل توجه بودند و در دومین معادله تشخیص کانونیکی صفات تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، وزن هزار دانه و عملکرد دانه مقادیر بالاتری را نشان دادند. سپس از متغیرهای کانونیکی اول و دوم که ۱۰۰ درصد تغییرات داده‌ها را توجیه کردند برای گروه‌بندی ارقام استفاده شد (شکل ۲). براساس پراکنش ژنوتیپ‌ها در فضای بای‌پلات، ژنوتیپ‌ها در ۳ گروه مجزا گروه‌بندی شدند و در هر گروه تنوع ژنتیکی درون گروهی کمی نسبت به تنوع ژنتیکی بین گروهی دارد در حقیقت ارقام هر گروه فاصله ژنتیکی کمی با یکدیگر دارند. سپس به منظور تطبیق فاصله بین گروه ها، فواصل بین گروه‌ها به وسیله فاصله ماهالانوبیس (D^2) محاسبه گردید (جدول ۱۰). همان‌طور که مشاهده می‌گردد بیشترین فاصله بین گروه‌های اول (گروه اول توده‌های بومی) و دوم (ارقام زراعی) و کمترین فاصله بین گروه‌های دوم و سوم (گروه دوم توده‌های بومی) مشاهده گردید (جدول ۱۰ و شکل ۴). ژنوتیپ‌های گروه اول از نظر متغیر کانونیکی اول (ارتفاع بوته و طول سنبله) و ژنوتیپ‌های گروه دوم از نظر متغیر کانونیکی دوم (عملکرد و اجزای عملکرد) بیشترین مقدار را به خود اختصاص داده‌اند (شکل ۳). اتیچا و همکاران (۱۳) در بررسی ۲۵۵۹ ژنوتیپ گندم نیز برای بررسی صحت گروه‌بندی از تابع تشخیص استفاده کرده و نشان دادند که دو تابع تشخیص اول و دوم در مجموع ۹۵/۶ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه می‌کنند. آرمینیان و همکاران (۵) نیز نشان دادند که تابع تشخیص کانونیک در بررسی تنوع ژنتیکی صفات زراعی در گندم می‌تواند بهترین توصیف را از تنوع بین ژنوتیپ‌ها داشته و در تفکیک زیر گروه‌ها مؤثرتر از روش‌های تجزیه خوشه‌ای مؤلفه‌های اصلی عمل کند. با توجه به نتایج گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها، گروه اول و دوم که به ترتیب توده‌های بومی و ارقام زراعی را شامل شده و هر دو گروه از نظر عملکرد و اجزای عملکرد مقادیر نسبتاً بالاتری را دارند و در عین حال فاصله ژنتیکی بالایی را نشان دادند می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی جهت ایجاد ژنوتیپ‌های جدید با عملکرد بالا، از تلاقی بین این گروه‌ها استفاده نمود. البته لازم به ذکر است تا کنون نیز براساس تلاقی‌هایی که بین توده‌های بومی ایران و ارقام وارداتی از CIMMYT انجام شده است.

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.168]

جدول ۹- ماتریس ساختاری کانونیکی صفات مطالعه شده در توده‌های بومی و ارقام زراعی گندم‌های ایران

Table 9. Canonical structure matrix of studied traits in Iranian wheat landraces and cultivars

صفات	تابع	
	۱	۲
ارتفاع بوته	۰/۹۲۷*	۰/۳۴۵
طول سنبله	۰/۲۶۳*	۰/۱۷۳
تعداد دانه در سنبله	-۰/۲۲۱	۰/۹۲۵**
وزن سنبله	-۰/۱۳۶	۰/۸۳۶**
وزن هزار دانه	-۰/۱۶۴	۰/۸۲۹**
عملکرد دانه	۰/۰۴۴	۰/۲۶۱*
مقادیر ویژه	۱/۹۴	۰/۶۷۳
درصد سهم تجمعی	۷۴/۳	۱۰۰
همبستگی کانونیکی	۰/۸۱۲**	۰/۶۳۴**



شکل ۴- گروه‌بندی توده‌های بومی و ارقام زراعی گندم‌های ایران براساس متغیرهای کانونیک معنی‌دار

Figure 4. Classification of Iranian wheat landraces and cultivars based on significant canonical variables

جدول ۱۰- فواصل ماهالانوبیس بین گروه‌ها در توده‌های بومی و ارقام زراعی گندم‌های ایران

Table 10. Mahalanobis distance between clusters in Iranian wheat landraces and cultivars

گروه	۱	۲
۲	۱۸۴/۷۷۹	
۳	۱۰۱/۶۰۳	۷۴/۸۴۴

تنوع ژنتیکی موجود در توده‌های بومی برای تمامی صفات مورد بررسی بیشتر از ارقام زراعی بود که می‌توان از این تنوع در راستای بهبود عملکرد در برنامه‌های آتی به‌نژادی استفاده کرد. در میان صفات مورد بررسی، صفت تعداد دانه در بوته و وزن هزار دانه و وزن سنبله بیشترین رابطه را با عملکرد دانه نشان دادند که می‌توان از طریق این صفات گزینش غیرمستقیم برای عملکرد دانه انجام داد. اما در حالت کلی با توجه به نتایج تجزیه کلاستر و تابع تشخیص کانونیکی توده‌های بومی و ارقام زراعی به گروه‌های متمایز تفکیک شدند که بیانگر گزینش برای این صفات در ارقام زراعی بوده است که خود نشان‌دهنده اهمیت این صفات در طول برنامه‌های به‌نژادی می‌باشد.

منابع

1. Abd El-Mohsen, A.A. and M.A. Abd El-shafi. 2014. Regression and path analysis in Egyptian bread wheat. Journal of Agri-Food and Applied Sciences, 2: 139-148.
2. Aghaee Sarbarzeh, M. and A. Amini. 2011. Genetic Variability for Agronomy Traits in Bread Wheat Genotype Collection of Iran. Seed and Plant Improvement Journal, 27: 581-599 (In Persian).
3. Ali, Y., B.M. Atta, J. Akhter, P. Monneveux and Z. Lateef. 2008. Genetic variability, association and diversity studies in wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm. Pakistan Journal of Botany, 40: 2087-2097.
4. Allard, R.W. 1996. Genetic basis of the evolution of adoptedness in plants. Euphytica, 92: 1-11.
5. Arminian, A., S. Hoshmand and B. Shiran. 2012. Investigating genetic diversity and classification of diverse wheat genotypes using multivariate analysis methods. Electronic Journal of Crop Production, 5: 105-120 (In Persian).
6. Arshad, Y. and M. Zahravi. 2011. Identification of drought tolerant genotypes in selected wheat genetic resources in the National Plant Gene-Bank of Iran. Iranian Journal of Crop Science, 13: 157-177 (In Persian).

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.168]

7. Arshad, Y., M. Zahravi and A. Soltani. 2013. Identification of genetic resources tolerant to drought stress in bread wheat. Journal of Crop Production Research, 5: 228-235 (In Persian).
8. Aycecik, M. and T. Yildirim. 2006. Path coefficient analysis of yield and yield components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. Pakistan Journal of Botany, 38: 417-424.
9. 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 Multivarite Analysis Methods. Journal of Crop Breeding, 5: 85-98 (In Persian).
10. Belay, G., T. Tesemma, E. Bechere and D. Mitiku. 1995. Natural and human selection for purple-grain tetraploid wheats in the Ethiopian highlands. Genetic Resources and Crop Evolution, 42: 387-391.
11. Belsley, D.A., E. Kuh and R.E. Welsch. 1980. Regression Diagnostics: Identifying Influential Data and Sources of Collinearity. New York, Wiley, 292 pp.
12. Cruz-Castillo, J.G., S. Ganeshanandam, B.R. MacKay, G.S. Lawes, C.R.O. Lawoko and D.J. Woolley. 1994. Applications of canonical discriminant analysis in horticultural research. Horticultural Science, 29: 1115-1119.
13. Eticha, F., G. Belay and E. Bekele. 2006. Species diversity in wheat landrace populations from two regions of Ethiopia. Genetic Resources and Crop Evolution, 53: 387-393.
14. Evenson, R.E. and D. Gollin. 2003. Assessing the impact of the green revolution, 1960 to 2000. Science, 300: 758-762.
15. Gharayazi, B. 1996. DNA marker application in plant breeding. 4th Iranian Crop Science Conference. Isfahan University, 328-340 (In Persian).
16. Hassan, S.E. and I. Khaliq. 2008. Quantitative inheritance of some physiological traits for spring wheat under two different population densities. Pakistan Journal of Botany, 40: 581-587.
17. Keller, L., J.E. Schmid and E.R. Keller. 1991. Are cereal landraces a source for breeding? Landwirtschaft Schweiz, 4: 197-202.
18. Mohammad, S., M. Fida and T. Mohammad. 2002. Path coefficient analysis in wheat. Sarhad Journal of Agriculture, 18: 383-388.
19. Mohammadi, S.A. and B.M. Prasanna. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations. Crop Science, 43: 1235-1248.
20. Mohseni, M., S.M.M. Mortazavian, H.A. Ramshini and B. Foghi. 2016. Evaluation of Bread Wheat Genotypes under Normal and Post-anthesis Drought Stress Conditions for Agronomic Traits. Journal of Crop Breeding, 8: 16-29 (In Persian).
21. Mollasadeghi, V. and R. Shahryari. 2011. Important morphological markers for improvement of yield in bread wheat. Advances in Environmental Biology, 5: 538-542.
22. Navabpour, S. and G. Kazemi. 2013. Study the relations between grain yield and related traits in wheat by path analysis. Electronic Journal of Crop Production, 6: 191-203 (In Persian).
23. Sadegh gol Moghadam, R., M. Khodarahmi and Gh.H. Ahmadi. 2011. Study of genetic diversity and factor analysis for grain yield and other morphological traits under drought stress condition. Journal of Agronomy and Plan Breeding, 7: 133-147 (In Persian).
24. Salamini, F., H. Ozkan, A. Brandolini, R. Schafer-Pregal and W. Martin. 2002. Genetics and geography of wild cereal domestication in the near East. Nature Reviews Genetics, 3: 429-441.
25. Sami, U.A., A.S. Khan, A. Raza and S. Sadique. 2010. Gene action analysis of yield and yield related traits in spring wheat (*Triticum aestivum* L.). International Journal of Agriculture and Biology, 12: 125-128.
26. Sarabi, M., A.R. Tari Nezhad, V. Rashidi and R. Ali Madadi. 2011. Genetic variation and inter-relationship between morphological characteristics and grain yield in advanced bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars using multivariate analysis. Modern Science of Sustainable Agriculture Journal, 7: 35-43.
27. Singh, S.K. 2003. Cluster analysis for heterosis in wheat (*Triticum aestivum* L.). Indian Journal of Genetics, 63: 249-250.
28. Tesemma, T., S. Tsegaye, G. Belay, E. Bechere and D. Mitiku. 1998. Stability of performance of tetraploid wheat landraces in the Ethiopian highlands. Euphytica, 102: 301-308.
29. VandeWouw, M., T. Van Hintum, C. Kik, R. Van Treuren and B. Visser. 2010. Genetic diversity trends in twentieth century crop cultivars: a meta-analysis. Theoretical and Applied Genetics, 120: 1241-1252.
30. Vojdani, P. and M. Meybodi. 1993. Distribution and genetic diversity of primitive bread wheats in Iran. In: Damania, A.B. (ed.): Biodiversity and Wheat Improvement. Journal Wiley and Sons Inc, Chichester, pp: 409-415.
31. Warburton, M. and D. Hoisington. 2001. Applications of molecular marker techniques to the use of international germplasm collections. CAB International Publishing: New York, pp: 83-93.
32. Zhang, P., S. Dreisigacker, A. Buerkert, S. Alkhanjari, A.E. Melchinger and M.L. Warburton. 2006. Genetic diversity and relationships of wheat landraces from Oman investigated with SSR markers. Genetic Resources and Crop Evolution, 53: 1351-1360.

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.168]

Evaluation of Genetic Variability of Agronomic Traits in Iranian Wheat Landraces and Cultivars

Hadi Ali Pour[1], Mohammad Reza Bihamta[2], Valiollah Mohammadi[3] and Seyed Ali Peyghmbari[2]

1- Assistant Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Urmia University
2 and 3- Professor and Associate Professor, University of Tehran-Karaj
Received: January 26, 2016 Accepted: June 5, 2016

Abstract

In order to evaluate the genetic variability of Iranian wheat landraces and cultivars and to determine the relationship between grain yield and other traits, 313 Iranian wheat genotypes including 203 Iranian wheat landraces and 110 Iranian cultivars were planted in a three separated augmented design along with three check cultivars repeated in seven blocks in 2014 on the research field of Agronomy and Plant Breeding, University of Tehran. Results showed that there are significant differences among genotypes in the investigated traits. Based on the results of descriptive statistics, the landraces showed highly coefficient of variation in compare with the cultivars which reveals high phenotypic variation among the landraces. According to the results of phenotypic correlations, stepwise regression, path analysis, it can be concluded that the number of seed per spike, thousand seed weight and spike weight were the most important and effective traits affecting yield and considering that among genotypes, the biggest diversity were observed for these traits, therefore, selecting and breeding for these traits can ideally improve the grain yield. Based on cluster and canonical discriminant analysis, the investigated genotypes were grouped in three clusters. The most of the landraces were grouped in the first and third clusters and most cultivars were grouped in the second cluster which means during breeding programs, breeders have done selection for the investigated traits and it reveals the importance of these traits.

Keywords: Cluster analysis, Correlation analysis, Discriminant analysis, Genetic variability, Path analysis, Stepwise regression

[DOI: 10.29252/jcb.9.22.168]