دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

**"مقاله پژوهشی"**

# بررسی تنوع صفات مختلف زراعی و مورفولوژی در خویشاوندان وحشی گندم

**مریم جباری[۱]، احمد رضا گل پرور[۲]، بهزاد سرخی لله لو[۳] و مجید شمس[۴]**

۱- دانشجوی دکتری گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد اصفهان(خوراسگان)، اصفهان، ایران
۲- دانشیار گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد اصفهان(خوراسگان)، اصفهان، ایران، (نویسنده مسوول: dragolparvar@gmail.com)
۳- استادیار پژوهش، بخش ژنتیک، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، کرج ، ایران
۴- استادیار گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد اصفهان(خوراسگان)، اصفهان، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۶/۲ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۱۰/۱۹
صفحه: ۲۹ تا ۴۱

**چکیده مبسوط**

**مقدمه و هدف:** خویشاوندان وحشی گندم یکی از مهم‌ترین ذخایر ژنتیکی برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی گندم می‌باشند. بنابراین شناسایی خویشاوندان وحشی گندم و آگاهی از تنوع موجود در آن‌ها و همچنین حفاظت از این گونه‌ها به صورت انکارناپذیری در گسترش غنای خزانه ژنی و پایه ژنتیکی ارقام جدید مؤثر بوده و می‌تواند ابزار مناسبی برای اصلاحگران در آینده باشد.

**مواد و روش‌ها:** مطالعه حاضر به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی و بررسی روابط بین صفات در ۴۹ ژنوتیپ از خویشاوندان وحشی گندم شامل ۱۵ گونه در قالب طرح آگمنت در پنج بلوک در مزرعه بخش تحقیقات ژنتیک و بانک ژن گیاهی ملی ایران موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر در سال زراعی ۱۳۹۸-۹۹ اجرا گردید.

**یافته‌ها:** بر اساس نتایج تجزیه واریانس بین گونه‌های مختلف خویشاوند وحشی گندم مورد مطالعه از لحاظ صفات ارتفاع، طول بیرون‌آمدگی پدانکل، طول پدانکل و طول و عرض دانه اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۱ وجود داشت. مقادیر ضرایب تنوع نیز بیانگر تنوع بالا بین گونه‌های مختلف خویشاوند وحشی از لحاظ صفات مورفولوژی به غیر از طول برگ پرچم بود. بیشترین میزان ضریب تغییرات ژنتیکی و بیشترین میزان وراثت‌پذیری، مربوط به صفت طول پدانکل بود. بر اساس نتایج برآورد ضرایب همبستگی بین صفات، رابطه مثبت و معنی‌داری بین عملکرد و اجزای عملکرد وجود داشت. براساس نتایج تجزیه رگرسیون پنج صفت وزن سنبله، شاخص برداشت، ارتفاع، طول دانه و تعداد دانه در سنبله به عنوان صفات مؤثر بر عملکرد دانه تعیین شدند که در بین این صفات وزن سنبله عمدتا به صورت مستقیم و تعداد دانه در سنبله به طور غیر مستقیم عملکرد دانه را تحت‌تأثیر قرار دادند. نتایج تجزیه عاملی نیز منجر به شناسایی سه عامل مؤثر بر عملکرد شد که در مجموع توانستند ۸۴/۳۹ درصد از واریانس بین داده‌ها را توجیه کنند. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای، ارقام و گونه‌های مورد بررسی را بر اساس کلیه صفات به سه گروه کلی تفکیک کرد. از ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه چهارم و پنجم به دلیل داشتن انحراف از میانگین کل مثبت برای صفات ارتفاع، طول برگ پرچم و طول دانه می‌توان برای کارهای اصلاحی و تولید ارقام جدید با بهبود عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه، بهره برد و از ژنوتیپ‌های گروه اول می‌توان برای اصلاح صفت شاخص برداشت استفاده کرد.

**نتیجه‌گیری:** بین خویشاوندان وحشی گندم مورد مطالعه از لحاظ صفات مورفولوژی تنوع قابل توجهی مشاهده شد که از این تنوع می‌توان برای برنامه‌های اصلاح ذخایر ژنتیکی استفاده کرد.

**واژه‌های کلیدی:** تجزیه خوشه‌ای، تجزیه عاملی، تنوع ژنتیکی، خویشاوندان وحشی، گندم

## مقدمه

گندم (*Triticum astivum* L.) نقش مهمی در تأمین امنیت غذایی جهان دارد (FAOSTAT, 2021). یکی از مهم‌ترین عواملی که بر تولید گندم تأثیر می‌گذارد عدم اطمینان در الگوهای اقلیمی است (۲۴). گونه‌های وحشی اهلی‌نشده، خویشاوندان وحشی زراعی و واریته‌های بومی، منابع مختلفی برای بهبود گندم برای حل چالش‌های ناشی از تغییر اقلیم و افزایش جمعیت انسانی هستند (۴۳). از زمان اهلی شدن گندم تا کنون عملکرد ارقام گندم و سازگاری آن‌ها در شرایط مختلف رشد افزایش یافته است اما این موفقیت منجر به کاهش تنوع ژنتیکی در خزانه ژنی شده است که این امر توسعه ارقام جدید گندم مورد نیاز برای تأمین پایدار تقاضای روبه رشد جهان در شرایط تغییرات اقلیمی و تنش‌های زنده و غیرزنده را محدود می‌کند (۲،۵۰). بنابراین ژرم‌پلاسم گندم زراعی و نیز خویشاوندان وحشی آن که دارای تنوع ژنتیکی استفاده نشده‌ای هستند برای غلبه بر این چالش‌ها اهمیت زیادی دارند (۲۲،۲۶،۷). بر اساس گزارش فلدمن و سیرز (۱۹۸۱) مناطق جغرافیایی بین ۲۰ و ۴۰ درجه شرقی و ۳۵ و ۴۵ درجه شمالی شامل کشورهای ترکیه، سوریه، عراق، فلسطین و نواحی شمال غرب تا جنوب غربی ایران به عنوان مرکز تکامل و اهلی شدن گندم‌های زراعی و پراکنش گونه‌های وحشی بوده و این گونه‌ها بیشترین پراکنش را در این مناطق دارند. به این ترتیب ایران یکی از مراکز اصلی تنوع، توزیع و پراکنش گونه‌های خویشاوند گندم به ویژه گونه‌های دیپلوئید وحشی *T. boeoticum* و *T. urartu* بوده و نقش به‌سزایی در روند تکامل گندم‌های زراعی داشته است (۳۷). اخیراً شواهدی از تکامل گندم‌های تتراپلوئید در بخش‌هایی از رشته کوه زاگرس ارائه شده است (۵۱). در واقع ارقام بومی و خویشاوندان وحشی آن‌ها به دلیل قدمت و سازگاری به شرایط زیستی و عوامل نامساعد محیطی دارای مناسب‌ترین ژن‌ها بوده و تنوع ژنتیکی مورد نیاز به‌نژادگران گیاهی را تأمین می‌نمایند. به طوری که این مواد ژنتیکی به عنوان منابع ارزشمند ژنی به‌ویژه برای مقاومت به تنش‌های زنده و غیر زنده و همچنین اصلاح برای بهبود کیفیت پروتئین محسوب می‌شوند (۳۳). اساساً بالاترین ارزش گونه‌های وحشی برای بشر در حال و آینده به علت ژن‌های آن‌ها است که مقاومت به بیماری، کیفیت مواد غذایی و سازگاری به شرایط نامساعد محیطی را کنترل می‌کنند. اگرچه برخی از این ژن‌ها ممکن است هنوز ناشناخته و در آینده بتوانند بسیار ارزشمند باشند (۳۴). تا به امروز تلاش‌های مختلفی برای


[ DOI: 10.52547/jcb.14.41.29 ]

اصلاح گندم با استفاده از تنوع ژنتیکی خویشاوندان وحشی آن صورت گرفته است. به عنوان مثال از گونه‌های وحشی برای افزایش مقاومت گندم زراعی در برابر تنش‌های محیطی مختلف شامل خشکی (۴۱،۳۵،۸)، شوری (۱۵،۱)، گرما (۱۰)، سرما (۱۹،۲۰) و تنش‌های زیستی (۳،۴۴،۱۶) استفاده شده است (۳۶). بنابراین شناسایی خویشاوندان وحشی و آگاهی از تنوع موجود در آن‌ها و همچنین حفاظت از این گونه‌ها به صورت انکارناپذیری در گسترش غنای خزانه ژنی و پایه ژنتیکی ارقام جدید مؤثر بوده و می‌تواند ابزار مناسبی برای اصلاحگران در آینده باشد. در این راستا مرادی سراب‌شلی و همکاران (۲۵) با بررسی تنوع ژنتیکی گونه‌های گندم وحشی با استفاده از صفات مورفولوژیک، تنوع بالایی را از لحاظ صفات اندازه‌گیری شده بین ۴ گونه مورد بررسی گندم شامل *T. boeticum*، *T. thaudar*، *T. arraraticum* و *T. urartu* گزارش کردند. شیرزاد و همکاران (۴۵) ضمن بررسی تنوع مورفوژنتیکی توده‌های بومی گونه *Aegilops triuncialis* L. جمع‌آوری شده از نیمه شمالی ایران، بیشترین تنوع ژنتیکی را برای توده‌های *Ae. triuncialis* استان‌های آذربایجان شرقی و قزوین و کمترین تنوع را برای توده‌های استان‌های کردستان و خراسان شمالی گزارش کردند. پور ابوالقداره و همکاران (۳۲) نیز با بررسی تنوع صفات اگرومورفولوژیکی در ۱۸۰ توده آژیلوپس و تریتیکوم شامل شش گونه دیپلوئید، پنج گونه تتراپلوئید و یک گونه هگزاپلوئید جمع‌آوری شده از مناطق مختلف ایران، تنوع بالایی را در بین توده‌های مورد مطالعه گزارش کردند و در نهایت ۱۸۰ توده مورد مطالعه را در دو گروه اصلی و بر اساس ساختار ژنومی در شش گروه مجزا گروه‌بندی کردند. نواک و همکاران (۳۰) در ارزیابی تنوع مولکولی چهار گونه جنس *Aegilops* تنوع بالایی را بین گونه‌های مختلف این جنس گزارش کردند.

بانک ژن گیاهی ملی ایران به‌عنوان بزرگترین بانک ژن گیاهان زراعی منطقه خاور میانه و شمال آفریقا، یکی از ده بانک ژن بزرگ دنیا است که حاوی نمونه‌های ارزشمند گیاهان استراتژیک در امنیت غذایی بشر می‌باشد. این بانک با داشتن بیش از ۷۱ هزار نمونه که ۹۸ درصد آن را نمونه های داخلی تشکیل می‌دهند دارای کلکسیون های بزرگی از گروه محصولات غلات، علوفه، حبوبات و گیاهان صنعتی است. کلکسیون گندم آن داری بیش از ۱۷ هزار توده هتروژن و مجموعه وسیعی از خویشاوندان وحشی و اهلی انواع گندم می باشد. همانطور که در منابع ارایه شده است خزانه ژنی ۱ و ۲ محصولات زراعی داری بیشترین پتانسیل برای بهره برداری ژن های مفید اصلاحی هستند. این کلکسیون علاوه بر خزانه های ژنی ۱ و ۲ داری منابع ارزشمندی از خزانه ژنی ۳ نیز می مباشد که با استفاده از ابزار زیست فنآوری نوین قابلیت بهره برداری آن برای استفاده ژن‌های مقاومت و کیفیت رادر میسر می باشد. کلکسیون اصلی گندم ایران شامل انواع گندم های ایرانی و خویشاوندان آن از جنس‌های تریتیکوم و آجیلوپس است. جنس تریتیکوم با ۵۴۸ نمونه شامل ۵ گونه شناخته شده و ۱۵۶ نمونه در حال شناسایی است. تعداد نمونه های موجود در بانک ژن گیاهی ملی ایران از جنس آجیلوپس نیز ۱۰۸۱ نمونه می باشد. این گلکسیون در برگیرنده ۱۰ گونه متفاوت می باشد.

با توجه به اینکه موفقیت در برنامه‌های اصلاحی تابع وراثت‌پذیری، تنوع ژنتیکی و انتخاب است. وجود تنوع ژنتیکی زیاد بزرگترین شانس برای نائل شدن به موفقیت در گزینش محسوب می‌شود (۲۳). بنابراین فارغ از تسلط بر فناوری‌های مدرن، موفقیت در برنامه‌های اصلاحی وابسته با کاربرد طیف گسترده تنوع ژنتیکی موجود در گیاهان زراعی اهلی و گونه‌های وحشی آن‌ها است (۶). هدف از این مطالعه بررسی تنوع ژنتیکی در ۴۹ ژنوتیپ وحشی گندم از نظر صفات اگرومورفولوژی و بررسی روابط بین صفات در این ژنوتیپ‌ها است.

## مواد و روش‌ها

این تحقیق در قالب طرح آگمنت در مزرعه بخش تحقیقات ژنتیک و بانک ژن گیاهی ملی ایران موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر (با طول جغرافیایی ۵۵ درجه و ۵۴ دقیقه و عرض جفرافیایی ۳۵ درجه و ۵۵ دقیقه و ارتفاع ۱۳۱۲/۵ متر از سطح دریا) در سال زراعی ۹۹–۱۳۹۸ اجرا شد. در این تحقیق ۴۹ ژنوتیپ وحشی گندم شامل ۱۵ گونه تهیه شده از بانک ژن مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج (جدول ۱) همراه با پنج رقم گندم (ترابی، رخشان، طلایی، کویر و ماهوتی) به‌عنوان شاهد (جدول ۱) در قالب طرح آماری آگمنت در پنج بلوک مورد مطالعه قرار گرفتند. هر ژنوتیپ بر روی یک پشته به طول ۲ متر و در دو خط کشت با تراکم ۴۰۰ دانه بر متر مربع بر اساس وزن هزاردانه کشت شد. فاصله بین بوته‌ها ۱۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد.

خاک محل آزمایش بافت رسی–شنی داشته، میزان هدایت الکتریکی ۱/۵۳ دسی‌زیمنس بر متر و pH برابر ۷/۵ بود. کشت در اول آبان انجام شد. بر اساس سیستم طبقه‌بندی کوپن، منطقه کرج دارای اقلیم سرد نیمه خشک با متوسط بارندگی سالیانه ۲۴۳ میلی‌متر و متوسط درجه حرارت ۱۳/۵ درجه سانتی‌گراد می‌باشد. مراحل آماده‌سازی زمین شامل اجرای عملیات شخم، دیسک، لولر و کودپاشی بود. جهت کودپاشی از ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار کود اوره، مقدار ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار کود فسفات آمونیوم و ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار کود سولفات پتاس در هنگام کاشت و ۱۰۰ کیلو گرم در هکتار کود اوره به عنوان کود سرک در ابتدای شروع مرحله طویل شدن ساقه استفاده گردید. آبیاری به روش نشتی شامل دو نوبت در پاییز با توجه به میزان بارندگی‌های پاییزه و پنج نوبت آبیاری در بهار بسته به شرایط آب و هوایی انجام شد. مبارزه با علف‌های هرز پهن برگ با علف‌کش گران‌استار به میزان ۲۰ گرم در هکتار و مبارزه با علف‌های هرز باریک برگ با علف‌کش Puma super به میزان ۱/۲ لیتر در هکتار در مرحله پنجه زنی تا شروع ساقه رفتن انجام شد.

صفات مورد اندازه‌گیری شامل ارتفاع (سانتی‌متر)، طول سنبله (سانتی‌متر)، طول پدانکل (سانتی‌متر)، طول بیرون آمدگی پدانکل (سانتی‌متر)، طول برگ پرچم (سانتی‌متر)، وزن

کل ساقه (گرم)، وزن سنبله (گرم)، تعداد دانه در سنبله، طول و عرض دانه (میلی‌متر)، وزن دانه در بوته (گرم)، شاخص برداشت (درصد) و وزن هزاردانه (گرم) بود. صفت شاخص برداشت از نسبت وزن دانه به وزن کل ساقه محاسبه شد. بعد از جمع‌آوری داده‌ها و آزمون برقراری فرض‌های تجزیه واریانس، تجزیه واریانس طرح آگمنت و محاسبه پارامترهای ژنتیکی صورت گرفت. مقایسه میانگین صفات با استفاده از روش LSD انجام شد سپس تجزیه‌های چند متغیره شامل ضرایب ساده همبستگی، تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام، تجزیه علیت و تجزیه عاملی به منظور بررسی روابط بین صفات و تجزیه خوشه‌ای به روش متوسط فاصله بین گروه‌ها (UPGMA) و با در نظر گرفتن فاصله اقلیدسی به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها مورد استفاده قرار گرفت. برای تجزیه واریانس و برآورد پارامترهای ژنتیکی از نرم‌افزار R، برای تجزیه ضرایب همبستگی، تجزیه رگرسیون، تجزیه عاملی و تجزیه کلاستر از نرم‌افزار SPSS، برای تجزیه علیت از نرم‌افزار PATH و برای مقایسه میانگین‌ها از نرم‌افزار Excel استفاده شد.

جدول ۱- اسامی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه (ارقام زراعی و خویشاوندان وحشی گندم) و کد اختصاصی به آن‌ها
Table 1. Names of studied genotypes (cultivars and wild relatives of wheat) and their specific codes

| ردیف | نام ژنوتیپ | سطح پلوئیدی | شماره کلکسیون | منشا | ردیف | نام ژنوتیپ | | شماره کلکسیون | منشا |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| ۱ | *T.boeticum* | 2n=2x=14 | ۵۵۰۱۷ | کرمانشاه | ۲۸ | A.columnaris | 2n=4x=28 | ۲۹۸۵۴ | کردستان |
| ۲ | *A.tauschii* | 2n=2x=14 | ۲۸۹۹۲ | کرمان | ۲۹ | A.columnaris | 2n=4x=28 | ۲۸۳۰۸ | آذربایجان غربی |
| ۳ | *A.tauschii* | 2n=2x=14 | ۲۹۶۹۲ | قزوین | ۳۰ | A.biuncialis | 2n=4x=28 | ۲۹۷۶۳ | کرمانشاه |
| ۴ | *A.umbellulata* | 2n=2x=14 | ۲۸۱۱۳ | همدان | ۳۱ | A.biuncialis | 2n=4x=28 | ۵۰۰۷۴ | آذربایجان غربی |
| ۵ | *A.umbellulata* | 2n=2x=14 | ۲۹۹۸۵ | قزوین | ۳۲ | T.boeoticum | 2n=2x=14 | ۳۰۷۷۱ | آذربایجان غربی |
| ۶ | *T.boeticum* | 2n=2x=14 | ۵۵۰۰۱ | لرستان | ۳۳ | T.araraticum | 2n=4x=28 | ۵۵۰۵۹ | آذربایجان غربی |
| ۷ | *T.boeticum* | 2n=2x=14 | ۳۰۷۹۶ | لرستان | ۳۴ | A.crassa | 2n=4x=28 | ۲۹۱۷۴ | همدان |
| ۸ | *A.tauschii* | 2n=2x=14 | ۲۹۱۲۷ | البرز | ۳۵ | A.crassa | 2n=4x=28 | ۵۰۰۲۱ | مرکزی |
| ۹ | *A.tauschii* | 2n=2x=14 | ۲۹۴۱۶ | مازندران | ۳۶ | A.tauschii | 2n=2x=14 | ۲۹۱۴۵ | اصفهان |
| ۱۰ | *T.boeticum* | 2n=2x=14 | ۳۰۵۵۲ | ایران | ۳۷ | A.colmnaris | 2n=4x=28 | ۲۹۸۴۸ | کردستان |
| ۱۱ | *T.boeticum* | 2n=2x=14 | ۳۰۵۳۲ | لبنان | ۳۸ | T.boeoticum | 2n=2x=14 | ۵۵۰۴۷ | کرمانشاه |
| ۱۲ | *T.boeticum* | 2n=2x=14 | ۳۰۵۵۱ | لبنان | ۳۹ | A.crassa | 2n=4x=28 | ۲۸۳۴۸ | کرمانشاه |
| ۱۳ | *A.umbellulata* | 2n=2x=14 | ۲۸۳۳۵ | آذربایجان غربی | ۴۰ | A.neglecta | 2n=4x=28 | ۲۸۳۴۱ | آذربایجان غربی |
| ۱۴ | *T.boeticum* | 2n=2x=14 | ۳۰۸۵۵ | همدان | ۴۱ | A.neglecta | 2n=4x=28 | ۲۸۹۵۶ | کرمانشاه |
| ۱۵ | *T.boeticum* | 2n=2x=14 | ۳۰۷۵۳ | البرز | ۴۲ | T.urartu | 2n=2x=14 | ۳۰۵۲۳ | اردن |
| ۱۶ | *A.tauschii* | 2n=2x=14 | ۲۸۲۴۱ | مرکزی | ۴۳ | A.cylandrica | 2n=4x=28 | ۲۸۳۲۵ | آذربایجان غربی |
| ۱۷ | *A.umbellulata* | 2n=2x=14 | ۲۸۳۲۱ | آذربایجان غربی | ۴۴ | A.triuncialis | 2n=4x=28 | ۲۸۱۵۲ | فارس |
| ۱۸ | *A.tauschii* | 2n=2x=14 | ۲۸۳۱۰ | آذربایجان غربی | ۴۵ | A.cylandrica | 2n=4x=28 | ۵۰۰۸۵ | آذربایجان شرقی |
| ۱۹ | *A.tauschii* | 2n=2x=14 | ۲۹۴۲۲ | گلستان | ۴۶ | A.crassa | 2n=4x=28 | ۲۷۷۵۴ | آذربایجان شرقی |
| ۲۰ | *A.triuncialis* | 2n=4x=28 | ۲۹۳۸۹ | سمنان | ۴۷ | A.triuncialis | 2n=4x=28 | ۲۹۴۵۴ | گیلان |
| ۲۱ | *A.cylandrica* | 2n=4x=28 | ۲۹۱۴۶ | اصفهان | ۴۸ | A.cylandrica | 2n=4x=28 | ۲۹۱۲۸ | البرز |
| ۲۲ | *A.crassa* | 2n=4x=28 | ۲۹۰۲۱ | زنجان | ۴۹ | A.cylandrica | 2n=4x=28 | ۲۸۳۶۷ | کرمانشاه |
| ۲۳ | *A.triuncialis* | 2n=4x=28 | ۲۸۱۲۸ | گلستان | ۵۰ | kavir | | | |
| ۲۴ | *A.triuncialis* | 2n=4x=28 | ۲۹۴۳۰ | گلستان | ۵۱ | mahoti | | | |
| ۲۵ | *T.urartu* | 2n=2x=14 | ۳۰۹۰۵ | کرمانشاه | ۵۲ | rakhshan | | | |
| ۲۶ | *T.urartu* | 2n=2x=14 | ۵۵۰۵۲ | کردستان | ۵۳ | talaei | | | |
| ۲۷ | A.columnaris | 2n=4x=28 | ۲۹۸۵۴ | کردستان | ۵۴ | torabi | | | |

## نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که بین پنج شاهد مورد بررسی در این آزمایش  به غیر از صفت تعداد دانه در سنبله از لحاظ سایر صفات اختلاف معنی‌داری وجود نداشت. بین گونه‌های مختلف خویشاوندان وحشی مورد بررسی از لحاظ صفات ارتفاع بوته، طول بیرون‌آمدگی پدانکل، طول پدانکل و طول و عرض دانه اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۱ وجود داشت. اختلاف بین گونه‌های مختلف خویشاوندان وحشی از لحاظ سایر صفات معنی‌دار نبود. در مقایسه ارقام شاهد در مقابل خویشاوندان وحشی مورد بررسی از لحاظ تمام صفات به غیر از طول دانه اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۱ وجود داشت (جدول ۲). وجود اختلاف معنی‌دار و تنوع ژنتیکی بین خویشاوندان وحشی گندم در سایر مطالعات نیز گزارش شده است (۱۷،۳۸،۳۲،۴،۴۶).

از آنجا که اختلاف بین ارقام شاهد در تمام صفات به غیر از تعداد دانه در سنبله معنی‌دار نبود، میانگین گونه‌های خویشاوند وحشی برای تمام صفات غیر از صفت تعداد دانه در سنبله با میانگین ارقام شاهد و برای صفت تعداد دانه در سنبله

با رقم شاهد برتر (رقم رخشان) به روش LSD مقایسه شد. بر اساس نتایج حاصل در مقایسه گونه‌های مختلف خویشاوند وحشی گندم، بیشترین مقدار میانگین برای صفات ارتفاع بوته، طول بیرون‌آمدگی پدانکل و طول پدانکل مربوط به گونه *T. boeticum* (ژنوتیپ شماره ۶)، بیشترین مقدار میانگین برای صفت طول سنبله مربوط به گونه *A. cylandrica* (ژنوتیپ شماره ۴۹)، بیشترین مقدار میانگین برای صفت طول برگ پرچم مربوط به گونه *T. araraticum* (ژنوتیپ شماره ۳۳)، بیشترین مقدار میانگین برای صفت عملکرد بیولوژیک و وزن سنبله مربوط به گونه *A. crassa* (ژنوتیپ شماره ۴۶)، بیشترین مقدار میانگین برای صفت عملکرد دانه مربوط به گونه *A.cylandrica* (ژنوتیپ شماره ۴۹)، بیشترین مقدار میانگین برای صفت تعداد دانه در سنبله مربوط به گونه *A. triuncialis* (ژنوتیپ شماره ۴۷)، بیشترین مقدار میانگین برای صفت شاخص برداشت مربوط به گونه *A. neglecta* (ژنوتیپ شماره ۴۱)، بیشترین مقدار میانگین برای صفت وزن هزاردانه مربوط به گونه *A. tauschii* (ژنوتیپ شماره ۱۸)، بیشترین مقدار میانگین برای صفت طول دانه مربوط به گونه *T. boeoticum* (ژنوتیپ شماره ۳۸) و بیشترین مقدار میانگین برای صفت عرض دانه مربوط به گونه *A. tauschii* (ژنوتیپ شماره ۱۶) بود.

بر اساس نتایج برآورد پارامترهای ژنتیکی (جدول ۳)، تنوع مشاهده شده برای صفات ارتفاع، طول سنبله، طول پدانکل، طول بیرون‌آمدگی پدانکل و طول و عرض دانه می‌تواند بیشتر منشأ ژنتیکی داشته و انتخاب بر اساس این صفات که دارای وراثت‌پذیری بالایی هستند مؤثر باشد. در شاخص برداشت با وجود داشتن تنوع فنوتیپی بالا (۷۷/۳۵) به دلیل اینکه سهم ژنتیک از این تنوع کم بوده (۳۷/۹۲) و تأثیر محیط روی این صفت زیاد می‌باشد (۳۹/۴۲) وراثت‌پذیری متوسطی دارد. صفاتی مانند طول برگ پرچم، وزن کل ساقه، وزن سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه و وزن هزاردانه به دلیل داشتن واریانس ژنتیکی منفی به شدت تحت تأثیر محیط می‌باشند. همچنین برآورد پارامترهای ژنتیکی نشان داد که صفت شاخص برداشت (۵۵/۶۸) بالاترین و صفات طول دانه و عملکرد دانه (۱۶/۳۷) پایین‌ترین ضریب تغییرات فنوتیپی را به خود اختصاص دادند. بیشترین مقدار ضریب تغییرات ژنتیکی (۴۷/۸۴) و بیشترین میزان وراثت‌پذیری (۹۵/۰۶) نیز مربوط به صفت طول پدانکل بود. رگمی و همکاران (۴۰) نیز وراثت‌پذیری بالا همراه با درصد پیشرفت ژنتیکی بالا را برای صفات ارتفاع و طول پدانکل و وراثت‌پذیری متوسط همراه با پیشرفت ژنتیکی بالا را برای صفت طول سنبله گزارش کردند و عنوان کردند میزان وراثت‌پذیری بالا همراه با پیشرفت ژنتیکی بالا نشان دهنده نقش افزایشی ژن‌ها در بیان این صفات است. این محققان بر خلاف نتایج به دست آمده در این تحقیق، میزان وراثت‌پذیری بالایی را برای عملکرد دانه، وزن هزار دانه و شاخص برداشت نیز گزارش کردند. رحمتی و همکاران (۳۹) وراثت‌پذیری پایین را برای عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک و تعداد دانه در سنبله گزارش کردند که با نتایج به دست آمده در این تحقیق مطابقت داشت.

جدول ۲- تجزیه واریانس میانگین مربعات صفات زراعی و مورفولوژی در ارقام شاهد و خویشاوندان وحشی گندم
Table 2. Variance analysis of mean squares of agronomic and morphology traits in control cultivars and wild wheat relatives

| | | میانگین مربعات | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| منابع تغییر | درجه آزادی | ارتفاع | طول سنبله | طول بیرون آمدگی پدانکل | طول پدانکل | طول برگ پرچم | وزن کل ساقه | وزن سنبله |
| ارقام شاهد و خویشاوندان وحشی | ۵۳ | ۸۲۴** | ۱۲ /۳** | ۱۷۲ /۶** | ۱۳۶ /۷** | ۲۵ /۲$^{ns}$ | ۴ /۱۹* | ۱ /۷۹* |
| ارقام شاهد | ۴ | ۶۷$^{ns}$ | ۱ /۵$^{ns}$ | ۳۸ /۲$^{ns}$ | ۴ /۸$^{ns}$ | ۶ /۱$^{ns}$ | ۱ /۴۰$^{ns}$ | ۰ /۸۳$^{ns}$ |
| خویشاوندان وحشی | ۴۸ | ۴۰۶** | ۴ /۲$^{ns}$ | ۱۴۳ /۳** | ۱۳۸ /۸** | ۱۳ /۹$^{ns}$ | ۰ /۱۵$^{ns}$ | ۰ /۰۱$^{ns}$ |
| خویشاوندان وحشی در مقابل ارقام شاهد | ۱ | ۲۳۹۲۳** | ۴۴۱ /۷** | ۲۱۲۰** | ۵۶۲ /۴** | ۶۴۵ /۵** | ۲۰۹ /۴۰** | ۹۱ /۰۵** |
| بلوک | ۴ | ۱۸۰$^{ns}$ | ۴ /۱$^{ns}$ | ۹ /۹$^{ns}$ | ۹ /۳$^{ns}$ | ۲۷ /۳$^{ns}$ | ۲ /۶۱$^{ns}$ | ۱ /۰۲$^{ns}$ |
| اشتباه آزمایشی | ۱۶ | ۱۰۱ | ۲ | ۳۹ /۲ | ۶ /۸ | ۳۵ /۴ | ۱ /۵۸ | ۰ /۶۸ |
| ضریب تغییرات (٪) | – | ۱۲/۵۳ | ۱۳/۵۸ | ۱۹/۵۴ | ۱۳/۹۵ | ۳۷/۵۴ | ۳۰/۷۳ | ۳۲/۲۲ |

ns، * و **: به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۵ و ۰/۰۱

ادامه جدول ۲- تجزیه واریانس میانگین مربعات صفات زراعی و مورفولوژی در ارقام شاهد و خویشاوندان وحشی گندم
Continued of Table 2. Variance analysis of mean squares of agronomic and morphology traits in control cultivars and wild wheat relatives

| | | میانگین مربعات | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| منابع تغییر | درجه آزادی | تعداد دانه در سنبله | طول دانه | عرض دانه | وزن دانه | شاخص برداشت | وزن هزاردانه |
| ارقام شاهد و خویشاوندان وحشی | ۵۳ | ۲۹۷** | ۱/۰۴** | ۰/۷۱** | ۰ /۴۷** | ۸۵۱۸** | ۲۲۶** |
| ارقام شاهد | ۴ | ۳۵۵** | ۰/۲۰$^{ns}$ | ۰/۰۳$^{ns}$ | ۰ /۲۹$^{ns}$ | ۳۰$^{ns}$ | ۵۸$^{ns}$ |
| خویشاوندان وحشی | ۴۸ | ۳$^{ns}$ | ۱/۱۳** | ۰/۲۱** | ۰ /۰۰۱$^{ns}$ | ۷۰$^{ns}$ | ۱۵$^{ns}$ |
| خویشاوندان وحشی در مقابل ارقام شاهد | ۱ | ۱۴۱۷۴** | ۰/۰۰۸$^{ns}$ | ۲۷/۴۶** | ۲۳ /۹۹** | ۴۶۸۵** | ۱۰۹۹۷** |
| بلوک | ۴ | ۱۰۶$^{ns}$ | ۰/۲۰$^{ns}$ | ۰/۱۱$^{ns}$ | ۰ /۲۳$^{ns}$ | ۶۵$^{ns}$ | ۲۹۸$^{ns}$ |
| اشتباه آزمایشی | ۱۶ | ۶۷ | ۰/۲۹ | ۰/۰۵ | ۰ /۱۴ | ۳۹ | ۳۷ |
| ضریب تغییرات (٪) | – | ۲۴/۶۳ | ۸/۳۳ | ۷/۸۷ | ۲۹/۷۶ | ۲۰/۲۰ | ۱۵/۸۹ |

جدول ۳- پارامترهای ژنتیکی صفات زراعی و مورفولوژی در ارقام شاهد و خویشاوندان وحشی گندم
Table 3. Genetic parameters of agronomic and morphology traits in control cultivars and wild relatives of wheat

| | ارتفاع | طول سنبله | طول بیرون آمدگی پدانکل | طول پدانکل | طول برگ پرچم | وزن کل ساقه | وزن سنبله | تعداد دانه در سنبله | طول دانه | عرض دانه | وزن دانه | شاخص برداشت | وزن هزاردانه |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| میانگین | ۴۵/۶۵ | ۵/۷۱ | ۲۱/۷۲ | ۲۴/۰۱ | ۱۰/۱۴ | ۰/۸۳ | ۰/۴۲ | ۶/۶۵ | ۶/۵۱ | ۱/۸۰ | ۰/۱۵ | ۱۵/۷۹ | ۱۴/۶۱ |
| واریانس فنوتیپی | ۴۰۵/۸۹ | ۴/۲۲ | ۱۴۳/۲۷ | ۱۳۸/۸۴ | ۱۳/۸۸ | ۰/۱۴ | ۰/۰۱ | ۲/۵۷ | ۱/۱۳ | ۰/۲۱ | ۰/۰۰۰۶ | ۷۷/۳۵ | ۱۵/۱۳ |
| واریانس ژنتیکی | ۳۰۴/۵۱ | ۲/۲۱ | ۱۰۴/۰۸ | ۱۳۱/۹۹ | – | – | – | – | ۰/۸۴ | ۰/۱۵ | – | ۳۷/۹۲ | – |
| واریانس محیطی | ۱۰۱/۳۷ | ۲ | ۳۹/۱۹ | ۶/۸۴ | ۳۵/۳۸ | ۱/۵۷ | ۰/۶۸ | ۴۳/۶۷ | ۰/۲۹ | ۰/۰۵ | ۰/۱۳ | ۳۹/۴۲ | ۳۶/۷۲ |
| ضریب تغییرات ژنتیکی | ۳۸/۲۲ | ۲۶/۰۶ | ۴۶/۹۵ | ۴۷/۸۴ | – | – | – | – | ۱۴/۰۸ | ۲۱/۸۶ | – | ۳۸/۹۸ | – |
| گروه‌بندی ضریب تغییرات ژنتیکی | بالا | بالا | بالا | بالا | – | – | – | – | متوسط | بالا | – | بالا | – |
| ضریب تغییرات فنوتیپی | ۴۴/۱۳ | ۳۵/۹۶ | ۵۵/۰۹ | ۴۹/۰۷ | ۳۶/۷۲ | ۴۵/۷۷ | ۲۷/۵۸ | ۲۴/۱۰ | ۱۶/۳۷ | ۲۵/۴۳ | ۱۶/۳۷ | ۵۵/۶۸ | ۲۶/۶۲ |
| گروه‌بندی ضریب تغییرات فنوتیپی | بالا | بالا | بالا | بالا | بالا | بالا | بالا | بالا | متوسط | بالا | متوسط | بالا | بالا |
| ضریب تغییرات محیطی | ۲۲/۰۵ | ۲۴/۷۷ | ۲۸/۸۱ | ۱۰/۹۰ | ۵۸/۶۳ | ۱۴۹/۹۳ | ۱۹۶/۱۸ | ۱۲۳/۴۴ | ۸/۳۵ | ۱۲/۹۹ | ۲۴۰/۵۳ | ۳۹/۷۵ | ۴۱/۴۷ |
| وراثت‌پذیری خصوصی | ۷۵/۰۲ | ۵۲/۵۳ | ۷۲/۶۴ | ۹۵/۰۶ | – | – | – | – | ۷۳/۹۸ | ۷۳/۹۰ | – | ۴۹/۰۳ | – |
| گروه‌بندی وراثت‌پذیری خصوصی | بالا | متوسط | بالا | بالا | – | – | – | – | بالا | بالا | – | متوسط | – |
| پیشرفت ژنتیکی | ۳۱/۱۸ | ۲/۲۲ | ۱۷/۹۳ | ۲۳/۱۰ | – | – | – | – | ۱/۶۲ | ۰/۶۹ | – | ۸/۸۹ | – |
| پیشرفت ژنتیکی (درصد) | ۶۸/۳۰ | ۳۸/۹۷ | ۸۲/۵۵ | ۹۶/۲۴ | – | – | – | – | ۲۴/۹۹ | ۳۸/۷۸ | – | ۵۶/۳۲ | – |
| گروه‌بندی پیشرفت ژنتیکی | بالا | بالا | بالا | بالا | – | – | – | – | بالا | بالا | – | بالا | – |

بررسی ضرایب همبستگی بین صفات مورد مطالعه (جدول ۴) نشان داد که عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی‌داری با طول سنبله (r=۰/۶۷۴)، وزن کل ساقه (r=۰/۹۴۴)، وزن سنبله (r=۰/۹۷۹)، تعداد دانه در سنبله (r=۰/۹۷۴)، عرض دانه (r=۰/۶۳۲)، شاخص برداشت (r=۰/۵۸۰) و وزن هزاردانه (r=۰/۸۰۹) داشت. همبستگی مثبت و معنی‌دار بین وزن کل ساقه با ارتفاع، طول سنبله و طول برگ پرچم نشان می‌دهد که ژنوتیپ‌های دارای رشد رویشی بهتر عملکرد بیولوژیک بهتری تولید کرده‌اند که در زمان پر کردن دانه از عملکرد بیولوژیک برای پر کردن دانه و تولید عملکرد بیشتر استفاده کرده‌اند (همبستگی مثبت و معنی‌دار بین وزن کل ساقه با وزن سنبله (r=۰/۹۶۸)، تعداد دانه در سنبله (r=۰/۹۵۱)، عملکرد دانه (r=۰/۹۴۴)، عرض دانه (r=۰/۵۹۲) و وزن هزاردانه (r=۰/۷۳۲)). رگمی و همکاران (۴۰) نیز عنوان کردند همبستگی معنی‌دار بین وزن دانه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت نشان‌دهنده سهم مهم این صفات در عملکرد دانه است. نوری و همکاران (۲۹) نیز بیان کردند بین عملکرد دانه با وزن سنبله، عملکرد بیولوژیکی، ارتفاع و طول سنبله همبستگی مثبت و معنی‌داری وجود دارد. همچنین همبستگی مثبت و معنی‌دار بین عملکرد با قطر دانه، تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه توسط محققین دیگر نیز گزارش شده است (۵،۲۱،۴۸،۱۳،۳۱).

بر اساس نتایج تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام (جدول ۵) برای عملکرد دانه، پنج متغیر وزن سنبله، شاخص برداشت، ارتفاع، طول دانه و تعداد دانه در سنبله به ترتیب وارد مدل شده و در مجموع ۹۷/۸ درصد از تغییرات عملکرد دانه را توجیه کردند. در میان این صفات نخستین متغیری که وارد مدل شد وزن سنبله بود که به تنهایی ۹۵/۷ درصد از تغییرات عملکرد دانه را توجیه کرد. سایر صفات نیز به ترتیب ۰/۸، ۰/۶، ۰/۴ و ۰/۳ درصد از تغییرات دانه را توجیه کردند. به این ترتیب وزن سنبله به عنوان مهم‌ترین صفت تعیین‌کننده عملکرد در شرایط آزمایش حاضر تعیین شد. در نهایت معادله کلی رگرسیون خطی چندگانه به صورت زیر محاسبه شد:

$$Y= -0.029 + 0.603X_1 + 0.144X_2 + 0.098X_3 - 0.069X_4 + 0.275 X_5 \qquad R^2=\% \ 97.8$$

که در آن Y عملکرد دانه، $X_1$ وزن سنبله، $X_2$ شاخص برداشت، $X_3$ ارتفاع، $X_4$ طول دانه و $X_5$ تعداد دانه در سنبله می‌باشد. وارد نشدن اجزای عملکرد غیر از تعداد دانه در سنبله به مدل رگرسیونی دلیل بر عدم تاثیر آن‌ها نیست و شاید صفات مورد بحث دارای روابط غیرخطی با عملکرد باشند و به این دلیل در مدل قرار نگرفتند. جهت تفسیر بهتر نتایج رگرسیون گام‌به‌گام، تجزیه علیت انجام شد. در بررسی روابط بین صفات اگر همبستگی بین عملکرد و یک صفت به علت اثر مستقیم آن صفت باشد، این مطلب منعکس‌کننده‌ی یک رابطه واقعی بین آن‌ها است و لذا می‌توان صفت مذکور را به منظور اصلاح عملکرد انتخاب نمود، اما اگر همبستگی به دلیل اثر غیر مستقیم صفت از طریق صفات دیگر باشد، باید صفتی که سبب اثر غیر مستقیم شده است را انتخاب نمود (۲۸). نتایج حاصل از تجزیه علیت (جدول ۶) نشان داد که صفات وزن سنبله، شاخص برداشت و ارتفاع اثر مستقیم و


[ DOI: 10.52547/jcb.14.41.29 ]

مثبت بالایی بر عملکرد دانه داشتند که بیشترین اثر مستقیم در بین این صفات مربوط به اثر مستقیم وزن سنبله بر عملکرد دانه (۰/۶۴۶) بود، به همین دلیل گزینش بر مبنای این صفت در جهت افزایش عملکرد مفید خواهد بود. همچنین وجود همبستگی معنی‌دار و رابطه خطی با عملکرد دانه تأییدی بر اهمیت وزن سنبله در افزایش عملکرد دانه است. اثر مستقیم طول دانه بر عملکرد دانه منفی بود. تعداد دانه در سنبله اثر مستقیم مثبت اما کمی بر عملکرد دانه داشت این صفت عمدتا به طور غیر مستقیم و از طریق صفات دیگر عملکرد دانه را تحت تأثیر قرار داده است. بیشترین اثر غیر مستقیم در بین صفات نیز مربوط به اثر غیر مستقیم تعداد دانه در سنبله بر عملکرد دانه از طریق وزن سنبله بود. نوری و همکاران (۲۹) در مطالعه روابط بین صفات زراعی و عملکرد دانه جمعیت‌های گندم نیای وحشی *Aegilops cylindrical* L. نیز گزارش دادند وزن سنبله تک بوته اثر مستقیم و مثبت بالایی بر عملکرد دانه داشت که با نتایج کومار و همکاران (۱۸)، جان محمدی و همکاران (۱۲)، شهید و همکاران (۴۴)، کاشیف و خالیق (۱۴) و توپال و همکاران (۴۷) تطابق داشت.

جدول ۴- ضرایب همبستگی صفات زراعی و مورفولوژی در ارقام شاهد و خویشاوندان وحشی گندم
Table 4. Correlation coefficients of agronomic and morphology traits in control cultivars and wild relatives of wheat

| | ۱ | ۲ | ۳ | ۴ | ۵ | ۶ | ۷ | ۸ | ۹ | ۱۰ | ۱۱ | ۱۲ | ۱۳ |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| ۱- ارتفاع | ۱ | | | | | | | | | | | | |
| ۲- طول سنبله | ۰/۳۱۵* | ۱ | | | | | | | | | | | |
| ۳- طول بیرون‌آمدگی پدانکل | ۰/۹۲۵** | ۰/۱۱۵ | ۱ | | | | | | | | | | |
| ۴- طول پدانکل | ۰/۷۳۷** | -۰/۰۳۷ | ۰/۸۹۴** | ۱ | | | | | | | | | |
| ۵- طول برگ پرچم | ۰/۶۱۸** | ۰/۵۱۹** | ۰/۵۰۲** | ۰/۳۵۶** | ۱ | | | | | | | | |
| ۶- وزن کل ساقه | ۰/۶۲۴** | ۰/۷۱۶** | ۰/۴۱۵** | ۰/۰۵۹ | ۰/۵۹۱** | ۱ | | | | | | | |
| ۷- وزن سنبله | ۰/۴۶۷** | ۰/۷۴۷** | ۰/۲۴۸ | -۰/۱۱۱ | ۰/۵۱۰** | ۰/۹۶۸** | ۱ | | | | | | |
| ۸- تعداد دانه در سنبله | ۰/۴۸۴** | ۰/۷۲۰** | ۰/۲۵۹ | -۰/۰۹۵ | ۰/۴۸۰** | ۰/۹۵۱** | ۰/۹۷۵** | ۱ | | | | | |
| ۹- طول دانه | ۰/۲۴۶ | ۰/۲۸۸* | ۰/۳۱۱* | ۰/۳۱۲* | ۰/۳۰۷* | ۰/۲۶۰ | ۰/۱۷۵ | ۰/۱۷۶ | ۱ | | | | |
| ۱۰- عرض دانه | ۰/۳۷۴** | ۰/۳۰۷* | ۰/۲۰۷ | -۰/۰۶۲ | ۰/۲۵۶ | ۰/۵۹۲** | ۰/۶۱۱** | ۰/۵۷۳** | ۰/۰۴۱ | ۱ | | | |
| ۱۱- وزن دانه | ۰/۴۶۱** | ۰/۶۷۴** | ۰/۲۲۹ | -۰/۱۳۷ | ۰/۴۳۶** | ۰/۹۴۴** | ۰/۹۷۹** | ۰/۹۷۴** | ۰/۱۰۰ | ۰/۶۳۲** | ۱ | | |
| ۱۲- شاخص برداشت | -۰/۲۳۵ | ۰/۲۶۸ | ۰/۴۰۴** | -۰/۶۴۵** | -۰/۱۴۱ | ۰/۳۸۸** | ۰/۵۱۳** | ۰/۵۲۷** | -۰/۰۶۳ | ۰/۳۸۸** | ۰/۵۸۰** | ۱ | |
| ۱۳- وزن هزاردانه | ۰/۴۱۰** | ۰/۴۷۶** | ۰/۱۸۷ | -۰/۱۴۴ | ۰/۳۶۰** | ۰/۷۳۲** | ۰/۷۷۰** | ۰/۷۲۳** | -۰/۱۰۸ | ۰/۷۲۹** | ۰/۸۰۹** | ۰/۵۸۰** | ۱ |

جدول ۵- ضرایب رگرسیون صفات مؤثر بر عملکرد دانه در ارقام شاهد و خویشاوندان وحشی گندم بر اساس مدل رگرسیونی گام‌به‌گام
Table 5. Regression coefficients of traits affecting grain yield in control cultivars and wild wheat relatives based on stepwise regression model

| متغیر | ضریب رگرسیون | ضریب رگرسیون استانداردشده | ضریب تبیین مرحله‌ای | ضریب تبیین تجمعی |
|---|---|---|---|---|
| وزن سنبله | ۰/۳۰۷ | ۰/۶۰۳ | ۹۵/۷ | ۹۵/۷ |
| شاخص برداشت | ۰/۰۰۶ | ۰/۱۴۴ | ۰/۸ | ۹۶/۵ |
| ارتفاع | ۰/۰۰۲ | ۰/۰۹۸ | ۰/۶ | ۹۷/۱ |
| طول دانه | -۰/۰۲۶ | -۰/۰۶۹ | ۰/۴ | ۹۷/۵ |
| تعداد دانه در سنبله | ۰/۰۱۱ | ۰/۲۷۵ | ۰/۳ | ۹۷/۸ |
| عرض از مبدأ | -۰/۰۲۹ | | | |

**: معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۱

جدول ۶- نتایج تجزیه علیت عملکرد دانه گندم با صفات وارد شده به مدل بر اساس رگرسیون گام‌به‌گام
Table 6. Results of path analysis for grain yield of wheat with traits entered into the model based on stepwise regression

| صفات مانده در مدل | اثر مستقیم | اثر غیرمستقیم از طریق | | | | | ضریب همبستگی با وزن دانه |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | وزن سنبله | شاخص برداشت | ارتفاع | طول دانه | تعداد دانه در سنبله | |
| وزن سنبله | ۰/۶۴۶ | - | ۰/۲۰۰ | ۰/۱۳۷ | -۰/۰۴۳ | ۰/۰۳۹ | ۰/۹۷۹ |
| شاخص برداشت | ۰/۳۹۰ | ۰/۳۳۲ | - | -۰/۰۶۹ | -۰/۰۹۴ | ۰/۰۲۱ | ۰/۵۸۰ |
| ارتفاع | ۰/۲۹۱ | ۰/۳۰۱ | -۰/۰۹۳ | - | -۰/۰۶۰ | ۰/۰۲۰ | ۰/۴۶۱ |
| طول دانه | -۰/۲۴۴ | ۰/۱۱۴ | ۰/۱۵۱ | ۰/۰۷۲ | - | ۰/۰۰۷ | ۰/۱۰۰ |
| تعداد دانه در سنبله | ۰/۰۳۹ | ۰/۶۳۱ | ۰/۲۰۶ | ۰/۱۴۱ | -۰/۰۴۳ | - | ۰/۹۷۴ |
| اثر باقی‌مانده | | | | ۰/۰۸۹ | | | |

**: معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۱



[ DOI: 10.52547/jcb.14.41.29 ]

جدول ۷– نتایج تجزیه به عامل‌ها، مقادیر ویژه، درصد واریانس و واریانس تجمعی برای صفات زراعی و مورفولوژی
Table 7. Results of Factor analysis, Eigenvalues, variance and cumulative variance percentage for agronomic and morphology traits

| | عامل اول | عامل دوم | عامل سوم |
|---|---|---|---|
| ارتفاع | ۰/۶۴ | ۰/۷۰ | −۰/۲۳ |
| طول سنبله | ۰/۷۳ | −۰/۰۷ | ۰/۴۵ |
| طول بیرون‌آمدگی پدانکل | ۰/۴۲ | ۰/۸۵ | −۰/۲۱ |
| طول پدانکل | ۰/۰۷ | ۰/۹۵ | −۰/۱۱ |
| طول برگ پرچم | ۰/۶۱ | ۰/۴۳ | ۰/۲۰ |
| وزن کل ساقه | ۰/۹۷ | ۰/۰۱ | ۰/۰۶ |
| وزن سنبله | ۰/۹۶ | −۰/۱۷ | ۰/۰۷ |
| تعداد دانه در سنبله | ۰/۹۴ | −۰/۱۶ | ۰/۰۸ |
| طول دانه | ۰/۲۳ | ۰/۳۷ | ۰/۶۹ |
| عرض دانه | ۰/۶۸ | −۰/۱۵ | −۰/۳۹ |
| وزن دانه | ۰/۹۵ | −۰/۲۲ | −۰/۰۲ |
| شاخص برداشت | ۰/۴۲ | −۰/۷۷ | −۰/۰۱ |
| وزن هزاردانه | ۰/۸۱ | −۰/۲۶ | −۰//۳۶ |
| مقدار ویژه | ۶/۵۶ | ۳/۲۶ | ۱/۱۴ |
| درصد واریانس | ۵۰/۵۰ | ۲۵/۱۰ | ۸/۷۸ |
| درصد واریانس تجمعی | ۵۰/۵۰ | ۷۵/۶۰ | ۸۴/۳۹ |

Kaiser-Meyer-Olkin (KMO) = ۷۶ /۳
Bartletts test = ۱۰۷۵ /۱۵**

بر اساس نتایج تجزیه عاملی، مقدار آماره KMO (۷۶/۳) و معنی‌دار شدن آزمون اسفریستی بارتلت بیانگر کافی بودن مقادیر همبستگی متغیرهای اولیه برای تجزیه عاملی بود. پس از انجام تجزیه عاملی با در نظر گرفتن مقادیر ویژه بزرگ‌تر از یک، سه عامل اول توانستند به ترتیب ۵۰/۵۰، ۲۵/۱۰ و ۸/۷۸ و در مجموع ۸۴/۳۹ درصد از واریانس بین صفات را تبیین کنند (جدول ۷). در مؤلفه اول بالاترین سهم در توجیه واریانس متعلق به صفات وزن کل ساقه، وزن سنبله، وزن دانه، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه، طول سنبله، طول برگ پرچم و عرض دانه بود. لذا این عامل را می‌توان عامل مؤثر بر عملکرد و اجزای عملکرد نامگذاری کرد. از آنجا که این عامل به تنهایی ۵۰ درصد از تغییرات کل را توجیه کرده است، لذا صفاتی که در این عامل دارای ضرایب بزرگ هستند، مهم‌ترین صفات در گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب می‌باشند. عامل دوم که دارای ضرایب بزرگ و مثبت برای صفات طول پدانکل، طول بیرون‌آمدگی پدانکل و ارتفاع بوته و ضریب بزرگ و منفی برای شاخص برداشت بود، به عنوان عامل مؤثر بر شاخص برداشت و عامل سوم که دارای ضریب بزرگ برای طول دانه بود، می‌تواند عامل مؤثر بر طول دانه معرفی گردد.

حامدی و همکاران (۱۱) در مطالعه‌ای که به منظور گروه‌بندی جمعیت‌های مختلف گندم وحشی انجام دادند، با انجام تجزیه عاملی موفق به شناسایی سه عامل شدند که در مجموع ۷۶/۶۵ درصد از تغییرات کل را توجیه می‌نمودند. این محققان عامل اول را عامل مورفولوژی، عامل دوم را عامل ارتفاع و عامل سوم را عامل خصوصیات دانه نام‌گذاری کردند. نقدی‌پور و همکاران (۲۷) با تجزیه به عامل‌ها با استفاده از روش مؤلفه‌های اصلی با صفات زراعی در ۱۷ لاین گندم، چهار عامل مستقل که ۶۷/۹۳ درصد از تغییرات کل را توجیه می‌نمود شناسایی کردند. بررسی ضرایب عاملی در تحقیق آن‌ها نشانگر اهمیت صفات عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، طول سنبله و طول بیرون‌آمدگی پدانکل در گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب بود.

تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مختلف و برش دندروگرام حاصل (شکل ۱) باعث ایجاد ۲، ۳ و ۵ گروه شد که بر اساس نتایج تجزیه تابع تشخیص و تجزیه واریانس چند متغیره (جدول ۸)، حالت سه گروهی که بیشترین مقدار F (۳۵/۶۷۱) و کمترین مقدار آماره ویلکس لامبدا (صفر) و بیشترین درصد صحت گروه‌بندی (۹۸/۱) را داشت انتخاب شد. علاوه بر این معنی‌دار شدن هر چهار آماره ویلکس لامبدا (صفر)، اثر پیلای (۲/۷۴۵)، اثر هتلینگ (۶۸/۲۷۲) و بزرگترین ریشه روی (۵۱/۳۶۴) در سطح احتمال یک درصد بر اساس نتایج تجزیه واریانس چند متغیره نشان‌دهنده گروه‌بندی صحیح می‌باشد در نتیجه ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه‌های متفاوت از نظر این صفات شباهت بیشتری با هم دارند. بر اساس این حالت گروه‌بندی، ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۵، ۱۳، ۱۷، ۲۰، ۲۳، ۲۴، ۲۷، ۲۸، ۲۹، ۳۰، ۳۱، ۳۷، ۴۰، ۴۱ و ۴۴ در گروه اول، ژنوتیپ‌های شماره ۲، ۳، ۸، ۱۵، ۱۶، ۱۸، ۱۹، ۲۱، ۳۴، ۳۵، ۳۶، ۳۹، ۴۳، ۴۷ و ۴۸ در گروه دوم، ارقام شاهد در گروه سوم، ژنوتیپ‌های شماره ۶، ۷، ۱۴، ۲۵، ۲۶ و ۳۸ در گروه چهارم و ژنوتیپ‌های شماره ۱، ۹، ۱۰، ۱۱، ۱۲، ۲۲، ۳۲، ۳۳، ۴۲، ۴۵، ۴۶ و ۴۹ در گروه پنجم قرار گرفتند. بر اساس نتایج مقایسه میانگین صفات در گروه‌ها (جدول ۹) مشخص شد که ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه اول با داشتن انحراف از میانگین کل منفی برای تمام صفات به غیر از شاخص برداشت، کمترین مقدار میانگین را نیز برای صفات مورفولوژیک شامل ارتفاع بوته، طول بیرون‌آمدگی پدانکل، طول پدانکل و طول برگ پرچم به خود اختصاص دادند. ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه دوم دارای انحراف از میانگین کل منفی برای تمام صفات غیر از طول برگ پرچم بودند. ارقام شاهد که در گروه سوم قرار گرفتند دارای انحراف از میانگین کل مثبت برای تمام صفات غیر از طول پدانکل بوده و بیشترین مقدار میانگین نیز برای تمام صفات غیر از طول پدانکل، طول بیرون‌آمدگی پدانکل و طول دانه متعلق به ارقام شاهد قرار گرفته در این گروه بود. شش ژنوتیپ قرار گرفته در گروه چهارم دارای انحراف از میانگین کل مثبت برای صفات

ارتفاع بوته، طول بیرون‌آمدگی پدانکل، طول پدانکل، طول برگ پرچم، عملکرد بیولوژیک و طول دانه بودند و انحراف از میانگین کل این ژنوتیپ‌ها برای سایر صفات منفی برآورد گردید. بیشترین مقدار میانگین برای صفات طول بیرون‌آمدگی پدانکل، طول پدانکل و طول دانه و کمترین مقدار میانگین برای صفت شاخص برداشت مربوط به ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه چهارم بود. ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه پنجم دارای انحراف از میانگین کل منفی برای صفات وزن سنبله، تعداد دانه در سنبله، عرض دانه، عملکرد دانه، شاخص برداشت و وزن هزار دانه بودند و انحراف از میانگین کل این ژنوتیپ‌ها برای سایر صفات مثبت بود. حامدی و همکاران (۱۱) نیز ۲۷ جمعیت گندم وحشی را با استفاده از تجزیه خوشه‌ای در سه گروه، طبقه‌بندی کردند. پورابوقداره و همکاران (۳۲) ۱۸۰ توده از گونه‌های مختلف خویشاوندان گندم را با استفاده از تجزیه خوشه‌ای در دو گروه اصلی و ویکرام و همکاران (۴۹) ۲۴۰۳ نمونه از گونه‌های بومی گندم جمع‌آوری شده از سراسر ایران را در ۲۲ گروه اصلی گروه‌بندی کردند.

نتایج حاصل از تجزیه تابع تشخیص برای بررسی صحت گروه‌بندی‌ها در جدول ۱۰ ارائه شده است. نتایج به دست آمده حاکی از آن بود که از ۱۵ ژنوتیپ گروه دوم، شش ژنوتیپ گروه سوم و از پنج ژنوتیپ گروه سوم همگی به طور صحیح گروه‌بندی شدند اما از ۱۶ ژنوتیپ گروه اول ۱۵ ژنوتیپ به طور صحیح گروه‌بندی شده و یک ژنوتیپ متعلق به گروه دوم بود و از ۱۲ ژنوتیپ گروه پنجم ۱۰ ژنوتیپ متعلق به این گروه و یک ژنوتیپ متعلق به گروه دوم و یک ژنوتیپ متعلق به گروه چهارم بود. به این ترتیب از ۵۴ ژنوتیپ مورد بررسی ۵۱ ژنوتیپ به طور صحیح گروه‌بندی شده و درصد صحت گروه‌بندی ۴/ ۹۴ درصد برآورد شد.

جدول ۸- برآورد مقادیر ویلکس-لامبدا و F و درصد صحت گروه‌بندی برای تعیین محل برش در تجزیه خوشه‌ای در ژنوتیپ‌های گندم
Table 8. Estimation of Wilkes-Lambda and F values and grouping accuracy percentage to determine the cutting location in cluster analysis of wheat genotypes

| تعداد گروه | ویلکس-لامبدا | F | درصد صحت گروه‌بندی |
|---|---|---|---|
| ۲ | ۰ | ۳۵/۶۷۱ | ۹۴/۴ |
| ۳ | ۰/۰۰۶ | ۱۸/۹۱۰ | ۹۲/۶ |
| ۵ | ۰/۲۰۴ | ۱۱/۹۷۴ | ۹۲/۶ |

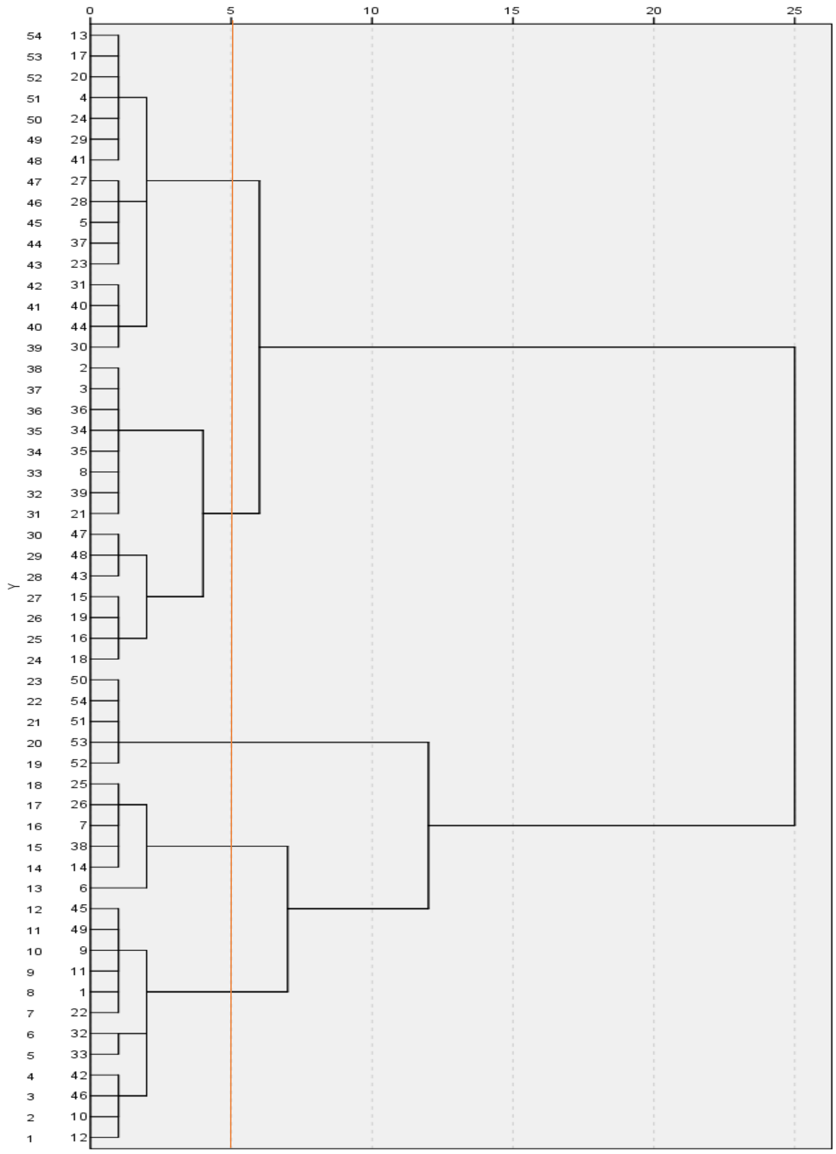
جدول ۹- میانگین و درصد انحراف از میانگین کل هر گروه از ژنوتیپ‌های گندم در تجریه خوشه‌ای
Table 9. Mean and percentage deviation from the mean of each group of wheat genotypes in cluster analysis

| خوشه | تعداد ژنوتیپ | ارتفاع | طول سنبله | طول بیرون آمدگی پدانکل | طول پدانکل | طول برگ پرچم | وزن کل ساقه | وزن سنبله | تعداد دانه در سنبله | طول دانه | عرض دانه | وزن دانه | شاخص برداشت | وزن هزاردانه |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| ۱ | ۱۶ | ۲۲/۸۷ $^{d}$ | ۴/۵۲ $^{b}$ | ۱۰/۰۳ $^{e}$ | ۱۳/۰۲ $^{d}$ | ۶/۴۰ $^{c}$ | ۰/۳۲ $^{c}$ | ۰/۲۰ $^{b}$ | ۳/۲۴ $^{b}$ | ۶/۵۵ $^{ab}$ | ۱/۶۰ $^{b}$ | ۰/۰۵ $^{b}$ | ۲۰/۸۷ $^{b}$ | ۹/۹۳ $^{b}$ |
| | | -۴۹/۸۸ | -۲۰/۷۸ | -۵۳/۸۳ | -۴۵/۷۷ | -۳۶/۹۰ | -۶۳/۷۲ | -۵۸/۸۷ | -۵۳/۲۹ | ۰/۶۴ | -۱۰/۷۰ | -۷۴/۰۱ | ۳۲/۱۳ | -۳۲/۰۳ |
| ۲ | ۱۵ | ۳۷/۳۳ $^{c}$ | ۵/۶۳ $^{b}$ | ۱۶/۴۴ $^{d}$ | ۲۱/۲۵ $^{c}$ | ۱۰/۷۱ $^{b}$ | ۰/۴۳ $^{bc}$ | ۰/۲۷ $^{b}$ | ۴/۵۰ $^{b}$ | ۵/۸۹ $^{b}$ | ۱/۶۹ $^{b}$ | ۰/۱۰ $^{b}$ | ۱۵/۲۶ $^{bc}$ | ۱۴/۴۱ $^{b}$ |
| | | -۱۸/۲۱ | -۱/۳۷ | -۲۴/۳۲ | -۱۱/۴۹ | ۵/۶۲ | -۵۱/۱۴ | -۴۲/۶۰ | -۳۵/۱۱ | -۹/۴۲ | -۵/۶۹ | -۴۶/۰۸ | -۳/۳۷ | -۱/۳۲ |
| ۳ | ۵ | ۸۰/۳۱ $^{a}$ | ۱۰/۴۲ $^{a}$ | ۳۲/۰۲ $^{b}$ | ۱۸/۷۴ $^{c}$ | ۱۵/۸۴ $^{a}$ | ۴/۰۸ $^{a}$ | ۲/۵۶ $^{a}$ | ۳۳/۳۴ $^{a}$ | ۶/۵۳ $^{ab}$ | ۲/۹۷ $^{a}$ | ۱/۲۵ $^{a}$ | ۳۱/۰۸ $^{a}$ | ۳۸/۰۷ $^{a}$ |
| | | ۷۵/۹۲ | ۸۲/۳۵ | ۴۷/۴۰ | -۲۱/۹۱ | ۵۶/۱۴ | ۳۵۴/۲۰ | ۴۲۶/۲۳ | ۳۷۹/۸۶ | ۰/۲۷ | ۶۴/۹۳ | ۵۴۴/۲۳ | ۹۶/۷۶ | ۱۶۰/۵۴ |
| ۴ | ۶ | ۷۹/۵۲ $^{a}$ | ۴/۱۱ $^{b}$ | ۴۴/۵۲ $^{a}$ | ۴۷/۱۸ $^{a}$ | ۱۱/۱۸ $^{b}$ | ۰/۹۱ $^{b}$ | ۰/۱۰ $^{b}$ | ۳/۱ $^{b}$ | ۶/۹۹ $^{a}$ | ۱/۶۵ $^{b}$ | ۰ $^{b}$ | ۳/۸۶ $^{d}$ | ۹/۲۸ $^{b}$ |
| | | ۷۴/۲۱ | -۲۸ | ۱۰۴/۹۳ | ۹۶/۵۲ | ۱۰/۲۳ | ۱/۴۶ | -۷۸/۳۴ | -۵۵/۳۸ | ۷/۳۹ | -۸/۳۹ | -۱۰۰ | -۷۵/۵۲ | -۳۶/۴۲ |
| ۵ | ۱۲ | ۵۵/۰۲ $^{b}$ | ۶/۲۳ $^{b}$ | ۲۸/۲۳ $^{c}$ | ۳۲/۷۱ $^{b}$ | ۱۱/۵۳ $^{b}$ | ۰/۹۰ $^{b}$ | ۰/۴۵ $^{b}$ | ۵/۸۶ $^{b}$ | ۶/۹۷ $^{a}$ | ۱/۷۷ $^{b}$ | ۰/۱۵ $^{b}$ | ۹/۲۹ $^{cd}$ | ۱۳/۹۸ $^{b}$ |
| | | ۲۰/۵۴ | ۹/۱۰ | ۲۹/۹۶ | ۳۶/۲۶ | ۱۳/۶۶ | ۰/۵۸ | -۶/۶۷ | -۱۵/۶۳ | ۷/۱۱ | -۱/۴۶ | -۲۰/۴۷ | -۴۱/۱۷ | -۴/۳۱ |
| میانگین کل | | ۴۵/۶۵ | ۵/۷۱ | ۲۱/۷۲ | ۲۴/۰۱ | ۱۰/۱۴ | ۰/۸۹ | ۰/۴۸ | ۶/۹۴ | ۶/۵۱ | ۱/۸۰ | ۰/۱۹ | ۱۵/۷۹ | ۱۴/۶۱ |

جدول ۱۰- نتایج تجزیه تابع تشخیص برای صحت گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد بررسی
Table 10. Results of discriminant analysis for grouping studied genotypes

| گروه‌های حاصل از خوشه‌ای | گروه‌های پیش‌بینی شده | | | | | جمع |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | ۱ | ۲ | ۳ | ۴ | ۵ | |
| ۱ | ۱۵ | ۱ | ۰ | ۰ | ۰ | ۱۶ |
| ۲ | ۰ | ۱۵ | ۰ | ۰ | ۰ | ۱۵ |
| ۳ | ۰ | ۰ | ۵ | ۰ | ۰ | ۵ |
| ۴ | ۰ | ۰ | ۰ | ۶ | ۰ | ۶ |
| ۵ | ۰ | ۱ | ۰ | ۱ | ۱۰ | ۱۲ |
| جمع کل | | | | | | ۵۴ |
| تعداد صحیح | ۱۵ | ۱۵ | ۵ | ۶ | ۱۰ | ۵۱ |
| درصد صحت گروه‌بندی | | | | | | ۹۴/۴ |


[ DOI: 10.52547/jcb.14.41.29 ]




شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های گندم بر اساس صفات اندازه‌گیری شده
Figure 1. Dendrogram derived from cluster analysis of wheat genotypes based on measured traits

بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه چهارم و پنجم برای صفات ارتفاع، طول برگ پرچم و طول دانه دارای انحراف از میانگین مثبت بودند که با توجه به وراثت‌پذیری بالای برآورد شده برای این صفات و با توجه به نتایج تجزیه رگرسیون و وارد شدن صفات ارتفاع و طول دانه به عنوان صفات موثر بر عملکرد دانه می‌توان از ژنوتیپ‌های موجود در این گروه برای کارهای اصلاحی و تولید ارقام جدید دارای عملکرد مناسب استفاده کرد. همچنین با در نظر گرفتن همبستگی بالای صفات ارتفاع و طول برگ پرچم با عملکرد بیولوژیک و همبستگی بالای عملکرد بیولوژیک با عملکرد دانه می‌توان از این ژنوتیپ‌ها در جهت افزایش عملکرد بیولوژیک و در نتیجه بهبود عملکرد دانه بهره برد. ژنوتیپ‌های موجود در گروه اول نیز که دارای انحراف از میانگین مثبت برای صفت شاخص برداشت بودند (به ویژه ژنوتیپ شماره ۴۱ که دارای بیشترین مقدار میانگین برای این صفت حتی در مقایسه با ارقام اصلاح شده بود) را می‌توان جهت اصلاح این صفت به کار برد.

## منابع

1. Ahmadi, J., A. Pour-Aboughadareh, S. Fabriki-Ourang, A.A. Mehrabi and K.H.M. Siddique. 2018. Screening wild progenitors of wheat for salinity stress at early stages of plant growth: Insight into potential sources of variability for salinity adaptation in wheat. Crop and Pasture Science, 69: 649-658.
2. Bhatta, M., A. Morgounov, V. Belamkar, J. Poland and P.S. Baenziger. 2018. Unlocking the novel genetic diversity and population structure of synthetic Hexaploid wheat. BMC Genomics, 19: 591. Breeding Science, 61: 347-357.
3. Chhuneja, P., S. Kaur, T. Garg, M. Ghai, S. Kaur, M. Prashar, N.S. Bains, R.K. Goel, B. Keller and H.S. Dhaliwal. 2008. Mapping of adult plant stripe rust resistance genes in diploid a genome wheat species and their transfer to bread wheat. Theoretical and Applied Genetics, 116: 313-324.
4. Dante, F.P., T. Malachy, J.J. Campbell, X.C. Folsom, R. Greg, P. Kumar, B. Stephen and W. Harkamal 2013. Introgression of Novel traits from a wild wheat relative improves drought adaptation in wheat. Plant Physiolgy, 161: 1806-1819.
5. Dayem, A.E.L., Y.A.E.L. Gohary and H.E. Ibrahim. 2021. Path-Coefficient Analysis and Correlation Studies on Grain Yield and its Components of some Bread Wheat Genotypes under Three Irrigation Treatments. Journal of Plant Production, 12(2): 115-123.
6. De Ponti, O. 2010. Germplasm exploitation and ownership: Who owns what? 2nd International Symposium on Genomics of Plant Genetic Resources, Bologna, Italy, 30 pp.
7. Dempewolf, H., G. Baute, J. Anderson, B. Kilian, C. Smith and L. Guarino. 2017. Past and future use of wild relatives in crop breeding. Crop Science, 57: 1070-1082.
8. Djanaguiraman, M., P.V.V. Prasad, J. Kumari, S.K. Sehgal, B. Friebe, I. Djalovic, Y. Chen, K.H.M. Siddique and B.S. Gill. 2019. Alien chromosome segment from Aegilops speltoides and Dasypyrum villosum increases drought tolerance in wheat via profuse and deep root system. BMC Plant Biology, 19: 242.
9. FAOSTAT, Food and Agricultural Commodities Production. [(accessed on 20 May 2021)]; Available online: http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx.
10. Hairat, S. and P. Khurana. 2015. Evaluation of Aegilops tauschii and Aegilops speltoides for acquired thermotolerance: Implications in wheat breeding programmes. Plant Physiology and Biochemistry, 95: 65-74.
11. Hamedi, M., M. Maleki, M. Rahimi, A. Baghizadeh and N.S. Alavi. 2017. Grouping of Different Populations of Wild Wheat (*Triticum Boeoticum*) by Multivariate Analysis. Journal of Crop Breeding, 9(21): 27-35 (In Persian).
12. Janmohammadi, M., N. Sabaghnia and M. Nouraein. 2014. Path analysis of grain yield and yieldcomponents and some agronomic traits in breadwheat. Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis, 62: 945-952. http://dx.doi.org/10.11118/actaun201462050945
13. Kandel, M., A. Bastola, P. Sapkota, O. Chaudhary, P. Dhakal and P. Chalise. 2017. Association and path coefficient analysis of grain yield and its attributing traits in different genotypes of wheat (*Triticum aestivum* L.). International Journal of Applied Sciences and Biotechnology, 5(4): 449-453.
14. Kashif, M. and I. Khaliq. 2004. Heritability, correlation and path coefficient analysis for some metrictraits in wheat. International Journal of Agriculture and Biology, 1: 138-142.
15. Kiani, R., A. Arzani and F. Habibi. 2015. Physiology of salinity tolerance in Aegilops ylindrica. Acta Physiologiae Plantarum, 37: 135-145.
16. Kishii, M. 2019. An update of recent use of Aegilops species in wheat breeding. Frontiers in Plant Science, 10: 585.
17. Kumar, A., A. Sharma, R. Sharma, P. Srivastva and A. Choudhary. 2021. Exploration of wheat wild relative diversity from Lahaul valley: a cold arid desert of Indian Himalayas. Cereal Research Communications, https://doi.org/10.1007/s42976-021-00166-w.
18. Kumar, R., B. Bhushan, R. Pal and S.S. Gaurav. 2014. Correlation and path coefficient analysis forquantitative traits in wheat (*Triticum aestivum* L.) under normal condition, Annals of Agriculture Bio Research, 19:447-450.
19. Limin, A.E. and D.B. Fowler. 1981. Cold hardiness of some wild relatives of hexaploid wheat. Botany, 59: 572-573.
20. Masoomi-Aladizgeh, F., A. Aalami, M. Esfahani, M.J. Aghaei and K. Mozaffari. 2015. Identification of CBF14 and NAC2 genes in Aegilops tauschii associated with resistance to freezing stress. Applied Biochemistry and Biotechnology, 176: 1059-1070.
21. Maurya, A.K., R.K. Yadav, A.K. Singh, A. Deep and V. Yadav. 2020. Studies on correlation and path coefficients analysis in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry, 9(4): 524-527.
22. Milner, S.G., M. Jost, S. Taketa, L.R. Mazon, A. Himmelbach, M. Oppermann, S. Weise, H. Knüpffer, M. Basterrechea, P. König, D. Schuler, R. Sharma, R.K. Pasam, T. Rutten, G. Guo, D. Xu, J. Zhang, G. Herren, T. Muller, S.G. Krattinger, B. Keller, Y. Jiang, M.Y. Gonzalez, Y. Zhao, A. Habeku, S. Färber, F. Ordon, M. Lange, A. Börner, A. Graner, J.C. Reif, U. Scholz, M. Mascher and

N. Stein. 2019. Genebank genomics highlights the diversity of a global barley collection. Nature Genetics, 51: 319-326.
23. Mishra, A., P. Kumar, M.D. Shamim, K.K. Tiwari, P. Fatima, D. Srivastava, R. Singh and P. Yadav. 2019. Genetic diversity and population structure analysis of Asian and African aromatic rice (*Oryza sativa* L.) genotypes. Journal of Genetics, 98: 92-111.
24. Mondal, S., A. Sallam, D, Sehgal, A.K. Biswal, M. Farhad, N.J. Krishnan, U. Kumar, S. Sukumaran and Y. Nehela. 2021. Advances in breeding for abiotic stress tolerance in wheat. In book: Genomic Designing for Abiotic Stress Resistant Cereal CropsPublisher: Springer.
25. Moradi Sarabsheli, A., M.R. Naghavi, M.J. Aghaei. 2011. The Study of Genetic Diversity in Wild Wheat Species by Morphological Traits. Plant Productions, 34(2): 41-55 (In Persian).
26. Müller, T., B. Schierscher-Viret, D. Fossati, C. Brabant, A. Schori, B. Keller and S.G. Krattinger. 2018. Unlocking the diversity of genebanks: whole-genome marker analysis of Swiss bread wheat and spelt. Theoretical and Applied Genetics, 131: 407-416.
27. Naghdipour, A., M. Khodarahmi, A. Pourshahbazi and M. Esmaeilzade. 2011. Factor analysis for grain yield and other traits in durum wheat. Journal of Agronomy and Plant Breeding, 7: 84-96 (In Persian).
28. Nasri, R., F. Paknezhad, M. Sadeghi SHoa, S. Ghorbani and Z. Fatemi. 2012. Correlation and path analysis of drought stress on yield and yield components of barley (*Hordeum vulgare*) in Karaj region. Journal of Agronomy and Plant Breeding, 8(4): 155-165 (In Persian).
29. Noori, A., A.A. Mehrabi and H. Safari. 2017. Study of Correlation and Path Coefficient Analysis of Agronomic Traits and GrainYield for Aegilops cylindrica Accessions under Non-Stress and Drought StressConditions in Ilam. Journal of Crop Breeding, 9(23): 76-84 (In Persian).
30. Nowak, J.L., S. Okon and A. Wieremczuk. 2020. Molecular diversity analysis of genotypes from four *Aegilops* species based on retrotransposon–microsatellite amplifed polymorphism (REMAP) markers. Cereal Research Communications, 49(1): 37-44.
31. Pandey, G., L. Yadav, A. Tiwari, H.B. Khatri, S. Basnet, K. Bhattarai and N. Khatri. 2017. Analysis of yield attributing characters of different genotypes of wheat in Rupandehi, Nepal. International Journal of Environment, Agriculture and Biotechnology, 2(5): 238915.
32. Pour-Aboughadareh, A., J. Ahmadi, A.A. Mehrabi, M. Moghaddam and A. Etminan. 2017. Evaluation of agro-morphological diversity in wild relatives of wheat collected in IranJournal of Agricultural Science and Technology, 19: 943-956.
33. Pour-Aboughadareh, A., M. Omidi, M.R Naghavi, A. Etminan, A.A. Mehrabi and P. Poczai. 2020. Wild relative of wheat respond well to water deficit stress: a comparative study of antioxidant enzyme activities and their encoding gene expression. Agriculture, 10(9): 425.
34. Pour-Aboughadareh, A., M. Moghaddam, S.S. Alavikia and A.A. Mehrabi. 2016. Assessing heritability of agro-morphological characters and relationship between genetic diversity with geographical factors in Einkorn wild wheat populations collected from West and Northwest of Iran. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 24(2): 287-304.
35. Pour-Aboughadareh, A., J. Ahmadi, A.A. Mehrabi, A. Etminan, M. Moghaddam and K.H.M. Siddique, 2017. Physiological responses to drought stress in wild relatives of wheat: Implications for wheat improvement. Acta Physiologiae Plantarum, 39: 106.
36. Pour-Aboughadareh, A., F. Kianersi, P. Poczai and H. Moradkhani. 2021. Potential of Wild Relatives of Wheat: Ideal Genetic Resources for Future Breeding Programs. Agronomy, 11(8): 1656. https://doi.org/10.3390/agronomy11081656
37. Pour-Aboughadareh, A., M. Omidi, A. Etminan and A.A. Mehrabi. 2017. The importance of wild wheat germplasm in breeding for resistance to abiotic stresses. Modern Genetics Journal, 12(4): 489-504.
38. Pradheep, K., M. Singh, S.M. Sultan, K. Singh, R. Parimalan and S.P. Ahlawat. 2019. Diversity in wild relatives of wheat: an expedition collection from cold-arid Indian Himalayas. Genetic Resources and Crop Evolution, 66: 275-285.
39. Rahmati, M., A. Ahmadi and T. Hosseinpour. 2018. Study of Genetic Variability, Heritability and Relationship between Grain Yield and Yield-Related Traits on Bread Wheat Genotypes under Dry Land Conditions. Journal of Crop Breeding, 10(25): 167-175 (In Persian).
40. Regmi, S., B. Poudel, B.R. Ojha, R. Kharel, P. Joshi, S. Khanal and B.P. Kandel. 2021. Estimation of Genetic Parameters of Different Wheat Genotype Traits in Chitwan, Nepal. International of Agronomy. Article ID 6651325, 10 pp.
41. Reynolds, M.P., F. Dreccer and R. Trethowan. 2007. Drought adaptive traits derived from wheat wild relatives and landraces. Journal of Experimental Botany, 58: 177-186.
42. Riar, A.K., S. Kaur, H.S. Dhaliwal, K. Singh and P. Chhuneja. 2012. Introgression of a leaf rust resistance gene from Aegilops caudata to bread wheat. Journal of Genetics, 91: 155-161.
43. Sansaloni, C., J. Franco, B. Santos, L. Percival-Alwyn, S. Singh, C. Petroli, J. Campos, K. Dreher, T. Payne, D. Marshall, B. Kilian, I. Milne, S. Raubach, P. Shaw, G. Stephen, J. Carling, C. Saint Pierre, J. Burgueño, J. Crosa, H. Li, C. Guzman, Z. Kehel, A. Amri, A. Kilian, P. Wenzl, C. Uauy, M.

Banziger, M. Caccamo and K. Pixley. 2020. Diversity analysis of 80,000 wheat accessions reveals consequences and opportunities of selection footprints. Nature Communications, 11: 4572.
44. Shahid, M., M. Fida and M. Tahir. 2002. Path coefficient analysis in wheat. Sarhad Journal of Agriculture, 18: 383-388.
45. Shirzad, H., J. Ahmadi, M.J. Aghaei and B. Sorkhi. 2020. Morphological Genetic Variation of Native Species of *Aegilops triuncialis* L. Collected from the northern half of Iran. Journal of Plant Researches, 34(3): 682-693 (In Persian).
46. Sohail, Q., T. Inoue, H. Tanaka, A.E. Eltayeb, Y. Matsuoka and H. Tsujimoto. 2011. Applicability of *Aegilops tauschii* drought tolerance traits to breeding of hexaploid wheat.
47. Topal, A., C. Aydin, N. Akgun and M. Babaoglu. 2004. Diallel crosses analysis in durum wheat (*Triticum durum* Desf.): identification of best parents for some kernel physical features. Field Crops Research, 87: 1-12.
48. Upadhyay, K. 2020. Correlation and path coefficient analysis among yield and yield attributing traits of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. Archives of Agriculture and Environmental Science, 5(2): 196-199.
49. Vikram, P., J. Franco, J. Burgueño, H. Li, D. Sehgal, C. Saint-Pierre, C. Ortiz, V.K. Singh, C. Sneller, A. Sharma, M. Tattaris, C. Guzman, J. Pena, C.P. Sansaloni, J.A.C. Serna, K. Thiyagarajan, G.F. Davila, M. Reynolds, K. Sonder, V. Govindan, M. Ellis, S. Bhavani, M.R. Jalal Kamali, M. Roosatei, S. Singh, D. Basandrai, N.S. Bains, A. Basandrai, T. Payne, J. Crossa and S. Singh. 2020. Strategic use of Iranian bread wheat landrace accessions for genetic improvement: Core set formulation and validation. Plant Breeding, 43(1): 87-99.
50. Wang, S.C., D. Wong, K. Forrest, A. Allen, S.M. Chao, B.E. Huang, M. Maccaferri, S. Salvi, S.G. Milner, L. Cattivelli, A.M. Mastrangelo, A. Whan, S. Stephen, G. Barker, R. Wieseke, J. Plieske, International Wheat Genome Sequencing Consortium, Lillemo, M., D. Mather, R. Appels, R. Dolferus, G. Brown-Guedira, A. Korol, A.R. Akhunova, C. Feuillet, J. Salse, M. Morgante, C. Pozniak, M.C. Luo, J. Dvorak, M. Morell, J. Dubcovsky, M. Ganal, R. Tuberosa, C. Lawley, I. Mikoulitch, C. Cavanagh, K.J. Edwards, M. Hayden and E. Akhunov. 2014. Characterization of polyploid wheat genomic diversity using a high-density 90000 single nucleotide Orphism array. Plant Biotechnology Journal, 12: 787-796.
51. Weide, A., S. Rieh, M. Zeidi and N.J. Conard. 2013. Using new morphological criteria to identify domesticated emmer wheat at the aceramic Neolithic site of Chogha Golan (Iran). Journal of Archaeological Science, 57: 109-118.



[ DOI: 10.52547/jcb.14.41.29 ]

# Investigation of Diversity of Different Agronomic and Morphological Traits in Wild Wheat Relatives

**Maryam Jabari[1,] Ahmadreza Golparvar[2], Behzad Sorkhilalehloo[3] and Majid shams[4]**

1- Department of Agronomy and Plant Breeding, College of Agriculture, Isfahan (Khorasgan) Branch, Islamic Azad University, Isfahan, Iran
2- Department of Agronomy and Plant Breeding, College of Agriculture, Isfahan (Khorasgan) Branch, Islamic Azad University, Isfahan, Iran, (Corresponding author: dragolparvar@gmail.com)
3- Assistance of professor, Genetic Department, Seed and Plant Improvement Institute, AREEO, Karaj, Iran
4- Assistance of professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, College of Agriculture, Isfahan (Khorasgan) Branch, Islamic Azad University, Isfahan, Iran
Received: 24 August 2021 Accepted: 9 January 2022

**Extended Abstract**
**Introduction and Objective:** Wild relatives of wheat are one of the most important genetic resources for use in wheat breeding programs. Therefore, identifying wheat wild relatives and Awareness of the diversity in them, also protecting these species is undeniably effective in expanding the richness of the gene pool and the genetic base of new cultivars and can be a good tool for future breeders.
**Material and Methods:** The present study was conducted to evaluate the genetic diversity and to investigate the relationships between traits in 49 species of wild wheat relatives in augmented design in five blocks in the Genetic Research and National Plant Gene Bank of Iran of Seed and Plant Breeding Research Institute in 2019-2020 crop year.
**Results:** Based on the results of analysis of variance, there was a significant difference in the probability level of 0.01 between different wild relatives of wheat in terms of height, peduncle extrusion length, peduncle length and grain length and grain width. The values of diversity coefficients also indicated high diversity between different species of wild relatives in terms of morphological traits other than flag leaf length. The highest coefficient of genetic variation and the highest heritability was related to peduncle length trait. Based on the results of estimating the correlation coefficients between traits, there was a positive and significant relationship between yield and yield components. Based on the results of regression analysis, five traits of spike weight, harvest index, height, grain length and number of grains per spike were determined as traits affecting grain yield. Among these traits, spike weight was mainly direct and number of grains per spike was indirectly, affected grain yield. The results of factor analysis led to the identification of three factors that explained 84.39% of the differences between the data. The dendrogram obtained from the cluster analysis divided cultivars and species into three general groups based on all traits. The genotypes in the fourth and fifth groups can be used for breeding and production of new cultivars by improving biological yield and grain yield, due to positive deviation from the total mean for height, flag leaf length and grain length traits, and the first group genotypes can be used to harvest index improvement.
**Conclusion:** There was a significant variation in morphological traits among the studied wheat wild relatives, which can be used for breeding programs of genetic resource.

**Keywords:** Cluster analysis, Genetic diversity, Factor analysis, Wheat, Wild relatives


[ DOI: 10.52547/jcb.14.41.29 ]