



## گروه‌بندی جمعیت‌های مختلف گندم وحشی

مسعود حامدی<sup>۱</sup>، محمود ملکی<sup>۲</sup>، مهدی رحیمی<sup>۲</sup>، امین باقی‌زاده<sup>۲</sup> و نجمه السادات علوی<sup>۱</sup>

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد اصلاح نباتات، دانشکده علوم و فناوری‌های نوین، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته، کرمان، ایران  
۲ و ۳- استادیار و دانشیار اصلاح نباتات، گروه بیوتکنولوژی، پژوهشگاه علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته، کرمان، ایران  
۲- استادیار اصلاح نباتات، گروه بیوتکنولوژی، پژوهشگاه علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته، کرمان، ایران (نویسنده مسؤول: maleki.li@gmail.com)  
تاریخ دریافت: ۹۴/۸/۵ تاریخ پذیرش: ۹۵/۱/۲۱

### چکیده

به منظور گروه‌بندی جمعیت‌های مختلف گندم وحشی با استفاده از صفات مورفولوژی، ۲۷ جمعیت از مناطق مختلف جمع‌آوری و مورد مطالعه قرار گرفتند. تمامی جمعیت‌ها در مزرعه آزمایشی و در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در ۳ تکرار در سال ۱۳۹۳ ارزیابی شدند. صفات اندازه گیری شده شامل طول ساقه با خوشه، طول خوشه با ریشک، طول خوشه بدون ریشک، طول ریشک، طول برگ پرچم، کرک‌دار بودن برگ، طول پدانکال، طول سنبلچه، تعداد بذر در هر سنبلچه و وزن ۱۰۰ دانه بودند. بررسی ضریب تغییرات فنوتیپی صفات نشان داد که بیش‌ترین تنوع در صفات کرک‌دار بودن برگ و طول برگ پرچم مشاهده گردید. گروه‌بندی جمعیت‌ها بر اساس تجزیه خوشه‌ای آن‌ها را در سه گروه قرار داد که با گروه‌بندی جغرافیایی تشابه کمی داشت و تنوع زیاد درون هر منطقه را نشان داد. همچنین بر اساس تجزیه به عامل‌ها سه عامل تشخیص داده شد که در مجموع ۷۶/۶۵ درصد از تغییرات کل را توجیه می‌نمودند. به‌طوری که عامل اول با تخصیص ۳۰/۰۹ درصد از تغییرات کل که صفات کرک‌دار بودن برگ، طول خوشه با ریشک، طول ریشک و تعداد بذر در هر سنبلچه توجیه نمود و به عنوان عامل مورفولوژی خوشه نام‌گذاری گردید. مولفه دوم با توجیه ۲۳/۴۳ درصد از تغییرات کل عامل ارتفاع گیاه و مولفه سوم با تخصیص ۲۲/۱۲ از تغییرات کل عامل خصوصیات دانه نام‌گذاری شد. نمودار بای پلات دو عامل اول جمعیت‌ها را در سه گروه قرار داد.

واژه‌های کلید: گندم وحشی، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به عامل‌ها

### مقدمه

گندم یکی از مهم‌ترین گیاهان زراعی در جهان است که بیش‌ترین سطح زیر کشت را به خود اختصاص داده است. این گیاه یکی از پیچیده‌ترین ژنوم‌های گیاهی را دارا می‌باشد و به‌صورت آلوپلوئید (AABBDD)  $(2n = 6x = 42)$  و از سه ژنوم همپلوگ تشکیل شده است (۲۲). گندم *Triticum monococcum* ( $2n = 2x = 14$ , AA) اولین گونه گندم زراعی است که خود از گندم وحشی *T. boeoticum* ( $2n = 2x = 14$ , AA) مشتق شده است (۷). زیستگاه اولیه *T. boeoticum* در بخش‌های مرکزی و شرقی الهلال حاصل‌خیز (Fertile Crescent) قرار گرفته است (۳۱). جستجوهای متعدد نشان داده است که مناطق مختلفی که از آن‌ها گونه *T. monococcum* بدست آمده است در ناحیه توزیع گندم *T. boeoticum* قرار گرفته‌اند (۷). تنوع ژنتیکی اساس اصلاح صفات است (۳۰، ۲۵، ۹) و برای موفقیت در اصلاح و ایجاد ارقام جدید ضروری است (۱۵). مطالعه تنوع ژنتیکی و فنوتیپی برای شناسایی، حفاظت، ارزیابی و استفاده از ذخایر ژنتیکی، برای مطالعه تنوع قبل از اصلاح و اصلاح ژرم‌پلاسما و برای تعیین منحصراً بفرود و متمایز بودن ساختار ژنتیکی و فنوتیپی ژنوتیپ‌ها ضروری است (۶). روش‌های مختلفی برای تخمین تنوع ژنتیکی وجود دارد، یکی از این روش‌ها استفاده از صفات مورفولوژی است که تحت عنوان تنوع مورفولوژیکی مورد بررسی قرار می‌گیرد (۱۴).

روش‌های مختلفی برای برآورد تنوع مورفولوژیکی در گونه‌های گیاهی وجود دارد از آنجایی که روش‌های آماری چند متغیره به طور هم‌زمان چندین اندازه‌گیری را مد نظر قرار می‌دهند، لذا در تجزیه و تحلیل تنوع کاربرد وسیعی دارند. در

بین روش‌های مختلف آنالیز چند متغیره، تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به عامل‌ها مهم‌ترین روش‌ها هستند (۱۶). مطالعات مختلفی بر روی تنوع ژنتیکی گیاهان زراعی و خویشاوندان وحشی آن‌ها صورت گرفته است. نقوی و امیریان (۱۸) مجموعه‌ای شامل ۵۵ نمونه *Aegilops tauschii* را از هفت کشور برای برخی صفات مورفولوژیک ارزیابی کردند و نتایج با استفاده از روش تجزیه به مولفه‌های اصلی مورد بررسی قرار گرفت. سه مولفه اول حدود ۶۸ درصد تنوع موجود در جامعه را شامل می‌شد که توانستند براساس دو مولفه اول، دو زیر گونه *Ae. Tauschii* و *Aegilops strangulata* را از یکدیگر متمایز کنند. مرادی سراب (۱۷) تعداد ۱۴ صفت مورفولوژی را روی چهار نمونه گندم وحشی شامل *T. araraticum* و *T. urartu*، *T. thaudar* و *T. boeoticum* بررسی و داده‌ها را از طریق روش‌های آماری تجزیه و تحلیل نمود و تفاوت بسیار معنی‌داری را بین گونه‌ها و داخل گونه‌ها از لحاظ بیشتر صفات مورد اندازه‌گیری مشاهده کردند. ارزانی (۵)، ۳۰ ژنوتیپ از گندم‌های دوروم را از لحاظ تنوع ژنتیکی صفات زراعی و مورفولوژی مورد بررسی قرار دادند. پس از اندازه‌گیری صفات مربوطه، آن‌ها را از طریق روش‌های آماری چند متغیره شامل تجزیه به مولفه‌های اصلی، تجزیه به مختصات اصلی و تجزیه خوشه‌ای مورد آنالیز قرار داده و مشاهده کردند که در بیشتر موارد طبقه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از سه روش یاد شده با هم دیگر هماهنگ بودند و گروه‌بندی یکسانی بین ارقام دیده شد.

ایران یکی از مناطق مهم از نظر توزیع گندم‌های وحشی در جهان محسوب می‌گردد، اما اطلاعات کمی در رابطه با شناخت تنوع ژنتیکی خویشاوندان وحشی گندم وجود دارد (۱۲). زیستگاه‌های گندم‌های وحشی در غرب ایران نواحی



جدول ۱- پراکنش جغرافیایی جمعیت‌های مورد مطالعه

ردیف	کد	استان	محل جمع‌آوری	ردیف	کد	استان	محل جمع‌آوری
۱	A1	لرستان	زاغه	۱۵	C2	کرمانشاه	کوزران
۲	A3	لرستان	دولت‌شاه	۱۶	C3	کردستان	موچش
۳	A4	لرستان	روستای هزار خانی	۱۷	C4	کردستان	گنجی
۴	A6	لرستان	نورآباد	۱۸	C5	کردستان	کامیاران
۵	A7	لرستان	رازان	۱۹	C6	کردستان	بلبان آباد
۶	A10	لرستان	جاده فیروزآباد خرم آباد	۲۰	C7	کردستان	پالنگان
۷	A11	لرستان	سفید دشت	۲۱	C9	کردستان	کامیاران
۸	A7/1 I	لرستان	نامشخص	۲۲	C10	کردستان	قشلاق مریوان
۹	B1	کرمانشاه	ده سفید	۲۳	C11	کردستان	سقر
۱۰	B2	کرمانشاه	هرسین	۲۴	C12	کردستان	سرو آباد
۱۱	B3	کرمانشاه	کرمانشاه	۲۵	D1	آذربایجان شرقی	روستای اشداله
۱۲	B4	کرمانشاه	پاوه	۲۶	D2	آذربایجان شرقی	اهر
۱۳	B5	کرمانشاه	روستای خسرو آباد	۲۷	E1	اردبیل	اردبیل
۱۴	C1	کردستان	دوراهی موچش - سندرچ				

## نتایج و بحث

### آماره‌های توصیفی کل جمعیت

ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی از نظر کلیه صفات زراعی دارای تنوع قابل توجهی برای آماره‌های میانگین، انحراف معیار و ضریب تغییرات فنوتیپی بودند (جدول ۲). در میان صفات مختلف بیشترین میزان تنوع فنوتیپی مربوط به صفات کرک‌دار بودن برگ، طول برگ پرچم و طول پدانکل به ترتیب با مقدار ۲۸/۸، ۲۲/۵ و ۱۶/۶ درصد بود. لذا جمعیت‌های گندم وحشی تظاهر متفاوتی برای این صفات نشان دادند و می‌توان از این تنوع در برنامه‌های اصلاحی گندم استفاده نمود. ضریب تغییرات بین ۶/۱ تا ۲۸/۸ درصد برای صفات مختلف متغیر بود. دامنه تغییرات طول برگ پرچم از ۳ سانتی‌متر تا ۶/۷ سانتی‌متر متغیر بود که نشان‌دهنده تنوع بالایی در جمعیت‌ها می‌باشد. ارتفاع بوته در جمعیت‌های مورد ارزیابی دارای دامنه تغییرات بالایی بود به طوری که کوتاه‌ترین جمعیت ۵۸/۵ سانتی‌متر و بلندترین جمعیت ۹۴/۸

سانتی‌متر ارتفاع داشت. این تنوع بالا در ارتفاع بوته می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی برای تولید ارقام پاکوتاه گندم مورد استفاده قرار بگیرد. همچنین تنوع خوبی برای صفات طول پدانکل، طول خوشه، طول ریشک و وزن هزار دانه در این جمعیت‌ها مشاهده شد که می‌توان از آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی گندم از طریق تلاقی استفاده نمود و گامی موثر در اصلاح گندم برداشت.

### تجزیه خوشه‌ای

گروه‌بندی ارقام با روش‌های مختلف و معیاری فاصله متفاوت و نقطه برش پرش ناگهانی دو فاصله ادغام انجام شد. در نهایت گروه‌بندی جمعیت‌ها با استفاده از الگوریتم UPGMA و با معیار فاصله اقلیدسی مورد تایید قرار گرفت و جمعیت‌ها با تعیین نقطه برش جمعیت‌ها به روش پرش ناگهانی در فاصله دو ادغام متولی در سه گروه قرار گرفتند (شکل ۱) و صحت گروه‌بندی با این روش از طریق تابع تشخیص ارزیابی و برابر با ۹۶/۳ درصد بود.

جدول ۲- پارامترهای آمار توصیفی مربوط به صفات مورد بررسی در جمعیت‌های گندم وحشی T.boeoticum  
Table 2. Descriptive statistical parameters of studied traits in populations of wild wheat T. boeoticum

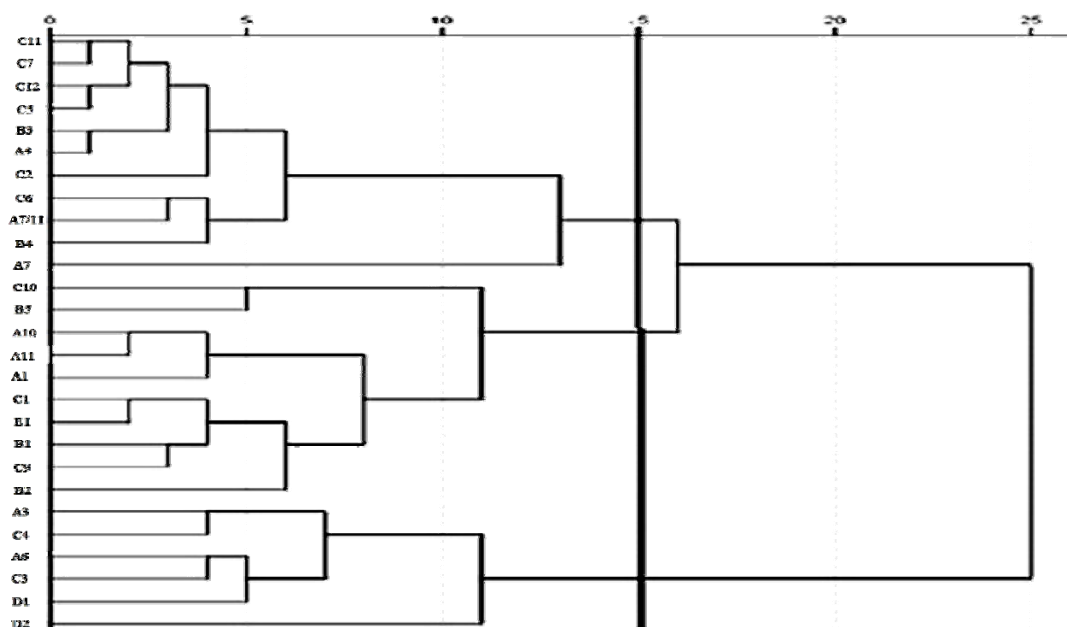
وزن ۱۰۰ دانه (gr)	تعداد بذر در هر سنبلچه	طول سنبلچه (mm)	طول پدانکل (cm)	کرک‌دار بودن	طول برگ پرچم (cm)	طول ریشک (cm)	طول خوشه بدون ریشک (cm)	طول خوشه با پشک (cm)	ارتفاع بوته (cm)
۴/۳۳	۱/۶۳	۱/۶۷	۳۴/۵	۰/۹۲	۴/۳۴	۸/۶۳	۸/۶۸	۱۷/۳۷	۷۶/۴۲
۰/۲۴	۰/۲۰	۰/۱۰	۵/۷۴	۰/۲۶	۰/۹۸	۱/۱۴	۱/۱۵	۱/۹۶	۹/۳۰
۰/۰۵	۰/۰۴	۰/۰۱	۳۳/۰۴	۰/۰۷	۰/۹۶	۱/۳۲	۱/۳۳	۳/۸۶	۸/۵۰
۱/۸۱	۱/۲۵	۱/۴۶	۲۱/۹۰	۰/۰۰	۳/۰۰	۵/۷۰	۷/۰۰	۱۳/۲۰	۵۸/۵۰
۲/۶۸	۲/۰۰	۱/۸۹	۴۲/۰۰	۱/۰۰	۶/۷۰	۱۰/۷۰	۱۱/۰۰	۲۲/۰۰	۹۴/۸۰
۸/۱۰	۴/۱۲	۱/۶۰	۶/۱۶	۸/۲۸	۵/۲۲	۳/۱۳	۲/۱۳	۳/۱۱	۱/۱۲

نشان‌دهنده تفاوت آن‌ها با سایر جمعیت‌های گروه‌های دیگر و قرابت جمعیت‌های داخل هر گروه می‌باشد. دلیل تفاوت جمعیت‌های گروه‌ها باهم می‌تواند به علت تفاوت در ساختار ژنتیکی یا تاثیر سایر عوامل موثر بر روی صفات باشد. با توجه به این که مناطق غرب ایران یکی از مناطق تنوع این گونه محسوب می‌شود طبیعی است که تنوع درون مکانی هم در آن بالا باشد. در این مطالعه گروه‌بندی جمعیت‌ها تشابه زیادی با گروه‌بندی جغرافیایی جمعیت‌های مورد مطالعه نداشت که نشان می‌دهد که در هر منطقه یا استان هم بین جمعیت‌های مورد مطالعه تنوع زیادی وجود دارد و این می‌تواند به این دلیل باشد که این قسمت از ایران جز مراکز تنوع گندم می‌باشد.

نتایج تجزیه خوشه‌ای داده‌های مربوط به صفات مورد ارزیابی نشان داد که کم‌ترین فاصله ژنتیکی (۱/۵۴۲) بین جمعیت‌های C7 از منطقه پالنگان کردستان و C11 از منطقه سقر استان کردستان و بیشترین فاصله ژنتیکی (۲۰/۸۵۶) بین جمعیت‌های C2 از منطقه کوزران استان کرمانشاه و D2 از منطقه اهر آذربایجان شرقی می‌باشد. گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای سه گروه حاصل بودند که گروه الف شامل: C11، C7، C12، C5، B3، A4، C2، C6، A7/11، B4 و A7، گروه ب شامل: C10، B5، A10، A11، A1، C1 و B1، C9 و B2 و گروه ج شامل: A3، C4، A6، C3، D1 و D2 بودند. نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای نشان داد که جمعیت‌ها در گروه‌های جداگانه قرار گرفته‌اند که

جدول ۳- میانگین و درصد انحراف از میانگین کل گروه‌ها برای صفات مختلف گندم‌های وحشی  
Table 3. The average and percent deviation from the total average of groups for different traits of wild wheat

صفات	درصد انحراف میانگین گروه سوم از میانگین کل	میانگین گروه سوم	درصد انحراف میانگین گروه دوم از میانگین کل	میانگین گروه دوم	درصد انحراف میانگین گروه اول از میانگین کل	میانگین گروه اول
ارتفاع بوته (cm)	-۱۷/۰۳	۶۳/۴	-۱/۲	۷۵/۵	۱۱/۷۱	۸۵/۳۷
طول خوشه با ریشک (cm)	-۰/۳۳	۱۷/۳۳	-۱/۸۴	۱۷/۰۵	۱/۷۸	۱۷/۶۸
طول خوشه بدون ریشک (cm)	۰/۹۲	۸/۷۶	۲/۰۷	۸/۸۶	-۲/۱۸	۸/۴۹
طول ریشک (cm)	-۲/۵۴	۸/۴۱	-۳/۵۹	۸/۳۲	۴/۷۵	۹/۰۴
طول برگ پرچم (cm)	-۱۹/۳۵	۳/۵	۱۸/۲	۵/۱۳	-۱۳/۳۶	۳/۷۶
کرکدار بودن	۸/۶۹	۱	-۱۳/۰۴	۰/۸	۸/۶۹	۱
طول پدانکال (cm)	-۳۴/۵۵	۲۶/۰۳	-۱/۶۲	۳۳/۹۴	۱۴/۸۶	۳۹/۶۳
طول سنبلیچه (mm)	-۰/۵۹	۱/۶۶	۰/۵۹	۱/۶۸	-۰/۵۹	۱/۶۶
تعداد بذر در هر سنبلیچه	۳/۶۸	۱/۶۹	۱/۸۴	۱/۶۶	-۳/۶۸	۱/۵۷
وزن ۱۰۰ دانه (gr)	-۶/۷۲	۲/۰۸	-۰/۸۹	۲/۲۱	۴/۴۸	۲/۳۳



شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای  
Figure1. Dendrogram of cluster analysis

و بهرام‌نژاد (۲۶) در بررسی تنوع ژنتیکی اجزاء عملکرد گندم‌های دوروم غرب ایران همبستگی بین مطالعات ریخت‌شناسی و زراعی توده‌ها با مناطق جغرافیایی مشاهده نکردند.

#### تجزیه به عامل‌ها

در تجزیه به عامل‌ها می‌توان به‌طور موفقیت‌آمیزی شمار زیادی متغیرهای هم‌بسته را به شمار کمتری عامل‌های اصلی کاهش داد و ضمن گروه‌بندی صفات، رابطه میان صفات هم‌بسته را نیز به خوبی توجیه کرد. افزون بر این، ترتیب و اهمیت صفات و مقدار تنوع که هر یک از صفات از تنوع کل را توجیه و مشخص شد. هدف از این تجزیه ایجاد متغیرهای مستقل جدید (عامل‌ها) با یافتن ترکیباتی جدید از متغیرهای اولیه می‌باشد. در طی آنالیز از روش تجزیه به مولفه‌های اصلی (*Principal Component*) و چرخش وریماکس (*Varimax*) استفاده شد. تجزیه به عامل‌ها ۱۰ متغیر اولیه را در قالب سه فاکتور جدید خلاصه نمود که در مجموع این سه عامل ۷۶/۶۵ درصد از تغییرات کل را توجیه نمودند. به‌طوری که عامل اول با تخصیص ۳۰/۰۹ درصد از تغییرات کل بیشتر توجیه کننده صفات کرک‌دار بودن برگ، طول خوشه با ریشک، طول ریشک، تعداد بذر در هر سنبلچه می‌باشد و به عنوان عامل مورفولوژی خوشه نام‌گذاری گردید. در حالی که متغیر دوم با توجیه ۲۳/۴۳ درصد از تغییرات بیشتر توجیه‌کننده صفات طول ساقه با خوشه، وزن ۱۰۰ دانه، طول پدانکال، طول سنبلچه بود و عامل ارتفاع گیاه نام‌گذاری شد. عامل سوم با تخصیص ۲۳/۱۲ درصد از تغییرات کل بیشتر توجیه کننده صفات طول پدانکال، طول برگ پرچم و طول خوشه با ریشک بود و عامل خصوصیات دانه نامیده شد (جدول ۳). نقدی پور و همکاران (۱۹) با تجزیه به عامل‌ها با استفاده از روش مولفه‌های اصلی و چرخش عامل‌ها به روش وریماکس با صفات زراعی در ۱۷ لاین گندم، ۴ عامل مستقل که در مجموع ۶۷/۹۳ درصد تغییرات را توجیه نمود معرفی نمودند. بررسی حاصل از ضرایب عاملی، نشانگر اهمیت صفات عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، طول سنبله و بیرون آمدگی پدانکل در گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب است. همچنین عظیمی و همکاران (۱) با بررسی ۵۰ ژنوتیپ گندم در شرایط نرمال و تنش خشکی و با انجام تجزیه به عامل‌ها بر اساس روش تجزیه به مولفه‌های اصلی شش عامل در شرایط نرمال توانست ۷۷/۰۳ درصد از تغییرات و در شرایط تنش ۷۴/۹۶ درصد از تغییرات کل را توجیه نمود.

برای نشان دادن ارزش هر یک از کلاسترها از نظر ۱۰ صفت اندازه‌گیری شده، درصد انحراف از میانگین کلاسترها از طریق میانگین کل برآورد شد (جدول ۳). این انحرافات تا حدی می‌تواند نشان‌دهنده وجود تنوع در ارقام وحشی گندم باشد. از آن جایی که ارقام موجود در هر یک از کلاسترها دارای قرابت ژنتیکی بیشتری نسبت به ارقام موجود در کلاسترهای دیگر بودند کلاستر اول شامل ۱۱ لاین بود و از نظر صفات طول ساقه با خوشه، طول خوشه با ریشک، طول ریشک، کرک‌دار بودن برگ، طول پدانکال، وزن ۱۰۰ دانه بالاتر از میانگین کل و از نظر سایر صفات پائین‌تر از میانگین کل بود. کلاستر دوم شامل ۱۰ جمعیت بود و میانگین صفات طول خوشه بدون ریشک، طول برگ پرچم، طول سنبلچه، تعداد بذر در سنبلچه‌ی آنها بیشتر از میانگین کل بود. در کلاستر سوم ۶ جمعیت قرار گرفته بودند و صفات طول خوشه بدون ریشک، کرک‌دار بودن برگ و تعداد بذر در هر سنبلچه ارزشی بالاتر از میانگین کل داشتند. بقیه صفات ارزشی کمتر از میانگین کل به خود اختصاص دادند. جمعیت‌های کلاستر اول و دوم از نظر بیشتر صفات دارای ارزش اصلاحی بوده و می‌توان از آنها در برنامه‌های اصلاحی برای انتقال این صفات استفاده کرد. عزیزیان و همکاران (۲) بر اساس صفات زراعی و ریخت‌شناسی تشابه موجود بین مورفوتیپ‌ها با استفاده از ضریب فاصله اقلیدسی و روش UPGMA مورفوتیپ‌های *T. urartu* جمع‌آوری شده از اردن و سوریه را از مورفوتیپ‌های جمع‌آوری شده از ایران، ترکیه و عراق متمایز نمودند. بابایی زارچ و همکاران (۳) تنوع ژنتیکی ۳۵ ژنوتیپ گندم را با استفاده از صفات مورفولوژیک بررسی کردند. نتایج تجزیه واریانس برای تمام صفات فوق در سطح یک درصد معنی‌دار بود. بر اساس تجزیه خوشه‌ای به روش وارد تمامی ژنوتیپ‌ها در چهار گروه قرار گرفتند.

نتایج تحقیقات کوالست و اسپانگولیتی (۲۰) برای تعیین تنوع جغرافیایی صفات سنبله در کلکسیون جهانی گندم دوروم نشان داد که در صورت مشخص بودن مبدأ دقیق نمونه‌های مورد ارزیابی، تنوع جغرافیایی یا تنوع ژنتیکی مطابقت خواهد داشت. شفال‌الدین و یزدی صمدی (۲۳) در تعیین تنوع ژنتیکی و جغرافیایی توده‌های بومی گندم نان ایران براساس صفات زراعی نتیجه مشابهی به دست آوردند. البته در تحقیقات مذکور برای توده‌های یک منطقه میانگین صفات استفاده شده است. اما زاهاریوا و همکاران (۲۹) در بررسی تنوع ریخت‌شناسی و زراعی توده‌های اُژیلوپس تتراپلوئید و طالعی

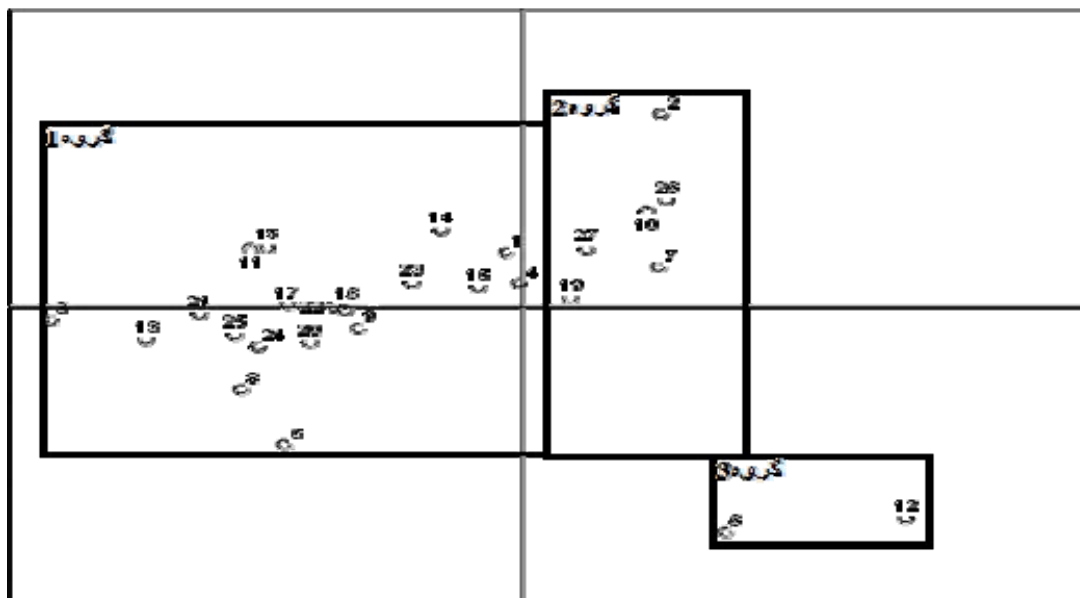
جدول ۴- تجزیه به عامل‌ها برای صفات مورد مطالعه

Table 4. Factor analysis for studied traits

صفات	اجزاء		
	۱	۲	۳
کرکدار بودن	۰/۸۸۵	-۰/۱۳۷	-۰/۰۹۸
طول خوشه با ریشک	۰/۷۹۲	۰/۳۱۵	۰/۴۷۳
طول ریشک	۰/۷۸۵	۰/۳۱۱	-۰/۰۰۵
تعداد بذر در هر سنبلچه	۰/۶۱۵	-۰/۲۳۲	۰/۱۵۶
ارتفاع بوته	۰/۱۸۲	۰/۸۵۵	-۰/۳۷۷
وزن صد دانه	۰/۴۰۳	۰/۷۶۸	۰/۱۵۸
طول پدانکال	۰/۱۷۲	۰/۷۴۱	-۰/۵۴۶
طول سنبلچه	۰/۴۱۱	۰/۵۴۳	۰/۴۲۷
طول برگ پرچم	۰/۴۱۷	۰/۱۸۱	۰/۷۴۹
طول خوشه بدون ریشک	۰/۴۸۳	۰/۱۱۴	۰/۶۹۸

خوشه‌ای بودند. ارقامی که در نمودار بای پلات در گروه دوم قرار گرفته‌اند ۵۰ درصد افراد آن در گروه دوم تجزیه خوشه‌ای، ۳۳ درصد در گروه سوم و ۱۷ درصد در گروه اول تجزیه خوشه‌ای قرار داشتند. گروه سه بای پلات شامل دو رقم بود که یکی از ارقام در گروه یک تجزیه خوشه‌ای و دیگری در گروه دو تجزیه خوشه‌ای قرار می‌گرفت. در کل تشابه گروه‌بندی بین بای پلات صورت گرفته و تجزیه خوشه‌ای نزدیک به ۴۰ درصد بود. نتایج حاصل از تجزیه عامل‌ها و تجزیه خوشه‌ای به منظور گروه‌بندی جمعیت‌ها تا حدود کمی مطابقت با گروه بندی تجزیه عاملی داشت و دلیل تطابق کم به خاطر این است که تجزیه خوشه‌ای از صددرصد اطلاعات استفاده می‌نماید و گروه‌بندی‌ها را انجام می‌دهد، ولی در روش دوم با استفاده از دو عامل اول در حدود ۵۴ درصد از اطلاعات و تغییرات را برای گروه‌بندی جمعیت‌ها به کار می‌برد (۱۱). با توجه به این نتایج می‌توان گفت زمانی که دو عامل اول درصد بالایی از تغییرات را توجیه نمایند می‌توانند برای گروه‌بندی استفاده شوند و در غیر این صورت بهتر است از تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی استفاده گردد تا بر اساس صددرصد تغییرات گروه‌بندی انجام شده و نتایج بهتری به دست آید.

با توجه به این که در تجزیه به عامل‌ها، عوامل مستقل و غیرهمبسته هستند بنابراین نقش مهمی در شناسایی جنبه‌های مختلف صفات و گزینش ارقام در برنامه‌های اصلاح نباتات ایفا می‌کنند. عدم همبستگی این شاخص‌ها به یکدیگر به دلیل اندازه‌گیری جنبه‌های مختلف داده‌ها بسیار مفید است. در انتخاب ارقام جهت بهبود هر عامل، از میانگین صفات هر رقم با توجه به ضرایب عاملی صفات در عامل مذکور، استفاده شد و میزان امتیاز آن رقم محاسبه گردید. ارقام با امتیاز بالا ارقام انتخابی بر مبنای آن عامل هستند. جهت انتخاب جمعیت‌های با امتیاز بالا و گروه‌بندی جمعیت‌ها و بر اساس هر دو عامل، از پراکنش جمعیت‌ها در پلات دو بعدی استفاده شد که نمودار  $X$  آن متعلق به یک عامل و نمودار  $Y$  آن متعلق به عامل دیگر است. در این تحقیق با توجه به شکل ۲ که بر مبنای دو عامل، عامل اول (مورفولوژی خوشه) و دوم (طول) رسم گردید، پراکنش جمعیت‌ها بالا بود به طوری که از نظر این دو خصوصیت حالت‌های مختلفی مشاهده شد و جمعیت‌ها در سه گروه قرار گرفتند. نتایج مقایسه گروه‌بندی انجام شده در نمودار بای پلات و تجزیه خوشه‌ای نشان می‌دهد ۶۰ درصد ارقام گروه یک حاصل از بای پلات در گروه یک تجزیه خوشه‌ای، ۳۰ درصد در گروه ۲ حاصل از تجزیه خوشه‌ای و ۱۰ درصد در گروه سه حاصل از تجزیه



شکل ۲- نمودار پراکنش جمعیت‌های مورد بررسی بر اساس بای پلات دو عامل اول  
Figure 2. Scatter plot of studied populations based on biplot of two first factors

مشخص شد که بین جمعیت‌های مورد بررسی تنوع بالایی وجود دارد بنابراین با استفاده از تنوع کافی در این جمعیت‌های گندم می‌توان از آن در برنامه‌های اصلاحی گندم استفاده نمود و گامی موثر در اصلاح این گیاه از طریق تلاقی با اجداد وحشی برداشت. به این صورت که از گروه‌هایی که فاصله ژنتیکی زیادی دارند می‌توان در برنامه‌های دورگ‌گیری استفاده نمود و همچنین می‌توان از آنها در جهت انتقال صفات مفید به گیاهان زراعی بهره برد از طریق اصلاح گیاه از طریق انتقال صفات از اجداد وحشی بهره جست.

نتایج بدست آمده از طبقه‌بندی ۲۷ جمعیت از گندم‌های وحشی (*T. boeoticum*) مورد بررسی توسط روش تجزیه خوشه‌ای آن‌ها در سه گروه قرار داد. همچنین برای تجزیه به عامل‌ها سه عامل تخصیص داده شد که در مجموع ۷۶/۶۵ درصد از تغییرات کل را توجیه نمودند و با رسم نمودار بای پلات براساس دو عامل اول جمعیت‌ها در سه گروه قرار گرفتند. در جمع‌بندی نهایی نیز به این نکته تاکید می‌شود که با توجه به گروه‌بندی جمعیت‌های مورد بررسی با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره براساس صفات مورد مطالعه

## منابع

1. Azimi, M., M. Khodarahmi and M.R. JalalKamali. 2012. Evaluation of some important agronomic characteristics in spring bread wheat genotypes under terminal drought stress and non-stress conditions. Journal of Agronomy and Plant Breeding, 8: 175-193 (In Persian).
2. Azizian, A., B. Yazdi Samadi, J. Mozafari, A.A. Shahnejat Boshehri and M.R. Naghavi. 2014. Genetic diversity of diploid wheat (*Triticum urartu*) using morphological traits and RAPD markers. Journal of Plant Products Research, 21: 149-166 (In Persian).
3. Babaei, Z.M.J., M.H. Fotokian and S. Mahmoodi. 2013. Evaluation of genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes for morphological traits using multivariate analysis methods. Journal of crop breeding, 5: 85-98 (In Persian).
4. El-Hendawy, S.E., Y. Hu, G.M. Yakout, A.M. Awad, S.E. Hafiz and U. Schmidhalter. 2005. Evaluating salt tolerance of wheat genotypes using multiple parameters. European journal of agronomy, 22: 243-253.
5. Faraahani, E. and A. Arzani. 2009. Assessment of genetic diversity in durum wheat genotypes with multivariate statistical analysis. Electronic Journal of Crop Production, 1: 51-64 (In Persian).
6. Franco, J., J. Crossa, J. M. Ribaut, J. Bertran, M.L. Warburton and M. Khairallah. 2001. A method for combining molecular markers and phenotypic attributes for classifying plant genotypes. Theoretical and Applied Genetics, 103: 944-952.
7. Harlan, J.R. and D. Zohary. 1996. Distribution of wild wheat and barley. Science, 153: 1074-1080.
8. Houshmand, S., A. Arzani, S.A.M. Maibody and M. Feizi. 2005. Evaluation of salt-tolerant genotypes of durum wheat derived from in vitro and field experiments. Field Crops Research, 91: 345-354.
9. Huang, X.Q., A. Boerner, M.S. Roeder and M.W. Ganal. 2002. Assessing genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm using microsatellite markers. Theoretical and Applied Genetics, 105: 699-107.

10. Jobson, J.D. 1992. Applied multivariate data analysis, Volum II, Categorical and multivariate methods. New York, Springer-Verlag.
11. Kearsey, M.J. and H.S. Pooni. 1996. The genetical analysis of quantitative traits. Chapman and Hall, London.
12. Kimber G. and M. Feldman. 1987. Wild Wheat: An Introduction. Special Report, College of Agriculture, University of Missouri-Columbia.
13. Maleki, M., M.R. Naghavi, H. Alizadeh, P. Potki, M. Kazemi, S.M. Pirseyedi and F. Tabatabaei. 2006. Study of genetic variation in wild diploid wheat (*Triticum boeoticum*) from Iran using AFLP markers. Iranian Journal of Biotechnology, 4: 269-274 (In Persian).
14. Maric, S., M. Bede, J. Martincic and V. Guberac-Sjemenarstvo. 1998. Variability of some winter wheat traits from breeding process. *Sjemenarstvo*, 15: 421-433.
15. Marić, S., S. Bolarić, J. Martinčić, I. Pejić and V. Kozumplik. 2004. Genetic diversity of hexaploid wheat cultivars estimated by RAPD markers, morphological traits and coefficients of parentage. *Plant Breeding*, 123: 366-369.
16. 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 (In Persian).
17. Moradi Sarab Shelly, A. 2011. Genetic diversity of wild wheat species using morphological traits. *Sciences Journal of plant Production*, 34: 364-254 (In Persian).
18. Naghavi, M.R. and R. Amirian. 2005. Morphological Characterization of Accessions of *Aegilops tauschii*. *International Journal Agriculture and Biology*, 7:392-394 (In Persian).
19. Naghdipoor, A., M. Khodarahmi, A. Porshahbazi and M. Esmailzadeh. 2011. Factor analysis for grain yield and other traits in durum wheat. *Journal of Agronomy and Plant Breeding*, 7: 84-96 (In Persian).
20. Qualset, C.O. and P.L. Spagnoletti Zeuli. 1987. Geographical diversity for quantitative spike characters in a world collection of durum wheat. *Crop Science*, 41: 217-235.
21. Romesburg, H.C. 1990. Cluster analysis for researchers. Krieger Publishing, Malabar, Florida.
22. Sears, E.R. 1954. The Aneuploids of Common Wheat. (Anonymous).
23. Shafaoddin, S. and B. Yazdi-Samadi. 1994. Genetic and geographical in Indigenous wheat collection of central Iran. *Iranian Journal of Agricultural Science*, 25: 61-77 (In Persian).
24. SPSS-Inc. 2013. IBM SPSS statistics 22 core system user's guide. USA: SPSS Inc., an IBM Company Headquarters.
25. Stepien, L., V. Mohler, J. Bocianowski and G. Koczyk. 2007. Assessing genetic diversity of Polish wheat (*Triticum aestivum*) varieties using microsatellite markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54: 1499-1506.
26. Taleei, A. and B. Behram-Nejad. 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 Agricultural Science*, 34: 949-959 (In Persian).
27. Van Slageren, M.W. 1994. Wild Wheats: A Monograph of *Aegilops* L. and *Amblyopyrum* (Jaub. and Spach) Eig (Poaceae). Netherlands Wageningen Agricultural University Papers .
28. Welling, M. 2005. Fisher linear discriminant analysis. University of Toronto Publications, Canada.
29. Zaharieva, M., A. Dimov, P. Stankova, J. David and P. Monneveux. 2003. Morphological diversity and potential intrest for wheat improvement of three *Aegilops* L. species from Bulgaria. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 50: 507-517.
30. Zergani, M., G.A. Ranjbar and S. Ebrahimnezhad. 2015. Molecular assessment of genetic diversity among bread wheat (*Triticum aestivum* L.) doubled haploid lines using SSR markers. *Journal of crop breeding*, 7: 88-95 (In Persian).
31. Zohary, D. and M. Hopf. 2001. Domestication of Plants in the Old World. 3rd Edition, Oxford University Press, Oxford.



## Grouping of Different Populations of Wild Wheat (*Triticum Boeoticum*) by Multivariate Analysis

Masoud Hamed<sup>1</sup>, Mahmood Maleki<sup>2</sup>, Mahdi Rahimi<sup>3</sup>, Amin Baghizadeh<sup>4</sup> and Najmeh Sadat Alavi<sup>1</sup>

---

1- M.Sc. Student, of Plant Breeding, Faculty of Sciences and Modern Technologies, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran

3 and 4- Assistant Professor and Associate Professor, of Plant Breeding, Department of Biotechnology, Institute of Science and High Technology and Environmental Science, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran

2- Assistant Professor of Plant Breeding, Department of Biotechnology, Institute of Science and High Technology and Environmental Science, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran

(Corresponding author: maleki.li@gmail.com)

Received: October 27, 2005

Accepted: April 9, 2016

---

### Abstract

27 different populations of *Triticum boeoticum* were gathered from west and North West of Iran for their grouping using morphological traits. All populations were assessed in farm based on completely random design with three replications in 1393. The measured traits include stem length with spike, spike length with and without awn, awn length, flag leaf length, the woolly leaves, peduncle length, spikelet length, number of grains per spikelet and 100-grain weight. The result showed that the most diversity were observed in hairy leaf and flag leaf length traits according to the variation coefficient in studied traits. All populations are located in three groups based on cluster analysis. Obtained grouping was not agreed with geographical grouping and showed more diversity into populations gathered from the same province. Based on factor analysis, three factors were recognized that explain 76.65 percent of total variation. The first factor allocation of 30.09 percent of the total variation is mainly explained by the traits of hairy leaf, spike length with awn, awn length, grain number per spikelet and was named as a spike morphology factor. The second factor is explained 23.12 percent of the total variation and named length factor and third factor allocation 23.12 percent of the total variation and name were grain filling factor. Biplot figure based on two first factor, all populations were placed on three groups. The obtained results from factor analysis were conformed the result of cluster analysis and confirmed them. The result indicated that when two first factors legitimized high percent of variation, can be used for grouping.

**Keywords:** Cluster analysis, Factor analysis, Wild wheat