



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

Ali Hadi Almamouri¹ | Mohsen Ebrahimi^{2✉} | Khalil ZeinaliNejad³

1. Department of Agricultural Sciences and Plant Breeding, Aburihan Faculty of Agricultural Technology, University of Tehran, Tehran, Iran. E-mail: ali.hd1987@biotech.uoqasim.edu
2. Corresponding author, Department of Agricultural Sciences and Plant Breeding, Aburihan Faculty of Agricultural Technology, University of Tehran, Tehran, Iran. E-mail: mehrahimi@ut.ac.ir
3. Department of Plant Breeding and Biotechnology, Gorgan University of Agriculture and Natural Resources, Gorgan, Iran. E-mail: zaynalinezhad@gau.ac.ir

Article Info

ABSTRACT

Article type:

Research Article

Article history:

Received

Received in revised form

Accepted

Published online

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.

Methods: In this study, the genetic diversity of 32 spring wheat genotypes cultivated in the Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources in the crop year of 1401-1400 was investigated by measuring 12 kernel and flour quality traits.

Results: The results of analysis of principal components illustrated that the first five components explained a total of 89.05 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.

Keywords:

Cluster analysis

Gluten

Main components

Protein

Cite this article: Author, A. A., Author, B. B., & Author, C. C. (year). Article title. *Journal of Crops Improvement*, 25 (4), 839-845. DOI:



© The Authors.
DOI:

Publisher: The University of Tehran Press.

بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف گندم با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره

علی هادی المعموری^۱ | محسن ابراهیمی^۲ | خلیل زینلی نژاد^۳

۱. گروه علوم زراعی و اصلاح نباتات، دانشکده فناوری کشاورزی (ابوریحان)، دانشگاه تهران، تهران، ایران. رایانامه: 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

۳. گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران. رایانامه: 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 بهاره به منظور استفاده در برنامه‌های به‌نژادی می‌باشد.

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

تاریخ دریافت:

تاریخ بازنگری:

تاریخ پذیرش:

تاریخ انتشار:

یافته‌ها: نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی نشان داد که پنج مولفه 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. بر اساس 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

مولفه‌های اصلی

نتیجه‌گیری: ارقام گندم بهاره مورد مطالعه تنوع ژنتیکی بالایی را از نظر صفات پررسی نشان دادند. به طوری‌که با استفاده از نتایج به دست آمده می‌توان والدین مناسبی بر اساس صفت مورد نظر، برای تلاقی‌های بین ارقام در برنامه‌های اصلاحی آینده انتخاب کرد.

استناد: رشیدی، فاطمه؛ باقری، نادعلی؛ باباییان جلودار، نادعلی و دهستانی کلاگر، علی (۱۴۰۲). ارزیابی عملکرد، اجزای عملکرد و زودرسی در ژنوتیپ‌های شش گونه جنس براسیکا. به‌زراعی کشاورزی، ۲۵ (۴)، ۸۳۹-۸۴۵. DOI: <https://doi.org/10.22059/jci.2022.341495.2698>

۱. مقدمه

گندم نان (*Triticum aestivum* L.) از نظر اهمیت و میزان تولید، اولین غله دنیاست و در کشورهای مختلف جهان، به ویژه کشورهای در حال توسعه به عنوان منبع اصلی تامین کننده کالری و پروتئین انسان شناخته شده است (Akbarzai *et al.*, 2023). 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.*, 2011). گندم گسترده ترین محصول زراعی در جهان از نظر سطح زیر کشت و مصرف می باشد (Solanki *et al.*, 2022). این گیاه غذای اصلی حدود ۳۵ درصد از جمعیت دنیا را تشکیل می‌دهد و به دلیل تامین 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.*, 2012).

با توجه به نقش تنوع ژنتیکی در پیش برد 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.*, 2015) 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 اصلاح نباتات کاربرد حیاتی دارد (Gelelcha *et al.*, 2023). آگاهی از تنوع ژنتیکی در گونه‌های گیاهی برای انتخاب نژادهای والدینی در جهت حصول هیبریدهای مناسب و پیش‌بینی بنیه هیبرید به‌ویژه در محصولاتی که هیبرید آن‌ها ارزش تجاری دارند مهم است (Zarkti *et al.*, 2010). روش‌های مختلفی برای برآورد تنوع ژنتیکی در گونه‌های گیاهی وجود دارد. از آنجایی که روش‌های آماری چند متغیره به طور 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 به منظور پی بردن به فاصله ژنتیکی بین آن‌ها و استفاده از تنوع موجود در آن‌ها در برنامه‌های تلاقی دسته‌بندی می‌کنند. استفاده از روش‌های تجزیه و تحلیل چند متغیره برای طبقه‌بندی ژرم پلاسما و تجزیه و تحلیل روابط ژنتیکی موجود بین مواد اصلاحی امری الزامی می‌باشد. در بین روش‌های مختلف آنالیز چند متغیره تجزیه خوشه‌ای، تجزیه مولفه‌های اصلی و تجزیه به مختصات اصلی از مهم‌ترین روش‌ها هستند (Mohammadi *et al.*, 2003). 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 تحقیق یافتن تشابه و فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و شناسایی بهترین ژنوتیپ‌های گندم بهاره از نظر صفات مورد بررسی به منظور استفاده در برنامه‌های به‌نژادی می‌باشد.

۲. پیشینه پژوهش

در مطالعه‌ای که بر روی ۳۶ رقم گندم در بررسی تنوع ژنتیکی انجام گرفت، پنج مولفه اول ۹۷/۱ درصد تغییرات را توجیه کردند و در نتیجه تجزیه کلاستر ۳۶ ژنوتیپ را در شش گروه تقسیم بندی کرد (Khodadadi *et al.*, 2011). در مطالعه‌ای ۴۵۰ ژنوتیپ گندم مورد مطالعه در ۱۷ خوشه مجزا قرار گرفتند (Arzani, 2002). در تحقیقی که بر روی گندم تتراپلوئید صورت گرفت مشخص شد که تمام تنوع موجود در صفات زراعی مورد بررسی نمی‌تواند توسط دو یا سه مولفه اول تجزیه مولفه‌های اصلی توضیح داده شود (Hailu *et al.*, 2006). 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، ولی با عملکرد بیولوژیکی و عملکرد دانه همبستگی منفی وجود دارد (Masood *et al.*, 2005). در بررسی دیگری بر روی ۸۴ رقم بومی گندم سوریه و اندازه‌گیری صفات شمار روز تا سنبل دهی، 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 مولفه‌های اصلی استفاده شد و سه مولفه اصلی توجیه‌کننده ۵۱، ۲۹ و ۲۰ درصد از کل تنوع داده‌ها بود. مولفه اول به طور مثبتی در ارتباط با روز تا سنبل دهی، رنگ و طول ریشک و سنبله بود. در مولفه دوم صفات عرض برگ پرچم و شماره سنبلچه در سنبله ضرایب بزرگتری داشتند. در مولفه سوم تنها صفت چروکیدگی دانه، بار عاملی زیادی را نشان داد (Kuchaki *et al.*, 2004). 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 مولفه‌های اصلی، دو مولفه را مشخص ساختند، که مولفه اول به طور مثبتی در ارتباط با پتانسیل عملکرد و مولفه دوم در ارتباط با اجزای عملکرد قرار داشت (Peccitti & Annicchiarri, 1998). 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, 1991).

۳. روش شناسی پژوهش

در این مطالعه، ۳۲ ژنوتیپ گندم نان بهار ارزیابی شدند (جدول ۱). این ژنوتیپ‌ها از کشورهای مختلف جمع آوری شده بودند. برخی از این ژنوتیپ‌ها ارقام اصلاح شده 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 تحقیق از بانک ژن موسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی IPK-Gatersleben کشور آلمان، بانک ژن کشور چک، بانک ژن ایکاردا و موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج جمع آوری شدند. هر یک از ژنوتیپ‌ها در دو ردیف دو متری با فاصله ۴۰ سانتی‌متر بین خطوط کشت شدند. فاصله بذور روی خط حدود سه 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، هکتولیت، خاکستر، گلوتن ایندکس، فالینگ نامبر، سبوس، عملکرد آرد، گلوتن آرد و پروتئین آرد بود.

جدول ۱. ژنوتیپ‌های گندم مورد استفاده در آزمایش

| ردیف | نام ژنوتیپ (کد) | منشا | ردیف | نام ژنوتیپ (کد) | منشا |
|------|-----------------|-------|------|-----------------|-----------|
| ۱ | Heidari | ایران | ۱۷ | ATRI2614 | افغانستان |
| ۲ | Mihan | ایران | ۱۸ | ATRI2626 | افغانستان |
| ۳ | Torabi | ایران | ۱۹ | ATRI2632 | افغانستان |
| ۴ | Roshan | ایران | ۲۰ | ATRI2635 | افغانستان |
| ۵ | Kavir | ایران | ۲۱ | ATRI2648 | افغانستان |
| ۶ | Pishtaz | ایران | ۲۲ | ATRI2658 | افغانستان |
| ۷ | Pishgam | ایران | ۲۳ | ATRI2659 | افغانستان |
| ۸ | Sirvan | ایران | ۲۴ | ATRI2660 | افغانستان |

| | | | | | |
|-----|----------|----|------|-----------|----|
| هند | ATRI2222 | ۲۵ | عراق | ATRI16056 | ۹ |
| هند | ATRI530 | ۲۶ | عراق | ATRI16061 | ۱۰ |
| هند | ATRI533 | ۲۷ | عراق | ATRI16063 | ۱۱ |
| هند | ATRI541 | ۲۸ | عراق | ATRI16084 | ۱۲ |
| هند | ATRI1906 | ۲۹ | عراق | ATRI16085 | ۱۳ |
| هند | ATRI9718 | ۳۰ | عراق | ATRI16081 | ۱۴ |
| هند | ATRI9749 | ۳۱ | عراق | ATRI8360 | ۱۵ |
| هند | ATRI9756 | ۳۲ | عراق | ATRI16059 | ۱۶ |

تجزیه و تحلیل‌های آماری شامل تجزیه به مولفه‌های اصلی (PCA^۱)، تجزیه خوشه‌ای و مقایسه میانگین کلاسترها بر روی اطلاعات به دست آمده از اندازه‌گیری صفات به منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها انجام گرفتند. تجزیه خوشه‌ای به روش WARD و با استفاده از میانگین متغیرهای استاندارد شده انجام شد و مربع فاصله اقلیدسی به عنوان معیار تشابه مورد استفاده قرار گرفت. به منظور مقایسه میانگین گروه‌ها از نظر صفات اندازه‌گیری شده تجزیه واریانس چند متغیره بر پایه طرح کاملاً تصادفی انجام شد. به طوریکه گروه‌ها به عنوان تیمار و ژنوتیپ‌های داخل آن به عنوان تکرار در نظر گرفته شدند. تجزیه و تحلیل‌ها با استفاده از نرم افزارهای SAS (نسخه ۹.۰) و Excel انجام شد.

۴. یافته‌های پژوهش

تجزیه به مولفه‌های اصلی با استفاده از ۱۲ صفت برای ۳۲ ژنوتیپ مختلف گندم بهاره انجام شد. مقادیر ویژه، نسبت واریانس توجیه شده توسط هر مولفه و کل واریانس توجیه شده در جدول ۲ درج شده است. بر اساس تجزیه انجام شده، پنج مولفه اول دارای ریشه مشخصه بالاتر از یک بودند. مقادیر ویژه پنج مولفه اول به ترتیب ۳/۸، ۲/۷، ۲/۴، ۱/۹ و ۱/۶ بودند. این پنج مولفه 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 مولفه‌های اصلی برای ۳۲ ژنوتیپ گندم مورد مطالعه

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

¹ Principal Component Analysis

در مولفه اول که بیشترین میزان تغییرات را توجیه نمود، صفات گلوتن دانه، رطوبت دانه، پروتئین دانه و عدد زنی در جهت مثبت و صفات عملکرد آرد و سبوس در جهت منفی بیشترین سهم را در توجیه تنوع داشتند. در مولفه دوم بالاترین سهم در توجیه تنوع مربوط به صفات هکتولیترا، خاکستر و گلوتن ایندکس در جهت مثبت و رطوبت دانه، گلوتن دانه، عدد زنی و پروتئین دانه در جهت منفی بودند. در مولفه 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 زنی و رطوبت دانه داشتند. در مولفه چهارم صفات پروتئین آرد، گلوتن آرد، عملکرد سبوس و عدد زنی بیشترین سهم را در توجیه تنوع داشتند. در مولفه 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 مولفه‌های حاصل از تجزیه به مولفه‌های اصلی

| صفات | مولفه اول | مولفه دوم | مولفه سوم | مولفه چهارم | مولفه 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 ATRI16056، ATRI16061، ATRI16063، ATRI16084، ATRI16085، ATRI16081، ATRI8360 و ATRI16059 قرار گرفتند. در گروه سوم که شامل ژنوتیپ‌های با منشا افغانستان بود ژنوتیپ‌های ATRI2614، ATRI2626، ATRI2632، ATRI2635، ATRI2648، ATRI2658، ATRI2659 و ATRI2660 قرار گرفتند. گروه چهارم شامل ژنوتیپ‌های متعلق به کشور هند از جمله ATRI2222، ATRI530، ATRI533، ATRI541، ATRI1906، ATRI9718، ATRI9749 و ATRI9756 بود.

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

| گروه اول | گروه دوم | گروه سوم | گروه چهارم |
|----------|-----------|----------|------------|
| Heidari | ATRI16056 | ATRI2614 | ATRI2222 |
| Mihan | ATRI16061 | ATRI2626 | ATRI530 |
| Torabi | ATRI16063 | ATRI2632 | ATRI533 |
| Roshan | ATRI16084 | ATRI2635 | ATRI541 |
| Kavir | ATRI16085 | ATRI2648 | ATRI1906 |
| Pishtaz | ATRI16081 | ATRI2658 | ATRI9718 |
| Pishgam | ATRI8360 | ATRI2659 | ATRI9749 |
| Sirvan | ATRI16059 | ATRI2660 | ATRI9756 |

نتایج مقایسه میانگین بین کلاسترها نیز در جدول ۵ درج شده است. بر اساس 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 |
| هکتولیترا | 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 به منظور پی بردن به فاصله ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف و استفاده از تنوع حداکثر آن‌ها از طریق گزینش والدین بر اساس گروه‌بندی، از تجزیه خوشه‌ای استفاده می‌کنند (Singh, 2003). در مطالعه‌ای به منظور گروه‌بندی ۱۰۲ لاین گندم دوروم از تجزیه خوشه‌ای به روش WARD استفاده شد، که در نهایت لاین‌های مورد بررسی به چهار گروه تقسیم شدند (Dehghan *et al.*, 2011). در این آزمایش نیز تجزیه خوشه‌ای در نمایان کردن تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های موفق بود و ژنوتیپ‌های موجود در تحقیق 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 به عنوان والدین تلاقی برای بهبود صفات یاد شده 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 به عنوان 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 هکتولیت، خاکستر و فالینگ نامبر می‌باشند.

تکنیک تجزیه به مولفه‌های اصلی، از روش‌های تجزیه و تحلیل چند متغیره 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 مولفه‌های اصلی از جمله روش‌های آماری چند متغیره است که به طور گسترده‌ای در برنامه‌های اصلاحی به منظور شناسایی تنوع میان واحدهای آزمایشی به کار می‌رود (Groppa & Benavides, 2008). در مطالعه‌ای روی لاین‌های گندم نان، در تجزیه به مولفه‌های اصلی سه مولفه 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.*, 2015). در مطالعه‌ای دیگر بر روی ۳۶ ژنوتیپ گندم بر اساس تجزیه به مولفه‌های اصلی، پنج مولفه اول بیش از ۹۷ درصد از تنوع ژنتیکی را توجیه نمودند (Khodadadi *et al.*, 2011). در مطالعه‌ای روی لاین‌های گندم نان، در تجزیه به مولفه‌های اصلی سه مولفه 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.*, 2015). در آزمایش حاضر نیز پنج مولفه اصلی اول به خوبی در نمایان کردن تنوع ژنتیکی موفق عمل کرده، به طوریکه ۸۹/۰۵ درصد از تنوع ژنتیکی را توجیه کردند. در مجموع با توجه به نتایج به‌دست آمده می‌توان بیان داشت با توجه به اینکه ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر صفات مکمل یکدیگر بودند، در تحقیقات آینده با توجه به هدف به‌نژادگران از ژنوتیپ‌های موجود در آزمایش به عنوان والدین تلاقی می‌توان استفاده کرد.

۶. نتیجه‌گیری و پیشنهادها

با توجه به نتایج به دست آمده ژنوتیپ های مورد مطالعه دارای تنوع ژنتیکی بالایی از نظر صفات بررسی شده در این تحقیق می باشند. به طوریکه می توان از نظر صفات مرتبط با گلوتن از ژنوتیپ های گروه اول و از نظر صفت گلوتن ایندکس از ژنوتیپ های گروه دوم به عنوان والدین تلاقی در پروژه های به نژادی حاضر و آینده استفاده کرد. از طرفی با توجه به نتایج به دست آمده تجزیه به مولفه های اصلی و تجزیه خوشه ای به عنوان روشی مناسب برای توجیه تنوع در ژنوتیپ های مورد مطالعه و سایر ژنوتیپ ها پیشنهاد می گردد.

۷. تشکر و قدردانی

از پرسنل محترم دانشگاه گرگان و دانشگاه قاسم الخضرا عراق به جهت همکاری های لازم در اجرای این پژوهش، تشکر و قدردانی می گردد.

۸. تعارض منافع

هیچگونه تعارض منافع توسط نویسندگان وجود ندارد.

۹. منابع

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

References

- Arzani, A. (2002). Grain yield performance of durum wheat germplasm under Iranian dry land irrigated field conditions. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, 34, 9-18.
- Akbarzai, D. K., Singh, V., Yashveer, S., Kumar, M., Dalal, M. S., Mor, V. S., & Devi, S. (2023). Evaluation of Genetic Diversity of Wheat (*Triticum aestivum*) Lines Under Terminal Heat Stress in the Hisar Environment. *Science Letters*, 11(2), 59-66.
- Dehghan, A., Khodarahmi, M., Majidi Hervan, A., & Paknejad, F. (2011). Genetic variation of morphological and physiological traits in durum wheat lines. *Seed and Plant Improvement Journal*, 1, 103-120.
- Farahani, E., & Arzani, A. (2008). Evaluation of genetic variation of durum wheat genotypes using multivariate analysis. *Electronic Journal of Crop Production*, 1, 51-64. (In Persian).
- Gelelcha, F., Kumsa, F., & Kuma, T. (2023). On-farm genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* spp.) in Digalu Tijo District, Arsi zone. Ethiopia. *Heliyon*, 9(1), e12775.
- Groppa, M., & Benavides, M. (2008). Polyamines and abiotic stress: recent advances. *Amino Acids*, 34(1), 35-45.
- Hailu, F., Merker, A., Singh, H., Belay, G., & Johansson, E. (2006). Multivariate analysis of diversity of tetraploid wheat germplasm from Ethiopia. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53, 1089-1098.
- Khan, M. A., Anjum, A., Bhat, M. A., Padder, B. A., Mir, Z. A., & Kamaluddin, M. (2015). Multivariate analysis for morphological diversity of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm lines in Kashmir valley. *Journal of Science*, 5, 372-376.

- Khodadadi, M., Fotokian, M., & Miransari, M. (2011). Genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes based on cluster and principal component analyses for breeding strategies. *Crop Science*, 5, 17-24.
- Mohammadi, S.A. and Prasanna, B.M. (2003). Analysis of genetic diversity in crop plants- Salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, 43, 1235-1248.
- Peccitti, A., & Annicchiarri, P. (1998). Agronomic value and plant type of Italian durum wheat cultivars from different eras of breeding. *Euphytica*, 99, 9-13.
- Solanki, Y. P. S., Phougat, D., & Barpanda, T. (2022). Estimating genetic diversity of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) in different environments. *Electronic Journal of Plant Breeding*, 13(7), 399-409.
- Singh, S. K. (2003). Cluster analysis for heterosis in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 63(3), 249-250.
- Ray, D. K., Ramankutty, N., Mueller, N. D., West, P. C., & Foley, J. A., (2012). Recent patterns of crop yield growth and stagnation. *Nature Communications*, 3(1),1-7.
- Xiao, H. & Pei, X. (1991). Applying factor analysis method to study winter wheat quantity characters and varieties classification. *Acta Agriculturae Universitatis Pekinensis*, 17, 17-24.
- Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asghari, A., & Hoseini, S. M. (2015). 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*, 7(2), 703-711.