

Studying the Genetic Diversity of Durum Wheat Germplasm and Identifying Superior Genotypes Based on Agronomic Traits using Multivariate Statistical Methods

Moslem Abdipour¹  | Mostafa Haghpanah²  | Rahmarollah Karimizadeh³ 

1. Corresponding author, Kohgiluyeh and Boyerahmad Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gachsaran, Iran. Email: abdipur.m2@gmail.com
1. Kohgiluyeh and Boyerahmad Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gachsaran, Iran.
1. Kohgiluyeh and Boyerahmad Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gachsaran, Iran.

Extended Abstract

Introduction. Durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. *durum*) is one of the most important agricultural and industrial crops due to its flour characteristics, such as heavy gluten and non-sticky dough, making it ideal for producing pasta, spaghetti, and macaroni. This plant is tolerant to heat and drought stresses, along its significance in industry and nutrition, has led to durum wheat being cultivated as a primary agricultural product in many arid and semi-arid regions worldwide. Climate change and a decrease in water resources emphasize the need to focus on rain-fed crops. Given the role of durum wheat in food security and the importance of cultivating rain-fed crops under changing climate conditions, it is essential to conduct fundamental studies, such as exploring the genetic diversity of different germplasms to identify desirable genotypes for breeding programs. Accordingly, this study aimed to investigate the genetic diversity of durum wheat genotypes and identify desirable genotypes based on important morphological and agronomic traits. The findings can provide valuable insights for researchers in durum wheat breeding programs in low-rainfall and tropical regions of southern Iran.

Materials and Methods. This study examined the agronomic characteristics and grain yield of 117 selected durum wheat genotypes from international germplasm trials (42nd IDON, 50th IDSN, 42nd IDYN, and 50th IDYN) alongside three control cultivars, Seymoreh, Dehdasht, and Savers. The research was conducted in an augmented design based on a randomized complete block design in nine blocks during the 2019-2020 cropping season at Gachsaran Agricultural Research and Training Campus in the hot and dry southwestern region of Iran. Morphological and agronomic traits assessed during the growing season included the number of days to spike emergence, the number of days to physiological grain maturity, plant height, spike length, peduncle length, thousand-grain weight, agronomic score, and grain yield. Analysis of variance for controls was performed using InfoStat ver2018 software, and block effects were adjusted using Excel 2018 software. Cluster analysis was conducted using the Euclidean distance method and the Ward clustering algorithm to evaluate genetic diversity among genotypes. Trait correlations were calculated using the Pearson method. A Venn Diagram was used to identify genotypes with overlapping important traits.

Results and Discussion. The average of genotypes' grain yield was 4113.7 kg/ha. The lowest and highest values for this trait were found in genotypes G019 and G102, at 981.54 and 6204.29 kg/ha, respectively. Meanwhile, the average of grain yield among the control cultivars was 3929.57 kg/ha. The highest average of grain yield among the control cultivars was related to the Seymareh cultivar (4113.5 kg/ha), and the lowest value was for the Savers cultivar (3676.6 kg/ha). The results of cluster analysis showed that the 117 genotypes and three durum wheat cultivars studied could be separated into three distinct clusters. The first cluster had the highest number of genotypes, with a total of 58 genotypes, including the two control cultivars Dehdasht and Seymareh. The second cluster consisted of 36 genotypes and the cultivar Savers. The third cluster included the lowest number of genotypes, with a total of 23. The highest average grain yield among the clusters was estimated in the third cluster (5329.1 kg/ha). In addition, the results of correlation analysis revealed a positive and significant correlation between peduncle length and plant height of 0.83, and between grain yield and agronomic score of 0.71. A negative and significant correlation was observed between grain yield and the number of days to spike emergence of -0.36, while other traits did not show a significant correlation with grain yield. A Venn diagram was used to identify early-maturing durum wheat genotypes (139 to 143 days to maturity) with a yield of more than 3500 kg/ha and suitable for other important traits. Initially, 89 were selected for further analyses. The results showed that 72 genotypes had a plant height of 72 to 90 cm, 50 genotypes had a panicle length of 6.5 to 8.5 cm, 71 genotypes had a peduncle length of 11 to 27 cm, 80 genotypes had an agronomic score above 4, and 13 genotypes had a 1000-grain weight in the range of 45 to 56 grams. The study of genotypes in the overlapping trait revealed that G004, G072, and G071 genotypes, as well as the control cultivars Seymareh, Savers, and Dehdasht were within the desirable range for all five traits studied. Genotypes G038, G095, and G094 exhibited four out of the five desirable traits (plant height, peduncle length, agronomic score, and 1000-grain weight) and could be considered superior for further studies. Genotype G049 met the desirable criteria for plant height, peduncle length, agronomic score, and 1000-grain weight. Genotypes G080 and G113 also exhibited desirable traits in plant height, panicle length, peduncle length, and 1000-grain weight. Additionally, 28 genotypes of durum wheat (G002, G062, G034, G005, G001, G077, G057, G097, G055, G007, G033, G099, G023, G078, G096, G103, G063, G076, G036, G074, G003, G073, G075, G027, G068, G105, G042, and G043) demonstrated appropriate characteristics in plant height, panicle length, peduncle length, and agronomic score.

Conclusion. The study emphasized the vast diversity among durum wheat genotypes, showcasing their potential for breeding programs. Some genotypes exhibited promise for future breeding programs, with the goal of enhancing durum wheat yield in low-rainfall regions and promoting production sustainability in challenging conditions. Utilizing multivariate statistical methods and thorough analyses can help pinpoint superior genotypes and choose appropriate parents for breeding programs, ultimately expediting the creation of new varieties tailored to different environmental conditions.

Keywords: Cluster analysis, Correlation analysis, Germplasm, Durum wheat, Augmented design.

بررسی تنوع ژنتیکی ژرم پلاسما گندم دوروم و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بر اساس خصوصیات زراعی با استفاده از روش‌های چند متغیره آماری

مسلم عبدی پور^۱ | مصطفی حق پناه^۲ | رحمت‌الله کریمی‌زاده^۳

۱. نویسنده مسئول، مرکز تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی کهگیلویه و بویراحمد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گچساران، ایران. رایانامه:

abdipur.m2@gmail.com

۲. مرکز تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی کهگیلویه و بویراحمد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گچساران، ایران.

۳. مرکز تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی کهگیلویه و بویراحمد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گچساران، ایران.

تغییرات اقلیمی و کاهش بارندگی سبب گردیده تا تولید ارقام گندم دوروم مناسب جهت کشت در دیمزارها روز به روز بیشتر مورد توجه محققین قرار بگیرد. هدف از این مطالعه نیز شناخت بیشتر تنوع ژنتیکی بین یکی از ژرم‌پلاسماهای موجود گندم دوروم جهت شناسایی ژنوتیپ‌هایی با ظرفیت بالا برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی بود. در این آزمایش ۱۱۷ ژنوتیپ گندم دوروم انتخابی از آزمایش‌های خزانه بین‌المللی به همراه سه رقم شاهد سیمره، دهدشت و ساورز در قالب طرح آگمنت از نظر صفات ریخت‌شناسی و زراعی در سال زراعی ۹۹-۱۳۹۸ در سایت ملی دیم گچساران در شرایط دیم مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج نشان داد که میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های مورد بررسی ۴۱۱۳/۷ کیلوگرم در هکتار می‌باشد. تجزیه خوشه‌ای، ژرم پلاسما مورد بررسی را به سه خوشه اصلی تقسیم کرد که بیشترین میانگین عملکرد دانه در خوشه سوم مشاهده شد (حدود ۵۳۲۹/۱ کیلوگرم در هکتار) همچنین نتایج نمودار ون نشان داد که بین ژنوتیپ‌های پر عملکرد، سه ژنوتیپ G004، G071 و G072 به همراه سه رقم شاهد در تمامی صفات مورد بررسی در این تحقیق وضعیت مطلوبی دارند و منتخب‌های مناسبی جهت استفاده در برنامه‌های به‌نژادی مرتبط با تولید رقم برای کشت دیم در مناطق گرمسیر می‌باشند.

کلمات کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، تجزیه همبستگی، ژرم پلاسما، گندم دوروم، طرح آگمنت

مقدمه

گندم دوروم (*Triticum turgidum* L. var. *Durum*) یکی از مهم‌ترین محصولات زراعی و صنعتی می‌باشد که دارای خصوصیات آردی نظیر گلوتن سنگین و خمیر غیرچسبنده است. این ویژگی‌ها سبب گردید که این محصول برای تولید پاستا، اسپاگتی و ماکارانی ایده‌آل باشد. از لحاظ ژنتیکی گندم دوروم یک گونه آلوتراپلوئید با $2n=4x=28$ کروموزوم است (Kubaláková et al., 2005). اندازه ژنوم این غله زراعی حدود ۱۰/۴۵ میلیارد جفت باز (حدود ۱۲ Gbp) تخمین زده می‌شود که بخش بزرگی از آن شامل توالی‌های تکراری DNA و نواحی هتروکروماتین و فاقد ژن‌های کدکننده است (Maccaferri et al., 2019).

تحمل به تنش‌های گرما و خشکی و همچنین اهمیت فراوان در صنعت و تغذیه سبب گردیده تا گندم دوروم در بسیاری از مناطق خشک و نیمه خشک در سراسر جهان به عنوان یکی از تولیدات اصلی کشاورزی کشت شود (Grosse-Heilmann et al., 2024). تغییرات اقلیمی و کاهش قابل توجه منابع آبی نیز سبب گردیده است تا توجه به محصولات

دیم بیش از پیش به عنوان یک امر ضروری در نظر گرفته شود. با این حال، کشاورزی دیم که صرفاً به بارندگی بدون آبیاری وابسته است، در برابر اثرات تغییرات اقلیمی مانند افزایش دما، کاهش و نامنظم بودن بارندگی و خشکسالی‌های مکرر بسیار آسیب‌پذیر است. این عوامل تنش‌زا می‌توانند عملکرد گندم دوروم را به‌طور قابل توجهی کاهش دهند و امنیت غذایی و معیشت کشاورزان را تهدید کنند (Rossini *et al.*, 2024). از این‌رو تولید ارقام جدید گندم دوروم برای کشاورزی دیم در شرایط تغییرات اقلیمی یکی از نیازهای ضروری در حفظ و ارتقاء امنیت غذایی محسوب می‌شود. گوناگونی ارقام از نظر صفات مختلف می‌تواند تولیدات زراعی را در مواجهه با تهدیدات مرتبط با تغییرات محیطی تا حد قابل توجهی ایمن سازد.

تنوع ژنتیکی با فراهم کردن گوناگونی زیستی ضروری مورد نیاز برای بهبود عملکرد، سازگاری و تاب‌آوری محصول، نقش اساسی در اصلاح نباتات و انتشار ارقام جدید ایفا می‌کند. شناخت و استفاده از تنوع ژنتیکی ستون اصلی موفقیت در برنامه‌های اصلاح نژاد گیاهان به شمار می‌رود و می‌تواند به عنوان رویکردی مؤثر برای تولید ارقام مناسب جهت ارتقای عملکرد دانه برای افزایش راندمان تولید در شرایط متفاوت اقلیمی باشد. همچنین، تنوع ژنتیکی امکان انتخاب والدین برتر را برای توسعه ارقام جدید با ویژگی‌های مطلوب فراهم می‌کند (Haghpanah *et al.*, 2015).

جهت ارزیابی تنوع ژنتیکی و تحلیل روابط بین صفات مختلف به‌طور گسترده از روش‌های چند متغیره آماری استفاده می‌شود (Haghpanah *et al.*, 2018; Mirabadi *et al.*, 2018). پژوهشگران با استفاده از این روش‌ها می‌توانند علاوه بر محاسبه فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها و شناخت روابط بین صفات، ژنوتیپ‌های مطلوب را نیز انتخاب کنند.

ابزارها و روش‌های مختلفی برای برآورد تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها و یا ژنوتیپ‌های گیاهی مورد استفاده قرار می‌گیرد. اگرچه استفاده از نشانگرهای مولکولی و دیگر تکنیک‌های بیوتکنولوژی به‌طور گسترده در برآورد تنوع ژنتیکی گیاهی استفاده می‌شود ولی در نهایت تولید ارقام مطلوب به‌طور مستقیم تحت تاثیر ویژگی‌های ریخت‌شناسی و زراعی قرار می‌گیرند (Ebrahimi *et al.*, 2023). این امر سبب گردیده تا محققان از این صفات به عنوان نشانگرهای قابل اطمینان در مطالعات استفاده کنند. برای مثال، بررسی تنوع ژنتیکی ۶۰ ژنوتیپ گندم دوروم انتخاب شده از خزانه‌های بانک ژن گیاهی ملی و کلکسیون بخش تحقیقات غلات موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال بذر توسط آقای سربزه (۱۳۹۱) انجام شد. نتایج آن تحقیق نشان داد که آن ژنوتیپ‌ها در شش گروه مختلف قابل تفکیک می‌باشند. به نحوی که، اعضای هر یک از این گروه‌ها دارای خصوصیات نسبتاً مشابه می‌باشند (Aghaee-Sarbarzeh, 2012). در مطالعه‌ای دیگر، دستفال و همکاران (۱۴۰۱) به بررسی تنوع ژنتیکی ۱۲۰ لاین خالص گندم دوروم به همراه دو رقم شاهد ("شبرنگ" و "هانا") در قالب طرح آگمنت پرداختند. نتایج گروه‌بندی لاین‌ها در آن بررسی نشان داد که ژنوتیپ‌ها در هفت گروه مستقل قابل تفکیک بودند. به نحوی که لاین‌های با پتانسیل بالا در گروه‌های یک، دو و سه مشاهده شدند. در مقابل لاین‌های ضعیف در گروه‌های پنج، شش و هفت قرار گرفتند (Dastfal *et al.*, 2022). همچنین، ابراهیمی و همکاران (۱۴۰۲) با بررسی تنوع ژنتیکی ۹۴ ژنوتیپ گندم دوروم بر اساس عملکرد دانه و برخی از صفات زراعی عنوان داشتند که تنوع قابل ملاحظه‌ای در بین ژنوتیپ‌ها وجود دارد که این امر سبب می‌گردد برخی از این ژنوتیپ‌ها مستعد استفاده در برنامه‌های دو رگ‌گیری و تولید رقم باشند (Ebrahimi *et al.*, 2023). در ارزیابی تنوع ژنتیکی ۳۰۴ گندم دوروم عنوان شد که بیشترین تنوع صفات در اندازه دانه، طول سنبله، شکل سنبله و رنگ دانه مشاهده شد و این صفات در تمایز ژنتیکی توده‌های بومی بسیار مهم می‌باشند (Oujaja *et al.*, 2021).

به‌طور کلی، با توجه به نقش گندم دوروم در امنیت غذایی کشور و همچنین اهمیت کشت محصولات دیم تحت تاثیر شرایط تغییرات اقلیمی و کاهش منابع آبی، لازم است تا مطالعات بنیادین نظیر بررسی تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسماهای مختلف با هدف شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی صورت گیرد. بر این اساس هدف از مطالعه حاضر بررسی تنوع ژنتیکی گندم دوروم و شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب بر اساس برخی صفات مهم مورفولوژیک

و زراعی بود. یافته‌های این مطالعه می‌تواند اطلاعات ارزشمندی برای محققین برنامه‌های به‌نژادی گندم دوروم در مناطق کم‌بارش و گرمسیر جنوب ایران، به‌ویژه نواحی گرمسیری کهگیلویه و بویراحمد، ارائه دهد.

روش شناسی پژوهش

در این تحقیق خصوصیات زراعی و عملکرد دانه ۱۱۷ ژنوتیپ گندم دوروم انتخابی از آزمایش‌های خزانه بین‌المللی (50thIDYN و 42thIDYN، 50thIDSN 42thIDON) به همراه سه رقم شاهد سیمره، دهدشت و ساورز در قالب طرح آگمنت با طرح پایه بلوک‌های کامل تصادفی در ۹ بلوک (هر بلوک شامل ۱۲ کرت آزمایشی) در سال زراعی ۹۹-۱۳۹۸ در پردیس تحقیقات و آموزش کشاورزی گچساران و سایت ملی دیم در منطقه گرم و خشک جنوب غربی ایران مورد بررسی قرار گرفتند. تاریخ کاشت بر اساس وقوع بارندگی مؤثر در هفته اواخر آذر ماه کشت شد (Namdari *et al.*, 2022). خاک محل مورد آزمایش دارای بافت لومی سیلتی با اسیدیته ۷ و ماده آلی کمتر از یک درصد و میانگین بارندگی بلند مدت ۴۳۴ میلی‌متر می‌باشد. هر کرت آزمایشی شامل شش ردیف به طول هفت متر با فاصله ردیف ۱۷/۵ سانتی‌متر بود. در طول فصل رشد از صفات ریخت‌شناسی و زراعی شامل تعداد روز تا ظهور سنبله (DHE)، تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی دانه (DMA)، ارتفاع بوته (PLH) به سانتی‌متر، طول سنبله (SL) به سانتی‌متر، طول پدانکل (PL) به سانتی‌متر، وزن هزار دانه (TGW) به گرم، امتیاز زراعی (AS) و عملکرد دانه (YLD) به کیلوگرم در هکتار بود. برای صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، طول پدانکل در هر کرت تعداد پنج بوته اندازه‌گیری شد. تجزیه واریانس برای شاهد‌ها بر اساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی با استفاده از نرم افزار InfoStat ver2018 انجام شد (Haghpahan *et al.*, 2023). امتیاز زراعی در گندم (AS) بر اساس ارزیابی کلی از صفات ارتفاع مطلوب، پنجه‌زنی، پوشش محصول، زودرسی و سرعت پر شدن دانه برآورد شد (Mohammadi *et al.*, 2019). اثر بلوک‌ها بر اساس اختلاف میانگین شاهد‌ها در هر بلوک نسبت به میانگین کل شاهد‌ها با استفاده از نرم افزار Excel 2018 تصحیح شد (Aswani *et al.*, 2023). تجزیه و تحلیل خوشه‌ای با استفاده از روش فاصله اقلیدسی و الگوریتم خوشه‌بندی Ward بر اساس مقادیر صفات زراعی برای ارزیابی تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها با استفاده از نرم افزار R و بسته‌های آماری dynamicTreeCut، colorspace و dendextend انجام شد. همبستگی صفات با استفاده از روش پیرسون و نرم‌افزار R محاسبه شد. در نهایت از نرم‌افزار آنلاین (jvonn.toulouse.inra.fr) جهت رسم نمودار ون برای شناسایی ژنوتیپ‌های دارای همپوشانی در صفات مهم استفاده گردید (Bardou *et al.*, 2014).

یافته‌های پژوهش و بحث

تجزیه واریانس ارقام شاهد گندم دوروم (دهدشت، سمیره و ساورز) نشان داد که اختلاف معنی‌داری در بین ارقام در صفات زراعی ارتفاع بوته، طول سنبله، طول پدانکل و عملکرد دانه وجود دارد (جدول ۱). تصحیح میانگین هر صفت در هر ژنوتیپ با استفاده از نتایج تجزیه واریانس (Mse و df) و مدل طرح آگمنت (تصحیح مقدار صفات هر ژنوتیپ در بلوک‌های مختلف نسبت اختلاف میانگین‌های شاهد‌ها از میانگین کل شاهد‌ها) انجام شد.

جدول ۱. تجزیه واریانس (میانگین مربعات) صفات مختلف ارقام شاهد گندم دوروم (دهدشت، سیمره و ساورز)

SOV	df	DHE	DMA	PLH	SL	PL	AS	TGW	YLD
Block	2	2.12	0.15	53.78	0.14	31.11	0.13	2.67	758926.4
Genotype	8	2.93	3.37	151.8*	1.64*	89.81*	0.04	7.11	461724.5*
Error	16	1.68	1.08	34.04	0.38	23.35	0.06	7.44	94989.0
CV%		1.22	0.74	7.72	8.79	35.58	6.06	5.9	7.84

DHE: Days to Heading Emergence, DMA: Days to Physiological Maturity, PLH: Plant Height (cm), SL: Spike Length (cm), AWNI: Awn Length (cm), PL: Peduncle Length (cm), GS: Grain Number per Spike, TGW: Thousand Grain Weight (g), YLD: Grain Yield (kg/ha). Symbols * and ** indicate significance at the 95% and 99% probability levels, respectively

مقادیر تصحیح شده صفات نشان داد که بیشترین و کمترین میزان درصد ضریب تغییرات به ترتیب در صفت عملکرد دانه (۱۵/۷ درصد) و صفت تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی دانه (یک درصد) می‌باشد (جدول ۲). صفات کمی مانند عملکرد دانه در غلات معمولاً به دلیل کنترل ژنتیکی پیچیده و تأثیرات قوی محیطی، واریانس بالایی بین ژنوتیپ‌ها نشان می‌دهند (Lin *et al.*, 2021). با این حال، برخی صفات کمی مانند روزهای رسیدن دانه اغلب واریانس کمی دارند. این واریانس پایین در صفت تعداد روز تا رسیدن دانه را می‌توان با چند عامل توضیح داد. صفت تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی دانه در غلات دارای وراثت‌پذیری بالایی است که نشان می‌دهد این صفت به شدت تحت کنترل عوامل ژنتیکی بوده و تأثیر محیطی نسبتاً کمتری دارد. این کنترل ژنتیکی منجر به یکنواختی بیشتر و کاهش تغییرات بین ژنوتیپ‌ها در این صفت می‌شود (Patil *et al.*, 2023). همچنین، روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی دانه یک صفت توسعه‌ای حیاتی است که به چرخه زندگی گیاه و سازگاری آن با شرایط محیطی مرتبط است. فشار انتخاب برای زمان‌بندی بهینه رسیدن دانه در یک محیط خاص، تمایل به کاهش تنوع ژنتیکی این صفت دارد. چرا که، ژنوتیپ‌های خیلی زودرس و یا دیررس ممکن است از نظر سازگاری یا عملکرد کاهش یابند (Mangani *et al.*, 2023). از سوی دیگر حتی با وجود تغییرات محیطی ارقام گندم معمولاً توسعه خود را در یک بازه زمانی محدود تکمیل می‌کنند. به عنوان مثال، محصولاتی که با چند هفته فاصله کاشته می‌شوند، ممکن است به دلیل ضریب توسعه‌ای وابسته به دما، در روزهای نزدیک به هم برسند (Kumar *et al.*, 2024).

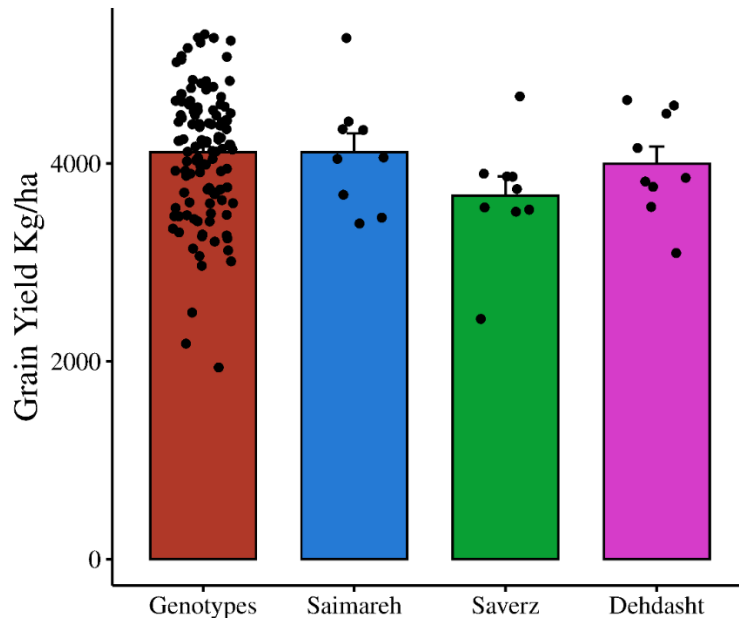
جدول ۲. آماره‌های توصیفی صفات در ژنوتیپ‌های گندم دوروم و میانگین صفات در شاهد‌ها

Treats	Genotypes					Mean of Checks		
	Mean	SD	Max	Min	CV%	Dehdasht	Saverz	Saimareh
DHE	106.2	3.1	113	98	2.9	105.3	106.4	105.6
DMA	141	1.3	146	139	1	140.7	141.9	141.3
PLH	75.1	7.2	92	57.7	9.6	73.6	80.4	73
SL	6.5	0.9	8.7	2.4	13.6	7.6	6.9	6.8
AS	4.3	0.4	4.9	3	7.9	4.2	4.1	4.1
PL	14.5	4.8	24.7	3.4	32.8	11.3	17.2	12.3
TGW	40.9	4	56	32	9.6	46.3	47.2	45.4
Yield	4113.7	645.5	5306.4	1938.1	15.7	3998.8	3676.6	4113.5

DHE: Days to Heading Emergence, DMA: Days to Physiological Maturity, PLH: Plant Height (cm), SL: Spike Length (cm), AWNI: Awn Length (cm), PL: Peduncle Length (cm), GS: Grain Number per Spike, TGW: Thousand Grain Weight (g), YLD: Grain Yield (kg/ha). Symbols * and ** indicate significance at the 95% and 99% probability levels, respectively

میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های مورد بررسی ۴۱۱۳/۷ کیلوگرم در هکتار محاسبه شد و کمترین و بیشترین مقدار این صفت به ترتیب در ژنوتیپ‌های G102 و G019 به مقدار ۹۸۱/۵۴ و ۶۲۰۴/۲۹ کیلوگرم در هکتار بود. این در حالی است که بین ارقام شاهد میانگین عملکرد ۳۹۲۹/۵۷ کیلوگرم در هکتار برآورد شد و بیشترین میزان میانگین عملکرد دانه در بین ارقام شاهد مربوط به رقم سیمره (۴۱۱۳/۵ کیلوگرم در هکتار) و کمترین مقدار این صفت نیز در رقم ساورز (۳۶۷۶/۶ کیلوگرم در هکتار) بود.

کیلوگرم در هکتار) بود (جدول ۲). هم‌چنین پراکنش عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها و ارقام مورد مطالعه در شکل ۱ قابل ملاحظه است.



شکل ۱. پراکنش میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های گندم دوروم مورد بررسی در مقایسه با ارقام شاهد سیمره، ساورز و دهدشت. ژنوتیپ‌ها و ارقام شاهد در محور X و میزان عملکرد دانه در محور Y قابل ملاحظه می‌باشند.

یکی از مهم‌ترین اقدامات در حفظ و بهره‌برداری از ژرم‌پلاسم گیاهی شناخت تنوع ژنتیکی گیاهان است (Haghpanah *et al.*, 2016; Vafadar Shamasbi *et al.*, 2017). در این بررسی نتایج تجزیه خوشه‌ای با استفاده از صفات اندازه‌گیری شده و بر اساس ضریب فاصله اقلیدوسی و الگوریتم خوشه‌بندی Ward نشان داد که ۱۱۷ ژنوتیپ و سه رقم گندم دوروم مورد بررسی در سه خوشه مجزا تفکیک شدند (شکل ۲). بیشترین تعداد ژنوتیپ در خوشه اول مشاهده شد که شامل ۵۸ ژنوتیپ G001, G002, G003, G004, G005, G009, G012, G023, G024, G027, G029, G030, G034, G037, G038, G040, G041, G042, G043, G044, G045, G047, G048, G049, G051, G053, G057, G059, G062, G063, G064, G065, G068, G069, G070, G071, G072, G073, G074, G075, G076, G077, G079, G080, G081, G082, G086, G088, G103, G104, G105, G107, G109, G111, G113, G114, G115, G116, G117 و دو رقم دهدشت و سیمره بود. تعداد ۳۶ ژنوتیپ به همراه رقم ساورز در خوشه دوم جای گرفتند. این ژنوتیپ‌ها شامل G006, G011, G013, G014, G015, G016, G017, G018, G019, G020, G021, G022, G025, G026, G046, G050, G052, G054, G055, G056, G058, G060, G061, G066, G067, G078, G083, G084, G085, G087, G088, G089, G090, G091, G110, G112 و ساورز بودند. کمترین تعداد ژنوتیپ در خوشه سوم (Class III) که شامل ۲۳ ژنوتیپ G007, G008, G010, G028, G031, G032, G033, G035, G036, G039, G092, G093, G094, G095, G096, G097, G098, G099, G100, G101, G102, G106, G108 بود، مشاهده شد (شکل ۲).

بیشترین میانگین عملکرد دانه در بین خوشه‌ها در خوشه سوم (۵۳۲۹/۱ کیلوگرم در هکتار) و کمترین میانگین عملکرد دانه در خوشه دوم (۴۲۸۵/۳ کیلوگرم در هکتار) بود (جدول ۳). ژنوتیپ G102 و G100 دارای بیشترین میزان عملکرد به ترتیب به مقدار ۶۲۰۴/۳ و ۶۱۷۷/۳ کیلوگرم در هکتار در بین تمامی ژنوتیپ‌ها بودند که در خوشه سوم قرار گرفتند. بر

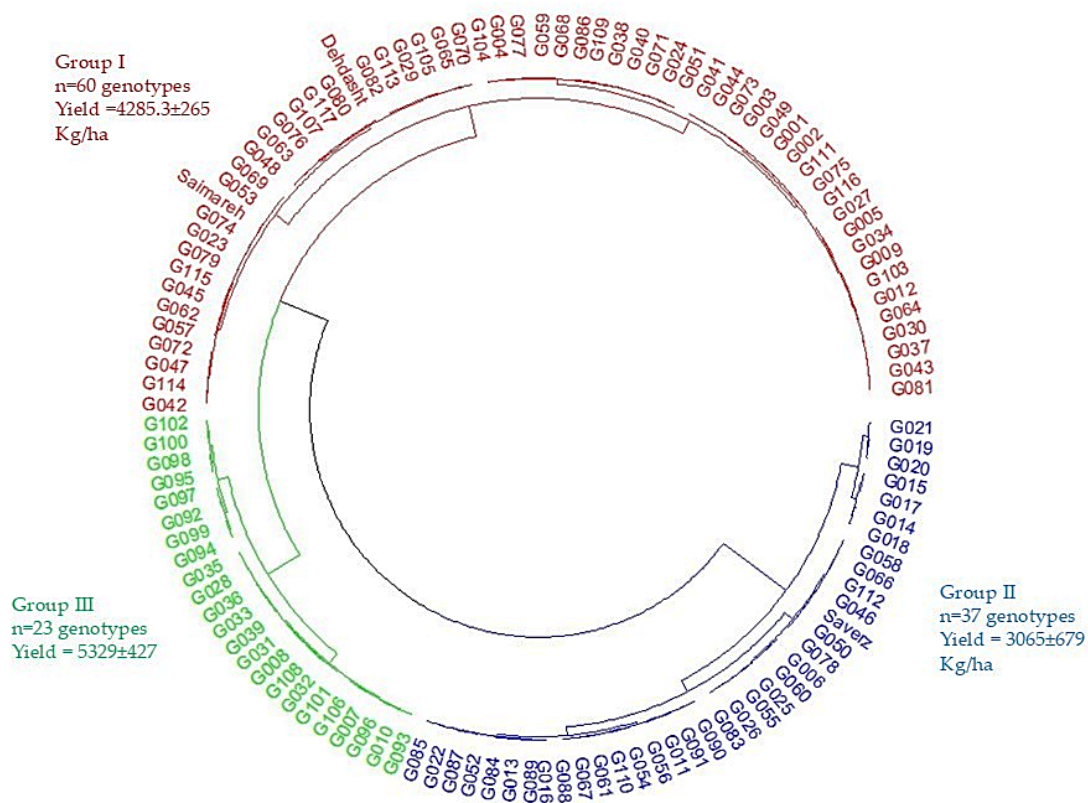
اساس این که هرچه فاصله ژنتیکی دو ژنوتیپ کمتر باشد، تشابه ژنتیکی بیشتری دارند (Shirvani *et al.*, 2023)، می‌توان انتظار داشت که ژنوتیپ‌های داخل یک خوشه از لحاظ صفات مختلف نیز تقریباً شبیه به یکدیگر باشند. بطور مشابه، در مطالعات مظلومی و همکاران (۱۳۹۹) و قاسم زاده و همکاران (۱۴۰۲) مشاهده شد که استفاده از تجزیه خوشه‌ای می‌تواند سبب تفکیک ژنوتیپ‌هایی گندم دوروم با عملکرد دانه متفاوت شود (Ghassemzadeh *et al.*, 2023; Mazloumi *et al.*, 2020).

تجزیه خوشه‌ای و شناسایی تنوع ژنتیکی درون و بین خوشه‌ها، زمینه‌ای مناسب برای انتخاب والدینی را که از لحاظ ژنتیکی متنوع هستند فراهم می‌کند. این شناخت ژنوتیپ‌های متعلق به خوشه‌های مختلف، امکان ایجاد تلاقی‌های هدفمند بین آن‌ها را فراهم می‌سازد که در نتیجه، می‌توان امیدوار بود که نتایجی با پتانسیل عملکرد بالاتر تولید شوند (Kumar *et al.*, 2020).

جدول ۳. میانگین صفات مختلف گندم دوروم در هر خوشه

Cluster No.	DHE	DMA	PLH	PL	SL	AS	TGW	YLD
1	105.9±4	141±2	76.9±8	15.1±6	6.7±1	4.6±2	41±5	4285.3±265
2	107.4±4	140.9±2	70.8±12	11.5±8	6.3±2	4.3±3	41.8±4	3065±679
3	105.1±3	141.2±2	77.3±7	17±7	6.3±1	4.7±1	39.9±4	5329.1±427

DHE: Days to Heading Emergence, DMA: Days to Physiological Maturity, PLH: Plant Height (cm), SL: Spike Length (cm), AWNI: Awn Length (cm), PL: Peduncle Length (cm), GS: Grain Number per Spike, TGW: Thousand Grain Weight (g), YLD: Grain Yield (kg/ha). Symbols * and ** indicate significance at the 95% and 99% probability levels, respectively



شکل ۲. تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها مختلف گندم دوروم بر اساس ضریب فاصله اقلیدسی و الگوریتم خوشه‌بندی Ward

نتایج تجزیه همبستگی نشان داد که همبستگی مثبت و معنی‌داری بین صفات طول پدانکل و ارتفاع بوته به میزان ۰/۸۳ و بین عملکرد دانه و امتیاز زراعی به میزان ۰/۷۱ وجود دارد. همچنین، همبستگی منفی و معنی‌داری نیز بین عملکرد دانه و تعداد روز تا ظهور سنبله معادل ۰/۳۶- نیز مشاهده شد. این در حالی است که سایر صفات همبستگی معنی‌داری با عملکرد دانه نداشتند (جدول ۴). همبستگی پایین و معنی‌دار در این آزمایش (مانند ارتفاع بوته و عملکرد دانه به مقدار ۰/۱۹) می‌تواند به دلیل تعداد زیاد نمونه باشد. در مطالعه بی‌همتا و همکاران (۱۳۹۶) نیز مشاهده شد که بین برخی صفات همبستگی پایین و معنی‌داری وجود دارد. آنها عنوان داشتند که تعداد نمونه زیاد نقش مهمی در این امر دارد (Bihamta *et al.*, 2018). عدم همبستگی صفات مطالعه شده با عملکرد نشان می‌دهد که صفات بصورت منفرد ممکن است با یکدیگر همبستگی مثبت یا منفی داشته باشند، اما همیشه سبب افزایش عملکرد نمی‌شوند (Alam *et al.*, 2024). این موضوع پیچیدگی تعیین عملکرد در گندم را تأکید می‌کند و نشان می‌دهد که عوامل دیگر از جمله تعاملات محیطی یا ژنتیکی، ممکن است در این زمینه نقش مهمی ایفا کنند.

جدول ۴. همبستگی پیرسون بین صفات مورد مطالعه

	DHE	DMA	PLH	PL	SL	AS	TKW
DMA	0.52**						
PLH	-0.03	0.26**					
PL	0.09	0.32**	0.83**				
SL	-0.11	0.17*	0.3**	0.07			
AS	-0.36**	-0.38**	0.21*	0.12	0.01		

TKW	-0.15	0.01	0.15	0.0	0.22**	-0.02	
YLD	-0.36**	-0.06	0.19*	0.13	0.13	0.71**	-0.11

DHE: Days to Heading Emergence, DMA: Days to Physiological Maturity, PLH: Plant Height (cm), SL: Spike Length (cm), AWNI: Awn Length (cm), PL: Peduncle Length (cm), GS: Grain Number per Spike, TGW: Thousand Grain Weight (g), YLD: Grain Yield (kg/ha). Symbols * and ** indicate significance at the 95% and 99% probability levels, respectively

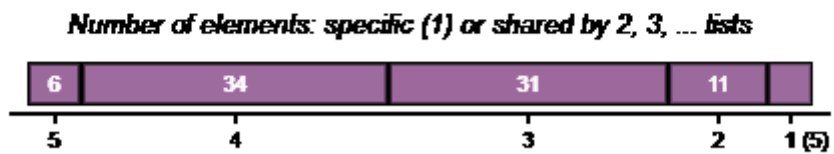
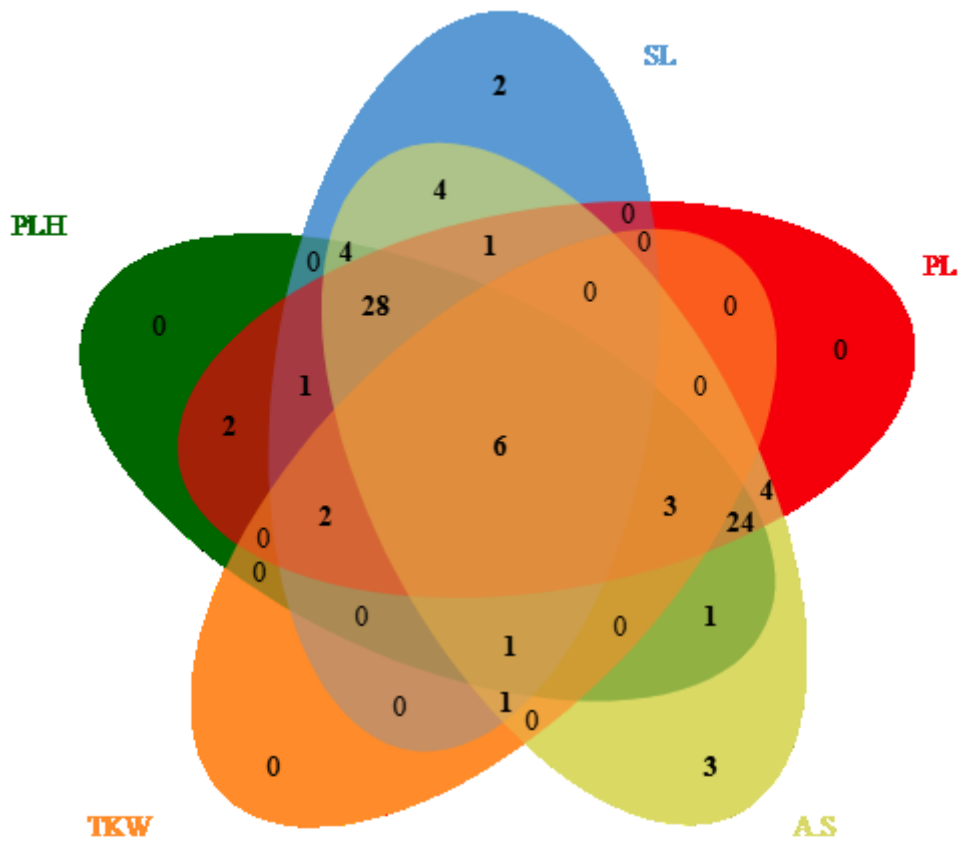
جهت شناسایی ژنوتیپ‌هایی گندم دوروم زودرس (۱۳۹ تا ۱۴۳ روز تا رسیدگی) که دارای عملکرد بیش از ۳۵۰۰ کیلوگرم در هکتار باشد و از لحاظ صفات مهم دیگر نیز وضعیت مناسبی داشته باشند از نمودار ون استفاده شد. در ابتدا تعداد ۸۹ ژنوتیپ زودرس با عملکرد بالا انتخاب شدند و برای تجزیه و تحلیل‌های بعدی مورد استفاده قرار گرفتند. نتایج نشان داد که تعداد ۷۲ ژنوتیپ از لحاظ ارتفاع بوته در دامنه ۷۲ تا ۹۰ سانتی‌متر قرار داشتند. برای صفت طول خوشه تعداد ۵۰ ژنوتیپ در دامنه ۶/۵ تا ۸/۵ سانتی‌متر و برای صفت طول پدانکل نیز تعداد ۷۱ ژنوتیپ در دامنه ۱۱ تا ۲۷ سانتی‌متر قرار داشتند. همچنین برای صفت امتیاز زراعی تعداد ۸۰ ژنوتیپ بالای ۴ بودند و برای صفت وزن هزار دانه تعداد ۱۳ ژنوتیپ در دامنه ۴۵ تا ۵۶ گرم قرار داشتند (شکل ۳). بررسی وضعیت ژنوتیپ‌ها در حالت همپوشانی صفات (ژنوتیپ‌هایی که دارای بیش از یک صفت مطلوب هستند) نشان داد که سه ژنوتیپ G071، G072، G004 و سه رقم شاهد سیمره، ساورز و دهدشت در همه پنج صفت مورد بررسی در دامنه مطلوب قرار دارند. همچنین، ژنوتیپ‌های G038، G095 و G094 دارای چهار صفت (ارتفاع بوته، طول پدانکل، امتیاز زراعی و وزن هزار دانه) از پنج صفت مطلوب مورد بررسی بودند و می‌توانند به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر برای مطالعات بعدی در نظر گرفته شوند. ژنوتیپ G049 از نظر چهار صفت ارتفاع بوته، طول پدانکل، امتیاز زراعی و وزن هزار دانه دارای وضعیت مطلوب بود. دو ژنوتیپ G080 و G113 نیز در چهار صفت ارتفاع بوته، طول خوشه، طول پدانکل و وزن هزار دانه وضعیت مطلوبی داشتند. این در حالی است که ۲۸ ژنوتیپ گندم دوروم (G002، G062، G034، G005، G001، G007، G077، G057، G097، G055، G007، G033، G099، G023، G078، G096، G103، G063، G076، G036، G074، G003، G073، G075، G027، G068، G105، G042 و G043) در چهار صفت ارتفاع بوته، طول خوشه، طول پدانکل و امتیاز زراعی وضعیت مناسبی داشتند (جدول ۵).

جدول ۵. پراکنش ژنوتیپ‌های گندم دوروم با عملکرد بیش از ۳۵۰۰ کیلوگرم در هکتار و رسیدگی بین ۱۳۹ تا ۱۴۳ روز از لحاظ صفات برتر

SL	A.S	PLH PL	PLH A.S	SL A.S	PL A.S	PLH SL PL	PLH SL A.S
G026	G081	G029	G051	G114	G032	G050	G112
G024	G083	G030		G082	G069		G116
	G111			G079	G117		G100
				G045	G044		G086
PLH PL A	SL PL A	SL A.S TK	PLH SL PL	PLH SL PL T	PLH SL A.S T	PLH PL A.S T	PLH SL PL A.S T
.S	.S	W	A.S	KW	KW	KW	KW
G104	G066	G041	G002	G080	G049	G038	G004
G009			G062	G113		G095	G072
G102			G034			G094	G071
G101			G005				Saverz
G053			G001				Dehdasht
G010			G077				Saimareh
G048			G057				
G012			G097				
G037			G055				
G040			G007				
G098			G033				
G047			G099				
G035			G023				

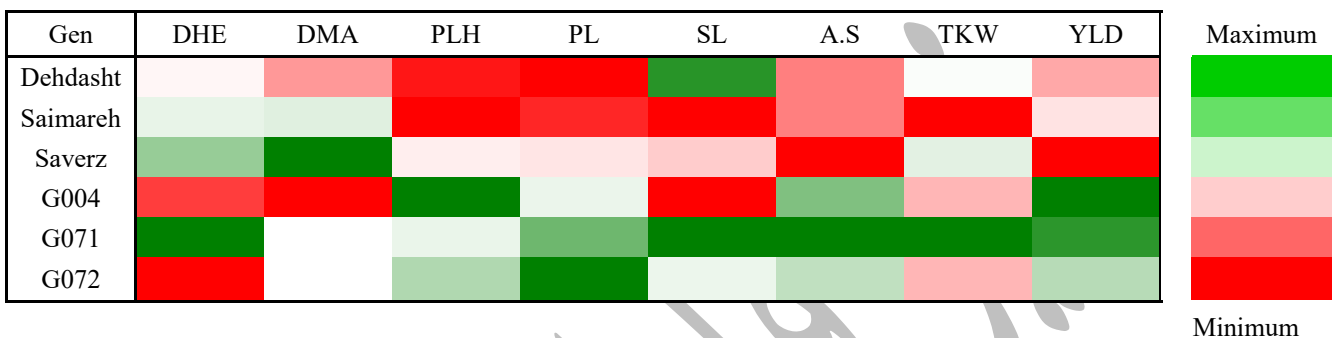
G070
G058
G008
G028
G065
G092
G093
G059
G039
G064
G031

G078
G096
G103
G063
G076
G036
G074
G003
G073
G075
G027
G068
G105
G042
G043



شکل ۳. نمودار ون مرتبط با ژنوتیپ‌های گندم دوروم با عملکرد دانه بیش از ۳/۵ تن در هکتار دارند که متوسط سطر نیز می‌باشند و دارای صفات برتر. PLH: ارتفاع بوته به سانتی‌متر، SL: طول سنبله به سانتی‌متر، PL: طول پدانکل به سانتی‌متر، AS: امتیاز زراعی، TGW: وزن هزار دانه به گرم و YLD: عملکرد دانه به کیلوگرم در هکتار

مقایسه سه ژنوتیپ انتخابی و سه رقم شاهد نشان داد که از نظر عملکرد دانه هر سه ژنوتیپ G072، G004 و G071 (به ترتیب ۴۲۱۸، ۴۳۴۹/۳ و ۴۳۱۸ کیلوگرم در هکتار) از میانگین عملکرد شاهدها (۳۹۲۹/۶ کیلوگرم در هکتار) و همچنین از شاهد برتر (سیمره ۴۱۱۳/۴ کیلوگرم در هکتار) بیشتر بود. از نظر سایر صفات مورد بررسی مطلوب‌ترین ژنوتیپ در بین ژنوتیپ‌های انتخابی G71 بوده است (شکل ۴).



شکل ۴. نقشه حرارتی وضعیت سه ژنوتیپ برتر و سه رقم شاهد در صفات مختلف. DHE تعداد روز تا ظهور سنبله، DMA: تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی، PLH: ارتفاع بوته به سانتی‌متر، SL: طول سنبله به سانتی‌متر، PL: طول پدانکل به سانتی‌متر، AS: امتیاز زراعی، TGW: وزن هزار دانه به گرم و YLD: عملکرد دانه به کیلوگرم در هکتار

نتیجه‌گیری

نتایج این بررسی حاکی از تنوع گسترده در بین ژنوتیپ‌های گندم دوروم بود که نشان دهنده پتانسیل قابل ملاحظه این ژرم‌پلاسما برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی است. از بین ژنوتیپ‌های متوسط سطر با عملکرد بالا سه ژنوتیپ G004، G071 و G072 از نظر تمامی صفات مورد بررسی مطلوب بودند و انتظار می‌رود در برنامه‌های بعدی به‌نژادی مورد استفاده قرار گیرند. این یافته‌ها می‌توانند به بهبود عملکرد گندم دوروم در مناطق کم‌بارش و افزایش پایداری تولید در شرایط نامساعد محیطی کمک کنند. در نهایت، این تحقیق نشان داد که استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره و تجزیه و تحلیل‌های دقیق می‌تواند به شناسایی ژنوتیپ‌های برتر و انتخاب والدین مناسب برای برنامه‌های به‌نژادی کمک کند که می‌تواند به تسریع فرآیند تولید ارقام جدید و سازگار با شرایط محیطی مختلف منجر شود.

سپاسگزاری

این مطالعه از طرح مصوب مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم به شماره ۹۸۱۰۱۶-۰۵۰-۱۵-۳۷-۰ مستخرج شده است. بدینوسیله از مسئولین محترم مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم و بخصوص پرسنل پردیس تحقیقات گچساران که ما را در اجرای طرح یاری کردند سپاسگزاری می‌شود.

منابع

- Ahmadi, A., & Hosseinpour, T. (2012). Investigation of relationships between grain yield, yield components and other agronomic traits of barley cultivars in dryland conditions of Khorramabad. *Crop Physiology*, 4(13), 37–51.
- Alam, J., Hasan, A. K., Kader, A., Hossain, M. A., & Ahmed, F. (2024). Assessment of genetic diversity among upland cotton for earliness, fiber quality and yield-related traits using correlation, principal component and cluster analysis. *International Journal of Cotton Research and Technology*, 6(1), 7. <https://doi.org/10.33865/ijcrt.006.01.1372>
- Aswani, N., Tihuraa, E. F., Azmi, C., & Widoyanti. (2023). Estimation of genetic parameters and principal component analysis on garlic germplasm using augmented block design. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 1271(1), 012050. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/1271/1/012050>
- Bardou, P., Mariette, J., Escudié, F., Djemiel, C., & Klopp, C. (2014). jvenn: an interactive Venn diagram viewer. *BMC Bioinformatics*, 15(1), 293. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-15-293>
- Bayat, F., & Vaezi, B. (2016). Evaluation of grain yield and yield components in some barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes. *Journal of Crop Breeding*, 8(20), 220-227(In persian).
- Benlioglu, B., Bilir, M., Akdogan, G., Ahmed, H. A. A., Ergun, N., Aydogan, S., & Emrebas, T. (2024). Phenotypic characterization of two-row barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. *vulgare*) germplasm conserved in Osman Tosun Genebank of Türkiye by multivariate analysis model. *Genetic Resources and Crop Evolution*. <https://doi.org/10.1007/s10722-024-02032-0>
- Cai, K., Chen, X., Han, Z., Wu, X., Zhang, S., Li, Q., Nazir, M. M., Zhang, G., & Zeng, F. (2020). Screening of worldwide barley collection for drought tolerance: the assessment of various physiological measures as the selection criteria. *Frontiers in Plant Science*, 11. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.01159>
- Farjam Hajiagha, L., Nouraein, M., Hatami Maleki, H., Vaezi, B., & Hossienpour, T. (2019). Investigation of diversity and classification of some barley lines using physiological and morphological characteristics. *Journal of Crop Breeding*, 11(29), 169–180.
- Haghpanah, M., Hassanzadeh, A., Zamanmirabadi, A., Foroozan, K., & Sajjad, T. (2018). Evaluation of the relationship between yield and yield components by sequential path analysis in peanut (*Arachis hypogaea* L.) genotypes. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 20(2), 168–179.
- Haghpanah, M., Kazemitabar, S. K., Hashemi, S. H., & Alavi, S. M. (2015). Evaluation of Mazandaran nettle (*Urtica dioica*) population structure and genetic diversity by AFLP markers. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 22(2), 241-250. (In Persian). <https://doi.org/10.22092/ijrfpbgr.2015.12227>
- Haghpanah, M., Najafi-Zarini, H., & Babaeian-Jelodar, N. (2023). Differential physiological and molecular responses of susceptible and resistant tomato genotypes to *Alternaria solani* infection. *Journal of Crop Protection*, 12(3), 227–240. <https://jcp.modares.ac.ir/article-3-65004-en.html>
- Haghpanah, M., & Vaezi, B. (2025). Studying the genetic diversity of barley germplasm by analyzing agronomic traits to identify superior genotypes. *Journal of Crop Breeding*, In press-(In Persian).
- Hu, Y., Barmeier, G., & Schmidhalter, U. (2021). Genetic variation in grain yield and quality traits of spring malting barley. *Agronomy*, 11(6), 1177. <https://doi.org/10.3390/agronomy11061177>
- Kaur, V., Aravind, J., Manju, Jacob, S. R., Kumari, J., Panwar, B. S., Pal, N., Rana, J. C., Pandey, A., & Kumar, A. (2022). Phenotypic characterization, genetic diversity assessment in 6,778 accessions of barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. *vulgare*) germplasm conserved in national genebank of India and development of a core set. *Frontiers in Plant Science*, 13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.771920>
- Kumar, Y., Sehrawat, K. D., Singh, J., & Shehrawat, S. (2021). Identification of promising barley genotypes based on morphological genetic diversity. *Journal of Cereal Research*, 13(1). <https://doi.org/10.25174/2582-2675/2021/108051>
- Mirabadi, A., Haghpanah, M., & Foroozan, K. (2018). Multivariate analysis of some quantitative traits in introduced safflower (*Carthamus tinctorius* L.) genotypes in Sari. *Journal of Crop Breeding*, 10(28), 162–170.
- Namdari, A., Pezeshkpoor, P., Mehraban, A., Mirzaei, A., & Vaezi, B. (2022). Evaluation of genotype × environment interaction using WAASB and WAASBY indices in multi-environment yield trials of rainfed lentil (*Lens culinaris* L.) genotypes. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 24(2), 165–180.
- SeyedAghamiri, S. M., Mostafavi, K., & Mohammadi, A. (2012). Investigation of the relationship between grain yield and yield components in barley varieties and new hybrids using multivariate statistical methods. *Iranian Journal of Field Crops Research*, 10(2), 421-427 (In persian).

- Visioni, A., Basile, B., Amri, A., Sanchez-Garcia, M., & Corrado, G. (2023). advancing the conservation and utilization of barley genetic resources: insights into germplasm management and breeding for sustainable agriculture. *Plants*, *12*(18), 3186. <https://doi.org/10.3390/plants12183186>
- Zali, H., & Pour-Aboughadareh, A. (2023). Identification of superior genotypes of barley for cultivation in the south regions of Fars province using MGIDI ,FAI-BLUP indices. *Plant Productions*, *46*(3), 335-351.(In Persian).

خبر فایلی استناد