

تجزیه چند متغیره صفات مختلف زراعی در ژرم پلاسما بومی گندم نان

یوسف ارشد^۱ و مهدی زهراوی^{۲*}
۲۰۱، استادیاران بانک ژن گیاهی ملی ایران
(تاریخ دریافت: ۹۱/۱/۲۷ - تاریخ تصویب: ۹۲/۳/۱)

چکیده

به منظور بررسی تنوع ژنتیکی و روابط بین صفات، ۶۱۵ نمونه ژنتیکی گندم بومی ایران از کلکسیون گندم بانک ژن گیاهی ملی ایران مورد مطالعه قرار گرفتند. بذر هر نمونه ژنتیکی در یک ردیف به طول ۲/۵ متر در قالب طرح مشاهده‌ای کشت و ۱۷ صفت زراعی و مورفولوژیکی ارزیابی شد. مقادیر ضریب تغییرات نشان داد صفات وزن دانه پنج سنبله، تعداد پنجه و تعداد دانه در سنبله از بین صفات کمی دارای بیشترین تنوع بودند. بر اساس شاخص شانون رنگ گلوم از بین صفات کیفی دارای بیشترین تغییرات بود. در تجزیه رگرسیون گام به گام برای وزن دانه پنج سنبله دو صفت تعداد دانه در سنبله و وزن صد دانه با ضریب تبیین ۹۸ درصد در مدل وارد شدند. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد پنج مؤلفه اصلی اول در مجموع ۶۳/۲۸ درصد از تغییرات کل داده‌ها را در بر داشتند. بر اساس ضرایب متغیرها، مؤلفه‌های اصلی به ترتیب تحت عنوان شاخص درشتی بذر و عملکرد بالا، شاخص اجزاء عملکرد، شاخص تولید بیوماس، شاخص خصوصیات کیفی سنبله و شاخص مقاومت به ورس نام‌گذاری شدند. براساس نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، نمونه‌های ژنتیکی ۲۰۰ (آذربایجان غربی)، ۷۶۳ (گیلان)، ۸۳۵ (لرستان)، ۸۴۵ و ۸۴۶ (هر دو از اصفهان) به عنوان نمونه‌های برتر شناسایی شدند. تجزیه خوشه‌ای منشاء نمونه‌های مورد بررسی را در پنج گروه قرار داد. نتایج این تحقیق نشان‌دهنده وجود تنوع ارزشمند در ژرم پلاسما بومی ایران می‌باشد و لذا مواد ژنتیکی برتر شناسایی شده می‌توانند در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار گیرند.

واژه‌های کلیدی: گندم، تنوع ژنتیکی، نمونه بومی، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، شانون

مقدمه

گیاهی و همچنین در درون آنها در معرض خطر کاهش یافتن است (Vida, 1994; Cao et al., 1998) لذا پدیده‌های انقراض و فرسایش ژنتیکی در مقیاس وسیع در آینده پیش‌بینی می‌شود. دلایل عمده تهدید تنوع گیاهی عبارت از تغییر کاربری اراضی، تغییر اکوسیستم (مثلاً ناشی از کاربرد زیاد مواد شیمیایی کشاورزی) و تغییر ژنتیکی (ناشی از سیستم تک‌کشتی و بطور بالقوه از طریق انتقال ژن‌ها از موجودات مهندسی شده به اکوسیستم‌های طبیعی)، برداشت بیش از حد از منابع طبیعی و سایر اشکال استفاده بیش از حد (مانند چرای

در پرتو افزایش سریع جمعیت و گسترش کشاورزی به نواحی حاشیه‌ای، اصلاح ارقام گندم با عملکرد بالا و پایدار در برابر تنش‌های زیستی و غیر زیستی اجتناب ناپذیر است. توسعه چنین ارقامی نیازمند تأمین ژرم پلاسما جدید، بطور پیوسته، به عنوان منبعی از ژن‌ها یا ترکیبات ژنی مطلوب می‌باشد. منبع اولیه چنین ژن‌هایی عبارت از نمونه‌های بومی و گونه‌های وحشی خویشاوند گیاهان زراعی است (Alamerew et al., 2004). از طرف دیگر تنوع ژنتیکی در بین گونه‌های

در بحران‌هایی همچون قحطی گسترده ایرلند طی سالهای ۱۸۴۵ الی ۱۸۴۷، بلایت برگی ذرت در ۱۹۷۰ و سایر اپیدمی‌های کمتر شناخته شده، در طول تاریخ بخوبی مشهود و گزارش است. فرسایش ژنتیکی ناشی از استفاده کمتر از نمونه‌های بومی توسط زارعین سنتی از دهه ۱۹۷۰، که توسط Harlan و Frankel تأکید شد، مورد توجه قرار گرفت و نگرانی‌ها را برانگیخت، در حالیکه در چندین دهه قبل از آن، توسط واولوف مطرح شده بود (Vavilov, 1997; Warburton et al., 2006). بخوبی مشخص شده است که کشت گسترده ارقام گیاهی با قرابت ژنتیکی توسط کشاورزان سبب صف آرایی نمونه‌هایی با مکانیسم‌های ژنتیکی مشابه برای مقاومت به بیماری‌های گوناگون گیاهی می‌شود. در این حالت چنانچه یک پاتوژن یا آفت بر این مقاومت ژنتیکی غلبه نماید، تمام محصول نسبت به آن بیماری یا حشره آسیب‌پذیر خواهد شد که در نهایت به یک حد اپیدمی می‌رسد و موجب به خطر افتادن منابع مواد غذایی می‌شود (Smale et al., 2002). مفهوم خزانه ژنی (gene pool) توسط Harlan & de Wet (1971) مطرح شد و چارچوب مفیدی را برای بهره‌برداری از گیاهان زراعی و خویشاوندان وحشی در اصلاح نباتات فراهم نمود (Valkoun, 2001). فقدان اطلاعات پیرامون مواد ژنتیکی، در کنار معضلاتی همچون دسترسی به کلکسیون‌ها، میزان کم تولید بذر و دشواری انتقال ژن‌ها به درون زمینه ژنتیکی مناسب، در زمره موانع استفاده منابع ژنتیکی گیاهی شناخته شده است (FAO, 1998; Dudnik et al., 2001). پیش‌نیاز بهره‌برداری مؤثر از مواد ژنتیکی، آگاهی از تنوع آن می‌باشد (Alamerew et al., 2004). ارزیابی تنوع ژنتیکی از مؤلفه‌های اساسی تعیین خصوصیات ژرم‌پلاسما و حفاظت از آن می‌باشد. درک گستره و توزیع تنوع ژنتیکی، کلید حفاظت مؤثر از ژرم‌پلاسما و متعاقباً تهیه مواد ژنتیکی مناسب برای به‌زادگران است. (Zakizadeh et al., 2010). تنوع ژنتیکی و ارتباط صفات مختلف گیاهی با عملکرد دانه را در ۷۰ ژنوتیپ سنبله بلند گندم نان ارزیابی قرار نمودند. در این آزمایش ۳۰ صفت شامل عملکرد دانه و اجزای آن، خصوصیات مورفولوژیک بوته و دانه و صفات کیفی ارزیابی شدند. نتایج حاصل از تجزیه به عامل‌ها نشان داد

بیش از حد) و تولید ضایعات و مواد آلوده کننده می‌باشد. کاهش تنوع ژنتیکی در گونه‌های وحشی به دلیل کاهش اندازه جمعیت رخ می‌دهد، ولی در نمونه‌های بومی عمدتاً ناشی از پایه ژنتیک باریک در بسیاری از برنامه‌های اصلاحی می‌باشد. اصلاح نباتات سنتی، در خلال برنامه‌های اصلاحی بر روی تنوع ژنتیکی تأثیر می‌گذارد. گرینش سبب افزایش فراوانی آلل‌ها یا ترکیبات آلی مربوط به اثرات مطلوب می‌شود و این امر به قیمت کاهش فراوانی سایر آلل‌ها و در نهایت حذف آنها تمام می‌شود. اهلی شدن سبب پدیده تنگنایی (bottleneck) در بسیاری از گیاهان زراعی شده است (Tanksley et al., 1997; Reif et al., 2005). بسیاری از غلات، اثر تنگنایی با وجود جمعیت‌های بزرگ و متنوع به حداقل رسیده است اما در پلی‌پلوئیدهایی مانند گندم معمولی (*Triticum aestivum* L.) پدیده تنگنایی تشدید شده است و دلیل آن اینست که تلاقی‌های بین گونه‌ای که اساس ایجاد گندم معمولی را تشکیل می‌دهند احتمالاً در دفعات محدودی رخ داده‌اند. بنابراین تنوع، محدود به تعداد اندکی از گیاهان بوده که به طور انفرادی در درون هر یک از سه گونه اجدادی گندم تکامل پیدا کرده‌اند. هنگامی که گیاهان پلی‌پلوئید توسط کشاورزان اولیه تحت گزینش و اصلاح قرار گرفتند گیاهان جدید که بطور بالقوه متنوع بودند از منظر آنها به عنوان نامطلوب تلقی شده و انتخاب نمی‌شدند و لذا از خزانه ژنی گونه جدید حذف می‌شدند (Cox, 1998; Ladizinsky, 1984). اصلاح نباتات نوین در مراحل اولیه نیز ممکن است از طریق جایگزینی نمونه‌های بومی توسط ارقام اصلاح شده بصورت غیرعمدی (سهوی) تنوع را کاهش داده باشد (Nat. Res. Council, 1972; Harlan, 1972). همانطور که در معرفی گندم‌های توسعه یافته توسط سیمیت در دهه‌های ۱۹۵۰ و ۱۹۶۰ در جریان انقلاب سبز نیز رخ داد. این گندم‌ها بطور گسترده‌ای در کشورهای در حال توسعه کشت می‌شوند (Smale et al., 2002) و سهم مهمی در صنعت گندم کشورهای توسعه یافته مانند استرالیا (Brennan & Fox, 1998) و آمریکا (van Beuningen & Busch, 1997) دارند. خطر پایه محدودیت تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی خوارکی عمده

تنوع جغرافیایی نشان نداد. این تحقیق به منظور بررسی روابط بین صفات و شناسایی مواد ژنتیکی برتر در بخشی از ژرم پلاسم گندم بومی کلکسیون بانک ژن گیاهی ملی ایران انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

۶۱۵ نمونه ژنتیکی گندم نان (هگزاپلوئید) بومی ایران از کلکسیون گندم بانک ژن گیاهی ملی ایران مورد مطالعه قرار گرفتند. نمونه‌های مذکور از نواحی مختلف در دوازده استان کشور مشتمل بر ۱۲۷ نمونه از آذربایجان شرقی، ۱۴۶ نمونه از آذربایجان غربی، ۹۴ نمونه از کرمانشاه، ۱۹ نمونه از اصفهان، دو نمونه از گیلان، ۳۹ نمونه از همدان، ۶ نمونه از خراسان، دو نمونه از خوزستان، ۱۶۱ نمونه از لرستان، ۵ نمونه از استان مرکزی، ۱۳ نمونه از مازندران و یک نمونه از تهران جمع‌آوری شده بودند. آزمایش در سال زراعی ۱۳۸۵-۱۳۸۴، در مزرعه تحقیقاتی مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر واقع در کرج در قالب طرح مشاهده‌ای بدون تکرار انجام پذیرفت. بدین منظور هر نمونه ژنتیکی در یک ردیف به طول ۲/۵ متر کشت گردید و فاصله ۶۰ سانتیمتر بین ردیف‌ها در نظر گرفته شد. صفات مهم زراعی، مورفولوژیکی و فنولوژیکی شامل طول سنبله، تراکم سنبله، ریشک‌دار بودن سنبله، رنگ گلوم، کرک‌دار بودن گلوم، وزن صد دانه، تعداد پنجه، ارتفاع بوته، قطر ساقه، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد گلچه در سنبلچه، تعداد دانه در سنبله، تعداد گره در ساقه، تعداد روز تا سنبله‌دهی، تعداد روز تا رسیدن کامل، زمان سنبله‌دهی تا رسیدن کامل و وزن دانه پنج سنبله مطابق با دستورالعمل کمیته بین‌المللی ذخایر توارثی گیاهی (IBPGR, 1978) با انتخاب ۵ نمونه تصادفی از داخل هر توده، به شرح جدول ۱ ارزیابی شد.

که سه عامل اصلی و مستقل، ۹۶ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه می‌نمایند، بر اساس رگرسیون مرحله‌ای، عملکرد بیولوژیک، وزن دانه در سنبله و تعداد سنبله در مترمربع، از مهم‌ترین اجزای عملکرد بوده و سهم موثرتری در توجیه عملکرد دانه داشتند. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات مورد بررسی به روش وارد، سه گروه و بر اساس صفات کیفی مورد بررسی چهار گروه را از یکدیگر تفکیک نمود. (Aghaee Sarbarze et al. 2011) تعداد ۱۱۲ لاین خالص گندم نان انتخابی از کلکسیون گندم‌های بومی نان موجود در بخش تحقیقات غلات مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر را به صورت آزمایش بدون تکرار مورد بررسی قرار دادند. تجزیه رگرسیون نشان داد که در گندم‌های نان بومی صفاتی مانند تعداد دانه در سنبله و عملکرد بیولوژیکی اثر مثبت و معنی‌داری بر عملکرد دانه داشته و سهم قابل توجهی از تغییرات عملکرد را تبیین می‌کنند. با توجه به نتایج به دست آمده ۲۲ ژنوتیپ که نسبت به ژنوتیپ‌های دیگر عملکرد دانه بیشتر و برخی خصوصیات زراعی مناسب‌تر داشتند انتخاب شدند. نتایج این تحقیق نشان داد مواد ژنتیکی موجود در این کلکسیون منابع ارزشمندی هستند که علاوه بر داشتن صفات جدید، تنوع سرشاری را برای به‌نژادگران به منظور اصلاح و تولید ارقام گندم فراهم می‌آورند. (Mohammadi et al. 2011) تنوع ژنتیکی و جغرافیایی ۶۰۰ لاین‌های بومی گندم نان ایران را با استفاده از روش‌های چند متغیره مورد مطالعه قرار دادند. تحلیل مؤلفه‌های اصلی، ۲۲ متغیر بررسی شده را به ۸ مؤلفه با واریانس نسبی تجمعی ۸۰/۵ درصد کاهش داد. تجزیه خوشه‌ای، لاین‌های مورد بررسی را در شش گروه طبقه‌بندی نمود. به طور کلی تنوع ژنتیکی تابعیت و الگوپذیری قابل ملاحظه‌ای از

جدول ۱- مقیاس امتیازدهی صفات کیفی ارزیابی شده در ۶۱۵ نمونه ژنتیکی گندم بومی ایران

مقیاس امتیازدهی	مقیاس امتیازدهی	مقیاس امتیازدهی	مقیاس امتیازدهی	مقیاس امتیازدهی	مقیاس امتیازدهی
۹- خیلی فشرده	۷- فشرده	۵- متوسط	۳- تنک	۱- خیلی تنک	تراکم سنبله
		۷- ریشک بلند	۳- ریشک کوتاه	صفر- بدون ریشک	ریشک دار بودن سنبله
		۳- ارغوانی تا سیاه	۲- قرمز مایل به قهوه‌ای	۱- سفید	رنگ گلوم
		۷- کرک زیاد	۳- کرک کم	صفر- بدون کرک	کرک دار بودن گلوم

گردید. شاخص شانون (Shannon, 1948) برای صفات کیفی بصورت زیر محاسبه شد:

آماره‌های توصیفی شامل حداقل، حداکثر، میانگین، انحراف معیار، ضریب تغییرات برای صفات کمی برآورد

پنجه (۳۱/۴۱ درصد) و تعداد دانه در سنبله (۳۰/۲۵ درصد) دارای بزرگترین ضریب تغییرات و لذا دارای بیشترین تنوع و صفات روز تا رسیدن کامل (۳/۲۱ درصد)، روز تا گلدهی و روز تا سنبله‌دهی (۶/۶۳ درصد) دارای کمترین میزان تغییرات بودند. بر اساس شاخص شاخص شانون، از بین صفات کیفی، رنگ گلوم دارای بیشترین تنوع بود (جدول ۳). با توجه به آماره نما، تراکم سنبله متوسط (۵)، سنبله بدون ریشک (صفر)، رنگ گلوم سفید (۱) و گلوم بدون کرک (صفر) دارای بیشترین فراوانی در نمونه‌های ژنتیکی مورد بررسی بودند. (Arshad & Zahravi (2011) با ارزیابی ۵۰۸ نمونه ژنتیکی ایرانی و خارجی گندم مشاهده نمودند صفات وزن دانه پنج سنبله، تعداد دانه در سنبله و طول سنبله دارای بیشترین تنوع بودند. Aghaee Sarbaze & Amini (2011) در ارزیابی ۱۱۲ لاین گندم بومی مشاهده نمودند صفات عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، وزن بیولوژیکی و وزن هزار دانه دارای بیشترین ضریب تغییرات بودند.

$$H = -\sum_i^n P_i \ln P_i$$

که در آن n تعداد کلاس‌ها یا گروه‌های درون هر صفت و P_i فراوانی نسبی کلاس یا گروه نام است. برای تجزیه همبستگی بین صفات کیفی از روش Spearman (1904) استفاده شد. تجزیه واریانس با در نظر گرفتن منشاء نمونه‌های ژنتیکی بصورت یکطرفه انجام پذیرفت. از آنجا که استان تهران فقط دارای یک نمونه ژنتیکی بود در تجزیه واریانس وارد نگردید. 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. تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش WARD و بر اساس فاصله اقلیدسی انجام گرفت. تجزیه‌های آماری توسط نسخه ۱۲ نرم افزار SPSS انجام شد.

نتایج و بحث

مقادیر آماره‌های توصیفی در جدول ۲ ارائه شده است. صفات وزن دانه پنج سنبله (۳۵/۵۶ درصد)، تعداد

جدول ۲- آماره‌های توصیفی صفات کمی ارزیابی شده در ۶۱۵ نمونه ژنتیکی گندم بومی ایران

صفت	میانگین	انحراف معیار	حداقل	حداکثر	ضریب تغییرات (%)
طول سنبله (سانتیمتر)	۸/۴۵	۱/۷۵	۴	۱۴	۲۰/۷۵
وزن صد دانه (گرم)	۴/۰۹	۰/۶۷	۱/۸۳	۵/۸۶	۱۶/۲۵
تعداد پنجه	۷/۸۰	۲/۴۵	۳	۱۴	۳۱/۴۱
ارتفاع بوته (سانتیمتر)	۷۲/۹۲	۱۲/۴۱	۴۰	۱۱۲	۱۷/۰۱
قطر ساقه (میلیمتر)	۲/۴۳	۰/۵۵	۲	۴	۲۲/۸۰
تعداد سنبلچه در سنبله	۱۶/۴۴	۲/۸۸	۱۰	۲۷	۱۷/۴۹
تعداد گلچه در سنبلچه	۳/۱۵	۰/۶۰	۲	۵	۱۸/۹۱
تعداد دانه در سنبله	۲۹/۴۶	۸/۹۱	۱۰	۶۳	۳۰/۲۵
تعداد گره در ساقه	۳/۶۴	۰/۵۱	۲	۵	۱۳/۹۲
تعداد روز تا رسیدن کامل (روز)	۲۲۵/۰۷	۷/۲۲	۲۰۸	۲۴۰	۳/۲۱
تعداد روز تا گلدهی (روز)	۱۷۶/۶۱	۱۱/۷۱	۱۵۰	۲۰۵	۶/۶۳
زمان گل‌دهی تا رسیدن کامل (روز)	۴۸/۴۶	۷/۱۳	۳۰	۶۵	۱۴/۷۱
وزن دانه پنج سنبله (گرم)	۴/۴۴	۲/۱۴	۱/۵۳	۱۴/۷۸	۳۵/۵۶

جدول ۳- آماره‌های صفات کیفی ارزیابی شده در ۶۱۵ نمونه ژنتیکی گندم بومی ایران

صفت	شاخص شانون	نما	حداقل	حداکثر
تراکم سنبله	۰/۶۷	۵	۱	۹
ریشک دار بودن سنبله	۰/۷۳	۳	صفر	۷
رنگ گلوم	۰/۹۸	۱	۱	۳
کرک دار بودن گلوم	۰/۸۲	صفر	صفر	۷

ارزیابی شده در ۱۵ نمونه ژنتیکی برتر از لحاظ وزن دانه پنج سنبله ارائه شده است. همانطور که مشاهده می‌شود نمونه ژنتیکی ۷۶۳ (از گیلان) و نمونه‌های ژنتیکی ۸۳۵ و ۸۳۰ (از لرستان) دارای بیشترین وزن دانه پنج سنبله

نتایج تجزیه واریانس برای صفات معنی‌دار در جدول ۴ ارائه گردیده است. همانطور که مشاهده می‌شود، تفاوت منشاء نمونه‌های ژنتیکی از لحاظ اکثر صفات مورد بررسی معنی‌دار است. در جدول ۵ برخی از صفات

رتبه ۵۰۲ و از لحاظ زمان رسیدن کامل در رتبه ۹۵ قرار داشت، لذا به عنوان یک نمونه پاکوتاه و پرملمکرد می‌تواند مد نظر قرار گیرد. بنابراین در ژرم‌پلاسم مورد بررسی انواع متنوعی از ترکیبات صفات مانند عملکرد بالا/ زودرسی، عملکرد بالا/دیررسی، عملکرد بالا/ پاکوتاهی و غیره وجود دارد. این نتایج نشان‌دهنده وجود تنوع ارزشمندی در مواد ژنتیکی مورد مطالعه است، به طوری که به‌نژادگر می‌تواند بسته به هدف برنامه اصلاحی از آن بهره‌برداری نماید.

بودند. نمونه ۷۶۳ از لحاظ وزن صد دانه در رتبه ۲، از لحاظ تعداد دانه در سنبله در رتبه ۵، از لحاظ ارتفاع بوته در رتبه ۸۱ و از لحاظ زمان رسیدن کامل در رتبه ۲۳۲ (دیررس) قرار داشت. نمونه ۸۳۵ از لحاظ وزن صد دانه در رتبه ۱۷، از لحاظ تعداد دانه در سنبله در رتبه ۶، از لحاظ ارتفاع بوته در رتبه ۱۳۲ و از لحاظ زمان رسیدن کامل در رتبه ۱۸ قرار داشت لذا به عنوان یک نمونه زودرس و پرملمکرد می‌تواند مد نظر قرار گیرد. نمونه ۸۳۰ از لحاظ وزن صد دانه در رتبه ۷، از لحاظ تعداد دانه در سنبله در رتبه ۱۶، از لحاظ ارتفاع بوته در

جدول ۴- میانگین مربعات و آزمون چند دامنه‌ای دانکن برای صفات معنی‌دار براساس منشاء نمونه‌های ژنتیکی گندم بومی ایران

طول سنبله	تعداد روز تا گلدهی	وزن صد دانه	ارتفاع بوته	تعداد گلچه در سنبله	تعداد دانه در سنبله	تعداد گره در ساقه	تعداد روز تا رسیدن کامل	زمان گلدهی تا رسیدن کامل	وزن دانه پنج سنبله
۱۶/۲۷۲**	۲۹۴/۱۶*	۲/۰۱**	۸۹۱/۵۳**	۲/۷۱**	۵۰۱/۷۲**	۱/۲۶**	۱۵۶/۲۳**	۲۴۴/۲۶**	۳۹/۶۳**
۲/۸۶۱	۱۳۴/۰۴	۰/۴۲	۱۴۱/۹۴	۰/۳۲	۷۲/۱۸	۰/۲۴	۵۰/۳۵	۴۷/۴۴	۲/۹۹۶

* و ** به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪.

جدول ۵- برخی از صفات ارزیابی شده در ۱۵ نمونه ژنتیکی برتر از لحاظ وزن دانه پنج سنبله از بین ۶۱۵ نمونه ژنتیکی گندم نان بومی ایران

کد نمونه ژنتیکی	منشاء	وزن دانه پنج سنبله (گرم)	وزن صد دانه (گرم)	تعداد دانه در سنبله	ارتفاع بوته (سانتیمتر)	تعداد روز تا رسیدن کامل
۷۶۳	گیلان	۱۴/۷۸	۵/۷	۵۲	۸۵	۲۲۵
۸۳۵	لرستان	۱۳/۸۰	۵/۳۲	۵۲	۸۰	۲۱۵
۸۳۰	لرستان	۱۳/۲۶	۵/۵۴	۴۸	۶۰	۲۲۰
۸۳۴	لرستان	۱۲/۹۵	۵/۰۹	۵۱	۸۵	۲۲۰
۸۴۵	اصفهان	۱۲/۹۲	۵/۱۸	۵۰	۸۰	۲۲۰
۷۹۲	لرستان	۱۲/۷۱	۴/۵۵	۵۶	۷۰	۲۲۵
۸۴۴	اصفهان	۱۲/۶۶	۴/۷۹	۵۳	۹۵	۲۲۵
۸۴۶	اصفهان	۱۲/۳۹	۵/۴	۴۶	۱۰۰	۲۲۰
۷۱۴	اصفهان	۱۲/۲۹	۴/۸۳	۵۱	۷۰	۲۲۰
۲۰۰	آذربایجان غربی	۱۲/۲۳	۵/۴۵	۴۵	۹۰	۲۱۵
۸۲۶	کرمانشاه	۱۱/۷۹	۵/۶۳	۴۲	۴۵	۲۲۰
۴۲۷	لرستان	۱۱/۶۶	۴/۸۷	۴۸	۶۵	۲۲۰
۸۲۷	کرمانشاه	۱۱/۳۷	۴/۷۴	۴۳	۶۰	۲۲۰
۸۹۱	همدان	۱۱/۳۵	۵/۰۹	۴۸	۷۰	۲۲۰
۹۴۷	لرستان	۱۱/۳۲	۵/۰۹	۴۳	۸۰	۲۲۰

رابطه بین صفات با استفاده از تجزیه همبستگی مورد بررسی قرار گرفت (جدول ۶). نتایج نشان داد صفات تعداد دانه در سنبله با وزن دانه پنج سنبله

کامل (۰/۸۲۰) دارای بزرگترین ضریب همبستگی مثبت (۰/۸۷۴)، وزن صد دانه با زمان گلدهی تا رسیدن کامل (۰/۸۶۷) و تعداد روز تا رسیدن کامل (۰/۸۲۰) دارای بزرگترین ضریب همبستگی مثبت

در سنبله (۰/۵۲۸)، وزن صد دانه (۰/۴۵۲)، تعداد گلچه در سنبلچه (۰/۳۵۱) و زمان گلدهی تا رسیدن کامل (۰/۳۴۶) و دارای بزرگترین ضریب همبستگی منفی معنی‌دار با تعداد روز تا گلدهی (۰/۳۱۸-) بود. در تحقیق (Aghaee Sarbaze & Amini 2011) نیز بر اساس نتایج تجزیه همبستگی، ژنوتیپ‌های زودرس عملکرد دانه کمتری داشتند.

معنی‌دار و صفات تعداد روز تا گلدهی و زمان گلدهی تا رسیدن کامل (۰/۸۱۳-)، تعداد روز تا گلدهی و وزن صد دانه (۰/۸۳۶-) دارای بزرگترین ضریب همبستگی منفی معنی‌دار بودند. این نتایج نشان می‌دهد که نمونه‌های زودرس فرصت کمتری برای پرکردن دانه داشته و در نتیجه دارای وزن دانه کمتری بودند. صفت وزن دانه پنج سنبله دارای بزرگترین ضریب همبستگی مثبت معنی‌دار با صفات تعداد دانه در سنبله (۰/۸۷۴)، تعداد سنبلچه

جدول ۶- ضرایب همبستگی فنوتیپی بین صفات ارزیابی شده در ۱۵ نمونه ژنتیکی گندم نان بومی ایران

صفت	طول سنبله	تراکم سنبله	رنگ دانه پودن سنبله	رنگ کلوم	کری دار پودن کلوم	زمان گلدهی	وزن صد دانه	تعداد پنجه	ارتفاع پودنه	قطر ساقه	تعداد سنبلچه در سنبله	تعداد گلچه در سنبلچه	تعداد دانه در سنبله	تعداد گروه در ساقه	تعداد روز تا رسیدن کامل	زمان گلدهی تا رسیدن کامل	وزن دانه پنج سنبله
طول سنبله	۱																
تراکم سنبله	۰/۱۲۸**	۱															
رنگ دانه پودن سنبله	۰/۰۸۳*	۰/۰۲۸	۱														
رنگ کلوم	۰/۰۵۷	۰/۰۰۵	۰/۰۰۵	۱													
کری دار پودن کلوم	۰/۰۱۰	۰/۰۰۲	۰/۰۰۲	۰/۰۰۲	۱												
زمان گلدهی	۰/۳۱۸**	۰/۰۸۷**	۰/۰۸۳**	۰/۰۸۳**	۰/۰۸۳**	۱											
وزن صد دانه	۰/۲۵۲**	۰/۰۶۷**	۰/۰۶۷**	۰/۰۶۷**	۰/۰۶۷**	۰/۰۶۷**	۱										
تعداد پنجه	۰/۱۶۵	۰/۰۱۹	۰/۰۱۹	۰/۰۱۹	۰/۰۱۹	۰/۰۱۹	۰/۰۱۹	۱									
ارتفاع پودنه	۰/۱۶۶	۰/۰۰۶*	۰/۰۰۶*	۰/۰۰۶*	۰/۰۰۶*	۰/۰۰۶*	۰/۰۰۶*	۰/۰۰۶*	۱								
قطر ساقه	۰/۰۵۴	۰/۰۰۳*	۰/۰۰۳*	۰/۰۰۳*	۰/۰۰۳*	۰/۰۰۳*	۰/۰۰۳*	۰/۰۰۳*	۰/۰۰۳*	۱							
تعداد سنبلچه در سنبله	۰/۵۲۸**	۰/۰۶۱	۰/۰۶۱	۰/۰۶۱	۰/۰۶۱	۰/۰۶۱	۰/۰۶۱	۰/۰۶۱	۰/۰۶۱	۰/۰۶۱	۱						
تعداد گلچه در سنبلچه	۰/۳۵۱**	۰/۰۱۵	۰/۰۱۵	۰/۰۱۵	۰/۰۱۵	۰/۰۱۵	۰/۰۱۵	۰/۰۱۵	۰/۰۱۵	۰/۰۱۵	۰/۰۱۵	۱					
تعداد دانه در سنبله	۰/۸۷۴**	۰/۰۲۸	۰/۰۲۸	۰/۰۲۸	۰/۰۲۸	۰/۰۲۸	۰/۰۲۸	۰/۰۲۸	۰/۰۲۸	۰/۰۲۸	۰/۰۲۸	۰/۰۲۸	۱				
تعداد گروه در ساقه	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۱			
تعداد روز تا رسیدن کامل	۰/۱۸۰**	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۱		
زمان گلدهی تا رسیدن کامل	۰/۳۴۶**	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۰/۰۵۹	۱	
وزن دانه پنج سنبله	۱																

* و ** به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪

دانه در مدل رگرسیون وارد شدند و مجموعاً ۹۸ درصد از تغییرات وزن دانه پنج سنبله را توجیه می‌کردند. بر اساس ضریب رگرسیون، صفت وزن صد دانه تاثیر

به منظور شناسایی صفات مؤثر بر وزن دانه پنج سنبله از تجزیه رگرسیون گام به گام استفاده شد (جدول ۷). دو صفت تعداد دانه در سنبله و وزن صد

سنبله ناچیز است و تأثیر آنها عمدتاً به صورت مستقیم می‌باشد. نتایج تجزیه علیت بر اساس ارزیابی ۴۶۷ مورفوتیپ گندم بومی توسط Taleei and Bahram-Nejad (2003) نشان داد که صفات شاخص برداشت، سرعت رشد رویشی و تعداد روز تا ظهور سنبله دارای اثر مستقیم مثبت و صفت عملکرد بیولوژیک و دارای اثر مستقیم منفی بر روی عملکرد دانه بودند. Zakizadeh et al. (2010) در بررسی تنوع ژنتیکی ۷۰ ژنوتیپ گندم سنبله بلند مشاهده نمودند که تعداد سنبله در متر مربع و پس از آن وزن دانه در سنبله بیشترین اثر مستقیم را بر عملکرد دانه داشت.

بیشتری بر وزن دانه پنج سنبله، نسبت به تعداد دانه در سنبله، داشت. (Aghaee Sarbaze and Amini (2011) در بررسی اثر صفات مورد ارزیابی بر عملکرد دانه ۱۱۲ لاین گندم بومی مشاهده نمودند که صفات تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و عملکرد بیولوژیکی با اثر مثبت و تعداد روز تا ظهور سنبله با اثر منفی در مدل تجزیه رگرسیون باقی ماندند. اثرات مستقیم و غیرمستقیم متغیرهای وارد شده در مدل رگرسیون بر روی متغیر وابسته توسط تجزیه علیت تفکیک شد. (جدول ۸). نتایج نشان داد که تأثیر غیر مستقیم صفات تعداد دانه در سنبله و وزن صد دانه بر وزن دانه پنج

جدول ۷- نتایج تجزیه رگرسیون گام به گام برای وزن دانه پنج سنبله در بررسی ۶۱۵ نمونه ژنتیکی گندم نان بومی ایران

مرحله	صفت	ضریب رگرسیون		عرض از مبدأ	ضریب تبیین تجمعی (%)
		X2	X1		
۱	تعداد دانه در سنبله (X1)	-	۰/۲۱	-۰/۱۵	۷۶
۲	وزن صد دانه (X2)	۱/۵۱	۰/۲۱	-۶/۲۱	۹۸
مدل نهایی رگرسیون		Y = -۶/۲۱ + ۰/۲۱ X1 + ۱/۵۱ X2			

جدول ۸- نتایج تجزیه علیت اثر تعداد دانه در سنبله و وزن صد دانه بر روی وزن دانه پنج سنبله در ارزیابی ۶۱۵ نمونه ژنتیکی گندم نان بومی ایران

صفت	اثر مستقیم	اثر غیر مستقیم		همبستگی با وزن دانه پنج سنبله
		X2	X1	
تعداد دانه در سنبله (X1)	۰/۸۶۴	-	۰/۰۹	۰/۸۷۴
وزن صد دانه (X2)	۰/۴۳۲	۰/۰۱۹	-	۰/۴۵۱
اثر باقیمانده		۰/۲۲۲		

به منظور تفکیک و تمایز ویژگی‌های نمونه‌های ژنتیکی مورد مطالعه، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی انجام گردید (جدول ۹).

جدول ۹- نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در ارزیابی ۶۱۵ نمونه ژنتیکی گندم نان بومی ایران

صفت	مؤلفه اصلی			
	اول	دوم	سوم	چهارم
طول سنبله	۰/۳۶	-۰/۱۵	۰/۶۱	-۰/۰۵
تراکم سنبله	۰/۰۷	۰/۳۰	۰/۰۷	۰/۴۲
ریشک دار بودن سنبله	-۰/۱۷	۰/۱۱	-۰/۱۸	۰/۱۹
رنگ گلوم	-۰/۱۵	-۰/۰۲	۰/۱۴	۰/۰۴
کرک دار بودن گلوم	۰/۱۵	-۰/۰۸	۰/۲۶	۰/۵۹
تعداد روز تا گلدهی	-۰/۹۰	۰/۲۹	۰/۲۲	-۰/۱۰
وزن صد دانه	۰/۸۸	-۰/۱۵	-۰/۲۹	-۰/۰۲
تعداد پنجه	۰/۱۰	-۰/۱۴	۰/۵۶	-۰/۰۴
ارتفاع بوته	۰/۳۳	-۰/۰۷	۰/۶۷	-۰/۲۲
قطر ساقه	-۰/۰۳	۰/۰۵	۰/۲۸	۰/۶۹
تعداد سنبلچه در سنبله	۰/۲۲	۰/۶۸	۰/۲۱	۰/۰۳
تعداد گلچه در سنبلچه	۰/۱۱	۰/۶۲	۰/۱۰	-۰/۰۱
تعداد دانه در سنبله	۰/۲۵	۰/۹۰	۰/۰۴	-۰/۰۹
تعداد گره در ساقه	۰/۲۸	-۰/۱۹	۰/۶۱	-۰/۲۴
تعداد روز تا رسیدن کامل	-۰/۶۹	۰/۲۹	-۰/۰۳	-۰/۱۷
زمان گلدهی تا رسیدن کامل	۰/۷۹	-۰/۱۸	-۰/۳۲	-۰/۰۱
وزن دانه پنج سنبله	۰/۶۲	۰/۷۰	-۰/۰۹	-۰/۰۹
سهم تجمعی (%)	۲۱/۲۲	۳۶/۲۱	۴۸/۰۷	۶۳/۲۸
مقادیر ویژه	۳/۵۹	۲/۵۶	۲/۰۲	۱/۳۸

وزن صد دانه (۰/۸۸)، زمان گلدهی تا رسیدن کامل (۰/۷۹) و وزن دانه پنج سنبله (۰/۶۲) دارای بزرگترین

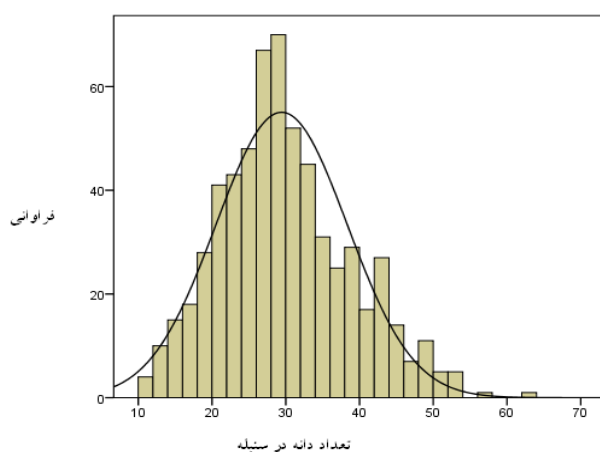
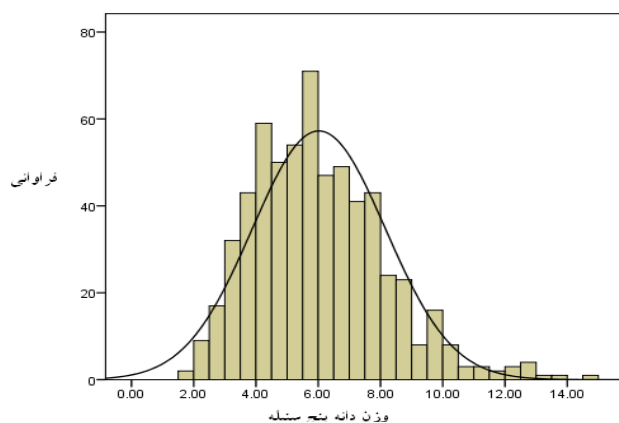
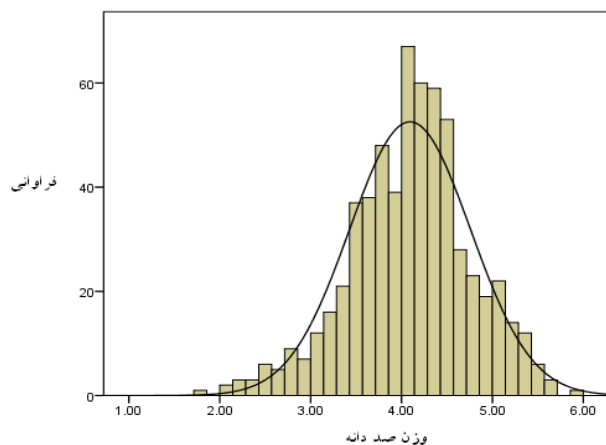
پنج مؤلفه اصلی اول مجموعاً ۶۳/۲۸ درصد از تغییرات کل داده‌ها را در بر داشتند. در مؤلفه اول صفات

مؤلفه بدست آمد که بر روی هم ۸۰/۵٪ از واریانس موجود را توجیه کردند و دو مؤلفه اول مجموعاً ۳۷/۸٪ از تغییرات را در بر داشتند. در تحقیق Arshad & Zahravi (2011) نیز پنج مؤلفه اصلی اول ۸۱/۶۵٪ از تغییرات کلی داده‌ها را توجیه می‌کردند. به طور کلی مزیت انجام تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجمیع اطلاعات صفات مورد ارزیابی در تعداد محدودی مؤلفه و در نتیجه امکان استفاده از آنها به عنوان شاخصی برای گزینش است. در این تحقیق مؤلفه اصلی اول به عنوان شاخص زودرسی به همراه درشتی بذر و عملکرد بالا شناسایی گردید. به منظور بررسی وضعیت نمونه‌های ژنتیکی برتر از لحاظ این مؤلفه اصلی (۲۰۰، ۷۶۳، ۸۳۵، ۸۴۶ و ۸۴۵) در بین کل نمونه‌های ژنتیکی، نمودار فراوانی برای صفات وزن دانه پنج سنبله، وزن صد دانه و تعداد دانه در سنبله ارائه گردیده است (شکل ۱). نتایج بررسی نشان داد نمونه‌های ژنتیکی مذکور با حداقل متوسط وزن دانه پنج سنبله به میزان ۱۲/۲۳ گرم، جزو ۱/۵ درصد افراد برتر از بین کل نمونه‌های ژنتیکی مورد ارزیابی می‌باشند. همچنین نمونه‌های مذکور با حداقل متوسط وزن صد دانه در سنبله به میزان ۵/۱۸، جزو پنج درصد افراد برتر و با حداقل متوسط تعداد دانه در سنبله به میزان ۵۲، جزو ۰/۷ درصد افراد برتر از بین کل نمونه‌های ژنتیکی بررسی شده می‌باشند. این نتایج نشان می‌دهد که تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به خوبی توانسته است نمونه‌های ژنتیکی برتر را متمایز نماید و لذا به عنوان شاخصی کارآمد برای انجام گزینش قابل استفاده بوده است. همچنین با توجه به اینکه نمونه‌های برتر شناسایی شده دارای منشاء متفاوتی بوده‌اند (۲۰۰ (آذربایجان غربی)، ۷۶۳ (گیلان)، ۸۳۵ (لرستان)، ۸۴۵ و ۸۴۶ (هر دو از اصفهان)) نشان‌دهنده خزانه ژنتیکی متنوع و ارزشمندی از لحاظ صفات مورد بررسی می‌باشد. به منظور بررسی فاصله ژنتیکی بین منشاء نمونه‌های ژنتیکی مورد بررسی، از تجزیه خوشه‌ای استفاده شد. با انجام برش دندروگرام در فاصله ۷، چهار گروه حاصل می‌شود (شکل ۲). مازندران و تهران در یک گروه متمایزی قرار گرفتند. خراسان و مرکزی تواما در یک گروه، اصفهان، گیلان و خوزستان مشترکاً در یک گروه و سایر منشاء نمونه‌ها در گروهی دیگر قرار گرفتند.

ضریب مثبت و صفات تعداد روز تا رسیدن کامل (۰/۶۹-) و تعداد روز تا گلدهی (۰/۹۰-) دارای بزرگترین ضریب منفی بودند، لذا این مؤلفه، نمونه‌های ژنتیکی پرمالکرد با وزن صد دانه بالا و دوره پر شدن دانه طولانی‌تر را متمایز می‌نماید و می‌توان آنها را شاخص زودرسی به همراه درشتی بذر و عملکرد بالا نامید. نمونه‌های ژنتیکی ۲۰۰، ۷۶۳، ۸۳۵، ۸۴۶ و ۸۴۵ دارای بیشترین مقدار عددی از لحاظ این مؤلفه بودند. در مؤلفه دوم صفات تعداد دانه در سنبله (۰/۹۰)، وزن دانه پنج سنبله (۰/۷۰)، تعداد سنبله در سنبله (۰/۶۸) و تعداد گلچه در سنبله (۰/۶۲) دارای بزرگترین ضریب مثبت بودند، بنابراین مؤلفه دوم را می‌توان شاخص اجزاء عملکرد نامید. نمونه‌های ژنتیکی ۴۳۰، ۱۱۲، ۶۶۷، ۶۶۵ و ۸۴۴ دارای بیشترین مقدار عددی از لحاظ این مؤلفه بودند. در مؤلفه سوم صفات ارتفاع بوته (۰/۶۷)، تعداد گره در ساقه (۰/۶۱)، طول خوشه (۰/۶۱) و تعداد پنجه (۰/۵۷) دارای بزرگترین ضریب مثبت بودند، لذا می‌توان مؤلفه سوم را به عنوان شاخص تولید بیوماس (توده زنده) نام‌گذاری نمود. نمونه‌های ژنتیکی ۴۳۰، ۱۱۲، ۶۶۷، ۶۶۵ و ۸۴۴ دارای بیشترین مقدار عددی از لحاظ این مؤلفه بودند. در مؤلفه چهارم صفات ریشک‌دار بودن سنبله (۰/۷۱) و تراکم سنبله (۰/۳۷) دارای بزرگترین ضریب مثبت و صفات کرک‌دار بودن گلوم (۰/۴۴-) و رنگ گلوم (۰/۴۹-) دارای بزرگترین ضریب منفی بودند، بنابراین مؤلفه چهارم را می‌توان شاخص خصوصیات کیفی سنبله نامید. نمونه‌های ژنتیکی ۶۵۴، ۸۴۷، ۶۳۱، ۴۳۷ و ۴۹۵ دارای بیشترین مقدار عددی از لحاظ این مؤلفه بودند. در مؤلفه پنجم صفت قطر ساقه (۰/۶۹) دارای بزرگترین ضریب مثبت و صفات ارتفاع بوته (۰/۲۲-) و تعداد گره در ساقه (۰/۲۴-) دارای بزرگترین ضریب منفی بودند، لذا این مؤلفه سبب تمایز نمونه‌های دارای ساقه ضخیم با تعداد کمتر گره ساقه و ارتفاع بوته کوتاه‌تر می‌شود و لذا می‌توان آن را به عنوان شاخص پاکوتاهی و ساقه قوی (مقاومت به ورس) نام‌گذاری نمود. نمونه‌های ژنتیکی ۱۴۱، ۴۷۹، ۱۴۵، ۱۴۴ و ۱۵۳ دارای بیشترین مقدار عددی از لحاظ این مؤلفه بودند. در تحلیل مؤلفه‌های اصلی بر روی ۶۰۰ لاین گندم بومی توسط Mohammadi et al. (2002) هشت

نمونه‌های ژنتیکی لرستان و همدان (۴/۹۲)، آذربایجان شرقی و غربی (۶)، کرمانشاه و آذربایجان غربی (۶/۰۹)، دارای کمترین فاصله ژنتیکی بودند (جدول ۱۰).

بیشترین فاصله ژنتیکی بین نمونه‌های ژنتیکی تهران با مازندران (۵۰/۰۹) و بین نمونه‌های ژنتیکی خراسان و آذربایجان شرقی (۳۶/۸۳) وجود داشت.



شکل ۱ - نمودار توزیع فراوانی صفات وزن دانه پنج سنبله، وزن صد دانه و تعداد دانه در سنبله در ارزیابی ۶۱۵ نمونه ژنتیکی گندم نان بومی ایران

بود. بدین ترتیب چنانچه محقق در جستجوی چند رقم پرمکورد با زمینه ژنتیکی متفاوت باشد می‌تواند نمونه‌های ژنتیکی از مناطقی با فاصله ژنتیکی بیشتر را

با توجه به نتایج بدست آمده بین فاصله ژنتیکی و جغرافیایی تا حدودی مطابقت مشاهده می‌شود. اطلاعات فاصله ژنتیکی در گزینش بین مواد ژنتیکی مفید خواهد

2. Alamerew, S., Chebotar, S., Huang, X., Roder, M., & Borner, A. (2004). Genetic diversity in Ethiopian hexaploid and tetraploid wheat germplasm assessed by microsatellite markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 51, 559–567.
3. Arshad, Y. & Zahravi, M. (2011). Investigation of genetic diversity and relationship among agronomic and morphological traits in a part of wheat germplasm of National Plant Gene Bank of Iran. *Modern Genetics Journal*, 6, 83-95.
4. Brennan, J. P. & Fox, P. N. (1998). Impact of CIMMYT varieties on the genetic diversity of wheat in Australia, 1973–1993. *Australian Journal of Agricultural Research*, 49, 175–178.
5. Brown, A. H. D. (1978). Isozymes, plant population genetic structure and genetic conservation. *Theoretical and Applied Genetics*, 52, 145–157.
6. Cao, W., Hucl, P., Scoles, G. & Chibbar, R. N. (1998). Genetic diversity within spelta and macha wheats based on RAPD analysis. *Euphytica*, 104, 181–189.
7. Cox, T. S. (1998). Deepening the wheat gene pool. *Journal of Crop Production*, 1, 1–25.
8. Doebley, J. F. (1989). *Isozymic evidence and the evolution of crop plants*. In: D.E. Soltis, & P.S. Soltis, (Eds), *Isozymes in plant biology*. Portland, Oregon, Dioscorides, USA. pp. 165–191.
9. Dudnik, N. S., Thormann, I. & Hodgkin, T. (2001). The Extent of Use of Plant Genetic Resources in Research-A Literature Survey. *Crop Science*, 41, 6-10.
10. Harlan, J. & de Wet, J.M.J. (1971). Towards a rational classification of cultivated plants. *Taxon*, 20, 509–517.
11. Harlan, J. R., (1972). Genetics of disaster. *Journal of Environmental Quality*, 1, 212–215.
12. International Board For Plant Genetic Resources (1978). Descriptors for wheat and Aegilops. IBPGR, Rome, Italy.
13. Ladizinsky, G., (1984). Founder effect in crop plant evolution. *Economic Botany*, 39, 191–199.
14. Mohammadi, M., Ghannadha, M. R & Taleei, A. (2002). Study of the genetic variation within Iranian local bread wheat lines using multivariate techniques. *Seed and Plant*, 18, 328-347.
15. National Research Council (1972). Committee on Genetic Vulnerability of Major Crops.. *Genetic Vulnerability of Major Crops*. National Academy of Sciences. Washington, D. C.
16. Reif, J. C., Zhang, P., Dreisigacker, S., Warburton, M.L. van Ginkel, M., Hoisington, D., Bohn, M. & Melchinger, A.E. (2005). Trends in genetic diversity during the history of wheat domestication and breeding. *Theoretical and Applied Genetics*, 110, 859–864.
17. Shannon, C. E. (1948). A mathematical theory of communication. *Bell System Technical Journal*, 27, 379-423.
18. Smale, M., Ortiz-Monasterio, I., Warburton, M., Skovmand, B., Reynolds, M., Crossa, J., Singh, R. & Trethowan, R. (2002). Dimensions of diversity in modern spring bread wheat in developing countries from 1965. *Crop Scienc*, 42, 1766–1779.
19. Spearman, C. (1904). The proof and measurement of association between two things. *American Journal of Psychology*, 15, 72–101 .
20. Taleei, A. & Bahram-Nejad, B. (2003). A study of relationship between yield and its components in landrace populations of wheat from western part of Iran using multivariate analysis. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, 34, 949-959.
21. Tanksley, S. D. & McCouch, S. R. (1997). Seed banks and molecular maps: Unlocking genetic potential from the wild. *Science*, 277, 1063–1066.
22. The Food and Agriculture Organization of the United Nations. (1998). *The state of the world's plant genetic resources for food and agriculture*. FAO, Rome.
23. Valkoun, J. J. (2001). Wheat pre-breeding using wild progenitors. *Euphytica*, 119, 17–23.
24. Van Beuningen, L.T. & Busch, R.H. (1997). Genetic diversity among North American spring wheat cultivars: II. Ancestor contributions to gene pools of different eras and regions. *Crop Scienc*, 37, 580–585.
25. Vavilov, N. I., (1997). *Five Continents. International Plant Genetic Resources*. Institute, Rome, Italy.
26. Vida, G., (1994). Global issues of genetic diversity. In: V. Loeschke, J. Tomiuk, & S. K. Jain (Eds), *Conservation genetics*. Birkhauser Verlag, Basel, Switzerland.
27. Warburton, M. L., Crossa, J., Franco, J., Kazi, M., Trethowan, R., Rajaram, S., Pfeiffer, W., Zhang, P., Dreisigacker, S. & van Ginke, M. (2006). Bringing wild relatives back into the family: recovering genetic diversity in CIMMYT improved wheat germplasm. *Euphytica*, 149, 289–301
28. Zakizadeh, M., Esmailzadeh Moghaddam, M. & Kahrizi, D. (2010). Study on genetic variation and relationship between plant characteristics and grain yield in long spike bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes-using multivariate analysis. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 12 (2), 18-30.

