



## Investigating the Genetic Diversity of Different Wheat Genotypes Using Multivariate Statistical Methods

Ali Hadi Al-Mamoori<sup>۱</sup> | Mohsen Ebrahimi<sup>۲</sup> | Khalil ZeinaliNejad<sup>۳</sup>

۱. Department of Agricultural Sciences and Plant Breeding, Aburihan Faculty of Agricultural Technology, University of Tehran, Tehran, Iran. E-mail: [ali.hd۱۹۸۷@biotech.uoqasim.edu](mailto:ali.hd۱۹۸۷@biotech.uoqasim.edu)
۲. Corresponding Author, Department of Agricultural Sciences and Plant Breeding, Aburihan Faculty of Agricultural Technology, University of Tehran, Tehran, Iran. E-mail: [mebrahimi@ut.ac.ir](mailto:mebrahimi@ut.ac.ir)
۳. Department of Plant Breeding and Biotechnology, Gorgan University of Agriculture and Natural Resources, Gorgan, Iran. E-mail: [zaynalinezhad@gau.ac.ir](mailto:zaynalinezhad@gau.ac.ir)

### Article Info

#### Article type:

Research Article

#### Article history:

Received ۲۲ August ۲۰۲۳

Received in revised form

۳۱ January ۲۰۲۴

Accepted ۱۰ February ۲۰۲۴

Published online ۳۰ September ۲۰۲۴

#### Keywords:

Cluster analysis

Gluten

Main components

Protein

### ABSTRACT

**Objective:** Wheat (*Triticum aestivum* L.) is the first grain in the world in terms of its importance and amount of production. The aim of this research is to find the genetic diversity among the spring wheat genotypes for use in crop breeding programs.

**Methods:** For this purpose, the genetic diversity of ۳۲ spring wheat genotypes cultivated in the Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources in the crop year of ۱۴۰۱-۱۴۰۰ was investigated by measuring ۱۲ kernel and flour quality traits.

**Results:** The results of analysis of principal components illustrated that the first five components explained a total of ۸۹.۰۵ percent of the variation among traits. The cluster analysis divided the studied genotypes into four groups. Based on the obtained results, the cultivars in the first group, all of which were Iranian, had the highest values of grain gluten, flour gluten and flour protein. The second group, which included the genotypes of Iraq, had the highest values in terms of grain moisture and index, and the lowest values in terms of flour protein, falling number, and hectoliter.

**Conclusion:** The studied spring wheat cultivars showed high genetic diversity in terms of traits. Therefore, suitable parents can be selected based on the desired trait, for crossing between cultivars in future breeding programs.

**Cite this article:** Almamouri, A. H., Ebrahimi, M., & ZeinaliNejad, Kh. (۲۰۲۴). Investigating the Genetic Diversity of Different Wheat Genotypes Using Multivariate Statistical Methods. *Journal of Crops Improvement*, ۲۶ (۲), ۵۸۱-۵۸۹. DOI: <https://doi.org/۱۰.۲۲۰۵۹/jci.۲۰۲۴.۳۶۴۱۹۲.۲۸۴۱>





## بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف گندم با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره

علی هادی المعموری<sup>۱</sup> | محسن ابراهیمی<sup>۲</sup> | خلیل زینلی‌نژاد<sup>۳</sup>

۱. گروه علوم زراعی و اصلاح نباتات، دانشکده فناوری کشاورزی (ابوریحان)، دانشگاه تهران، تهران، ایران. رایانامه: [ali.hd1987@biotech.uoqasim.edu](mailto:ali.hd1987@biotech.uoqasim.edu)
۲. نویسنده مسئول، گروه علوم زراعی و اصلاح نباتات، دانشکده فناوری کشاورزی (ابوریحان)، دانشگاه تهران، تهران، ایران. رایانامه: [mehrahimi@ut.ac.ir](mailto:mehrahimi@ut.ac.ir)
۳. گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران. رایانامه: [zaynalinezhad@gau.ac.ir](mailto:zaynalinezhad@gau.ac.ir)

### اطلاعات مقاله

### چکیده

نوع مقاله: مقاله پژوهشی

**هدف:** گندم (*Triticum aestivum* L.) از نظر اهمیت و میزان تولید در بین غلات رتبه اول را دارد. هدف از انجام این مطالعه بررسی تنوع ژنتیکی بین ارقام گندم بهار به منظور استفاده در برنامه‌های به‌نژادی می‌باشد.

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۵/۳۱

تاریخ بازنگری: ۱۴۰۲/۱۱/۱۱

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۱۱/۲۱

تاریخ انتشار: ۱۴۰۳/۰۷/۰۹

**روش پژوهش:** به این منظور ۳۲ رقم گندم بهار کشت شده در مزرعه آموزشی-پژوهشی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰، با استفاده از ۱۲ صفات مرتبط با کیفیت دانه و آرد مورد ارزیابی قرار گرفتند.

**یافته‌ها:** نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که پنج مؤلفه اول دارای ریشه مشخصه بالاتر از یک بودند، که در مجموع ۸۹/۰۵ درصد از تنوع بین صفات را تبیین نمودند. همچنین، نتایج حاصل از تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به چهار گروه تقسیم کرد. براساس نتایج به‌دست آمده ارقام موجود در گروه اول که همگی ایرانی بودند از نظر صفات گلوتن دانه، گلوتن آرد و پروتئین آرد دارای بالاترین مقادیر بودند. گروه دوم که شامل ژنوتیپ‌های کشور عراق بود از نظر صفات رطوبت دانه و ایندکس دارای بالاترین مقادیر و از نظر صفات پروتئین آرد، فالینگ نامبر و هکتولیترا دارای کمترین مقدار بودند.

### کلیدواژه‌ها:

پروتئین

تجزیه خوشه‌ای

گلوتن

مؤلفه‌های اصلی

**نتیجه‌گیری:** ارقام گندم بهار مورد مطالعه تنوع ژنتیکی بالایی را از نظر صفات بررسی نشان دادند. به طوری که با استفاده از نتایج به‌دست آمده می‌توان والدین مناسبی براساس صفت مورد نظر، برای تلاقی‌های بین ارقام در برنامه‌های اصلاحی آینده انتخاب کرد.

**استناد:** المعموری، علی هادی؛ ابراهیمی، محسن و زینلی‌نژاد، خلیل (۱۴۰۳). بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف گندم با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره. به زراعی کشاورزی، ۲۶ (۳)، ۵۸۱-۵۸۹. DOI: <https://doi.org/10.22059/jci.2024.264192.2841>



## ۱. مقدمه

گندم نان (*Triticum aestivum* L.) از نظر اهمیت و میزان تولید، اولین غله دنیاست و در کشورهای مختلف جهان، به‌ویژه کشورهای در حال توسعه به‌عنوان منبع اصلی تأمین‌کننده کالری و پروتئین انسان شناخته شده است (Akbarzai *et al.*, ۲۰۲۳). ارزش غذایی بالا، هضم آسان، تنوع و مرغوبیت فرآورده‌های آن، سهولت تبدیل، نگهداری و سایر ویژگی‌ها گندم را در میان سایر غلات متمایز کرده است (Khodadadi *et al.*, ۲۰۱۱). گندم گسترده‌ترین محصول زراعی در جهان از نظر سطح زیر کشت و مصرف می‌باشد (Solanki *et al.*, ۲۰۲۲). این گیاه غذای اصلی حدود ۳۵ درصد از جمعیت دنیا را تشکیل می‌دهد و به‌دلیل تأمین ۲۰ درصد پروتئین مردم جهان و وجود تقاضای جهانی برای این غله مهم، ضروری است که تولید جهانی گندم نان در سال ۲۰۵۰ به میزان ۷۰ درصد افزایش یابد (Ray *et al.*, ۲۰۱۲).

با توجه به نقش تنوع ژنتیکی در پیش‌برد اهداف برنامه‌های به‌نژادی، بدون شک بررسی ژنوتیپ‌های مختلف گندم از نظر خصوصیات مورفوفیزیولوژیکی و فیزیوشیمیایی مطلوب از جمله روش‌های مناسب در جهت بهبود عملکرد، اصلاح و معرفی ارقام تجاری است که نهایتاً منجر به افزایش تولید گندم خواهد شد (Zali *et al.*, ۲۰۱۵). تنوع ژنتیکی اساس اصلاح نباتات است که از تکامل طبیعی ناشی شده و اجزای مهم پایداری نظام‌های بیولوژیکی می‌باشد. ارزیابی تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی برای برنامه‌های اصلاح‌نباتات کاربرد حیاتی دارد (Gelelcha *et al.*, ۲۰۲۳). آگاهی از تنوع ژنتیکی در گونه‌های گیاهی برای انتخاب نژادهای والدینی در جهت حصول هیبریدهای مناسب و پیش‌بینی بنیه هیبرید به‌ویژه در محصولات گیاهی که هیبرید آن‌ها ارزش تجاری دارند مهم است (Zarkti *et al.*, ۲۰۱۰). روش‌های مختلفی برای برآورد تنوع ژنتیکی در گونه‌های گیاهی وجود دارد. از آنجایی که روش‌های آماری چندمتغیره به‌طور هم‌زمان چندین اندازه‌گیری را مدنظر قرار می‌دهند، لذا در تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی بر پایه داده‌های مورفولوژیکی، بیوشیمیایی و مولکولی کاربرد وسیعی دارند.

متخصصین اصلاح نباتات ارقام و ژنوتیپ‌های مختلف را به‌منظور پی‌بردن به فاصله ژنتیکی بین آن‌ها و استفاده از تنوع موجود در آن‌ها در برنامه‌های تلاقی دسته‌بندی می‌کنند. استفاده از روش‌های تجزیه و تحلیل چندمتغیره برای طبقه‌بندی ژرم‌پلاسما و تجزیه و تحلیل روابط ژنتیکی موجود بین مواد اصلاحی امری الزامی می‌باشد. در بین روش‌های مختلف آنالیز چندمتغیره تجزیه خوشه‌ای، تجزیه مؤلفه‌های اصلی و تجزیه به مختصات اصلی از مهم‌ترین روش‌ها هستند (Mohammadi *et al.*, ۲۰۰۳). تجزیه خوشه‌ای به بررسی روابط خویشاوندی مواد گیاهی می‌پردازد. این روش برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر ژنتیکی، محیطی و تعیین والدین در هیبریداسیون مفید می‌باشد (فراهانی و ارزانی، ۱۳۹۱). هدف از انجام این پژوهش یافتن تشابه و فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و شناسایی بهترین ژنوتیپ‌های گندم بهاره از نظر صفات مورد بررسی به‌منظور استفاده در برنامه‌های به‌نژادی می‌باشد.

## ۲. پیشینه پژوهش

در مطالعه‌ای که بر روی ۳۶ رقم گندم در بررسی تنوع ژنتیکی انجام گرفت، پنج مؤلفه اول ۹۷/۱ درصد تغییرات را توجیه کردند و در نتیجه تجزیه کلاستر ۳۶ ژنوتیپ را در شش گروه تقسیم‌بندی کرد (Khodadadi *et al.*, ۲۰۱۱). در مطالعه‌ای ۴۵۰ ژنوتیپ گندم مورد مطالعه در ۱۷ خوشه مجزا قرار گرفتند (Arzani, ۲۰۰۲). در پژوهشی که بر روی گندم تتراپلوئید صورت گرفت مشخص شد که تمام تنوع موجود در صفات زراعی مورد بررسی نمی‌تواند توسط دو یا سه مؤلفه اول تجزیه مؤلفه‌های اصلی توضیح داده شود (Hailu *et al.*, ۲۰۰۶). در مطالعه‌ای بر روی تنوع ژنتیکی ۲۹۸ رقم بومی گندم با استفاده از ۱۲ صفت کمی مشخص شد که بین زمان خوشه رفتن با رسیدگی

فیزیولوژیکی، ارتفاع گیاه و تعداد سنبلچه در خوشه همبستگی مثبت وجود دارد، اما با عملکرد بیولوژیکی و عملکرد دانه همبستگی منفی وجود دارد (Masood *et al.*, ۲۰۰۵). در بررسی دیگری بر روی ۸۴ رقم بومی گندم سوریه و اندازه‌گیری صفات شمار روز تا سنبل‌دهی، طول و عرض برگ پرچم، ارتفاع بوته، ارتفاع ریشک و سنبلچه، رنگ ریشک و سنبله، شماره سنبلچه در سنبله و چروکیدگی دانه برای توصیف روابط بین گروه‌های مختلف ارقام بومی و نیز روابط بین محل‌های جغرافیایی آن‌ها از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی استفاده شد و سه مؤلفه اصلی توجیه‌کننده ۵۱، ۲۹ و ۲۰ درصد از کل تنوع داده‌ها بود. مؤلفه اول به‌طور مثبتی در ارتباط با روز تا سنبل‌دهی، رنگ و طول ریشک و سنبله بود. در مؤلفه دوم صفات عرض برگ پرچم و شماره سنبلچه در سنبله ضرایب بزرگ‌تری داشتند. در مؤلفه سوم تنها صفت چروکیدگی دانه، بار عاملی زیادی را نشان داد (Kuchaki *et al.*, ۲۰۰۴). در مطالعه‌ای بر روی چهار گروه گندم دوروم و بررسی صفاتی همچون پتانسیل عملکرد، تحمل به تنش خشکی، شماره دانه در سنبله، ارتفاع گیاه، و وزن هزاردانه با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، دو مؤلفه را مشخص ساختند، که مؤلفه اول به‌طور مثبتی در ارتباط با پتانسیل عملکرد و مؤلفه دوم در ارتباط با اجزای عملکرد قرار داشت (Peccitti & Annicchiarri, ۱۹۹۸). در آزمایشی روی ۲۹ رقم گندم زمستانه ۱۰ صفت کمی مطالعه و با استفاده از تجزیه به عامل‌ها توانستند تنوع داده‌ها را به پنج عامل اصلی کاهش دهند. در این آزمایش عامل اول را ارتفاع بوته و عامل دوم را تعداد دانه در سنبله اصلی نامیدند (Xiao & Pei, ۱۹۹۱).

### ۳. روش‌شناسی پژوهش

در این مطالعه، ۳۲ ژنوتیپ گندم نان بهار ارزیابی شدند (جدول ۱). این ژنوتیپ‌ها از کشورهای مختلف جمع‌آوری شده بودند. برخی از این ژنوتیپ‌ها ارقام اصلاح‌شده و برخی دیگر لاین‌های خالص حاصل از توده‌های محلی می‌باشند. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در مزرعه آموزشی-پژوهشی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰ کشت شدند. ژنوتیپ‌های مورد استفاده در این پژوهش از بانک ژن مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی IPK-Gatersleben کشور آلمان، بانک ژن کشور چک، بانک ژن ایکاردا و مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج جمع‌آوری شدند. هر یک از ژنوتیپ‌ها در دو ردیف دو متری با فاصله ۴۰ سانتی‌متر بین خطوط کشت شدند. فاصله بذور روی خط حدود ۳ سانتی‌متر بود. مراقبت‌های زراعی طبق روش‌های مرسوم منطقه انجام شد. در مجموع ۱۲ صفت مربوط به کیفیت دانه و آرد در این مطالعه مورد بررسی قرار گرفتند. این صفات شامل گلوتن دانه، رطوبت دانه، پروتئین دانه، عدد زنی، هکتولیترا، خاکستر، گلوتن ایندکس، فالینگ نامبر، سبوس، عملکرد آرد، گلوتن آرد و پروتئین آرد بود.

تجزیه و تحلیل‌های آماری شامل تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA)<sup>۱</sup>، تجزیه خوشه‌ای و مقایسه میانگین کلاسترها بر روی اطلاعات به‌دست‌آمده از اندازه‌گیری صفات به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها انجام گرفتند. تجزیه خوشه‌ای به روش WARD و با استفاده از میانگین متغیرهای استاندارد شده انجام شد و مربع فاصله اقلیدسی به‌عنوان معیار تشابه مورد استفاده قرار گرفت. به‌منظور مقایسه میانگین گروه‌ها از نظر صفات اندازه‌گیری شده تجزیه واریانس چندمتغیره بر پایه طرح کاملاً تصادفی انجام شد. به‌طوری‌که گروه‌ها به‌عنوان تیمار و ژنوتیپ‌های داخل آن به‌عنوان تکرار در نظر گرفته شدند. تجزیه و تحلیل‌ها با استفاده از نرم‌افزارهای SAS (نسخه ۹،۰) و Excel انجام شد.

۱. Principal Component Analysis

جدول ۱. ژنوتیپ‌های گندم مورد استفاده در آزمایش

ردیف	نام ژنوتیپ (کد)	منشأ	ردیف	نام ژنوتیپ (کد)	منشأ
۱	Heidari	ایران	۱۷	ATRI۲۶۱۴	افغانستان
۲	Mihan	ایران	۱۸	ATRI۲۶۲۶	افغانستان
۳	Torabi	ایران	۱۹	ATRI۲۶۳۲	افغانستان
۴	Roshan	ایران	۲۰	ATRI۲۶۳۵	افغانستان
۵	Kavir	ایران	۲۱	ATRI۲۶۴۸	افغانستان
۶	Pishtaz	ایران	۲۲	ATRI۲۶۵۸	افغانستان
۷	Pishgam	ایران	۲۳	ATRI۲۶۵۹	افغانستان
۸	Sirvan	ایران	۲۴	ATRI۲۶۶۰	افغانستان
۹	ATRI۱۶۰۵۶	عراق	۲۵	ATRI۲۲۲۲	هند
۱۰	ATRI۱۶۰۶۱	عراق	۲۶	ATRI۵۳۰	هند
۱۱	ATRI۱۶۰۶۳	عراق	۲۷	ATRI۵۳۳	هند
۱۲	ATRI۱۶۰۸۴	عراق	۲۸	ATRI۵۴۱	هند
۱۳	ATRI۱۶۰۸۵	عراق	۲۹	ATRI۱۹۰۶	هند
۱۴	ATRI۱۶۰۸۱	عراق	۳۰	ATRI۹۷۱۸	هند
۱۵	ATRI۸۳۶۰	عراق	۳۱	ATRI۹۷۴۹	هند
۱۶	ATRI۱۶۰۵۹	عراق	۳۲	ATRI۹۷۵۶	هند

#### ۴. یافته‌های پژوهش

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با استفاده از ۱۲ صفت برای ۳۲ ژنوتیپ مختلف گندم بهاره انجام شد. مقادیر ویژه، نسبت واریانس توجیه‌شده توسط هر مؤلفه و کل واریانس توجیه‌شده در جدول (۲) درج شده است. براساس تجزیه انجام شده، پنج مؤلفه اول دارای ریشه مشخصه بالاتر از یک بودند. مقادیر ویژه پنج مؤلفه اول به ترتیب ۳/۸، ۲/۷، ۲/۴، ۱/۹ و ۱/۶ بودند. این پنج مؤلفه به ترتیب ۲۳/۴۶، ۲۱/۰۲، ۱۸/۵۶، ۱۴/۲۳ و ۱۱/۷۸ درصد که در مجموع ۸۹/۰۵ درصد از تنوع بین صفات مورد بررسی را تبیین نمودند.

جدول ۲. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای ۳۲ ژنوتیپ گندم مورد مطالعه

مؤلفه	درصد تجمعی واریانس	واریانس نسبی	مقادیر ویژه
۱	۲۳/۴۶	۲۳/۴۶	۳/۸
۲	۴۴/۴۸	۲۱/۰۲	۲/۷
۳	۶۳/۰۴	۱۸/۵۶	۲/۴
۴	۷۷/۲۷	۱۴/۲۳	۱/۹
۵	۸۹/۰۵	۱۱/۷۸	۱/۶

در مؤلفه اول که بیشترین میزان تغییرات را توجیه نمود، صفات گلوتن دانه، رطوبت دانه، پروتئین دانه و عدد زلنی در جهت مثبت و صفات عملکرد آرد و سبوس در جهت منفی بیشترین سهم را در توجیه تنوع داشتند. در مؤلفه دوم بالاترین سهم در توجیه تنوع مربوط به صفات هکتولیترا، خاکستر و گلوتن ایندکس در جهت مثبت و رطوبت دانه، گلوتن دانه، عدد زلنی و پروتئین دانه در جهت منفی بودند. در مؤلفه سوم نیز بیشترین سهم را در توجیه تنوع در جهت مثبت صفات فالینگ نامبر، عملکرد آرد و سبوس و در جهت منفی صفات پروتئین دانه، عدد زلنی و رطوبت دانه داشتند. در مؤلفه چهارم صفات پروتئین آرد، گلوتن آرد، عملکرد سبوس و عدد زلنی بیشترین سهم را در توجیه تنوع داشتند. در مؤلفه پنجم نیز صفات خاکستر، گلوتن دانه و پروتئین دانه در جهت مثبت بیشترین سهم را در توجیه تنوع داشتند (جدول ۳).

جدول ۳. ضرایب صفات مورد بررسی در مؤلفه‌های حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

صفات	مؤلفه اول	مؤلفه دوم	مؤلفه سوم	مؤلفه چهارم	مؤلفه پنجم
گلوتن دانه	۰/۴۶	-۰/۱۱	-۰/۱۴	۰/۱۸	۰/۳۸
رطوبت دانه	۰/۴۳	-۰/۲۱	-۰/۲۸	-۰/۵۰	۰/۱۱
پروتئین دانه	۰/۳۷	-۰/۰۸	-۰/۲۸	-۰/۰۷	۰/۲۵
زنی	۰/۲۸	-۰/۱۳	-۰/۲۸	۰/۱۴	-۰/۱۴
هکتولیترا	۰/۱۲	۰/۴۵	-۰/۰۵	۰/۰۱	-۰/۱۳
خاکستر	۰/۰۷	۰/۴۸	-۰/۰۹	۰/۱۱	۰/۴۱
ایندکس	۰/۲۱	۰/۴۲	۰/۱۴	-۰/۰۹	-۰/۲۶
فالینگ نامبر	-۰/۰۸	-۰/۰۸	-۰/۶۲	-۰/۱۷	۰/۱۶
سبوس	-۰/۱۸	-۰/۱۱	-۰/۴۹	-۰/۴۵	۰/۳۹
عملکرد آرد	-۰/۲۱	-۰/۰۵	-۰/۴۳	۰/۳۱	-۰/۰۲
گلوتن آرد	-۰/۰۹	-۰/۰۳	-۰/۱۲	۰/۵۴	۰/۱۹
پروتئین آرد	-۰/۰۸	-۰/۱۰	-۰/۰۶	۰/۶۳	۰/۰۷

نتایج تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش WARD ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به چهار گروه تقسیم کرد (جدول ۴). در گروه اول ارقام اصلاح شده Heidari، Mihan، Torabi، Roshan، Kavir، Pishgam، Pishtaz و Sirvan که همگی ایرانی بودند قرار گرفتند. در گروه دوم ژنوتیپ‌های مربوط به کشور عراق شامل ATRI۱۶۰۵۶، ATRI۱۶۰۶۱، ATRI۱۶۰۶۳، ATRI۱۶۰۸۴، ATRI۱۶۰۸۵، ATRI۱۶۰۸۱، ATRI۱۸۳۶۰ و ATRI۱۶۰۵۹ قرار گرفتند. در گروه سوم که شامل ژنوتیپ‌های با منشأ افغانستان بود ژنوتیپ‌های ATRI۲۶۱۴، ATRI۲۶۲۶، ATRI۲۶۳۲، ATRI۲۶۳۵، ATRI۲۶۴۸، ATRI۲۶۵۸، ATRI۲۶۵۹ و ATRI۲۶۶۰ قرار گرفتند. گروه چهارم شامل ژنوتیپ‌های متعلق به کشور هند از جمله ATRI۲۲۲۲، ATRI۱۵۳۰، ATRI۱۵۳۳، ATRI۱۵۴۱، ATRI۱۹۰۶، ATRI۱۹۷۱۸، ATRI۱۹۷۴۹ و ATRI۱۹۷۵۶ بود.

جدول ۴. نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های گندم مورد مطالعه به روش WARD

گروه اول	گروه دوم	گروه سوم	گروه چهارم
Heidari	ATRI۱۶۰۵۶	ATRI۲۶۱۴	ATRI۲۲۲۲
Mihan	ATRI۱۶۰۶۱	ATRI۲۶۲۶	ATRI۱۵۳۰
Torabi	ATRI۱۶۰۶۳	ATRI۲۶۳۲	ATRI۱۵۳۳
Roshan	ATRI۱۶۰۸۴	ATRI۲۶۳۵	ATRI۱۵۴۱
Kavir	ATRI۱۶۰۸۵	ATRI۲۶۴۸	ATRI۱۹۰۶
Pishtaz	ATRI۱۶۰۸۱	ATRI۲۶۵۸	ATRI۱۹۷۱۸
Pishgam	ATRI۱۸۳۶۰	ATRI۲۶۵۹	ATRI۱۹۷۴۹
Sirvan	ATRI۱۶۰۵۹	ATRI۲۶۶۰	ATRI۱۹۷۵۶

نتایج مقایسه میانگین بین کلاسترها نیز در جدول (۵) درج شده است. براساس نتایج به دست آمده ارقام موجود در گروه اول که همگی ایرانی بودند، از نظر صفات گلوتن دانه، گلوتن آرد و پروتئین آرد دارای بالاترین مقادیر بودند. گروه دوم که شامل ژنوتیپ‌های کشور عراق بود، از نظر صفات رطوبت دانه و گلوتن ایندکس دارای بالاترین مقادیر و از نظر صفات پروتئین آرد، فالینگ نامبر و هکتولیترا دارای کمترین مقدار بودند. گروه سوم که متعلق به ژنوتیپ‌های کشور افغانستان بود از نظر صفات عدد زنی و عملکرد آرد و سبوس بالاترین مقدار و از نظر گلوتن دانه و رطوبت دانه دارای کمترین مقدار بود. گروه چهارم شامل ژنوتیپ‌های کشور هند از نظر صفات هکتولیترا، خاکستر و فالینگ نامبر دارای

بالاترین و از نظر صفات پروتئین دانه و عدد زنی کم‌ترین مقادیر را داشت.

جدول ۵. مقایسه میانگین بین گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های گندم مورد مطالعه

صفات	گروه اول	گروه دوم	گروه سوم	گروه چهارم
گلوتن دانه	۴۸a	۳۴/۵c	۲۵/۸d	۴۲b
رطوبت دانه	۱۰/۱b	۱۲/۲a	۷/۵d	۸/۹c
پروتئین دانه	۱۷/۲a	۱۴/۳c	۱۵/۹b	۱۱/۵d
زنی	۴۱/۵c	۴۵b	۴۹/۵a	۳۸d
هکتولیتزر	۷۶b	۶۷/۷d	۷۲/۳c	۸۱/۵a
خاکستر	۱/۱۳b	۱/۱۵b	۱/۱b	۱/۵۵a
ایندکس	۷۵d	۹۲a	۸۱c	۸۷b
فالینگ نامبر	۴۷۰c	۴۵۸d	۴۸۵b	۵۰۳a
سبوس	۱۸d	۲۱c	۲۸/۴a	۲۴/۱b
عملکرد آرد	۵۱d	۵۹/۲b	۶۳/۴a	۵۴/۳c
گلوتن آرد	۴۹a	۴۵b	۳۸d	۴۱c
پروتئین آرد	۱۵/۶a	۱۰/۱d	۱۱/۷c	۱۳/۱b

## ۵. بحث

متخصصان به‌نژادی به‌منظور پی‌بردن به فاصله ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف و استفاده از تنوع حداکثر آن‌ها از طریق گزینش والدین براساس گروه‌بندی، از تجزیه خوشه‌ای استفاده می‌کنند (Singh, ۲۰۰۳). در مطالعه‌ای به‌منظور گروه‌بندی ۱۰۲ لاین گندم دوروم از تجزیه خوشه‌ای به‌روش WARD استفاده شد، که در نهایت لاین‌های موردبررسی به چهار گروه تقسیم شدند (Dehghan et al., ۲۰۱۱). در این آزمایش نیز تجزیه خوشه‌ای در نمایان کردن تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های موفق بود و ژنوتیپ‌های موجود در پژوهش در چهار کلاستر مجزا قرار گرفتند. از نظر انتخاب والدین در هر کلاستر، کلاستری ارزش دارد که میانگین بالاتری نسبت به میانگین کل نشان دهد. بنابراین برای تعیین خصوصیات هر گروه مقایسه میانگین بین کلاسترها صورت گرفت و ژنوتیپ‌های گروه اول از نظر صفات گلوتن دانه، گلوتن آرد و پروتئین بالاترین مقادیر را داشتند. بنابراین ارقام موجود در کلاستر اول گزینه مناسبی برای انتخاب به‌عنوان والدین تلاقی برای بهبود صفات یادشده می‌باشند. ژنوتیپ‌های کلاستر دوم که متعلق به کشور عراق می‌باشند از نظر صفات رطوبت دانه و گلوتن ایندکس گزینه مناسبی برای معرفی در برنامه‌های به‌نژادی به‌عنوان والدین تلاقی می‌باشند. از ژنوتیپ‌های کلاستر سوم نیز می‌توان برای بهبود صفات عملکرد آرد، سبوس و عدد زنی استفاده کرد. ژنوتیپ‌های گروه چهارم نیز کاندید مناسبی برای بهبود صفات هکتولیتزر، خاکستر و فالینگ نامبر می‌باشند.

تکنیک تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، از روش‌های تجزیه و تحلیل چندمتغیره برای کاهش تعداد متغیرها به تعداد کمی از شاخص‌ها ابداع شده است. در این روش عدم همبستگی بین شاخص‌ها یک ویژگی مفید است زیرا در این حالت این شاخص‌ها جنبه‌های متفاوتی از داده‌ها را اندازه‌گیری می‌کنند. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی از جمله روش‌های آماری چندمتغیره است که به‌طور گسترده‌ای در برنامه‌های اصلاحی به‌منظور شناسایی تنوع میان واحدهای آزمایشی به‌کار می‌رود (Groppa & Benavides, ۲۰۰۸). در مطالعه‌ای روی لاین‌های گندم نان، در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی سه مؤلفه اصلی اول ۶۰/۸۳ درصد از تنوع ژنتیکی را توجیه کردند و نتایج نشان داد صفاتی مانند ارتفاع بوته، تعداد روز تا گلدهی، رسیدگی و عملکرد دانه صفات اصلی در آزمایش بودند (Khan et al., ۲۰۱۵). در مطالعه‌ای دیگر بر روی ۳۶ ژنوتیپ

گندم براساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، پنج مؤلفه اول بیش از ۹۷ درصد از تنوع ژنتیکی را توجیه نمودند (Khodadadi *et al.*, ۲۰۱۱). در مطالعه‌ای روی لاین‌های گندم نان، در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی سه مؤلفه اصلی اول ۸۳/۶۰ درصد از تنوع ژنتیکی را توجیه کردند. نتایج نشان داد صفاتی مانند ارتفاع بوته، تعداد روز تا گلدهی رسیدگی و عملکرد دانه صفات اصلی در آزمایش بودند (Khan *et al.*, ۲۰۱۵). در آزمایش حاضر نیز پنج مؤلفه اصلی اول به‌خوبی در نمایان کردن تنوع ژنتیکی موفق عمل کرده، به‌طوری‌که ۸۹/۰۵ درصد از تنوع ژنتیکی را توجیه کردند. در مجموع با توجه به نتایج به‌دست‌آمده می‌توان بیان داشت با توجه به این‌که ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر صفات مکمل یکدیگر بودند، در پژوهش‌های آینده با توجه به هدف به‌نژادگران از ژنوتیپ‌های موجود در آزمایش به‌عنوان والدین تلاقی می‌توان استفاده کرد.

### ۶. نتیجه‌گیری و پیشنهادها

با توجه به نتایج به‌دست‌آمده ژنوتیپ‌های مورد مطالعه دارای تنوع ژنتیکی بالایی از نظر صفات بررسی‌شده در این پژوهش می‌باشند. به‌طوری‌که می‌توان از نظر صفات مرتبط با گلوتن از ژنوتیپ‌های گروه اول و از نظر صفت گلوتن ایندکس از ژنوتیپ‌های گروه دوم به‌عنوان والدین تلاقی در پروژه‌های به‌نژادی حاضر و آینده استفاده کرد. از طرفی با توجه به نتایج به‌دست‌آمده تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای به‌عنوان روشی مناسب برای توجیه تنوع در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و سایر ژنوتیپ‌ها پیشنهاد می‌گردد.

### ۷. تشکر و قدردانی

از پرسنل محترم دانشگاه گرگان و دانشگاه قاسم الخضر عراق به جهت همکاری‌های لازم در اجرای این پژوهش، تشکر و قدردانی می‌گردد.

### ۸. تعارض منافع

هیچ‌گونه تعارض منافع توسط نویسندگان وجود ندارد.

### ۹. منابع

فراهانی، الهام و ارزانی، احمد (۱۳۹۱). بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم دوروم با تجزیه و تحلیل آماری چندمتغیره. *مجله تولید گیاهان زراعی*، ۱(۴)، ۵۱-۶۴.

### References

- Arzani, A. (۲۰۰۲). Grain yield performance of durum wheat germplasm under Iranian dry land irrigated field conditions. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, ۳۴, ۹-۱۸.
- Akbarzai, D. K., Singh, V., Yashveer, S., Kumar, M., Dalal, M. S., Mor, V. S., & Devi, S. (۲۰۲۳). Evaluation of Genetic Diversity of Wheat (*Triticum aestivum*) Lines Under Terminal Heat Stress in the Hisar Environment. *Science Letters*, ۱۱(۲), ۵۹-۶۶.
- Dehghan, A., Khodarahmi, M., Majidi Hervean, A., & Paknejad, F. (۲۰۱۱). Genetic variation of morphological and physiological traits in durum wheat lines. *Seed and Plant Improvement Journal*, ۱, ۱۰۳-۱۲۰.
- Farahani, E., & Arzani, A. (۲۰۰۸). Evaluation of genetic variation of durum wheat genotypes using



- multivariate analysis. *Electronic Journal of Crop Production*, ۱, ۵۱-۶۴. (In Persian).
- Gelelcha, F., Kumsa, F., & Kuma, T. (۲۰۲۳). On-farm genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* spp.) in Digalu Tijo District, Arsi zone. Ethiopia. *Heliyon*, ۹(۱), e۱۲۷۷۵.
- Groppa, M., & Benavides, M. (۲۰۰۸). Polyamines and abiotic stress: recent advances. *Amino Acids*, ۳۴(۱), ۳۵-۴۵.
- Hailu, F., Merker, A., Singh, H., Belay, G., & Johansson, E. (۲۰۰۶). Multivariate analysis of diversity of tetraploid wheat germplasm from Ethiopia. *Genetic Resources and Crop Evolution*, ۵۳, ۱۰۸۹-۱۰۹۸.
- Khan, M. A., Anjum, A., Bhat, M. A., Padder, B. A., Mir, Z. A., & Kamaluddin, M. (۲۰۱۵). Multivariate analysis for morphological diversity of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm lines in Kashmir valley. *Journal of Science*, ۵, ۳۷۲-۳۷۶.
- Khodadadi, M., Fotokian, M., & Miransari, M. (۲۰۱۱). Genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes based on cluster and principal component analyses for breeding strategies. *Crop Science*, ۵, ۱۷-۲۴.
- Mohammadi, S.A., & Prasanna, B.M. (۲۰۰۳). Analysis of genetic diversity in crop plants- Salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, ۴۳, ۱۲۳۵-۱۲۴۸.
- Peccitti, A., & Annicchiarri, P. (۱۹۹۸). Agronomic value and plant type of Italian durum wheat cultivars from different eras of breeding. *Euphytica*, ۹۹, ۹-۱۳.
- Solanki, Y. P. S., Phougat, D., & Barpanda, T. (۲۰۲۲). Estimating genetic diversity of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) in different environments. *Electronic Journal of Plant Breeding*, ۱۳(۷), ۳۹۹-۴۰۹.
- Singh, S. K. (۲۰۰۳). Cluster analysis for heterosis in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, ۶۳(۳), ۲۴۹-۲۵۰.
- Ray, D. K., Ramankutty, N., Mueller, N. D., West, P. C., & Foley, J. A. (۲۰۱۲). Recent patterns of crop yield growth and stagnation. *Nature Communications*, ۳(۱), ۱-۷.
- Xiao, H., & Pei, X. (۱۹۹۱). Applying factor analysis method to study winter wheat quantity characters and varieties classification. *Acta Agriculturae Universitatis Pekinensis*, ۱۷, ۱۷-۲۴.
- Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asghari, A., & Hoseini, S. M. (۲۰۱۵). Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method. *Biological Forum-An International Journal*, ۷(۲), ۷۰۳-۷۱۱.