ژنتیک نوین
دوره ششم، شماره ۲، تابستان ۱۳۹۰
صفحه ۹۵-۸۳

# بررسی تنوع ژنتیکی و روابط بین صفات زراعی و مورفولوژیکی در بخشی از ژرم‌پلاسم کلکسیون گندم بانک ژن گیاهی ملی ایران

یوسف ارشد*[۱]، مهدی زهراوی[۲]

۱و۲- استادیاران بانک ژن گیاهی ملی ایران

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: m.zahravi@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۸۸/۱۰/۷ - تاریخ پذیرش: ۹۰/۳/۱)

## چکیده

**در این تحقیق ۵۱۱ نمونه ژنتیکی متعلق به ۱۹ کشور از کلکسیون گندم نان بانک ژن گیاهی ملی ایران در قالب یک طرح مشاهده‌ای مورد ارزیابی قرار گرفتند. صفات طول سنبله، تراکم سنبله، ریشک‌دار بودن سنبله، رنگ گلوم، کرک‌دار بودن گلوم، زمان گلدهی، وزن صد دانه، ارتفاع بوته، قطر ساقه، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد گلچه درسنبلچه، تعداد دانه در سنبله، تعداد گره در ساقه، زمان رسیدن کامل، طول دورهٔ پر شدن دانه، زمان سنبله‌دهی، زمان سنبله‌دهی تا رسیدن کامل و وزن دانه در سنبله ارزیابی شد. نتایج بررسی ضریب تغییرات صفات نشان داد که برای استفاده از منابع ژنتیکی مورد بررسی در این تحقیق در برنامه‌های اصلاحی بهتر است از تنوع موجود در عملکرد دانه و اجزاء آن استفاده شود تا صفات فنولوژیکی. بالاترین همبستگی مثبت بین صفات وزن دانه پنج سنبله و تعداد دانه در سنبله و بالاترین همبستگی منفی بین صفات زمان گلدهی و طول دوره پرشدن دانه مشاهده شد. در تجزیه رگرسیون به روش گام به گام برای وزن دانه پنج سنبله به عنوان متغیر وابسته، ٦ صفت تعداد دانه در سنبله، وزن صد دانه، تعداد سنبلچه در سنبله، زمان رسیدن کامل، تعداد گلچه در سنبلچه و طول سنبله وارد مدل شدند. نتایج تجزیه علیّت نشان داد، صفت تعداد دانه در سنبله دارای بزرگترین اثر مستقیم مثبت روی وزن دانه پنج سنبله است. در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی براساس منشاء نمونه‌های ژنتیکی ۵ مؤلفه اصلی اول ۸۱/٦۵ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه می‌کردند. براساس فواصل اقلیدسی مبتنی بر مؤلفه‌های اصلی، کمترین شباهت بین نمونه‌های چین و ارگوئه و بیشترین شباهت بین نمونه‌های آمریکا و آلمان شرقی (سابق) وجود داشت. با انجام تجزیه خوشه‌ای، منشاء نمونه‌های ژنتیکی در چهار گروه اصلی متمایز شدند. نتایج تجزیه واریانس چند متغیره براساس تمام صفات کمّی ارزیابی شده، وجود اختلاف معنی‌دار بین چهار گروه را تأیید نمود.**

**واژه‌های کلیدی**

**تجزیه رگرسیون،
تنوع ژنتیکی،
ژرم‌پلاسم،
ضریب تغییرات،
گندم**

[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]

[ DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.8.8 ]

## مقدمه

ژنوتیپ‌های بومی و خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی خزانه‌ای از تنوع ژنتیکی را تشکیل می‌دهند که برای برنامه‌های هدفمند اصلاحی الزامی می‌باشد. بخش عمده‌ای از غنای تنوع زیستی گیاهان، که در طی ۹۰۰۰ سال گذشته پشتیبان کشاورزان بوده است، بدلیل معرفی ارقام جدیدِ پرمحصول، فرسایش یافته یا به سرعت درحال فرسایش است (۲۷). این پدیده سبب آسیب‌پذیری ژنتیکی گیاهان زراعی در برابر تغییر در طیفی از آفات و بیماری‌ها می‌شود و همچنین انعطاف‌پذیری[1] آنها را در پاسخ به تغییرات آب و هوا یا عملیات کشاورزی تحت تأثیر قرار می‌دهد (۱۳، ۳۰ و ۳۲). خطر فرسایش منابع ژنتیکی در سال ۱۹۷۴ مورد توجه قرار گرفت. گروه مشاوران تحقیقات بین‌المللی کشاورزی[2]، کمیته بین‌المللی منابع ژنتیکی گیاهی[3] را با هدف توسعه یک شبکه جهانی از مراکز منابع ژنتیکی تأسیس نمودند. روند افزایش سریع جمعیت جهان و گسترش کشاورزی به مناطق حاشیه‌ای، اصلاح ارقام پرمحصول و پایدار در تنش‌های زیستی و غیرزیستی را اجتناب‌ناپذیر می‌سازد. توسعه چنین ارقامی نیازمند تأمین ژرم‌پلاسم جدید، بعنوان منابع ژن‌های مطلوب، بطور پیوسته است. پیش‌نیاز بهره‌برداری از منابع ژنتیکی، آگاهی از تنوع ژنتیکی آنها است (۱۱). ارزیابی منابع ژنتیکی گندم و شناسایی ژنوتیپ‌های بومی گندم برای حفظ و استفاده مداوم از آنها الزامی است (۱۷).

شاهین‌نیا و رضایی (۱۳۸۱) خصوصیات کمّی وکیفی ۹۰ لاین اصلاح شده و ۵۵ رقم زراعی و بومی گندم را به روش تجزیه و تحلیل چند متغیره مورد ارزیابی قرار داده و مشاهده نمودند ارقام بومی از لحاظ صفات مرتبط با اجزاء عملکرد دانه و کیفیت پروتئین ظرفیت بالایی داشتند. گل پرور و همکاران (۱۳۸۱) با ارزیابی ٥٦٧ ژنوتیپ گندم نان، صفات تعداد دانه در گیاه و عملکرد دانه سنبله را به عنوان بهترین معیارهای انتخاب به منظور بهبود عملکرد دانه گیاه در شرایط تنش خشکی پیشنهاد نمودند.

محمدی و همکاران (۱۳۸۱) با استفاده از روش‌های چند متغیره، تنوع صفات مورفولوژیکی و فنولوژیکی لاین‌های بومی گندم نان را مطالعه نمودند و با استفاده از تجزیه به عامل‌ها، ۲۱ صفت مورد بررسی را به شش عامل مشترک با واریانس نسبی ـ تجمعی ٦٣/٦ درصد کاهش دادند. واریانس اشتراکی صفات عملکرد دانه، وزن صددانه، تعداد دانه در سنبله و تعداد پنجه بارور به ترتیب ۹۸، ۹۳، ۹۳ و ٨٤ درصد از واریانس کل صفات را توجیه کردند. ملازم و همکاران (۱۳۸۲) تنوع ژنتیکی ۴۱ توده بومی گندم بهاره شمال غرب کشور را با اندازه‌گیری صفات عملکرد و اجزای آن بررسی و یک توده بومی از شهرستان ارومیه را به عنوان نمونه برتر از نظر صفات تعداد پنجه بارور، طول سنبله اصلی، تعداد دانه در سنبله اصلی، وزن هزار دانه و عملکرد گزارش نمودند. طالعی و بهرام‌نژاد (۱۳۸۲) روابط بین عملکرد و اجزای آن را در ٤٦٧ مورفوتیپ از کلکسیون غلات دانشکده کشاورزی بررسی و مشاهده نمودند که سرعت رشد رویشی و شاخص برداشت بیشترین تأثیر را درعملکرد دانه داشتند. نارویی راد و همکاران (۱۳۸۵) روابط بین صفات مورفولوژیکی در ۱۰۳ توده گندم بومی استان سیستان و بلوچستان را بررسی نمودند. در تجزیه به عامل‌ها ٦ عامل اول حدود ۸۰ درصد واریانس میان صفات را توجیه می‌نمود. طوسی مجرد و بی‌همتا (۱۳۸٦) با ارزیابی ٦٤ ژنوتیپ گندم بر اهمیت صفات موثر بر اجزاء عملکرد، خصوصیات رسیدگی و ارتفاع را برای گزینش ژنوتیپ‌ها تأکید نمودند. Beuningen و همکاران (۱۹۹۷) با استفاده از تجزیه خوشه‌ای ۲۸۹ رقم گندم نان بهاره را در ۱۶ گروه اصلی تقسیم‌بندی نمودند. Routray و همکاران (۲۰۰۷) تنوع ژنتیکی ۴۱ ژنوتیپ بومی و ارقام گندم از هندوستان را مورد بررسی قرار دادند و مشاهده نمودند، دندروگرام و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی مبتنی بر داده‌های مورفولوژیکی بوضوح ژنوتیپ‌های بومی را از کولتیوارهای دیگر مورد بررسی متمایز می‌نماید.

[1] Plasticity
[2] Consultative Group on International Agricultural Research
[3] International Board of Plant Genetic Resources



[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]
[ DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.8.8 ]

هدف از این تحقیق مطالعه تنوع ژنتیکی در بخشی از ژرم‌پلاسم کلکسیون گندم نان بانک ژن گیاهی ملی ایران[4] و بررسی روابط بین صفات زراعی و مورفولوژیکی بود.

## مواد و روش‌ها

در این تحقیق تعداد ۵۰۸ نمونه ژنتیکی با منشاء مختلف از کشورهای آرژانتین (ARG) (هشت نمونه)، پرتغال (PRT) (هشت نمونه)، بلغارستان (BGR) (یک نمونه)، آمریکا (USA) (٤٥١ نمونه)، افغانستان (AFG) (چهار نمونه)، اسپانیا (ESP) (یک نمونه)، ژاپن (JPN) (دو نمونه)، ایتالیا (ITA) (دو نمونه)، بلژیک (BEL) (یک نمونه)، رومانی (ROM) (یک نمونه)، هندوستان (IND) (یک نمونه)، چین (CHN) (چهار نمونه)، آلمان‌شرقی (سابق) (DDR) (پنج نمونه)، پرو (PER) (دو نمونه)، مکزیک (MEX) (یک نمونه)، اورگوئه (YRY) (دو نمونه)، هلند (NLD) (یک نمونه)، مجارستان (HUN) (یک نمونه) و ایران (IRN) (۱۲ نمونه) به انضمام سه نمونه با منشاء ناشناخته، از کلکسیون گندم نان بانک ژن گیاهی ملی ایران مورد ارزیابی قرار گرفتند. بدین منظور بذر نمونه‌های مذکور در قالب طرح مشاهده‌ای ساده در ردیف‌هایی به طول ۲/۵ متر و فاصله ٦٠ سانتیمتر بین ردیف‌ها در مزرعه تحقیقاتی مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر واقع در کرج، در سال زراعی ۸۲-۱۳۸۱ کشت گردید. صفات مهم زراعی، مورفولوژیکی و فنولوژیکی شامل طول سنبله، تراکم سنبله، ریشک‌دار بودن سنبله، رنگ گلوم، کرک‌دار بودن گلوم، زمان گلدهی، وزن صد دانه، ارتفاع بوته، قطر ساقه، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد گلچه درسنبلچه، تعداد دانه در سنبله، تعداد گره در ساقه، زمان رسیدن کامل، طول دوره پر شدن دانه، زمان سنبله‌دهی، زمان سنبله‌دهی تا رسیدن کامل و وزن دانه در سنبله مطابق با دستورالعمل کمیته بین‌المللی ذخایر توارثی گیاهی (۲۲) با انتخاب ۵ نمونه تصادفی از داخل هر توده، ارزیابی شد. نمره‌دهی صفت تراکم سنبله به صورت ۱- خیلی تنک ۳- تنک ۵- متوسط ۷- فشرده و ۹- خیلی فشرده، صفت ریشک‌دار بودن سنبله به صورت صفر-بدون ریشک ۳- دارای ریشک کوتاه و ۷- ریشک بلند، صفت رنگ گلوم بصورت ۱- سفید ۲- قرمز مایل به قهوه‌ای و ۳- ارغوانی تا سیاه و صفت کرک‌دار بودن گلوم به صورت صفر- بدون کرک ۳- کرک کم و ۷- کرک زیاد انجام گرفت. آمار توصیفی شامل حداقل، حداکثر، میانگین، انحراف معیار، ضریب تغییرات (برای صفات کمّی) و شاخص نسبی شانون (۲۱) (برای صفات کیفی) محاسبه شد. تجزیه همبستگی بین صفات ارزیابی شده به علت وجود متغیرهای کیفی به روش Spearman (۱۹۰۴) انجام گرفت. تجزیه رگرسیون به روش گام به گام با در نظر گرفتن وزن دانه پنج سنبله بعنوان متغیر وابسته و سایر صفات اندازه‌گیری شده بعنوان متغیر مستقل انجام شد. برای تفکیک اثرات مستقیم متغیرهای مؤثر بر وزن دانه پنج سنبله از اثرات غیر مستقیم، از تجزیه علیت (۲۵) استفاده شد. به منظور بررسی قرابت ژنتیکی نمونه‌های ژنتیکی بر اساس منشاء آنها و صفات ارزیابی شده، میانگین صفات برای نمونه‌های هر کشور محاسبه شد و تجزیه‌های آماری براساس آن انجام شد. تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش WARD انجام گرفت. تجزیه واریانس چند متغیره بین میانگین گروه‌های تمایز یافته در تجزیه خوشه‌ای با استفاده از آماره‌های اثر پیلای، لامبدای ویلکس و بزرگترین ریشه رُی (۱۹) انجام گرفت. تجزیه علیت با استفاده از نرم‌افزار PATH74 و سایر تجزیه‌های آماری توسط نسخه ۹ نرم افزار SPSS انجام شد.

## نتایج و بحث

مقادیر میانگین، انحرف معیار، حداقل، حداکثر و ضریب تغییرات برای صفات کمّی مورد ارزیابی در جدول ۱ و شاخص شانون برای صفات کیفی در جدول ۲ آورده شده است. براساس ضریب تغییرات از بین صفات کمّی، وزن دانه پنج سنبله (٢٣/٧٤ درصد)، تعداد دانه در سنبله (۸۲/ ۲۲ درصد) و طول سنبله (۱۸/۱۷ درصد) دارای بیشترین تنوع همچنین زمان رسیدن کامل (۱/۲۱ درصد)، زمان سنبله‌دهی (۱/۹۵ درصد) و زمان گلدهی (۱/۹۵ درصد) دارای کمترین تغییر بودند. از اینرو بهتر است در منابع ژنتیکی مورد بررسی از تنوع موجود در عملکرد دانه و اجزاء آن

[4] بانک ژن گیاهی ملی ایران با دارا بودن بیش از ۱۸۰۰۰ نمونه ژنتیکی گندم یکی از غنی‌ترین بانک‌های ژن در دنیا می‌باشد.



[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]
[ DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.8.8 ]

در برنامه‌های اصلاحی استفاده شود تا صفات فنولوژیکی. بر اساس شاخص نسبی شانون صفات کیفی مورد مطالعه دارای تنوع تقریبا یکسانی بودند. نارویی‌راد و همکاران (۱۳۸۵) نیز در بررسی توده‌های بومی سیستان و بلوچستان گزارش کردند که صفات عملکرد دانه و وزن صد دانه از بیشترین و صفات فنولوژیکی از کمترین ضریب تغییرات برخوردار بودند. در تحقیق ملازم و همکاران (۱۳۸۲) بیشترین ضریب تغییرات مربوط به صفات وزن دانه در سنبله اصلی، شاخص برداشت، تعداد پنجه بارور و تراکم سنبله اصلی بود.

جدول۱- آمار توصیفی برای صفات کمّی ارزیابی شده برای ۵۱۱ نمونه ژنتیکی از کلکسیون گندم بانک ژن گیاهی ملی ایران

| صفت | میانگین | انحراف معیار | حداقل | حداکثر | ضریب تغییرات (٪) |
|---|---|---|---|---|---|
| طول سنبله (سانتیمتر) | ۱۰/۰۴ | ۱/۸۲ | ۳/۵۰ | ۱۵/۵۰ | ۱۸/۱۷ |
| زمان گلدهی (روز) | ۱۹۳/۸۵ | ۳/۷۸ | ۱۸۲/۰۰ | ۲۰۷/۰۰ | ۱/۹۵ |
| وزن صد دانه (گرم) | ۳/۸۷ | ۰/۶۱ | ۲/۲۷ | ۷/۳۸ | ۱۵/۶۶ |
| ارتفاع بوته (سانتیمتر) | ۱۱/۰۶ | ۱۲/۸۳ | ۵۰/۰۰ | ۱۴۵/۰۰ | ۱۱/۰۵ |
| قطر ساقه (میلیمتر) | ۴/۴۹ | ۰/۵۲ | ۲/۸۰ | ۵/۶۰ | ۱۱/۴۸ |
| تعداد سنبلچه در سنبله | ۱۹/۱۱ | ۲/۲۱ | ۱۲/۰۰ | ۲۶/۵۰ | ۱۱/۵۶ |
| تعداد گلچه درسنبلچه | ۳/۲۰ | ۰/۵۲ | ۲/۰۰ | ۵/۲۰ | ۱۶/۱۳ |
| تعداد دانه در سنبله | ۴۴/۱۱ | ۱۰/۰۷ | ۲۲/۶۰ | ۹۵/۸۰ | ۲۲/۸۲ |
| تعداد گره در ساقه | ۴/۱۳ | ۰/۴۰ | ۳/۰۰ | ۵/۰۰ | ۹/۷۲ |
| زمان رسیدن کامل (روز) | ۲۳۳/۵۷ | ۲/۸۳ | ۲۲۴/۰۰ | ۲۳۹/۰۰ | ۱/۲۱ |
| زمان سنبله دهی (روز) | ۱۸۶/۶۸ | ۳/۶۴ | ۱۷۱/۰۰ | ۲۰۴/۰۰ | ۱/۹۵ |
| زمان سنبله دهی تا رسیدن (روز) | ۴۶/۸۹ | ۴/۰۴ | ۲۷/۰۰ | ۵۹/۰۰ | ۸/۶۲ |
| طول دوره پر شدن دانه (روز) | ۴۰/۰۰ | ۴/۱۰ | ۲۲/۰۰ | ۵۲/۰۰ | ۱۰/۲۴ |
| وزن دانه پنج سنبله (گرم) | ۸/۴۷ | ۲/۰۱ | ۴/۳۷ | ۱۹/۲۳ | ۲۳/۷۴ |

جدول۲- مقدار شاخص شانون برای صفات کیفی ارزیابی شده برای ۵۱۱ نمونه ژنتیکی از کلکسیون گندم بانک ژن گیاهی ملی ایران

| صفت | شاخص شانون | نما | حداقل | حداکثر |
|---|---|---|---|---|
| تراکم سنبله | ۰/۶۵ | ۵ | ۳ | ۹ |
| ریشک دار بودن سنبله | ۰/۶۷ | ۷ | صفر | ۷ |
| رنگ گلوم | ۰/۶۱ | ۱ | ۱ | ۳ |
| کرک دار بودن گلوم | ۰/۵۳ | صفر | صفر | ۷ |



[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]

[ DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.8.8 ]

[ DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.8.8 ]
[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]



جدول ۳- ضرایب همبستگی فنوتیپی صفات ارزیابی شده برای ۵۱۱ نمونه ژنتیکی از کلکسیون گندم بانک ژن گیاهی ملی ایران

| صفت | طول سنبله | تراکم سنبله | ریشک دار بودن سنبله | رنگ گلوم | کرک دار بودن گلوم | زمان گلدهی | وزن صد دانه | ارتفاع بوته | قطر ساقه | تعداد سنبلچه در سنبله | تعداد گلچه درسنبلچه | تعداد دانه در سنبله | تعداد گره در ساقه | زمان رسیدن کامل | زمان سنبله دهی | سنبله دهی تا رسیدن | طول دوره پر شدن دانه | وزن دانه پنج سنبله |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| طول سنبله | ۱ | -۰/۲۷۹** | -۰/۱۲۲** | -۰/۰۱۵ | ۰/۰۹۱* | -۰/۰۱۷ | ۰/۱۷۳** | ۰/۱۶۱** | ۰/۱۵۷** | ۰/۴۵۹** | ۰/۰۸۳ | ۰/۲۸۷** | ۰/۰۸۳ | ۰/۰۴۷ | -۰/۰۱۲ | ۰/۰۴۷ | ۰/۰۵۷ | ۰/۳۱۰** |
| تراکم سنبله | | ۱ | -۰/۲۷۰** | ۰/۰۰۹ | ۰/۱۵۰** | ۰/۰۰۲ | -۰/۰۲۶ | -۰/۱۵۵** | ۰/۱۸۹** | ۰/۱۵۷** | ۰/۱۶۸** | ۰/۱۹۶** | ۰/۰۳۱ | -۰/۰۷۷ | ۰/۰۳۲ | ۰/۰۷۹ | -۰/۰۶۶ | ۰/۲۰۴** |
| ریشک دار بودن سنبله | | | ۱ | -۰/۰۴۹ | -۰/۲۰۱** | ۰/۰۶۶ | ۰/۱۴۲** | ۰/۰۳۸ | -۰/۲۵۵** | -۰/۳۰۸** | -۰/۱۰۴* | -۰/۲۰۶** | -۰/۱۱۳* | ۰/۰۵۵ | -۰/۰۰۴ | ۰/۰۴۰ | -۰/۰۰۹ | -۰/۱۰۸* |
| رنگ گلوم | | | | ۱ | ۰/۲۰۹** | -۰/۰۹۱* | ۰/۰۹۷* | -۰/۱۱۱* | ۰/۰۹۸* | ۰/۰۵۴ | ۰/۰۵۱ | ۰/۰۳۷ | ۰/۰۲۲ | -۰/۰۶۷ | -۰/۰۹۱* | ۰/۰۱۸ | ۰/۰۱۶ | ۰/۱۱۹** |
| کرک دار بودن گلوم | | | | | ۱ | -۰/۱۳۴** | ۰/۱۳۸** | -۰/۰۹۳* | ۰/۱۵۸** | ۰/۱۳۳** | ۰/۰۸۶ | ۰/۰۳۹ | -۰/۰۴۰ | -۰/۱۱۲* | -۰/۱۱۴* | ۰/۰۱۸ | ۰/۰۴۶ | ۰/۱۵۴** |
| زمان گلدهی | | | | | | ۱ | -۰/۳۷۳** | ۰/۱۴۴** | -۰/۰۲۴ | ۰/۱۷۱** | ۰/۰۱۳ | ۰/۲۳۰** | ۰/۱۱۲* | ۰/۲۶۶** | ۰/۸۹۸** | -۰/۶۰۰** | -۰/۷۴۵** | -۰/۰۴۷ |
| وزن صد دانه | | | | | | | ۱ | ۰/۰۳۹ | ۰/۰۳۹ | -۰/۱۱۶** | -۰/۰۶۵ | -۰/۲۰۵** | -۰/۰۱۲ | -۰/۰۸۸* | -۰/۳۴۶** | ۰/۲۲۱** | ۰/۲۸۰** | ۰/۴۳۵** |
| ارتفاع بوته | | | | | | | | ۱ | -۰/۱۹۳** | -۰/۰۳۵ | -۰/۲۸۹** | -۰/۱۲۳** | ۰/۵۵۸** | ۰/۱۱۹** | ۰/۱۸۵** | -۰/۰۹۱* | -۰/۰۷۱ | ۰/۱۳۳** |
| قطر ساقه | | | | | | | | | ۱ | ۰/۴۲۲** | ۰/۲۴۹** | ۰/۳۱۵** | -۰/۰۲۵ | -۰/۱۰۰* | -۰/۰۴۵ | -۰/۰۲۳ | -۰/۰۵۲ | ۰/۳۴۵** |
| تعداد سنبلچه در سنبله | | | | | | | | | | ۱ | ۰/۲۵۷** | ۰/۶۷۹** | ۰/۰۹۸* | ۰/۰۳۵ | ۰/۱۴۳** | -۰/۱۲۲** | -۰/۱۶۱** | ۰/۵۳۴** |
| تعداد گلچه درسنبلچه | | | | | | | | | | | ۱ | ۰/۶۱۸** | -۰/۱۸۲** | -۰/۰۹۱* | -۰/۰۳۷ | -۰/۰۲۰ | -۰/۰۷۱ | ۰/۵۳۶** |
| تعداد دانه در سنبله | | | | | | | | | | | | ۱ | -۰/۰۲۹ | ۰/۰۴۲ | ۰/۱۷۷** | -۰/۱۴۶** | -۰/۲۰۷** | ۰/۷۳۹** |
| تعداد گره در ساقه | | | | | | | | | | | | | ۱ | ۰/۰۸۱ | ۰/۱۴۹** | -۰/۰۷۱ | -۰/۰۶۰ | -۰/۰۴۴ |
| زمان رسیدن کامل | | | | | | | | | | | | | | ۱ | ۰/۲۵۷** | ۰/۴۵۳** | ۰/۳۸۱** | -۰/۰۴۳ |
| زمان سنبله دهی | | | | | | | | | | | | | | | ۱ | -۰/۶۸۶** | -۰/۶۶۵** | -۰/۰۷۵ |
| سنبله دهی تا رسیدن | | | | | | | | | | | | | | | | ۱ | ۰/۹۱۳** | ۰/۰۰۲ |
| طول دوره پر شدن دانه | | | | | | | | | | | | | | | | | ۱ | -۰/۰۱۳ |
| وزن دانه پنج سنبله | | | | | | | | | | | | | | | | | | ۱ |

* و ** به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد

تحلیل روابط بین صفات

تجزیه همبستگی صفات مختلف با عملکرد، اهمیت نسبی و ارزش آنها را بعنوان معیارهای انتخاب مشخص می‌نماید (۱۰). با شناسایی صفات دارای همبستگی با عملکرد دانه که کمتر تحت تأثیر محیط قرار می‌گیرند می‌توان عملکرد را بطور غیرمستقیم بهبود بخشید (۱٤). ضرایب هبستگی بین صفات ارزیابی شده در جدول ۳ ارائه گردیده است. بالاترین ضریب همبستگی مثبت و معنی‌دار ($r=۰/۷۳۹^{**}$) بین صفات وزن دانه پنج سنبله و تعداد دانه در سنبله بود که نشان‌دهنده امکان انتخاب غیرمستقیم برای عملکرد دانه بیشتر از طریق تعداد دانه در سنبله می‌باشد. بالاترین همبستگی منفی و معنی‌دار ($r=-۰/۷٤٥^{**}$) بین صفات زمان گلدهی و طول دوره پرشدن دانه مشاهده شد. صفات طول سنبله، تراکم سنبله، رنگ گلوم، وزن صد دانه، قطر ساقه، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد گلچه درسنبلچه، تعداد دانه در سنبله دارای همبستگی مثبت و معنی‌دار با صفت وزن دانه پنج سنبله و صفات ریشک‌دار بودن سنبله و ارتفاع بوته واجد همبستگی منفی و معنی‌دار با وزن دانه پنج سنبله بودند. ملازم و همکاران (۱۳۸۲) نیز در بررسی توده‌های بومی گندم بهاره شمال غرب کشور همبستگی مثبت و معنی‌دار بین تعداد دانه در سنبله با عملکرد دانه مشاهده نمودند. Ehdai و Waines (۱۹۸۹) وجود رابطه مستقیم بین تعداد سنبله در واحد سطح با عملکرد دانه و رابطه معکوس تعداد دانه در سنبله و ارتفاع گیاه با عملکرد دانه را گزارش نمودند. در تحقیق Nachit و همکاران (۱۹۹۱) در ارقام پیشرفته گندم نان عملکرد دانه همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری با صفات زودرسی، لوله شدن برگ، تعداد پنجه‌های بارور، طول پدانکل و تعداد بذر در سنبله نشان داد. Dawari و Luthra (۱۹۹۱) در پژوهش خود اظهار داشتند که صفات شاخص برداشت، تعداد و طول سنبله از اجزاء مهم عملکرد دانه بوده و انتخاب براساس آنها می‌تواند موجب بهبود عملکرد دانه در گندم شود.

تجزیه رگرسیون

تجزیه رگرسیون گام به گام اثر صفات غیرمؤثر یا کم تأثیر بر روی عملکرد دانه را حذف می‌نماید و فقط صفاتی را که میزان قابل توجهی از تغییرات عملکرد را توجیه می‌کنند در مدل رگرسیون باقی می‌مانند (۱۰). در تجزیه رگرسیون چندگانه خطی برای وزن دانه پنج سنبله به عنوان متغیر وابسته و سایر صفات ارزیابی شده به عنوان متغیر مستقل، ٦ صفت تعداد دانه در سنبله، وزن صد دانه، تعداد سنبلچه در سنبله، زمان رسیدن کامل، تعداد گلچه در سنبلچه و طول سنبله وارد مدل شدند که در مجموع ۸۸/۷ درصد تغییرات وزن دانه پنج سنبله را توجیه می‌کردند (جدول ٤). متغیرهایی که وارد مدل می‌شوند بیشترین تأثیر را در توجیه تغییرات متغیر مستقل دارند. ضرایب تمام صفات مذکور در معادله رگرسیون مثبت بود که نشان‌دهنده رابطه مستقیم این صفات با وزن دانه پنج سنبله می‌باشد. بزرگترین ضریب رگرسیون (۱/۹۵) مربوط به وزن صد دانه بود که نشان‌دهنده تأثیر بیشتر این صفت در تغییرات وزن دانه پنج سنبله می‌باشد. Lednet و همکاران (۱۹۸۲) به منظور بررسی روابط بین صفات مورفولوژیکی و عملکرد دانه از تجزیه همبستگی و رگرسیون گام به گام استفاده نمودند. صفات شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیکی به ترتیب در مراحل اول و دوم وارد مدل رگرسیون با ضریب تبیین ۷۷/۸۱ درصد شدند. طالعی و بهرام‌نژاد (۱۳۸۲) اظهار داشتند درتجزیه رگرسیون مرحله‌ای صفات سرعت رشد رویشی، شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیکی در معادله عملکرد دانه وارد شدند. در تحقیق گل پرور و همکاران (۱۳۸۱) با انجام رگرسیون گام به گام در شرایط تنش خشکی، هفت صفت عملکرد بیولوژیکی، شاخص برداشت، عملکرد دانه در سنبله، تعداد دانه در گیاه، وزن هزار دانه و ارتفاع گیاه وارد مدل شده و در مجموع ۹۸/٤ درصد از تغییرات عملکرد را توجیه نمودند.

تجزیه علیت

تجزیه علیت توسط Li (۱۹٥٦) ارائه شد. ضرایب علیت اهمیت نسبی هر یک از عوامل مؤثر بر عملکرد دانه را مشخص می‌کند (۱٥ و ۱٦). اثرات مستقیم و غیر مستقیم صفات وارد شده در مدل رگرسیون روی وزن دانه پنج سنبله در جدول ٥ ارائه شده است. همانطور که مشاهده می‌شود صفت تعداد دانه در سنبله دارای بزرگترین اثر مستقیم مثبت (۱/۰٦۹) و صفت تعداد سنبلچه در سنبله دارای بزرگترین اثر مستقیم منفی (۰/۲۷۳-) روی وزن دانه



[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]

[ DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.8.8 ]

پنج سنبله بود. بزرگترین اثر غیر مستقیم (۰/۷۲۵) نیز مربوط به صفت تعداد سنبلچه در سنبله از طریق صفت تعداد دانه در سنبله روی وزن دانه پنج سنبله بود. این نتایج اهمیت صفت تعداد دانه در سنبله را روی عملکرد دانه تأیید می‌نماید. گل پرور و همکاران (۱۳۸۱) مشاهده نمودند که در تجزیه علیّت برای عملکرد دانه، صفات تعداد دانه در گیاه و عملکرد دانه سنبله، بیشترین اثر مستقیم مثبت و صفت تعداد دانه در سنبله، بیشترین اثر مستقیم منفی را بر عملکرد دانه گیاه داشتند. طبق گزارش طالعی و بهرام‌نژاد (۱۳۸۲) درتجزیه علیّت برای عملکرد دانه، بیشترین اثرات مستقیم مربوط به سرعت رشد رویشی (٤/۰۷۲) و شاخص برداشت (۱/۷۳۵) بود.

تحلیل روابط نمونه‌های ژنتیکی براساس مبدأ جغرافیایی

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر روی میانگین صفات ارزیابی شده در نمونه‌های ژنتیکی براساس مبدأ جغرافیایی آنها انجام گرفت. پنج مؤلفه اصلی اول ۸۱/۶۵ درصد از تغییرات کلی داده‌ها را توجیه می‌کردند (جدول ۶). در مؤلفه اصلی اول بزرگترین ضرایب مثبت مربوط به صفات زمان گلدهی (۰/۹۰)، زمان سنبله دهی (۰/۸۷)، ارتفاع بوته (۰/۸۵)، تعداد سنبلچه در سنبله (۰/۷۸)، تعداد گره در ساقه (۰/۵۸) و طول سنبله (۰/۴۵) و بزرگترین ضرایب منفی مربوط به صفات طول دوره پر شدن دانه (۰/۸۵-)، زمان سنبله دهی تا رسیدن کامل (۰/۸۴-) و تعداد گلچه درسنبلچه (۰/۷۴-)

جدول ٤- تجزیه رگرسیون گام به گام بر اساس صفات ارزیابی شده برای ۵۱۱ نمونه ژنتیکی از کلکسیون گندم بانک ژن گیاهی ملی ایران

| مرحله | صفت | عرض از مبدأ | ضریب رگرسیون | | | | | | ضریب تبیین تجمعی (٪) |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | X1 | X2 | X3 | X4 | X5 | X6 | |
| ۱ | تعداد دانه در سنبله (X1) | ۲/۲۱ | ۰/۱۴ | – | – | – | – | – | ۵۲ |
| ۲ | وزن صد دانه (X2) | -۶/۷۴ | ۰/۱۷ | ۱/۹۸ | – | – | – | – | ۸۷/۹ |
| ۳ | تعداد سنبلچه در سنبله (X3) | -۷/۵۰ | ۰/۱۶ | ۱/۹۶ | ۰/۰۶ | – | – | – | ۸۸/۲ |
| ۴ | زمان رسیدن کامل (X4) | -۱۵/۱۱ | ۰/۱۶ | ۱/۹۸ | ۰/۰۶ | ۰/۰۳ | – | – | ۸۸/۴ |
| ۵ | تعداد گلچه درسنبلچه (X5) | -۱۶/۷۹ | ۰/۱۵ | ۱/۹۷ | ۰/۰۸ | ۰/۰۴ | ۰/۲۶ | – | ۸۸/۶ |
| ۶ | طول سنبله (X6) | -۱۶/۷۱ | ۰/۱۵ | ۱/۹۵ | ۰/۰۷ | ۰/۰۴ | ۰/۳۰ | ۰/۰۴ | ۸۸/۷ |
| | مدل نهایی رگرسیون | Y=-۱۶/۷۱+۰/۱۵ X1+۱/۹۵ X2+۰/۰۷ X3+۰/۰۴ X4+۰/۳۰ X5+۰/۰۴X6 | | | | | | | |

جدول ۵- اثرات مستقیم و غیر مستقیم صفات ارزیابی شده روی وزن دانه پنج سنبله برای ۵۱۱ نمونه ژنتیکی از کلکسیون گندم بانک ژن گیاهی ملی ایران

| صفت | اثر مستقیم | اثر غیر مستقیم | | | | | همبستگی با وزن دانه پنج سنبله |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | X1 | X2 | X3 | X4 | X5 | X6 | |
| تعداد دانه در سنبله (X1) | ۱/۰۶۹ | – | -۰/۱۴ | -۰/۱۸۶ | -۰/۰۰۱ | -۰/۰۰۹ | ۰/۰۰۳ | ۰/۷۳۹ |
| وزن صد دانه (X2) | ۰/۶۸ | -۰/۲۲ | – | -۰/۰۳۲ | ۰/۰۰۱ | ۰ | ۰/۰۰۲ | ۰/۴۳۵ |
| تعداد سنبلچه در سنبله (X3) | -۰/۲۷۳ | ۰/۷۲۵ | ۰/۰۷۸ | – | -۰/۰۰۱ | -۰/۰۰۴ | ۰/۰۰۵ | ۰/۵۳۳ |
| زمان رسیدن کامل (X4) | -۰/۰۲۱ | ۰/۰۴۴ | -۰/۰۶ | -۰/۰۱ | – | ۰/۰۰۱ | ۰ | -۰/۰۴۴ |
| تعداد گلچه درسنبلچه (X5) | -۰/۰۱۴ | ۰/۰۶۶ | -۰/۰۴۵ | -۰/۰۷۱ | ۰/۰۰۱ | – | ۰/۰۰۱ | ۰/۵۳۶ |
| طول سنبله (X6) | ۰/۱۲ | ۰/۳۰۶ | ۰/۱۱۷ | -۰/۱۲۶ | -۰/۰۰۱ | -۰/۰۰۲ | – | ۰/۳۱ |
| اثر باقیمانده | ۰/۲۴۸ | | | | | | | |



[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]
[ DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.8.8 ]

جدول ٦- مقادیر ویژه و بردارهای ویژه در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی براساس منشاء ۵۱۱ نمونه ژنتیکی از کلکسیون گندم بانک ژن گیاهی ملی ایران

| صفت | مولفه اصلی | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| | اول | دوم | سوم | چهارم | پنجم |
| طول سنبله | ۰/۴۵ | ۰/۱۳ | -۰/۵۳ | ۰/۳۸ | ۰/۳۰ |
| تراکم سنبله | ۰/۱۴ | ۰/۴۳ | ۰/۵۶ | -۰/۴۳ | -۰/۴۲ |
| ریشک دار بودن سنبله | ۰/۳۱ | ۰/۱۳ | -۰/۴۸ | -۰/۲۵ | ۰/۴۳ |
| رنگ گلوم | ۰/۳۳ | ۰/۵۶ | -۰/۰۰۸ | ۰/۲۸ | ۰/۳۲ |
| کرک دار بودن گلوم | -۰/۱۰ | ۰/۷۷ | -۰/۱۸ | -۰/۲۸ | -۰/۱۱ |
| زمان گلدهی | ۰/۹۰ | -۰/۲۴ | ۰/۰۷ | -۰/۳۱ | ۰/۱۳ |
| وزن صد دانه | ۰/۳۶ | ۰/۶۰ | -۰/۴۵ | ۰/۰۰۱ | -۰/۴۳ |
| ارتفاع بوته | ۰/۸۵ | -۰/۱۲ | ۰/۱۴ | ۰/۲۸ | -۰/۰۷ |
| قطر ساقه | ۰/۴۸ | ۰/۰۴ | -۰/۲۲ | ۰/۰۶ | -۰/۵۶ |
| تعداد سنبلچه در سنبله | ۰/۷۸ | ۰/۲۸ | ۰/۲۵ | ۰/۳۸ | ۰/۰۶ |
| تعداد گلچه درسنبلچه | -۰/۷۴ | ۰/۳۲ | ۰/۰۳ | -۰/۳۷ | ۰/۲۷ |
| تعداد دانه در سنبله | -۰/۰۲ | ۰/۴۲ | ۰/۶۶ | ۰/۱۳ | ۰/۵۶ |
| تعداد گره در ساقه | ۰/۵۸ | -۰/۱۶ | ۰/۰۶ | ۰/۶۱ | -۰/۱۱ |
| زمان رسیدن کامل | ۰/۴۳ | -۰/۰۹ | ۰/۶۹ | -۰/۰۳ | -۰/۱۲ |
| زمان سنبله دهی | ۰/۸۷ | -۰/۱۲ | ۰/۱۱ | -۰/۴۲ | ۰/۰۷ |
| زمان سنبله دهی تا رسیدن کامل | -۰/۸۴ | ۰/۱۰ | ۰/۱۴ | ۰/۴۷ | -۰/۱۳ |
| طول دورهٔ پر شدن دانه | -۰/۸۵ | ۰/۲۴ | ۰/۱۵ | ۰/۳۸ | -۰/۱۵ |
| وزن دانه پنج سنبله | ۰/۴۱ | ۰/۸۴ | ۰/۰۳ | ۰/۰۶ | -۰/۰۲ |
| سهم تجمعی (٪) | ۳۵/۱۵ | ۵۰/۲۴ | ۶۲/۳۷ | ۷۳/۰۹ | ۸۱/۶۵ |
| مقادیر ویژه | ۶/۳۳ | ۲/۷۵ | ۲/۱۵ | ۱/۹۳ | ۱/۵۴ |

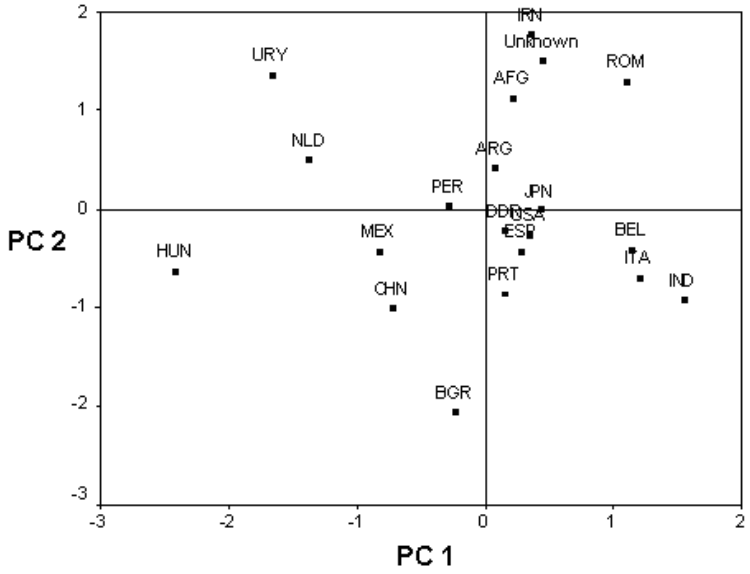
بود. در مؤلفه اصلی دوم بزرگترین ضرایب مثبت مربوط به صفات وزن دانه پنج سنبله (۰/۸۴)، کرک‌دار بودن گلوم (۰/۷۷)، وزن صد دانه (۰/۶۰)، رنگ گلوم (۰/۵۶) و بزرگترین ضرایب منفی مربوط به صفت زمان گلدهی (۰/۲۴-) بود. از اینرو نمونه‌های واجد مقایر کوچکتر برای مؤلفه اصلی اول، پاکوتاه بوده، زودتر به سنبله رفته، زودتر گل می‌دهند و تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد گره در ساقه و طول سنبله کمتری دارند ولی دارای دوره پرشدن دانه، زمان سنبله‌دهی تا رسیدن کامل و تعداد گلچه درسنبلچه بیشتری هستند. همچنین نمونه‌های دارای مقادیر بزرگتر برای مؤلفه اصلی دوم دارای وزن دانه پنج سنبله و وزن صد دانه بیشتر و زمان گلدهی کمتری می‌باشند. این نمونه‌ها در قسمت بالا و سمت چپ بای پلات دو مولفه اصلی اول (شکل ۱) قرار می‌گیرند و شامل کشورها ارگوئه، هلند و پرو می‌باشند. همچنین نمونه‌هایی که صفات مذکور را در جهت عکس دارند در ربع مقابل یعنی در قسمت پائین و سمت راست بای پلات دو مولفه اصلی اول قرار می‌گیرند، این نمونه‌ها از کشورهای هندوستان، پرتقال، ایتالیا، اسپانیا، بلژیک، آمریکا، آلمان شرقی و ژاپن بودند. دوسانتوس و همکاران (۲۰۰۹) داده‌های مورفولوژیکی کمّی و کیفی ۵۲ توده گندم از کشور پرتغال را با استفاده از مؤلفه‌های اصلی تجزیه نمودند. دو مؤلفه اصلی اول ۲۲/۵ درصد از تغییرات



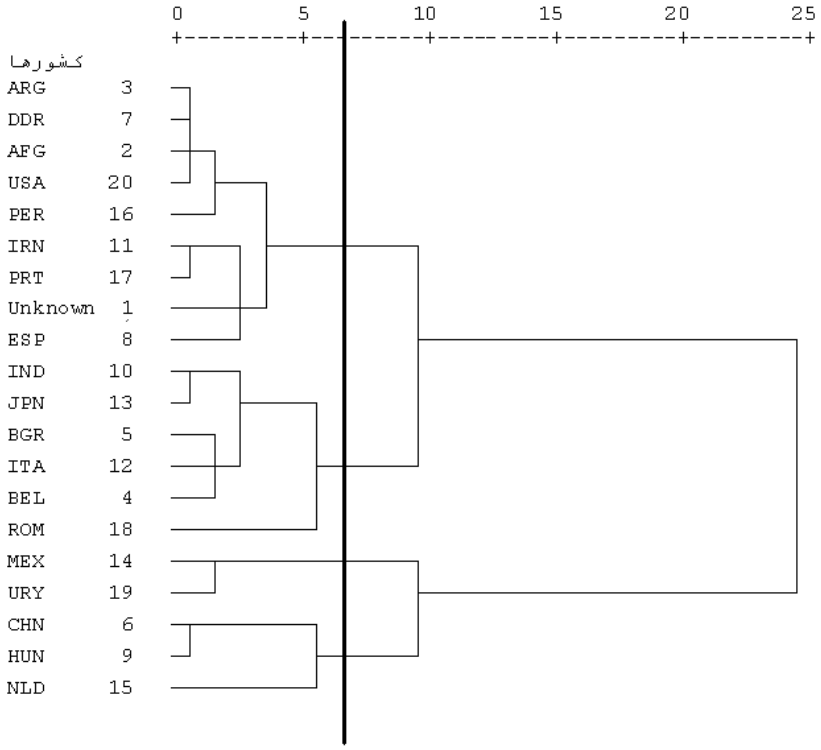
[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]

[ DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.8.8 ]

کل داده‌ها را توجیه می‌کرد. نمونه‌های مورد مطالعه براساس این دو مؤلفه به دو گروه متمایز تفکیک شدند. فنگ و همکاران (۱۹۹۶) با انتخاب سه مؤلفه اصلی اول حاصل از تجزیه ۸ جزء عملکرد، آنها را به ترتیب اولویت مرتبط با ارتفاع گیاه، تعداد دانه در سنبله و طول سنبله گزارش نمودند. در تحقیق بونینگن و همکاران (۱۹۹۷)، ۱۶ مؤلفه اصلی اول، ۸۰ درصد واریانس موجود در ۵۶ صفت کمّی مربوط به ارقام گندم مورد مطالعه را در برمی‌گرفت. در تحقیق محمدی و همکاران (۱۳۸۱) با انجام تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، ۲۲ صفت مورد بررسی به ۸ مؤلفه با واریانس نسبی تجمعی ۸۰/۵ درصد کاهش یافت.




شکل ۱- بای پلات دو مؤلفه اصلی اول براساس منشاء ۵۱۱ نمونه ژنتیکی از کلکسیون گندم بانک ژن گیاهی ملی ایران




شکل ۲- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای براساس منشاء ۵۱۱ نمونه ژنتیکی از کلکسیون گندم بانک ژن گیاهی ملی ایران



[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]
[ DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.8.8 ]

[ DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.8.8 ] [ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]



جدول ۷- فواصل اقلیدسی منشأ ۵۱۱ نمونه ژنتیکی از کلکسیون گندم بانک ژن گیاهی ملی ایران

| منشأ نمونه‌های ژنتیکی | USA | URY | Unknown | ROM | PRT | PER | NLD | MEX | JPN | ITA | IRN | IND | HUN | ESP | DDR | CHN | BGR | BEL | ARG |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| AFG | ۱/۵۱ | ۳/۵۵ | ۲/۲۲ | ۱/۷۳ | ۳/۴۱ | ۱/۷۸ | ۳/۷۱ | ۳/۶۸ | ۱/۷۸ | ۳/۰۷ | ۳/۰۶ | ۳/۵۳ | ۳/۳۷ | ۲/۳۶ | ۱/۴۰ | ۳/۸۱ | ۳/۹۴ | ۲/۰۹ | ۱/۶۷ |
| ARG | ۱/۸۱ | ۴/۳۳ | ۲/۹۱ | ۲/۲۳ | ۳/۷۵ | ۲/۲۵ | ۲/۷۶ | ۳/۶۸ | ۲/۸۳ | ۳/۷۳ | ۴/۱۲ | ۳/۰۹ | ۳/۷۸ | ۲/۹۷ | ۱/۴۳ | ۳/۶۷ | ۳/۶۸ | ۲/۴۱ | |
| BEL | ۱/۶۶ | ۳/۸۷ | ۲/۹۰ | ۲/۰۶ | ۲/۹۹ | ۲/۳۲ | ۴/۱۵ | ۳/۰۹ | ۱/۳۹ | ۱/۷۷ | ۳/۵۳ | ۱/۹۰ | ۳/۸۵ | ۱/۳۳ | ۱/۵۳ | ۳/۸۶ | ۲/۵۹ | | |
| BGR | ۳/۰۸ | ۴/۰۸ | ۳/۹۵ | ۳/۷۶ | ۲/۷۵ | ۳/۰۷ | ۳/۸۴ | ۱/۹۷ | ۳/۱۳ | ۲/۵۳ | ۴/۳۹ | ۲/۴۹ | ۳/۷۸ | ۲/۰۷ | ۲/۸۶ | ۳/۳۰ | | | |
| CHN | ۲/۸۸ | ۵/۱۴ | ۳/۱۷ | ۳/۸۶ | ۱/۵۷ | ۲/۱۰ | ۳/۷۲ | ۳/۴۶ | ۳/۹۰ | ۳/۴۲ | ۳/۷۴ | ۴/۵۵ | ۴/۰۱ | ۳/۳۳ | ۲/۹۸ | | | | |
| DDR | ۰/۵۳ | ۳/۹۳ | ۲/۶۲ | ۲/۱۸ | ۲/۶۹ | ۱/۲۵ | ۳/۴۳ | ۳/۲۰ | ۱/۶۶ | ۲/۵۶ | ۳/۵۲ | ۲/۸۹ | ۳/۰۰ | ۱/۸۵ | | | | | |
| ESP | ۱/۹۶ | ۳/۰۳ | ۲/۵۹ | ۲/۳۶ | ۲/۲۸ | ۱/۹۷ | ۴/۰۱ | ۲/۲۲ | ۱/۳۱ | ۱/۲۶ | ۲/۸۴ | ۲/۵۵ | ۳/۲۴ | | | | | | |
| HUN | ۳/۱۰ | ۳/۵۴ | ۴/۵۱ | ۴/۶۳ | ۳/۹۸ | ۲/۹۰ | ۴/۶۴ | ۳/۹۶ | ۲/۹۸ | ۴/۲۱ | ۴/۷۷ | ۵/۱۲ | | | | | | | |
| IND | ۳/۱۸ | ۴/۵۵ | ۳/۷۱ | ۲/۷۵ | ۳/۸۷ | ۳/۶۵ | ۳/۹۱ | ۲/۹۸ | ۳/۲۱ | ۲/۸۳ | ۴/۴۷ | | | | | | | | |
| IRN | ۳/۴۸ | ۳/۴۳ | ۱/۴۰ | ۲/۴۴ | ۲/۸۳ | ۲/۸۰ | ۴/۵۰ | ۳/۳۳ | ۳/۲۱ | ۲/۸۳ | | | | | | | | | |
| ITA | ۲/۴۵ | ۴/۰۱ | ۲/۸۰ | ۲/۶۹ | ۲/۰۰ | ۲/۴۶ | ۴/۸۲ | ۲/۹۳ | ۱/۹۶ | | | | | | | | | | |
| JPN | ۱/۶۲ | ۳/۳۴ | ۲/۹۴ | ۲/۵۲ | ۲/۹۹ | ۲/۰۳ | ۴/۶۲ | ۳/۳۹ | | | | | | | | | | | |
| MEX | ۳/۵۱ | ۲/۸۰ | ۳/۰۴ | ۳/۱۸ | ۲/۹۶ | ۳/۰۷ | ۲/۹۵ | | | | | | | | | | | | |
| NLD | ۳/۸۴ | ۴/۳۰ | ۳/۴۲ | ۳/۴۳ | ۲/۲۴ | ۳/۴۸ | | | | | | | | | | | | | |
| PER | ۱/۱۲ | ۳/۸۳ | ۲/۰۹ | ۲/۳۹ | ۱/۸۵ | | | | | | | | | | | | | | |
| PRT | ۲/۵۲ | ۴/۵۲ | ۲/۶۲ | ۳/۲۳ | | | | | | | | | | | | | | | |
| ROM | ۲/۳۴ | ۳/۷۳ | ۱/۴۰ | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Unknown | ۲/۶۶ | ۳/۶۴ | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| URY | ۴/۲۱ | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

فواصل اقلیدسی بین منشاء نمونه‌های ژنتیکی براساس ۵ مؤلفه اصلی در جدول ۷ ارائه شده است. بزرگترین فاصله (۵/۱٤) که نشان‌دهنده کمترین شباهت ژنتیکی است بین نمونه‌های چین و ارگوئه و کوچکترین فاصله (۰/۵۳) که نشان‌دهنده بیشترین شباهت است بین نمونه‌های آمریکا و آلمان‌شرقی (سابق) وجود داشت. نمونه‌های ژنتیکی با منشاء ایران دارای بزرگترین فاصله (یا کمترین شباهت ژنتیکی) با نمونه‌های مجارستان (٤/۷۷) و دارای کمترین فاصله (بیشترین شباهت ژنتیکی) (۱/٤۰) با نمونه‌های دارای منشاء ناشناخته بودند.

با تجزیه خوشه‌ای براساس منشاء نمونه‌های ژنتیکی، چهار گروه اصلی با برش دندروگرم در فاصله ۷ متمایز شدند. گروه اول شامل کشورهای شامل آژانتین، آلمان شرقی (سابق)، افغانستان، آمریکا، پرو، ایران، پرتقال، ناشناخته، اسپانیا، گروه دوم شامل هندوستان، ژاپن، بلغارستان، ایتالیا، بلژیک و رومانی، گروه سوم شامل مکزیک و اروگوئه و گروه چهارم شامل کشورهای چین، مجارستان و هلند بود. وجود اختلاف معنی‌دار بین چهار گروه با استفاده از آنالیز چند متغیره براساس تمام صفات کمّی مورد مطالعه بررسی شد (جدول ۸). همانطور که مشاهده می‌شود آماره‌های پیلای، ویلکس، هتلینگ، رُی در سطح یک درصد معنی‌دار بودند که حاکی از تفاوت معنی‌دار بین چهار گروه از مشاهدات بوده و انتخاب مناسب فاصله برش دندروگرام و در نتیجه گروه‌بندی تجزیه خوشه‌ای را تأیید می‌نماید. مقادیر میانگین صفات مربوط به چهار گروه تمایز یافته در جدول ۹ ارائه شده است. گروه اول از لحاظ صفات تعداد دانه در سنبله، تعداد گره در ساقه، زمان رسیدن کامل و وزن دانه پنج سنبله، گروه دوم از لحاظ صفات طول سنبله (بطور مشترک با گروه سوم)، زمان گلدهی، ارتفاع بوته، قطر ساقه، تعداد سنبلچه در سنبله، زمان سنبله‌دهی، گروه سوم از لحاظ صفات طول سنبله (بطور مشترک با گروه دوم)، صفات وزن صد دانه، تعداد گلچه درسنبلچه، و گروه چهارم از لحاظ صفات زمان سنبله‌دهی تا رسیدن کامل و طول دوره پر شدن دانه دارای بیشترین مقادیر بودند. گروه‌بندی کشورها براساس تجزیه خوشه‌ای با تقسیم‌بندی مبتنی بر دو مؤلفه اصلی کاملا در تطابق نبود که علت آن اینست که در گروه‌بندی توسط تجزیه خوشه‌ای از کل تغییرات موجود در داده‌ها استفاده شده است، ولی دو مؤلفه اصلی اول فقط ۵۰/۴ درصد از کل تغییرات داده‌ها را شامل می‌شد. Fang و همکاران (۱۹۹٦) با انجام تجزیه خوشه‌ای مبتنی بر صفات زمان رسیدگی، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه و عملکرد دانه، ۱۲۰ رقم گندم دوروم را به ۵ گروه طبقه‌بندی نمودند. محمدی و همکاران (۱۳۸۱) با تجزیه خوشه‌ای به روشWARD، ٦۰۰ لاین محلی را در شش گروه طبقه بندی نمودند و انجام تجزیه واریانس یک طرفه بر روی کلیه صفات (با استفاده از عضویت گروه‌ها به عنوان عامل گروه‌بندی) نشان داد که شش خوشه از نظر کلیه صفات مورد ارزیابی در سطح یک هزارم با هم تفاوت معنی‌داری داشتند.

جدول ۸- نتایج تجزیه واریانس چند متغیره بین میانگین گروه‌ها بر اساس تمام صفات کمّی ارزیابی شده برای ۵۱۱ نمونه ژنتیکی از کلکسیون گندم بانک ژن گیاهی ملی ایران

| آزمون | مقدار آماره | F | Sig |
|---|---|---|---|
| اثر پیلای (Pillai's trace) | ۳/۵۵۲ | ۴/۲۷۳ | ۰ |
| لامبدای ویلکس (Wilks' lambda) | ۰ | ۳۵/۹۰۸ | ۰ |
| هتلینگ (Hotelling) | ۱۰۷۷۰۰ | ۵۱۷۷ | ۰ |
| بزرگترین ریشه رُی (Roy's largest root) | ۱۰۷۷۰۰ | ۷۹۷۵۰ | ۰ |



[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]
[ DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.8.8 ]

جدول ۹- میانگین صفات گروه‌های تمایز یافته در تجزیه خوشه‌ای براساس منشاء ۵۱۱ نمونه ژنتیکی از کلکسیون گندم بانک ژن گیاهی ملی ایران

| صفات | میانگین صفت | | | |
|---|---|---|---|---|
| | گروه اول | گروه دوم | گروه سوم | گروه چهارم |
| طول سنبله | ۱۰/۰۳ | ۱۰/۴۵ | ۱۰/۴۵ | ۹/۰۳ |
| زمان گلدهی | ۱۹۱/۳۹ | ۱۹۶/۳۳ | ۱۸۶ | ۱۸۳/۷۵ |
| وزن صد دانه | ۴/۲۹ | ۴/۰۴ | ۴/۵۶ | ۳/۴۵ |
| ارتفاع بوته | ۱۰۸/۶۰ | ۱۱۵/۷۵ | ۷۹/۷۵ | ۸۹/۲۵ |
| قطر ساقه | ۴/۷۴ | ۴/۸۸ | ۴/۷ | ۴/۵۳ |
| تعداد سنبلچه در سنبله | ۱۹/۱۴ | ۱۹/۳۵ | ۱۵/۹۵ | ۱۷/۴۸ |
| تعداد گلچه درسنبلچه | ۳/۱۷ | ۲/۹۷ | ۴/۰۵ | ۳/۴۸ |
| تعداد دانه در سنبله | ۴۲/۶۶ | ۳۹/۰۷ | ۳۵/۴ | ۴۱/۷۳ |
| تعداد گره در ساقه | ۴/۰۳ | ۴ | ۳/۵ | ۳/۸۳ |
| زمان رسیدن کامل | ۲۳۲/۲۱ | ۲۳۱/۱۷ | ۲۲۹ | ۲۲۹/۵ |
| زمان سنبله دهی | ۱۸۴/۹۲ | ۱۸۸/۷۵ | ۱۸۰ | ۱۷۵/۵ |
| زمان سنبله دهی تا رسیدن کامل | ۴۷/۲۹ | ۴۲/۴۲ | ۴۹ | ۵۴ |
| طول دوره پر شدن دانه | ۴۰/۸۲ | ۳۴/۸۳ | ۴۳ | ۴۶/۴۲ |
| وزن دانه پنج سنبله | ۸/۷۸ | ۷/۷۴ | ۷/۸۲ | ۶/۷۵ |

مجموع نتایج این تحقیق نشان داد که تنوع ژنتیکی مناسبی در ژرم‌پلاسم مورد آزمایش خصوصا از لحاظ صفات مرتبط با عملکرد دانه وجود دارد. نتایج تجزیه همبستگی، تجزیه رگرسیون و تجزیه علیت بر تأثیر مستقیم و معنی‌دار صفت تعداد دانه در سنبله بر روی عملکرد دانه دلالت داشت. بسیاری از تحقیقات کنترل ژنتیکی افزایشی، پیشرفت ژنتیکی و وراثت‌پذیری بالای صفت تعداد دانه در سنبله را نشان می‌دهد (۱، ۲، ۲۳، ۲۸، ۲۹). این نتایج نشان‌دهنده اینست که می‌توان از این صفت به عنوان معیار انتخاب غیر مستقیم برای افزایش عملکرد دانه استفاده نمود. تفاوت معنی‌دار بین گروه‌های تشکیل شده در تجزیه خوشه‌ای از لحاظ میانگین صفات ارزیابی شده نیز ضمن تأیید گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای، نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی موجود در منابع ژنتیکی مورد آزمایش می‌باشد. نظر به اینکه ذخایر ژنتیکی بومی منابع خوبی برای تحمل به تنش‌های محیطی محسوب می‌شوند، پیشنهاد می‌شود تنوع ژنتیکی در اینگونه شرایط نیز مورد بررسی قرار گیرد.

## منابع


۱. حسنی م، سعیدی ق ا، رضایی ع (۱۳۸٤) برآورد پارامترهای ژنتیکی و قابلیت ترکیب‌پذیری برای عملکرد دانه و اجزای آن در گندم نان. علوم و فنون کشاورزی و منابع طبیعی، جلد (۹) صفحه ۱۵۷ تا ۱۷۰.

۲. سیاهپوش م ر، امام ی، سعیدی ع (۱۳۸۲) تنوع ژنتیکی قابلیت توارث و ضرایب همبستگی ژنوتیپی و فنوتیپی عملکرد دانه، اجزاء آن و برخی صفات مورفو-فیزیولوژیک در گندم نان. مجله علوم زراعی ایران، جلد (۵) صفحه ۸٦ تا ۹۸.

۳. شاهین‌نیا ف، رضایی ع (۱۳۸۱) ارزیابی خصوصیات کمّی و کیفی لاین‌های اصلاحی، ارقام زراعی و بومی گندم نان به روش تجزیه و تحلیل چند متغیره. مجله علوم کشاورزی ایران، جلد (۳۳) صفحه ۸۹ تا ۱۰۲.




[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]

[ DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.8.8 ]

٤. طالعی ع، بهرام نژاد، ب (١٣٨٢) بررسی روابط بین عملکرد و اجزا آن درگندم‌های بومی غرب ایران. مجله علوم کشاورزی ایران، جلد (٣٤) صفحه ٩٤٩ تا ٩٥٩.

٥. طوسی مجرد م، بی همتا، م ر (١٣٨٦) بررسی عملکرد دانه و سایر صفات کمی گندم از طریق تجزیه به عامل ها. دانش کشاورزی، جلد (١٧) صفحه ٩٧ تا ١٠٧.

٦. گل پرور ار، قنادها م ر، زالی ع ع، احمدی ع. (١٣٨١) تعیین بهترین صفات گزینش برای بهبود عملکرد ژنوتیپ‌های گندم نان در شرایط تنش خشکی. نهال و بذر، جلد (١٨) صفحه ١٤٤ تا ١٥٥.

٧. محمدی، قنادها م ر، طالعی ع ر (١٣٨١) بررسی تنوع ژنتیکی در لاین‌های بومی گندم نان ایران با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره. نهال و بذر، جلد (١٨) صفحه ٣٢٨ تا ٣٤٧.

٨. ملازم د، ولی زاده م، ضعیفی زاده م، کاظمی ح (١٣٨٢) بررسی تنوع ژنتیکی توده‌های بومی گندم بهاره شمال غرب ایران. مجله علمی کشاورزی، جلد (٢٦) صفحه ٩٩ تا ١١٤.

٩. نارویی راد م ر، فرزان جو م، فنایی ح ر، ارجمندی‌نژاد ع، قاسمی ا، پل‌شکن پهلوان م ر (١٣٨٥) بررسی تنوع ژنتیکی و تجزیه به عامل ها برای صفات مورفولوژیک توده های بومی گندم سیستان و بلوچستان. پژوهش و سازندگی، جلد (١٩) صفحه ٥٠ تا ٥٧.

10. Agrama, HAS (1996) Sequential path analysis of grain yield and its components in maize. Plant Breeding, 115:343-346.

11. Alamerew, S, Chebotar, S, Huang, X, Roder, M and Borner, A (2004) Genetic diversity in Ethiopian hexaploid and tetraploid wheat germplasm assessed by microsatellite markers. Genetic Resources and Crop Evolution, 51: 559–567.

12. Beuningen, LT, Busch, RH and Beuningen, LG (1997) Genetic diversity among North American spring wheat cultivars. Crop Sci. 37:981-988.

13. Clunies-Ross, T (1995) Mangolds, manure and mixtures. The importance of crop diversity on British farms.The Ecologist, 25:181–187.

14. Dawari, NH and Luthra, OP (1991) Character association studies under high and low environments in wheat (Triticum aestivum L.). Indian J. Agric. Res. 25:68-72.

15. Dewey, DR and Lu, KH (1959) A correlation and path coefficient analysis of components of crested wheatgrass seed production. Agron. J. 51: 515-518.

16. Dofing, SM and Knight, CW (1992) Alternative Model for Path Analysis of Small-Grain Yield Crop Sci. 32:487-489.

17. Dos Santos, TMM, Gananca, F, Slaski, JJ, and Pinheiro de Carvalho, MAA (2009) Morphological characterization of wheat genetic resources from the Island of Madeira, Portugal. Genet Resour Crop Evol. 56:363–375.

18. Ehdai, B and Waines, G (1989) Genetic variation, heritability and path analysis in lanraces of bread wheat from southwestern Iran. Euphytica, 1:183-190.

19. Fang, XW, Xiong, EH and Zhu, W (1996) Cluster analysis of elit wheat germplasm. Jiangsu Agric. Science, 4:14-16.

20. Harris, RJ (2001) A primer of multivariate statistics. New Jersey, Lawrence Earlbaum.

21. Hennike, S and Zeven, AC (1991) The interperetation of Nei and Shannon-Weaver within population variation indices. Euphytica, 51:23-240.

22. International Board For Plant Genetic Resources. (1978) Descriptors for wheat and Aegilops. IBPGR, Rome, Italy.

23. Ketata, H, Smith, EL, Edwards, LH and Mcnew, R (1976) Detection of epistatic, additive and dominance variation in winter wheat (Triticum aestivum L.). Crop Sci. 16:14-22.

24. Lednet, JE (1982) Morphology and yield in winter wheat grown in high yielding conditions. Crop Sci. 22:1115-1120.

25. Li, CC (1956) The concept of path coefficient and its impact on population genetics. Biometrics, 12:190-210.

26. Nachit, MM, Ketata, H and Acevedo, E (1991) Selection of morpho-physiological traits for multiple abiotic stresses resistance in durum wheat. Physiology breeding of winter cereal for stressed Mediterranean environments. pp:391-400.

27. Routray, P, Basha, O, Garg, M, Singh, NK and Dhaliwal, HS (2007) Genetic diversity of landraces of wheat (Triticum aestivum L.) from hilly areas of Uttaranchal, India. Genet Resour Crop Evol. 54:1315–1326.

28. Sharma, SK, Iqbal, S and Singh, KP (1980) Heterosis and combinig ability in wheat. Crop Imp. 13:101-103.

29. Singh, RP and Singh, S (1992) Estimation of genetic parameters through generation mean analysis in bread wheat. Indian J. Genet. 52:369-357.

30. Smale, M and McBride, T (1996) Understanding global trends in the use of wheat diversity and international flows of wheat genetic resources. Part 1 of CIMMYT 1995/96 world wheat facts and trends: understanding global trends in the use of wheat diversity and international flows of wheat genetic resources. CIMMYT, Mexico, D.F

31. Spearman, C (1904) The proof and measurement of association between two things. Amer. J. Psychol. 15:72–101 .

32. Tripp, R (1996) Biodiversity and modern crop varieties: sharpening the debate. Agricult Human Values 13:48–62



[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]
[ DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.8.8 ]

[ DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.8.8 ] [ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]