Research Article

Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research DOI: 10.22092/IJRFPBGR.2024.362940.1443

Vol. 31, No. 2, Page 305-321 (2024)

Investigating on the agro-morphological traits variation of wild Einkorn wheat ancestors collected from the western rangelands of Iran

Saeed Mahdavian[1], Leila Zarei*[2], Kianoosh Chegamirza[3], Sohbat Behraminejad[4]

1- M.Sc. graduate, Dept. Plant Production and Genetics, Razi University, Kermanshah, I.R. Iran
2*- Corresponding author, Assist. Prof., Dep. Plant Production and Genetics, Razi University, Kermanshah, I.R. Iran
Email: lzarei1360@yahoo.com
3- Assoc. Prof., Dept. Plant Production and Genetics, Razi University, Kermanshah, I.R. Iran
4- Prof., Dept. Plant Production and Genetics, Razi University, Kermanshah, I.R. Iran

Received: 17.07.2023 Accepted: 09.02.2024

Abstract

Background and objectives:

Wild wheat species are rich sources of valuable genes, including resistance to various stresses such as drought and salt stress. Wild species influence livestock feeding by producing green fodder, preventing soil erosion and sustaining pasture production. In recent years, due to the conversion of pastures into rain-fed lands and excessive animal grazing, the amount of these valuable reserves has decreased, and considering their importance, genetic preservation and its scientific and correct application have contributed significantly to the restoration of pastures and increased fodder production. This study was conducted to investigate the diversity of Einkorn wheat in the western rangelands of Iran as the center of origin and diversity of wheat ancestors for use in breeding programs and fodder production.

Materials and methods:

In order to investigate the phenotypic diversity of einkorn wheat in terms of agromorphological characteristics, 93 einkorn genotypes from 16 populations were collected from Kermanshah, Ilam and Kurdistan provinces, along with four varieties of bread wheat and three varieties of durum wheat using an alpha lattice design in two replications over two cropping years using the Best Linear Unbiased Predictor (BLUP).

The studied traits include kernel yield, biological yield, number of spikes per m2, spike weight, a thousand seed weight, spike length, peduncle length, number of seeds per spike, spike length and plant height. All multivariate analyses were performed using BLUPs.

Findings:

The results of the combined analysis of variance showed significant differences among genotypes in terms of all the measured traits. The broad sense heritability was high in the studied traits (except spike length and number of seeds per spike). The study of genetic correlation between traits showed a positive and significant correlation between kernel yield and biological yield, spike weight, spike length and the number of seeds per spike. Number of seeds per spike had high heritability in both years. The highest genetic coefficient of variation was observed in the number of seeds per spike and the lowest in the thousand kernel weight. Cluster analysis using agromorphological data placed the genotypes in six groups**,** which did not agree with the genotypes' geographical origin. However, bread and durum wheat were placed in separate groups. Among the Einkorn wheat samples, the genotypes in group 4 had the highest biological yield**,** spike number, spike weight, plant height,

Copyright: © 2024 by the authors. Published by Research Institute of Forests and Rangelands (http://ijrfpbgr.areeo.ac.ir//) .This article is an open-access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution 4.0 International (CC BY 4.0),(http://creativecommons.org/licenses/by/4.0)

peduncle length and grain yield. The principal component analysis (PCA) results showed that the first three components explained 85.47% of the total variation. Bi-plot analysis groped einkorn genotypes in three groups. Three bread wheat varieties (Karim, Kohdasht, and Urum) were placed in the fourth group and three durum wheat varieties (Behrang, Shebarang, and Dehdasht) and one bread wheat variety (Azar-2) in the fifth group. The results of grouping by bi-plot of PCA were consistent with the results of cluster analysis.

Conclusion:

The results indicated a high diversity of einkorn genotypes for agro-morphological traits. The high broad sense heritability in the studied traits (except spike length and the number of seeds per spike) indicated that phenotypic selection for these traits could be the most crucial breeding strategy in Eincorn wheat. The results of means comparison for most of the examined traits showed the superiority of bread and durum wheat cultivars. Regarding most of the traits, the genotypes collected from Kamiyaran-Sanandaj were superior, and genotype number 29, with the same origin, showed favorable agro-morphological traits, which were recommended for use in wheat breeding programs.

Keywords: Agro-morphological traits, Alpha Lattice, Broad sense heritability, Genetic correlation, Wild wheat.

بررسی تنوع صفات آگرومورفولوژیک اجداد وحشی گندم اینکورن (Einkorn) جمع‌آوری شده از مراتع غرب ایران

سعید مهدویان[۱]، لیلا زارعی*[۲]، کیانوش چقامیرزا[۳] و صحبت بهرامی‌نژاد[۴]

۱- کارشناسی ارشد، بیوتکنولوژی کشاورزی، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشگاه رازی، کرمانشاه

۲*- نویسنده مسئول، استادیار، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشگاه رازی، کرمانشاه. پست الکترونیک: lzarei1360@yahoo.com

۳- دانشیار، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشگاه رازی، کرمانشاه

۴- استاد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشگاه رازی، کرمانشاه

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۴/۲۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۱۰/۲۰

چکیده

سابقه و هدف

گندم‌های وحشی منبع غنی از ژن‌های مفید ازجمله مقاومت به انواع تنش‌ها مانند تنش خشکی و شوری هستند. گندمیان وحشی با تولید علوفه سبز نقش مؤثری در تعلیف دام، جلوگیری از فرسایش خاک و پایداری در تولید مرتع دارند. در سال‌های اخیر به‌علت تبدیل مراتع به اراضی دیم و چرای بیش از حد دام مقدار این ذخایر ارزشمند کاهش یافته و با توجه به اهمیت آنها، حفاظت ژنتیکی و کاربرد علمی و صحیح آنها علاوه بر استفاده در برنامه‌های اصلاحی گندم، کمک زیادی به احیاء مراتع و افزایش تولید علوفه کشور می‌کند. این مطالعه با هدف بررسی تنوع گندم اینکورن در مراتع غرب ایران به عنوان مرکز پیدایش و تنوع اجداد وحشی گندم برای استفاده از این منابع ژنتیکی در برنامه‌های اصلاحی گندم انجام شد.

مواد و روش‌ها

به منظور بررسی تنوع فنوتیپی گندم اینکورن از نظر ویژگی‌های آگرومورفولوژیک، ۹۳ ژنوتیپ اینکورن از ۱۶ جمعیت جمع‌آوری شده از استان‌های کرمانشاه، ایلام و کردستان به همراه چهار رقم گندم نان و سه رقم گندم دوروم در قالب طرح آلفا لاتیس در دو تکرار و در دو سال توسط محاسبه بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (Best Linear Unbiased Predictor: BLUP) ارزیابی شدند. صفات مورد مطالعه شامل عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، تعداد سنبله، وزن هزاردانه، طول سنبله، ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول ریشک و تعداد دانه در سنبله بود. کلیه تجزیه‌های چندمتغیره با استفاده از روش BLUP انجام شد.

یافته‌ها

نتایج تجزیه واریانس صفات نشان داد که بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از لحاظ تمامی صفات اندازه‌گیری شده تفاوت معنی‌دار وجود داشت. میزان بالای وراثت‌پذیری عمومی در صفات مورد بررسی (به‌جز طول سنبله و تعداد دانه در سنبله) بالا بود. بررسی همبستگی ژنتیکی بین صفات نشان داد که بین عملکرد دانه با عملکرد بیولوژیک، وزن سنبله، طول سنبله و تعداد دانه در سنبله همبستگی مثبت و معنی‌دار وجود داشت. صفت تعداد دانه در سنبله در هر دو سال مورد بررسی از وراثت‌پذیری بالایی برخوردار بود. بیشترین میزان ضریب تنوع ژنتیکی در صفت تعداد دانه در سنبله و کمترین در صفت وزن هزار دانه مشاهده شد. تجزیه خوشه‌ای با استفاده از داده‌های آگرومورفولوژیک ژنوتیپ‌ها را در شش گروه قرار داد که با منشأ جغرافیایی ژنوتیپ-ها تطابق زیادی نشان نداد ولی گندم‌های نان و دوروم در گروه‌های جداگانه قرار گرفتند. از بین نمونه‌های گندم اینکورن، ژنوتیپ‌های موجود در گروه

۴ دارای بیشترین میانگین برای صفات عملکرد بیولوژیک، وزن سنبله، تعداد سنبله، وزن هزار دانه، طول ریشک، عملکرد دانه، ارتفاع بوته و طول پدانکل بودند. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که سه مؤلفه اول در مجموع ۸۵/۴۷ درصد تغییرات کل داده‌ها را توجیه کردند. بای‌پلات حاصل، ژنوتیپ‌های اینکورن مورد مطالعه را در سه گروه و سه رقم گندم نان کریم، کوهدشت و اوروم و در گروه چهارم، سه رقم گندم دوروم بهرنگ، شبرنگ و دهدشت و رقم گندم نان آذر – ۲ با بیشترین مقادیر صفات آگرومورفولوژیک در گروه پنجم قرار داد. نتایج گروه‌بندی به روش تجزیه به مؤلفه های اصلی تا حد زیادی با نتایج تجزیه خوشه‌ای مطابقت داشت.

نتیجه‌گیری:

نتایج حکایت از تنوع بالای ژنوتیپ‌های اینکورن از لحاظ صفات آگرومورفولوژیک داشت. میزان بالای وراثت‌پذیری عمومی صفات مورد بررسی بیانگر این بود که گزینش فنوتیپی برای این صفات می‌تواند مهمترین راهبرد اصلاحی در گندم اینکورن باشد. نتایج مقایسه میانگین برای بیشتر صفات مورد بررسی بیانگر برتری کامل ارقام گندم نان و دوروم بود؛ در مورد بیشتر صفات، ژنوتیپ‌های جمع‌آوری شده از کامیاران–سنندج دارای برتری بودند و ژنوتیپ ۲۹ با همین منشأ صفات آگرومورفولوژیک مطلوبی نشان داد که به‌منظور استفاده در برنامه‌های به‌نژادی گندم توصیه می‌گردد.

واژه‌های کلیدی: آلفا لاتیس، صفات آگرومورفولوژیک، گندم وحشی، وراثت‌پذیری عمومی، همبستگی ژنتیکی

مقدمه

اولین کشت گندم حدود ۱۰،۰۰۰ سال پیش در زمان انقلاب نوسنگی رخ داد و اولین گونه‌های کشت شده گندم دیپلوئید (Einkorn) دارای ژنوم (AA) و گندم تتراپلوئید (Emmer) دارای ژنوم (AABB) بودند و روابط ژنتیکی آنها نشان می‌دهد که منشأ آنها از قسمت جنوب‌شرقی ترکیه است (Heun *et al*., 1997; Nesbitt, 1998; Dubcovsky & Dvorak, 2007). گندم‌های اینکورن دارای سطح کروموزومی 2n=2x=14 و ژنوم AA و دربرگیرنده سه گونه *Triticum monococum*، *T. boeoticum* و *T. urartu* هستند. گونه *T. monococcum* نخستین گندم دیپلوئید اهلی است که از *T. boeoticum* تکامل یافته است و به همراه *T. urartu* یک والد دهنده ژنوم A به گندم‌های زراعی هگزاپلوئید و دوروم محسوب می‌شود. این گونه‌های گندم، منابع ژنتیکی ارزشمندی برای اصلاح گندم‌های زراعی به‌شمار می‌آیند؛ بنابراین استفاده از این ذخایر برای اصلاح ارقام مدرن یکی از الزامات اساسی در برنامه‌های به‌نژادی است (Poursiahbidi *et al*., 2020). تنوع ژنتیکی بالای جنس *Triticum* موجب شده است این جنس به عنوان اجداد گندم اطلاعات زیادی برای استفاده از منابع ژنتیکی در برنامه اصلاحی در اختیار اصلاحگران قرار دهد. جنس *Triticum* به عنوان یکی از ذخایر مهم در مقاومت به تنش‌های زیستی و غیرزیستی می‌باشد (Wang & Huang., 2004).

بررسی ساختار و میزان تنوع ژنتیکی در ذخایر توارثی گیاهی، یکی از گام‌های اولیه در بیشتر برنامه‌های اصلاح نباتات محسوب می‌شود و اطلاع از سطح تنوع موجود در ژرم‌پلاسم و خزانه‌های ژنتیکی می‌تواند برای تشخیص تکرارها در بانک‌های ژنی، غنی‌سازی ذخایر ژنتیکی از طریق انتقال ژن‌های مطلوب و شناسایی ژن‌های مناسب به‌کار رود. از این‌رو، می‌توان بیان کرد که خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی به‌طور فزاینده به‌عنوان یک منبع مهم برای بهبود تولید گیاهان و حفظ پایدار اکوسیستم‌های زراعی محسوب می‌شوند (Pour-Aboughadareh *et al*., 2016). آگاهی از تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم‌ها معیاری مناسب برای استفاده از آنها در شناسایی و انتقال ژنها در بهبود گیاهان زراعی می‌باشد. ازجمله روش‌های تعیین تنوع ژنتیکی می‌توان ثبت شجره، خصوصیات مورفولوژیکی، زراعی و نشانگرهای مولکولی را نام برد (Cox *et al*., 1985). با توجه به اینکه گندم از نظر اقتصادی و راهبردی بسیار محصول مهمی می‌باشد، آگاهی از روابط

ژنتیکی و تنوع ژنتیکی این گیاه و پیش‌بینی آن در ژرم‌پلاسم گندم توسط اصلاحگران بسیار موضوع مهمی است (Vahdani Kia *et al*., 2021).

گندم اینکورن (*T.monococcum*)از اوایل قرن گذشته به دلیل تحمل و سازگاری با مناطق خشک و شرایط آب و هوایی نامطلوب مورد توجه قرار گرفته است. کشت این گیاه تا اواخر سال ۱۹۸۰ به میزان بسیار اندک در مناطق اطراف مدیترانه (ترکیه، سوریه، لبنان، عراق، ایران، آلبانی، بلغارستان، یونان و ایتالیا) گزارش شده است (Zohary & Hopf, 2000). تنوع ژنتیکی گندم اینکورن برای انواع گونه‌های مهم گندم مانند گندم‌های دیپلوئیدی و گندم نان و گندم ماکارونی دارای اهمیت بالایی است و اصلاحگران از این ژرم‌پلاسم‌ها برای مقاومت به عوامل زیستی و غیرزیستی استفاده می‌کنند (Zommita & Zencirci, 2022).

وجود تنوع ژنتیکی بالای صفات فیزیولوژیک و مورفولوژیک در جمعیت‌های مختلف، همبستگی آنها با عملکرد دانه و وراثت‌پذیری بالا سبب می‌شود که بتوان از آنها به‌عنوان شاخص‌های گزینش در کنار روش‌های نوین مولکولی در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر استفاده کرد. آگاهی از وضعیت دقیق جمعیت‌های وحشی گندم در ایران از اولویت بالایی در بین محققان علاقه‌مند برخوردار بوده‌است (Razavi & Sadeghi, 2019). به‌طوری‌که در گذشته نیز نواحی غرب ایران به عنوان یکی از بزرگترین مخازن ژنی گندم و یکی از مراکز اصلی پیدایش و اهلی شدن گونه وحشی *T. urartu* و *T.boeoticum* شناخته شده‌اند(Kimber & Feldman, 1987) ، از این‌رو سطح بالایی از تنوع ژنتیکی بین و درون گونه‌های خویشاوند موجود در این نواحی وجود دارد که از ارزشمندترین منابع طبیعی و جزو ثروت ملی محسوب می‌شوند. گندم-های وحشی منبع غنی از ژن‌های کیفیت، مقاومت به آفات و بیماری‌های مربوط به پاتوژن و حشرات و تعدادی ژن مقاومت به انواع تنش‌ها مانند خشکی و شوری هستند، بنابراین استفاده از ذخایر برای اصلاح ارقام مدرن یکی از الزامات اساسی در برنامه‌های به‌نژادی است.

گندم‌های وحشی علاوه بر دارا بودن منابع غنی ژرم‌پلاسمی که از آنها برای توسعه و اصلاح گندم استفاده می‌شود، دارای صفات ارزشمند مقاومت در برابر آفات و بیماری‌ها و تحمل به تنش‌های غیرزیستی است. مراتع غرب ایران مرکز پیدایش و تنوع بسیاری از اجداد وحشی گندم به‌شمار می‌رود و بررسی تنوع ژنتیکی آنها می‌تواند اطلاعات زیادی برای استفاده از این منابع ژنتیکی در برنامه‌های اصلاحی دراختیار اصلاحگران قرار دهد. بنابراین، این مطالعه به‌منظور شناسایی تنوع ژنتیکی صفات زراعی و مورفولوژیک در گندم‌های اینکورن غرب کشور با هدف استفاده در برنامه‌های اصلاحی گندم انجام شد.

مواد و روش‌ها

این تحقیق به منظور بررسی تنوع ژنتیکی گندم اینکورن از نظر ویژگی‌های آگرومورفولوژیک انجام شد. آزمایش در سال‌های زراعی ۹۹-۱۳۹۸ و ۱۴۰۰-۱۳۹۹ در شرایط دیم در مزرعه تحقیقاتی و آزمایشگاه زراعت گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی در پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه رازی کرمانشاه اجرا گردید. طول جغرافیایی محل آزمایش ۴۷ درجه و ۹ دقیقه شرقی، عرض جغرافیایی آن ۳۴ درجه و ۲۰ دقیقه شمالی و ارتفاع از سطح دریا ۱۳۱۹ متر، بارندگی در سال اول ۴۴۱/۹ میلی‌متر و در سال دوم ۴۳۵ میلی‌متر و بافت خاک لومی رسی بود.

مواد گیاهی

ژنوتیپ‌های مورد مطالعه شامل ۹۳ ژنوتیپ گندم اینکورن از ۱۶ جمعیت جمع‌آوری شده از مراتع استان‌های کرمانشاه، ایلام و کردستان (Poursiahbidi *et al*., 2020) به همراه چهار رقم گندم نان (اوروم، آذر ۲، کریم و کوهدشت مادری) و سه رقم گندم دوروم (بهرنگ، شبرنگ و دهدشت) (در مجموع هفت رقم گندم نان و دوروم) بود. مشخصات محل و

نام جمعیت مورد استفاده در این پژوهش در جدول ۱ ذکر شده است.

جدول ۱- مشخصات جمعیت‌های گندم‌های اینکورن

Table 1. Characteristics of einkorn wheat populations

Population	Sample code	Longitude	Latitude	Height	Province	Location
A	4	33°54.949N	46°22.674E	1310	Ilam	Shirvan Chardavol
C	3	33°42.655N	46°31.557E	1258	Ilam	Shirvan Chardavol
D	3	33°50.076N	46°43.740E	1245	Kermanshah	Kermanshah- 45Km to Islam Abbad
E	4	34°15.106N	46°42.917E	1354	Kermanshah	Islam Abbad road
F	5	34°43.336N	46°53.475E	1408	Kurdistan	Kamiaran
G	8	34°59434N	46°57.863E	1381	Kurdistan	Kamiaran-Sannandaj road
H	8	34°46.987N	46°47.233E	1591	Kermanshah	Ravansar- Kamiaran road
I	6	33°56.434N	46°16.993E	1193	Ilam	Shirvan Chardavol
J	5	33°51.613N	46°15.564E	1113	Ilam	Eyvan
K	7	34°48.013N	46°30.699E	1525	Kermanshah	Javanrood
M	4	34°39.089N	46°42.022E	1397	Kermanshah	Ravansar road
N	8	34°33.480N	46°47.442E	1302	Kermanshah	Ravansar road
P	4	34°26.910N	47°01.006E	1368	Kermanshah	Ravansar road
R	4	35°36.480N	46°01.412E	1355	Kurdistan	Marivan, near to Iraq border
S	13	35°22.572N	46°16.137E	1283	Kurdistan	Sanandaj-15Km to Marivan
T	7	35°17.544N	46°58.45.3	1662	Kurdistan	Sanandaj

طرح آزمایشی و عملیات زراعی

در سال زراعی ۹۸-۱۳۹۹ از هر ژنوتیپ دو خط یک متر و نیمی با تراکم ۵۰ عدد بذر در هر خط (به‌دلیل کمبود بذر) و در سال ۱۳۹۹-۱۴۰۰ در سه خط یک متر و نیمی آبان‌ماه کشت شد. به‌دلیل عدم بارندگی در بهار سال دوم آزمایش، دو بار آبیاری در مراحل گرده‌افشانی و پرشدن دانه انجام شد. مبارزه با علف‌های هرز به صورت دستی انجام گردید. برداشت در اواخر خردادماه انجام شد. برای نمونه‌برداری و یادداشت‌برداری از هر ژنوتیپ، در هر کرت ده بوته به‌طور تصادف انتخاب شد. صفات مورد مطالعه شامل عملکرد دانه برحسب گرم در مترمربع، عملکرد بیولوژیک برحسب گرم در مترمربع، تعداد سنبله در مترمربع، وزن سنبله برحسب گرم، وزن هزاردانه برحسب گرم، طول سنبله برحسب سانتی‌متر، ارتفاع بوته برحسب سانتی‌متر، طول پدانکل برحسب سانتی‌متر، طول ریشک برحسب سانتی‌متر و تعداد دانه در سنبله بود.

تجزیه وتحلیل‌های آماری

پس از اطمینان از نرمال بودن داده‌ها به وسیله آزمون کلموگروف اسمیرنوف، تجزیه واریانس مرکب با فرض ثابت بودن اثر ژنوتیپ و تصادفی بودن اثر سال با استفاده از نرم-افزار MATA-R انجام شد. مقایسه میانگین نیز به روش حداقل اختلاف معنی‌دار (LSD) در سطح پنج درصد انجام گردید. داده‌های صفات ارزیابی شده در دو سال برای به‌دست آوردن بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (Best Linear Unbiased Predictor: BLUP) از طریق رویکرد مدل ترکیبی مورد تجزیه‌وتحلیل قرار گرفتند. بهترین پیش‌بینی‌های نااریب خطی از طریق مدل زیر محاسبه شدند (Alvarado *et al*., 2020).

کلیه تجزیه‌های چندمتغیره با استفاده از BLUPها انجام شد. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای با استفاده از نرم‌افزار Past بر روی میانگین داده‌های به‌دست آمده انجام شد. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها در تجزیه خوشه‌ای از طریق محاسبه شاخص F کاذب (Calinski and Harabasz, 1974) و نرم‌افزار SYSTAT انجام شد. محاسبه همبستگی ژنتیکی و وراثت‌پذیری نیز با استفاده از نرم‌افزار MATA-R انجام گردید.

وراثت‌پذیری عمومی در هر سال از طریق فرمول زیر برآورد گردید (Cooper and DeLacy, 1994)

$$h_b^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{e/r}^2}$$

σ_g^2: واریانس ژنوتیپی، σ_e^2: واریانس محیطی، r: تعداد تکرار

وراثت‌پذیری عمومی براساس دو سال نیز از طریق فرمول زیر محاسبه شد (Cooper and DeLacy, 1994).

$$h_b^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_{gy}^2}{y} + \frac{\sigma_e^2}{yr}}$$

σ_g^2: واریانس ژنوتیپ، σ_{ge}^2: واریانس اثرمتقابل ژنوتیپ و سال، σ_e^2: واریانس محیطی، r: تعداد تکرار و y: تعداد سال بود.

همبستگی ژنتیکی بین صفات نیز طبق فرمول زیر محاسبه شد (Cooper and DeLacy, 1994).

$$\rho = \frac{\sigma_{gxy}^2}{\sigma_{gx} \times \sigma_{gy}}$$

σ_{gxy}^2= جزء کوواریانس ژنتیکی بین دو صفت x و y، σ_{gx}= جذر واریانس ژنتیکی صفت x و σ_{gy} x= جذر واریانس ژنتیکی صفت y هستند.

نتایج

تجزیه واریانس صفات آگرومورفولوژیک

نتایج تجزیه واریانس صفات آگرومورفولوژیک در دو سال زراعی نشان داد که بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از لحاظ تمامی صفات اندازه‌گیری شده تفاوت معنی‌دار وجود داشت ($P<0.01$). اثر سال بر صفات وزن سنبله، ارتفاع گیاه، طول پدانکل و وزن هزار دانه معنی‌دار بود ($P<0.05$) و اثر متقابل ژنوتیپ و سال برای صفات وزن سنبله، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه معنی‌دار بود ($P<0.01$) (جدول ۲).

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات آگرومورفولوژیک در گونه‌های گندم مورد مطالعه

Table 2. Analysis of variance for measured agro-morphological traits in the studied wheat species

S.O.V.	Biological yield	Number of Spike/m^2	Spike weight	Plant height	Peduncle weight	Spike length	Awn length	Number of seed/spike	Kernel yield	Thousand kernel weight
Genotype (G)	**	**	**	**	**	*	**	**	**	**
Year (Y)	ns	ns	*	*	*	ns	ns	ns	ns	*
G× Y	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	**	**	ns
CV(%)	26.77	26.50	32.42	11.90	12.11	29.83	11.36	18.81	36.61	8.95

ns، * و **: به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد non-significant, significant at 5% and 1% probability levels, respectively ns, *, **=

میانگین و وراثت‌پذیری صفات آگرومورفولوژیک

برخی آماره‌های محاسبه شده در جمعیت‌های گندم مورد بررسی در جدول ۳ آمده است. براساس نتایج مقایسه میانگین به‌روش حداقل تفاوت معنی‌دار (LSD) برای صفات آگرومورفولوژیک در ۹۳ ژنوتیپ گندم اینکورن و هفت رقم گندم نان و دوروم، بیشترین مقدار عملکرد بیولوژیک به ترتیب در ژنوتیپ‌های گندم نان و دوروم شامل ۶ (آذر۲)، ۸۱ (شبرنگ)، ۱۰۰ (دهدشت)، ۱ (اوروم) و ۷۱ (بهرنگ) و کمترین مقدار آن مربوط به ژنوتیپ ۹۷ (اینکورن روانسر) بود (اطلاعات نشان داده نشده است). در بین ژنوتیپ‌های گندم اینکورن بیشترین عملکرد بیولوژیکی در ژنوتیپ ۲۹ (جاده کامیاران سنندج) بدست آمد. برای صفت تعداد سنبله در مترمربع ژنوتیپ‌های ۲۵، ۲۷ و ۲۹ (اینکورن جاده کامیاران سنندج) به ترتیب با ۳۸۸/۷۶، ۳۸۵/۴۳ و ۳۷۹/۴۶ دارای بیشترین مقدار و ژنوتیپ ۲۸ (اینکورن کامیاران –

سنندج) با ۸۷/۳۴ کمترین مقدار را داشتند. بیشترین وزن سنبله در ژنوتیپ‌های ۶ (آذر۲)، ۸۱ (شبرنگ)، ۱ (اوروم)، ۷۱ (بهرنگ) و ۱۰۰ (دهدشت) بدست آمد. بیشترین تعداد سنبله در مترمربع در بین ژنوتیپ‌های اینکورن در ژنوتیپ ۲۷ (جاده کامیاران سنندج) دیده شد. بیشترین وزن سنبله در بین ژنوتیپ‌های گندم اینکورن در ژنوتیپ ۴۹ (جاده کامیاران سنندج) حاصل شد.

بیشترین مقدار ارتفاع مربوط به ژنوتیپ‌های ۳۹، ۴۲ و ۴۴ (اینکورن ایلام- شیروان چرداول) و کمترین مقدار آن در ژنوتیپ ۵۷ (اینکورن شهرستان جوانرود) بود. طول پدانکل در ژنوتیپ ۴۴ (اینکورن شیروان چرداول) به مقدار ۵۰/۰۸ سانتی‌متر بیشترین بود. بیشترین مقدار طول سنبله در ژنوتیپ‌های ۱۱ (اینکورن کیلومتر ۴۵ جاده اسلام‌آباد غرب)، ۶ (آذر ۲)، ۱۷ (کوهدشت) و ۱ (اوروم) و بیشترین مقدار طول ریشک نیز در ژنوتیپ‌های ۳۶ (اینکورن روانسر – کامیاران) و ۷۴ (اینکورن مریوان) به ترتیب دیده شد. تعداد دانه در سنبله در ژنوتیپ ۸۱ (شبرنگ)، ۱ (اوروم) و ۱۰۰ (دهدشت) بیشترین مقدار بود. در بین ژنوتیپ‌های اینکورن ژنوتیپ ۷۹ (اینکورن سنندج – مریوان) بیشترین تعداد دانه در سنبله را داشت. عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های ۷۱ (بهرنگ)، ۸۱ (شبرنگ)، ۶ (آذر ۲-) و ۱ (اوروم) بیشترین مقدار بود. ژنوتیپ اینکورن ۲۹ (اینکورن جاده کامیاران سنندج) دارای بیشترین عملکرد دانه بود. بیشترین وزن هزار دانه به ترتیب در ژنوتیپ‌های گندم نان و دوروم شامل ۱۰۰ (دهدشت) و ۷۱ (بهرنگ) به مقدار ۴۸/۲۹ و ۴۴/۲۳ مشاهده شد. ژنوتیپ اینکورن ۳۹ (اینکورن شیروان چرداول) دارای بیشترین مقدار وزن هزار دانه در بین ژنوتیپ‌های گندم اینکورن بود.

نتایج محاسبه وراثت‌پذیری صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های اینکورن در هریک از دو سال مورد بررسی و وراثت‌پذیری عمومی در جدول ۳ آمده است. صفات وزن سنبله و عملکرد دانه در سال اول و تعداد دانه در سنبله در هر دو سال دارای بیشترین مقدار وراثت‌پذیری بودند. صفت تعداد دانه در سنبله در هر دو سال مورد بررسی از وراثت‌پذیری بالایی برخوردار بود. صفات طول سنبله و تعداد سنبله در هر دو سال دارای کمترین میزان وراثت‌پذیری بودند. کمترین میزان وراثت‌پذیری عمومی در طول سنبله و بیشترین مقدار در تعداد بذر در سنبله مشاهده شد (جدول ۳). بیشترین میزان ضریب تنوع ژنتیکی در صفت تعداد دانه در سنبله و کمترین در صفت وزن هزار دانه مشاهده شد (جدول ۳).

جدول ۳- برخی آماره‌های محاسبه شده در جمعیت‌های گندم مورد مطالعه

Table 3. Some statistics calculated in the studied wheat populations

Trait	Biological Yield (g/m^2)	Number of Spike/m^2	Spike Weight (g)	Plant Height (cm)	Peduncle Length (cm)	Spike Length (cm)	Awn length (cm)	Number of seed/spike	Kernel Yield (g/m^2)	Thousand kernel weight (g)
Mean	488.69	322.53	19.54	73.67	40.38	6.63	8.72	14.58	105.52	36.43
Minimum	288.34	269.02	11.02	57.67	30.16	5.93	6.75	9.21	50.58	30.12
Maximum	948.93	388.76	61.29	94.25	50.08	8.92	11.89	58.25	343.96	48.29
GCV	0.31	0.12	0.55	0.12	0.12	0.11	0.15	0.70	0.59	0.09
h_b^2 year1	0.81	0.29	0.96	0.75	0.79	0.28	0.84	0.98	0.96	0.72
h_b^2 year2	0.67	0.26	0.67	0.59	0.55	0.38	0.70	0.93	0.65	0.69
h_b^2 2 years	0.82	0.46	0.82	0.80	0.76	0.35	0.83	0.95	0.76	0.79

GCV=genotypic coefficients of variances, h_b^2=heritability

GCV= ضریب تغییرات ژنوتیپی h_b^2= وراثت‌پذیری عمومی

جدول ۴- همبستگی ژنتیکی بین صفات مورد بررسی در ژنوتیپ‌های گندم اینکورن

Table 4. Genetic correlation between investigated traits in einkorn wheat genotypes

Trait	Biological yield	Number of Spike/m^2	Spike weight	Plant height	Peduncle length	Spike length	Awn length	Number of seed/spike	Kernel yield
Number of Spike/m^2	0.01								
Spike weight	0.9**	0.30**							
Plant height	0.21*	0.61**	-0.14						
Peduncle length	-0.04	0.65**	-0.38**	0.95**					
Spike length	0.64**	0.19	0.79**	-0.69**	-0.92**				
Awn length	0.27**	-0.08	0.12	0.38**	0.31**	-0.22*			
Number of seed/spike	0.84**	-0.42**	0.99**	-0.25*	-0.48**	0.87**	0.05		
Kernel yield	0.93**	-0.22*	0.99**	-0.12	-0.36**	0.84**	0.11	0.99**	
Thousand kernel weight	0.78**	-0.17	0.65**	0.44**	0.32**	0.34**	0.61**	0.54**	0.69**

*, **=significant at 5% and 1% probability levels, respectively

*و**: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

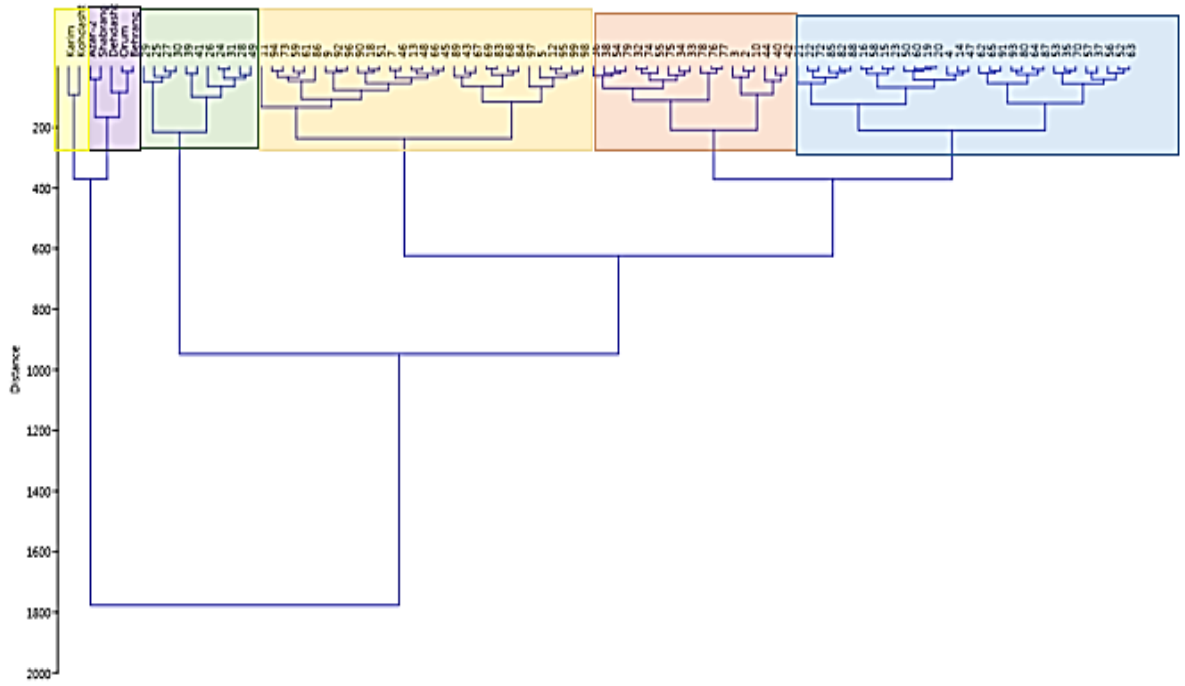
همبستگی ژنتیکی بین صفات مورد مطالعه

نتایج تجزیه همبستگی ژنتیکی بین صفات آگرومورفولوژیک مورد مطالعه در جدول ۴ ارائه شده است. براساس نتایج، عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی‌داری با صفات عملکرد بیولوژیک، وزن سنبله، طول سنبله و تعداد دانه در سنبله و همبستگی منفی و معنی‌داری با تعداد سنبله در مترمربع و طول پدانکل نشان داد.

تجزیه خوشه‌ای

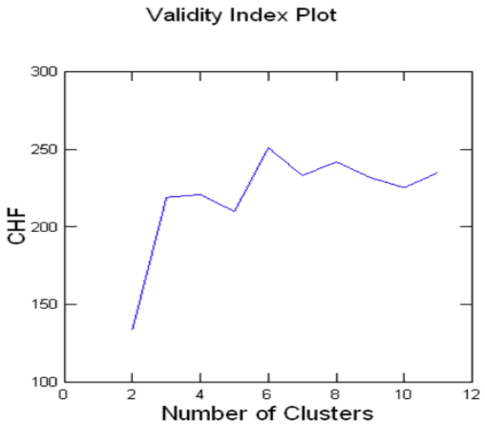
در این تحقیق ۹۳ ژنوتیپ گندم اینکورن و هفت رقم گندم دوروم و نان به عنوان شاهد با استفاده از داده‌های آگرومورفولوژیک و براساس ضریب مربع فاصله اقلیدسی، به روش UPGMA گروه‌بندی شدند (شکل ۱). ضریب کوفنتیک دندروگرام برابر ۰/۹۳ بود. با برش دندروگرام با استفاده از روش F کاذب، شش گروه حاصل شد (شکل ۲). در گروه اول ۳۲ ژنوتیپ گندم اینکورن، گروه دوم ۱۹ ژنوتیپ گندم اینکورن، گروه سوم تعداد ۳۱ ژنوتیپ گندم اینکورن، گروه چهارم ۱۱ ژنوتیپ گندم اینکورن، سه رقم شاهد گندم دوروم و دو رقم گندم نان اوروم و آذر۲ در گروه پنجم و دو رقم گندم نان کریم و کوهدشت مادری نیز در گروه ششم قرار گرفته‌اند. میانگین صفات اگرومورفولوژیک اندازه‌گیری شده و نتایج آزمون مقایسه میانگین گروه‌ها براساس آزمون دانکن، در جدول ۵ آمده است.

براساس نتایج آزمون مقایسه میانگین، گروه ۱ و ۲ دارای میانگین متوسط تا کم برای بیشتر صفات به‌جز طول ریشک بود. گروه ۳ دارای کمترین میانگین در بین گندم‌های اینکورن برای صفات عملکرد بیولوژیک، وزن سنبله در مترمربع، تعداد سنبله در مترمربع، وزن هزار دانه، عملکرد دانه در مترمربع، ارتفاع بوته و طول پدانکل بود. گروه ۴ دارای بیشترین میانگین در بین گندم‌های اینکورن برای صفات عملکرد بیولوژیک، وزن سنبله در مترمربع، تعداد سنبله در مترمربع، وزن هزار دانه، طول ریشک، عملکرد دانه در مترمربع، ارتفاع بوته و طول پدانکل بود. بیشترین مقدار عملکرد بیولوژیک، وزن سنبله در مترمربع، تعداد دانه در سنبله، طول ریشک، طول سنبله و عملکرد دانه در مترمربع مربوط به گروه پنجم بود که این گروه شامل سه رقم گندم دوروم و دو رقم گندم نان بود.



شکل ۱- تجزیه خوشه‌ای ۹۳ ژنوتیپ گندم اینکورن به روش **UPGMA** براساس ضریب مربع فاصله اقلیدسی با استفاده از صفات آگرومورفولوژیک

Figure 1. UPGMA cluster based on square coefficient of Euclidean distance obtained from agro-morphological traits.



شکل ۲- نمودار **F** کاذب برای تعیین تعداد گروه‌ها در تجزیه خوشه‌ای صفات آگرومورفولوژیک

Figure 1. Pseudo-F statistic chart to determine the number of groups in cluster analysis.

جدول ۵ – میانگین صفات آگرومورفولوژیک اندازه‌گیری شده در خوشه‌های مختلف در نمونه‌های گندم

Table 5 – Mean of agromorphological traits measured in different clusters in wheat samples

Cluster	Genotypes number	Biological yield	Spike/m^2 Number	Spike weight	Plant height	Peduncle length	Spike length	Awn length	seed/spike Number	Kernel yield	Thousand kernel weight
1	n = 32	438.98ed	326.32b	172.00dc	71.75bc	39.81c	6.42b	8.48ab	12.36c	96.51dc	35.32b
2	n = 19	490.01d	333.90b	173.70dc	77.07b	41.76b	6.30b	8.97a	11.93c	94.76dc	37.02b
3	n = 31	403.98e	305.21c	148.77d	70.71bc	39.56c	6.35b	8.55ab	11.50c	77.99d	35.32b
4	n = 11	629.90c	360.60a	202.82c	85.54a	45.85a	6.35b	9.32a	11.74c	115.34c	38.23b
5	n = 5	927.55a	299.86c	554.37a	68.00c	35.00c	7.19a	9.36a	52.95a	307.92a	41.60a
6	n = 2	720.59b	269.82d	417.32b	66.58c	32.10c	7.52a	7.53b	42.16b	218.37b	41.69a

در هر ستون میانگین‌های با حروف مشابه در سطح احتمال ۰/۰۵ اختلاف معنی‌داری باهم ندارند.

Means with a common letter in each column don't show significant difference at 5% probability level.

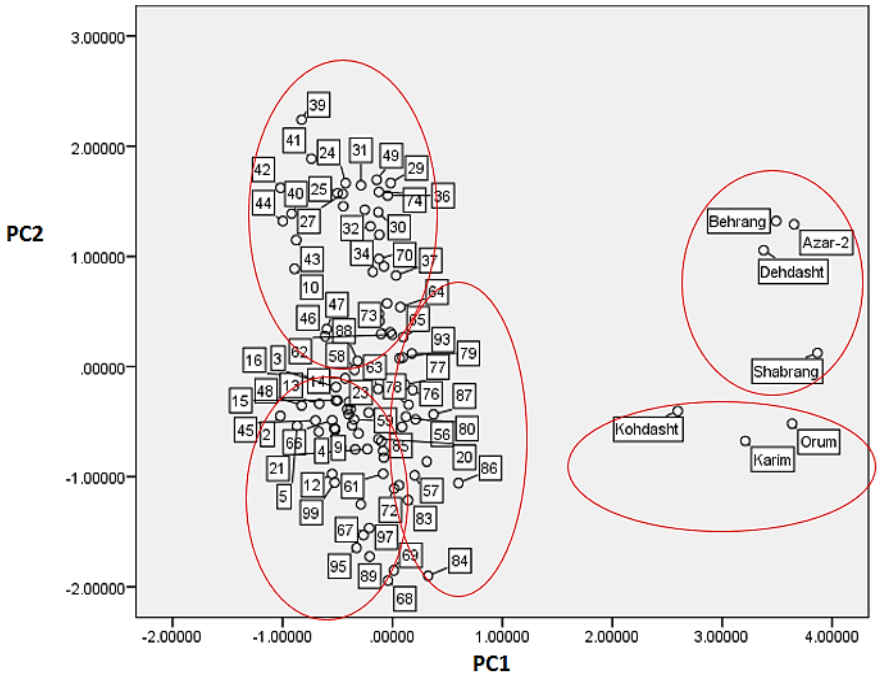
تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی براساس صفات آگرومورفولوژیک اندازه‌گیری شده نشان داد سه مؤلفه اول دارای مقادیر ویژه بیشتر از یک بودند و در مجموع ۸۵/۴۷ درصد تغییرات کل داده‌ها را توجیه کردند. مؤلفه اول دارای بیشترین مقدار ویژه (۳/۸۷۳) بوده و ۴۳/۰۲ درصد از تغییرات کل را توجیه کرد (جدول ۶). مؤلفه‌های دوم و سوم نیز با مقادیر ویژه ۲/۵۸۵ و ۱/۲۳۵ نیز به‌ترتیب ۲۸/۷۲ و ۱۳/۷۲ درصد از تغییرات را نشان دادند. با توجه به ضرایب صفات در مؤلفه اصلی اول، مشخص گردید که وزن خوشه، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه بیشترین تأثیر مثبت و طول پدانکل بیشترین تأثیر منفی را در مؤلفه اول داشته‌اند. در مؤلفه دوم صفات طول پدانکل، ارتفاع بوته، طول ریشک و وزن هزار دانه دارای بیشترین تأثیر مثبت بودند و صفت تعداد خوشه در واحد سطح نیز به تنهایی بیشترین تأثیر مثبت را در مؤلفه سوم داشته است. بای‌پلات پراکنش ژنوتیپ‌های اینکورن براساس مؤلفه اول و دوم، ژنوتیپ‌ها را در سه گروه و سه رقم گندم نان کریم، کوهدشت و اوروم و در گروه چهارم، سه رقم گندم دوروم بهرنگ، شبرنگ و دهدشت و رقم گندم نان آذر۲ با بیشترین مقادیر صفات آگرومورفولوژیک در گروه پنجم قرار داد (شکل ۳). نتایج گروه‌بندی تا حد زیادی با نتایج تجزیه خوشه‌ای مطابقت داشت.

جدول ۶– تجزیه به مؤلفه‌های اصلی صفات مختلف در نمونه‌های گندم

Table 6 – Principal component analysis of different traits in wheat amples.

Trait	Component		
	PC1	PC2	PC3
Spike weight	**0.94**	0.24	0.09
Spike length	**0.67**	-0.07	0.47
Number of seed/spike	**0.96**	0.09	0.001
Kernel yield	**0.93**	0.26	0.14
Peduncle length	**-0.55**	**0.77**	0.10
Plant height	-0.36	**0.86**	0.13
Awn length	0.08	**0.63**	-0.47
Thousand kernel weight	0.43	**0.71**	-0.34
Number of Spike/m^2	-0.31	0.41	**0.78**
Eigen Value	3.87	2.58	1.23
% of Variance	43.02	28.72	13.72



شکل ۳- بای‌پلات حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی صفات آگرومورفولوژیک در ژنوتیپ‌های گندم مورد مطالعه

Figure 2. Biplot resulting from principal components analysis of agro-morphologic traits in studied wheat genotypes

بحث

ارزیابی تنوع ژنتیکی به دلیل کشف ژن‌های جدید، کارایی برنامه‌های اصلاحی را به حداکثر می‌رساند و سناریوهای جدیدی را برای کشف ژن‌های کلیدی و بهبود ارقام دارای صفات مطلوب ارائه می‌دهد. تنوع ژنتیکی آلل‌های مطلوب بسیاری برای مقاومت به تنش زیستی و غیرزیستی، عملکرد و صفات مربوط به عملکرد و صفات کیفی در خویشاوندان وحشی محصول حفظ شده‌اند (Bhatta *et al*., 2019)

تجزیه واریانس مرکب حکایت از تنوع معنی‌دار بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از لحاظ صفات آگرومورفولوژیک اندازه‌گیری شده داشت. نواحی غرب ایران در مطالعات گذشته، از مراکز اصلی پیدایش و تنوع *T. boeoticum* معرفی شده‌اند (Tabatabaei & Maassomi, 2001). در تحقیقی Pour-Aboughadareh و همکاران (۲۰۱۶) به‌منظور بررسی صفات آگرومورفولوژیکی و ارتباط تنوع ژنتیکی با عوامل جغرافیایی در جمعیت‌های گندم وحشی اینکورن (۴۱ جمعیت شامل ۳۳ جمعیت از گونه *T. boeoticum* و ۸ جمعیت از گونه *T. urartu*)، بین جمعیت‌ها از نظر کلیه صفات به‌جز تعداد کل پنجه‌ها و تعداد سنبله اختلاف معنی‌دار گزارش کردند.

به‌طورکلی براساس نتایج مقایسه میانگین برای بیشتر صفات مورد بررسی برتری کامل با ارقام گندم نان و دوروم بود. از بین ژنوتیپ‌های اینکورن، ژنوتیپ ۲۹ (جاده کامیاران سنندج) دارای بیشترین میانگین صفات آگرومورفولوژیک مرتبط با عملکرد دانه بود و استفاده از آن برای برنامه‌های معرفی رقم مناسب به نظر می‌رسد.

وراثت‌پذیری مقدار انتقال صفات یک گیاه را از والدین به نتاج نشان می‌دهد. محاسبه وراثت‌پذیری تأثیر عوامل ژنتیکی و محیطی را بر ظرفیت ژنتیکی یک جمعیت مشخص می‌کند. میزان وراثت‌پذیری به مقدار

تنوع ژنتیکی در بین ژنوتیپ‌ها، اثرهای محیط و نوع صفت اندازه‌گیری شده بستگی دارد (Mir Drikvand, 2017). دامنه وراثت‌پذیری را به کم (۳۰٪)، متوسط (۳۰–۶۰٪) و بالا (۶۰٪ به بالا) طبقه‌بندی کرده‌اند (Robinson و همکاران، ۱۹۹۴). به‌طورکلی میزان وراثت‌پذیری صفات در سال دوم نسبت به سال اول کمتر بوده که بیانگر اثرهای محیطی بالاتر بر روی صفات در سال دوم است. صفات وزن سنبله و عملکرد دانه در سال اول و تعداد دانه در سنبله در هر دو سال دارای بیشترین مقدار وراثت‌پذیری بودند.

بالا بودن وراثت‌پذیری در هر دو سال اصلاح صفات با این ویژگی را نسبت به سایر صفات آسان‌تر می‌کند. وراثت‌پذیری بالا در صفات مورد بررسی مبین این موضوع است که تأثیر واریانس ژنتیکی بیشتر از واریانس محیطی می‌باشد و انتخاب در نسل‌های اولیه می‌تواند موفقیت‌آمیز باشد (Alipour Kondari & Arzani, 2020). صفت تعداد دانه در سنبله در هر دو سال مورد بررسی از وراثت‌پذیری بالایی برخوردار بود، در نتیجه این صفت قابل انتقال به نتاج بوده و ارزش زادآوری بالایی را داراست. گزینش برای این صفت جهت انتخاب لاین‌هایی با مقدار بالای تعداد دانه در سنبله، با توجه به همبستگی بالای آن با عملکرد دانه می‌تواند حائز اهمیت باشد. وراثت‌پذیری یک صفت نشان می‌دهد که چه مقدار از تنوع موجود در بین افراد (فنوتیپ) را می‌توان به ژنوتیپ آنها نسبت داد و محیط در این بین چقدر مؤثر است. بدیهی است اگر وراثت‌پذیری صفتی بالا باشد می‌توان امیدوار بود با گزینش افراد با بهبود آن صفت، پاسخ بهتری وجود خواهد داشت. صفاتی که وراثت‌پذیری زیادی دارند معمولاً سهم اثر محیط در آنها کم بوده و واریانس ژنتیکی مهمتر است (Salavati Meybodi *et al*., 2017). بالا بودن وراثت‌پذیری صفات طول سنبله و وزن هزار دانه در جو را به علت بالا بودن واریانس ژنتیکی و کم بودن واریانس محیطی است (Mir Drikvand, 2017). صفات طول سنبله و تعداد سنبله در هر دو سال دارای کمترین میزان وراثت‌پذیری بودند. وراثت‌پذیری پایین برای صفات طول سنبله و تعداد سنبله ناشی از بزرگ بودن واریانس فنوتیپی آنها است که بخش اعظم آن واریانس محیطی می‌باشد. Jalal و Ahmad (۲۰۱۲) وراثت‌پذیری برای صفات تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه جو را بیش از ۹۸ درصد گزارش کردند. میزان وراثت‌پذیری عمومی دارای دامنه‌ای از ۰/۳۵ (طول سنبله) تا ۰/۹۵ (تعداد بذر در سنبله) بود. وراثت‌پذیری نزدیک به صفر نشان‌دهنده اثرهای محیطی بر تنوع موجود بین افراد و وارثت‌پذیری بالا (نزدیک یک) نشان‌دهنده اختلافات ژنتیکی بین افراد و تأثیر اندک محیط بر آن صفت است (Kalirad, 2021). مقدار وراثت‌پذیری بالا برای بیشتر صفات نشانگر نقش اندک اثرهای محیطی، نقش اثرهای افزایشی ژن‌ها و تأثیر بالای واریانس ژنتیکی نسبت به واریانس محیطی در توارث این صفات است (Sharifi *et al*., 2017). وراثت‌پذیری بالا در صفات آگرومورفولوژیک مبین این موضوع است که انتخاب در نسل‌های اولیه می‌تواند موفقیت‌آمیز باشد. در مورد صفات طول سنبله و تعداد سنبله وراثت‌پذیری پایین و بخش اعظم واریانس فنوتیپی آن ناشی از واریانس محیطی بوده است (Rahmati *et al*., 2018). به‌طورکلی میزان بالای وراثت‌پذیری عمومی صفات مورد بررسی (به‌جز طول سنبله و تعداد دانه در سنبله) بوده و گزینش فنوتیپی برای این صفات می‌تواند مهمترین راهبرد اصلاحی در گندم اینکورن را تشکیل دهد.

بررسی همبستگی ژنتیکی بین صفات آگرومورفولوژیک مورد مطالعه نشان داد که بین عملکرد دانه با عملکرد بیولوژیک، وزن سنبله، طول سنبله و تعداد دانه در سنبله همبستگی مثبت و معنی‌داری وجود دارد، اما همبستگی ژنتیکی عملکرد دانه با تعداد سنبله و طول پدانکل منفی و معنی‌دار بود (جدول ۶). به‌طورکلی عملکرد دانه غلات از سه جزء تعداد سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه تشکیل می‌شود. براساس پژوهش‌های انجام شده، بیشترین تأثیر عملکرد را از اثر

توأم سه جزء مذکور دانسته‌اند ولی ویژگی‌هایی در گیاه نیز وجود دارد که مستقیم یا غیرمستقیم بر روی عملکرد تأثیر داشته و بایستی در نظر گرفته شود (Dadashi *et al*, 2010). همبستگی تعداد سنبله در بوته با تعداد دانه در سنبله منفی و معنی‌دار و با وزن هزار دانه منفی و غیرمعنی‌دار بود. برخی از مطالعات نشان داده‌اند در ارقامی که تعداد پنجه‌های بیشتری دارند، تعداد سنبله در واحد سطح نیز افزایش می‌یابد، در این صورت تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه کاهش پیدا می‌کند (Talebifar *et al*., 2015). تعداد سنبله به‌طور بالقوه باعث افزایش عملکرد می‌شود، زیرا تغییر در تعداد سنبله باعث افزایش سطح برگ یا منبع فتوسنتزی و نیز ظرفیت مخزن یا محل ذخیره می‌شود. از سوی دیگر، اگر شرایط محیطی مطلوب باشد، هر گونه افزایش در یکی از اجزاء تشکیل دهنده عملکرد، باعث کاهش مشابهی در جزء دیگر می‌شود. تجربه نشان داده است که بین اجزاء تشکیل دهنده عملکرد یک رابطه معکوس وجود دارد و پرمحصول‌ترین غلات آنهایی نیستند که دارای سنبله‌های طویل یا دانه‌های سنگینی باشند، بلکه معمولاً آنهایی هستند که این اجزاء در آنها در حد متوسطی است (Ahmadi & Hosseinpour, 2013). وزن سنبله که مؤلفه‌ای از تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه است همبستگی مثبت با عملکرد دانه داشت، از سویی همبستگی بین تعداد دانه در سنبله با عملکرد دانه مثبت بود که نشان‌دهنده تأثیر توأم تعداد دانه در سنبله و وزن دانه بر عملکرد دانه می‌باشد. عملکرد بیولوژیک با عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی‌دار داشت، این موضوع دلالت بر امکان افزایش عملکرد به دلیل افزایش شاخص برداشت تا ۵۰ درصد یا در نتیجه افزایش کل بیوماس با حفظ مقدار شاخص برداشت دارد (Dadashi *et al*, 2010). طول سنبله همبستگی بالایی با عملکرد دانه نشان داد. Mohammadi (۲۰۱۴) نیز صفت طول سنبله را جزو تأثیرگذارترین صفات بر عملکرد دانه جو معرفی کرد. همبستگی مثبت بین عملکرد دانه و وزن هزار دانه و تعداد دانه در سنبله با نتایجTalebifar و همکاران (2015) مطابقت دارد. وزن هزار دانه با عملکرد دانه، ارتفاع گیاه، وزن سنبله، طول ریشک و طول سنبله دارای همبستگی مثبت و معنی دار بود. ازاین‌رو، می‌توان از ایـن صـفات برای گزینش غیرمستقیم ژنوتیپ‌ها برای اصلاح ارقام با وزن هزار دانه بالا بهره برد. یکی از نزدیک‌ترین اندام‌های فتوسنتز کننده نزدیک به دانه در گندم ریشک است که افزایش طول آن می‌تواند در جهت عملکرد دانه نقش داشته باشد (Babaei Zarch *et al*., 2014). عملکرد بیولوژیک با همه صفات به‌جز طول پدانکل دارای همبستگی معنی‌دار بود. عملکرد بیولوژیک با ارتفاع گیاه همبستگی مثبت و معنی‌دار داشت، این موضوع طبیعی است، زیرا عملکرد بیولوژیک کل بیوماس تولید شده توسط گیاه در بالای خاک می‌باشد، بنابراین افزایش ارتفاع گیاه منجر به افزایش عملکرد بیولوژیک می‌شود.

نتایج تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به شش گروه تقسیم کرد که با منشأ جغرافیایی ژنوتیپ‌ها تطابق زیادی نشان نداد ولی گندم‌های نان و دوروم در گروه‌های جداگانه قرار گرفتند. تجزیه خوشه‌ای برای اندازه‌گیری و تعیین فواصل ژنتیکی از نظر دوری و نزدیکی توده‌های موجود در یک کلکسیون و گروه‌بندی آنها استفاده می‌شود. ژنوتیپ‌های موجود در هریک از خوشه‌ها دارای قرابت ژنتیکی بیشتری نسبت به ژنوتیپ‌های موجود در خوشه‌های متفاوت هستند، بنابراین در صورت نیاز به دورگ‌گیری می‌توان با توجه به ژنوتیپ‌های موجود در خوشه‌های مختلف و ارزش میانگین صفات برای هر خوشه، برای بهره‌وری بیشتر استفاده کرد. به نظر می‌رسد برای ایجاد جمعیت‌های در حال تفرق مناسب برای اهداف اصلاحی تلاقی بین ژنوتیپ‌های موجود در خوشه ۴ با ژنوتیپ‌های خوشه ۳ به‌دلیل اختلاف بیشتر در صفات اندازه‌گیری شده مناسب باشد. همچنین از بین نمونه‌های گندم اینکورن، ژنوتیپ‌های موجود در گروه ۴ دارای بیشترین میانگین برای صفات عملکرد بیولوژیک، وزن سنبله در مترمربع،

تعداد سنبله در مترمربع، وزن هزار دانه، طول ریشک، عملکرد دانه در مترمربع، ارتفاع بوته و طول پدانکل بودند و می‌توان ژنوتیپ‌های این گروه را به‌منظور شناسایی و معرفی ارقام اینکورن استفاده کرد. نتایج تحقیقات مطالعه‌ای بر روی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های وحشی گندم اینکورن از نظر صفات زراعی نشان داد که تجزیه خوشه‌ای جمعیت‌ها را در پنج گروه قرار داد که با توزیع جغرافیایی آنها مطابقت نداشت(Seifolahpour, *et al.*, 2017).

با توجه به ماهیت تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، دو مؤلفه اصلی اول مهمتر بوده و بیشترین درصد واریانس را توجیه کرده‌اند؛ ازاین‌رو با رسم بای‌پلات این دو مؤلفه مهم سعی شد تا ۱۰۰ ژنوتیپ مورد بررسی گروه‌بندی شوند (شکل ۳). در گروه اول سه رقم گندم نان کریم، کوهدشت و اوروم و در گروه دوم سه رقم گندم دوروم بهرنگ، شبرنگ و دهدشت و رقم گندم نان آذر – ۲ قرار گرفتند. تمام ۹۳ ژنوتیپ گندم اینکورن وحشی نیز در سه گروه قرار گرفتند که مربوط به مناطق مختلف استان‌های کرمانشاه، ایلام و کردستان بودند. دلیل تفاوت‌های مشاهده شده در گروه‌بندی از طریق تجزیه‌خوشه‌ای و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، این است که تجزیه خوشه‌ای از صددرصد اطلاعات استفاده کرده و گروه‌بندی انجام می‌دهد ولی دو عامل در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی اول در حدود ۷۱/۷۵ درصد از اطلاعات را برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها استفاده می‌کنند.

نتیجه‌گیری کلی

قسمت‌های شمال‌غربی و غرب ایران جزو هلال حاصلخیز بوده و مبدأ انواع گونه‌های آجیلوپس و گندم‌های اینکورن به‌شمار می‌رود. گندم‌های وحشی که از اجداد گندم‌های امروزی محسوب می‌شوند، دارای ظرفیت قابل توجهی در بهبود گندم‌های دوروم و نان هستند. براساس نتایج تجزیه واریانس صفات آگرومورفولوژیک در دو سال، بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر تمامی صفات تفاوت معنی‌دار وجود داشت که بیانگر تنوع بالای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه است. نتایج مقایسه میانگین برای بیشتر صفات مورد بررسی برتری کامل با ارقام گندم نان و دوروم بود؛ در مورد ژنوتیپ‌های اینکورن، در مورد بیشتر صفات آگرومورفولوژیک، ژنوتیپ‌های جمع‌آوری شده از کامیاران–سنندج دارای برتری بودند و ژنوتیپ ۲۹ با همین منشأ صفات آگرومورفولوژیک مطلوبی نشان داد که به‌منظور استفاده در برنامه‌های به‌نژادی گندم توصیه می‌گردد. با وجود ارزش غذایی بالای اینکورن، کشت و کار آن به‌ویژه در کشور ایران بسیار محدود بوده و ژنوتیپ‌های اینکورن پرعملکرد و دارای صفات آگرومورفولوژیک مناسب در این مطالعه ازجمله ژنوتیپ‌های جمع‌آوری شده از کامیاران–سنندج برای بررسی بیشتر در جهت معرفی رقم توصیه می‌شود.

Referencs

- Ahmadi A, Hosseinpour T., 2013. Investigation the effect of plant density on the growth process of barley (*Hordeum Vulgare* L.) genotypes under rain fed conditions. Crop physiology Journal. 5(17):102-89. URL: http://cpj.ahvaz.iau.ir/article-1-74-fa.html (In Persian).
- Alipour Kondari, H., & Arzani, A., 2020. Evaluation of heterosis and heritability of yield and yield components in bread wheat, durum wheat and triticale. Journal of Crop Production, 13(3): 107-118. doi: 10.22069/ejcp.2021.17900.2317(In Persian).
- Alvarado, G., Rodríguez, F.M., Pacheco, A., Burgueño, J., Crossa, J., Vargas, M., Pérez-Rodríguez, P., Lopez-Cruz, M., 2020. META-R: A software to analyze data from multi-environment plant breeding trials. The Crop Journal, 8(5): 745-756.https://doi.org/10.1016/j.cj.2020.03.010
- Babaei Zarch, MJ., Fotokian, MH., Mahmoodi, S., 2014. Evaluation of genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes for morphological traits using multivarite analysis methods. Journal of Crop Breeding, 6(14):1-14. (In Persian with)
- Bhatta, M., Shamanin, V., Shepelev, S., Baenziger, P. S., Pozherukova, V., Pototskaya, I. and Morgounov, A., 2019. Genetic diversity and population structure analysis of synthetic and bread wheat accessions in Western Siberia. Journal of Applied Genetics, 60(3): 283-289.

agro-morphological characters and relationship between genetic diversity with geographical factors in Einkorn wild wheat populations collected from West and Northwest of Iran. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 24(2): 287-304. doi: 10.22092/ijrfpbgr.2016.109418 (In Persian).
– Poursiahbidi, M. M., Cheghamirza, K., Bahraminejad, S., Arzani, A., & Mehrabi, A. A. 2020. Evaluation of genetic variation in einkorn wheat originated from west Iran using microsatellite markers. Agricultural Biotechnology Journal, 12(2): 183-208. doi: 10.22103/jab.2020.15516.1212 (In Persian).
– Rahmati, M.R., Ahmadi, A., and Hosseinpour, T., 2018. Study of genetic variability, heritability and relationship between grain yield and yield-related traits on bread wheat genotypes under dry land conditions. Journal of Computational Biology, 10: 167-175.
– Razavi, T. and Sadeghi, S., 2019. Study of genetic diversity of Iranian wheat through microsatellite marking. Medbiotech Journal, 3(03): 105-110.
– Robinson, H.F., Comstock, R.E. and Harvey, P.H., 1949. Genotypic and phenotypic correlation's in corn and their implications in section. Agronomy Journal, 43: 282-287.
– Salavati Meybodi, M R., Ranjbar, G.A., Kazemitabar, S.K., Najafi Zarrini, H., 2017. Investigation of heritability and genetic diversity among tobacco genotypes using issr markers and morpho-physiological traits. Plant Genetic Researches, 4 (1):75-88. (In Persian).
– Seifolahpour, B., Bahraminejad, S. and Cheghamirza, K., 2017. Genetic diversity of einkorn wheat (*Triticum boeoticum* Boiss.) accessions from the central Zagros Mountains. Žemdirbystė (Agriculture), 104(1): 23-30.
– Sharifi, P., Aminpanah, H., 2017. Evaluation of Genotype × Environment Interactions, Stability and a number of Genetic Parameters in Rice Genotypes. Plant Genetic Researches, 3 (2) :25-42. (In Persian).
– Tabatabaei S.F. and Maassoumi T.R., 2001. *Triticum boeoticum* ssp thaoudar" exists" in Iran. Cereal Research Communications, 29: 121-126.
– Talebifar, M., Taghizadeh, R. and Kamal, Kivi, SE. 2015. Determination of relationships between yield and yield components in wheat varieties under water deficit stress in different growth stages through path analysis. Applied Field Crops Research, 28(3): 107-113 (In Persian).
– Vahdani Kia, F. S., Samiezadeh lahiji, H., Zahravi, M. and Mohsenzadeh, M., 2021. Evaluating genetic diversity of some wheat genotypes using SSR and ISSR molecular markers. Cereal Research, 11(1): 43-54. (In Persian).
– Calinski, T., Harabasz, J., 1974. A dendrite method for cluster analysis. Communications in Statistics, 3: 1-27.
– Cooper, M. and DeLacy, I.H., 1994. Relationships among analytical methods used to study genotypic variation and genotype-by-environment interaction in plant breeding multi-environment experiments. Theoretical Applied Genetics, 88, 561–572 https://doi.org/10.1007/BF01240919
– Cox, T.S., Lookhart, G.L., Walker, D.E., Harrell, L.G., Albers, L.D. and Rodgers, D.M. 1985. Genetic relationships among hard red winter wheat cultivars as evaluated by pedigree analysis and gliadin polyacrylamide-gel electrophoretic patterns. Crop Science, 25:1058–1063.
– Dadashi, M., Noorinia, A., Askar, M. and Azizi, S., 2010. Evaluation of Correlation between Physiological and Morphological Traits with Yield in Hull- less Barley Lines. Journal of Crop Ecophysiology, 4(15(3)): 29-40. (In Persian).
– Dubcovsky, J. and Dvorak, J., 2007. Genome plasticity a key factor in the success of polyploidy wheat under domestication. Science, 316: 1862–1866.
– Heun, M., Scha¨fer-Pregl, R., Klawan, D., Castagna, R., Accerbi, M., Borghi, B, Salamini F., 1997. Site of einkorn wheat domestication identified by DNA fingerprinting. Science, 278: 1312–1314.
– Jalal, A.A.T. and Ahmad, H.A.F., 2012. Genetic variation, heritability, phenotypic and genotypic correlation studies for yield and yield components in promising barley genotypes. Journal of Agricultural Science, 4(3): 193-210.
– Kalirad, A., 2021. Heritability. Iranian Journal of Biology, 5(10): 33-47 (In Persian).
– Kimber, G. and Feldman, M., 1987. Wild wheat. An introduction. Wild wheat. An introduction, Special Report No. 353, University of Missouri, Columbia.
– Mir Drikvand, R., 2017. Investigation of heritability of morphological traits and genetic diversity among rainfed barley genotypes using molecular and morphological markers. Plant Genetic Resources 3(2):69-82.
– Mohammadi, S. 2014. Evolution of grain yield and its components relationships in bread wheat genotypes under full irrigation and terminal water stress conditions using multivariate statistical analysis. Iranian Journal of Field Crops Research, 12(1): 99-109. Doi: 10.22067/gsc.v12i1.36646 (In Persian).
– Nesbitt, M. 1998. Where was einkorn wheat domesticated? Trends in Plant Science, 3: 1360–1385.
– Pour-Aboughadareh, A., Moghaddam, M., Alavikia, S. and Mehrabi, A. 2016. Assessing heritability of

– Wang, Z. and Huang, B., 2004. Physiological recovery of Kentucky bluegrass from simultaneous drought and heat stress. Crop science, 44(5):1729-1736.
– Zohary, D. and Hopf, M., 2000. Domestication of plants in the Old World: The origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe and the Nile Valley (No. Ed. 3). Oxford university press.
– Zommita, S. and Zencirci, N., 2022. Genetic Variation in Einkorn (*Triticum monococcum* L.) Wheat. Uluslararası Anadolu Ziraat Mühendisliği Bilimleri Dergisi, 4(1):17-22.