

## بررسی تنوع مورفو ژنتیکی توده‌های بومی گونه *Aegilops triuncialis* L. جمع‌آوری شده از نیمه شمالی ایران

هادی شیرزاد<sup>۱\*</sup>، جعفر احمدی<sup>۱</sup>، محمد جعفرآقایی<sup>۲</sup> و بهزاد سرخی<sup>۳</sup>

<sup>۱</sup> ایران قزوین، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی (ره)، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، گروه ژنتیک و به‌نژادی گیاهی

<sup>۲</sup> ایران، البرز، موسسه تحقیقات علوم باغبانی

<sup>۳</sup> ایران، البرز، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، بخش ژنتیک و بانک ژن ملی گیاهی ایران

تاریخ دریافت: ۹۷/۱۱/۰۹ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۰۲/۲۴

### چکیده

تنوع ژنتیکی پایه و اساس برنامه‌های به‌نژادی محسوب شده و اصلاح گیاهان با صفات و خصوصیات مطلوب را ممکن می‌سازد. جنس آزیلوپس (*Aegilops* spp.) یکی از خویشاوندان وحشی گندم نان است و پراکنش وسیعی در خاورمیانه و غرب آسیا دارد که ایران بخش وسیعی از این منطقه را در بر می‌گیرد. در این تحقیق ۱۵۴ توده بومی گونه آزیلوپس ترنسیالیس (*Aegilops triuncialis* L.) تهیه شده از بانک ژن گیاهی ملی ایران در قالب طرح بلوکی آگمنت با سه تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند. ارزیابی صفات مورفولوژیکی طبق دستورالعمل موسسه بین‌المللی ذخایر ژنتیکی انجام شد. بر اساس نتایج، بیشترین تنوع ژنتیکی مربوط به توده‌های *Ae. triuncialis* استان‌های آذربایجان شرقی و قزوین و کمترین تنوع مربوط به توده‌های استان‌های کردستان و خراسان شمالی بود. از لحاظ ضریب تنوع صفات کیفی توده‌های استان‌های آذربایجان شرقی، آذربایجان غربی و زنجان در اغلب صفات دارای بالاترین شاخص و توده‌های استان سمنان در بیشتر صفات فاقد تنوع بودند. تجزیه همبستگی نشان داد که صفات مربوط به سنبله و ساقه دارای بیشترین ضرایب همبستگی با یکدیگر هستند. بر اساس تجزیه خوشه‌ای توده‌ها با صفات مورفولوژیک، در برخی موارد گروه‌بندی ایجاد شده با پراکنش جغرافیایی توده‌ها مطابقت نشان داد. همچنین نتایج این تحقیق نشان داد تنوع ژنتیکی بالایی بین جمعیت‌های مختلف این گونه وجود دارد. با توجه به اینکه به‌کارگیری خویشاوندان وحشی گندم در برنامه‌های اصلاحی مستلزم وجود تنوع ژنتیکی می‌باشد، نتایج این مطالعه بر اهمیت به‌سزای گونه *Ae. triuncialis* به عنوان منبعی از ژن‌های با ارزش که دارای پتانسیل ژنتیکی بالا جهت اصلاح گندم می‌باشد تأکید می‌کند.

واژه‌های کلیدی: آزیلوپس ترنسیالیس، پراکنش جغرافیایی، تجزیه به‌عاملی، تنوع ژنتیکی

\* نویسنده مسئول، تلفن: ۳۳۹۰۱۲۲۷ - ۰۲۸، پست الکترونیکی: h.shirzad@edu.ikiu.ac.ir

### مقدمه

ژنتیکی، اولین و اساسی‌ترین گام در جهت مطالعات به‌نژادی و یکی از شاخص‌های مهم برای انتخاب والدین در برنامه‌های اصلاحی می‌باشد. چرا که به واسطه آن می‌توان ارقام را در گروه‌های مختلف طبقه‌بندی و در مواقع لازم از آن‌ها استفاده کرد (۷، ۲۸). تنوع و انتخاب دو رکن اصلی هر برنامه اصلاحی بوده و انجام انتخاب منوط به وجود

مدیریت تنوع طبیعی موجود در ارقام اهلی و خویشاوندان وحشی یک گونه گیاهی در انجام یک برنامه مؤثر اصلاحی بسیار مهم است. به‌طوری که انتخاب موفقیت‌آمیز ژنوتیپ‌های برتر از داخل توده‌های مورد اصلاح به وجود تنوع ژنتیکی بستگی دارد و بدون آن هیچ پیشرفتی در اصلاح گیاهان زراعی امکان‌پذیر نیست (۱، ۵). تعیین تنوع

در تقسیم‌بندی گونه‌ای بر اساس مطالعات مورفولوژیکی به وسیله وان اسلاجرن در سال ۱۹۹۴ انجام شده است. بنابراین شناخت بهتر زیستگاه جغرافیایی گونه‌های *Aegilops* و جمع‌آوری و حفاظت از آن‌ها امری ضروری است (۴۱). تعداد گندم وحشی جنس *Aegilops* حدود ۲۱ گونه در ۶ زیرجنس است (۳۹) و ایران به دلیل داشتن تنوع آب‌وهوایی یکی از مهم‌ترین مراکز تنوع ژنتیکی این جنس است (۱۳). گونه‌های جنس *Aegilops* در سطوح پلئویدی دیپلوئید، تتراپلوئید و هگزاپلوئید یافت می‌شوند و نشان داده شده که گونه‌های پلی پلوئید، آمفی پلوئیدهایی حاصل از ترکیبات مختلف ژنوم گونه‌های دیپلوئید هستند که در طول تکامل شکل گرفته‌اند (۴۳). در مجموعه گندم/آزیلوپس‌ها سه ژنوم اساسی A، D، و U شناخته شده هستند. گونه *Aegilops triuncialis* تتراپلوئید ( $2n=4X=28$ ) با فرمول ژنی UUCC می‌باشد که از تلاقی بین گونه‌های *Ae. umbellulata* (با فرمول ژنومی UU) و *Ae. caudata* (با فرمول ژنومی CC) به وجود آمده است (۴۲). این گونه در بین گونه‌های مختلف *Aegilops* بیشترین پراکنش را در جهان دارد و تا ارتفاع ۲۷۰۰ متری از سطح دریا یافت می‌شود. گونه *Ae. triuncialis* گیاهی یک‌ساله و پاییزه است که دارای چندین ساقه جانبی، سنبله‌های تقریباً استوانه‌ای شکل و به صورت تکی از هم جدا شده است (۳۹). سازگاری این گونه به شرایط محیطی به علت پلی‌پلوئیدی آن می‌باشد (۳۶). این گونه دارای ژن‌های مقاومت به سیست‌گلالت می‌باشد (۳۳). همچنین ژن مقاومت به زنگ برگ از این گونه به ژنوم D گندم انتقال یافته است (۱۲). با توجه به نقش تنوع در پیشبرد اهداف و برنامه‌های به نژادی و اهمیت توده‌های وحشی گیاهی در ایجاد تنوع و تکامل، ضرورت بررسی و شناخت تنوع ژنتیکی گیاهی امری الزامی است (۶، ۳۵). هدف از تحقیق حاضر، شناسایی و دستیابی به میزان تنوع موجود در توده‌های *Ae. triuncialis* از نظر صفات زراعی مورفولوژیکی بود.

تنوع مطلوب از حیث هدف و صفت موردبررسی می‌باشد (۱۹، ۳۹). با توجه به رابطه مثبت بین میزان تنوع ژنتیکی و مقدار وقوع تغییرات تکاملی با افزایش تنوع ژنتیکی دستیابی به صفت موردعلاقه آسان‌تر است (۸). برای بهره‌مندی از تنوع موجود و ایجاد تغییرات جدید، ارزیابی ذخایر ژرم پلاسما ضروری به نظر می‌رسد. تنوع فنوتیپی وجود تفاوت فیزیکی قابل مشاهده در یک جمعیت می‌باشد و اجزای ژنتیکی و محیطی را شامل می‌شود. تفاوت‌های ژنوتیپی یکی از اجزای تنوع است که منجر به تنوع ژنتیکی میان افراد درون یک جمعیت یا بین جمعیت‌های درون یک گونه می‌شود و یکی از مهم‌ترین نیازهای به‌نژادگران می‌باشد. اساس فنوتیپ بر پایه صفات کمی و کیفی و به‌وسیله ترکیب ژنوتیپ و عکس‌العمل با محیط می‌باشد (۳۵). تنوع مورفولوژیکی در جمعیت‌های وحشی گیاهان نیز شناسایی شده است (۲۳). فرسایش ژنتیکی ژرم‌پلاسما گندم‌های زراعی انگیزه تحقیق برای بررسی امکان استفاده از تنوع ژنتیکی موجود در خویشاوندان وحشی آن شده است (۴۱). به‌نژادگران از ارقام وحشی مقاوم به بیماری‌ها و آفات، یا ارقام متحمل به شرایط شوری، گرما، سرما برای اصلاح ارقام زراعی استفاده می‌کنند (۲۴، ۲۶). گونه‌های جنس *Aegilops* به عنوان مهم‌ترین خویشاوندان وحشی گندم شامل تعدادی از گیاهان یک‌ساله وحشی هستند که بیشتر در اقلیم مدیترانه‌ای گسترش دارند و به دلیل رابطه خویشاوندی نزدیک با گندم زراعی و مقاومت آن‌ها در برابر تنش‌های مختلف زنده و غیرزنده به‌طور وسیعی مورد مطالعه قرار گرفته‌اند (۱۵، ۲۲). استفاده از گونه‌های این جنس از لحاظ وجود یک مجموعه ژرم‌پلاسما با تنوع بسیار وسیع، و همچنین به دلیل داشتن ویژگی‌هایی در ارتباط با سازگاری بلندمدت اهمیت بسزایی در برنامه‌های اصلاحی گندم دارد (۲۵). این جنس بخش وسیعی از خزانه ژنی گندم را تشکیل می‌دهد و گونه‌های زیادی از آن در برنامه‌های اصلاحی گندم مورد استفاده قرار گرفته‌اند. آخرین بازبینی

## مواد و روشها

مواد گیاهی مورد بررسی در این پژوهش، شامل ۱۵۴ نمونه از توده‌های بومی گونه *Ae. triuncialis* بود که توسط بانک ژن ملی گیاهی ایران از استان‌های نیمه شمالی ایران جمع‌آوری شده بودند. بذور توده‌های مورد بررسی در قالب یک طرح مشاهده‌ای بلوک آگمنت در ۱۱ ردیف با فاصله یک متری و ۲۲ توده با سه تکرار در هر ردیف

کشت و بین هر دو توده یک خط بدون کاشت در نظر گرفته شد. این طرح در مزرعه تحقیقاتی بانک ژن گیاهی ملی ایران (موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کشور) در طی سال زراعی ۹۵-۹۴ کشت شدند. جدول (۱) فراوانی توده‌های مورد بررسی و محل جمع‌آوری آنها را نشان می‌دهد.

جدول ۱- استان‌های مورد بررسی و تعداد توده‌های مورد آزمایش از هر استان

استان	محل جمع‌آوری	تعداد	استان	محل جمع‌آوری	تعداد
تهران	دماوند	۳	گیلان	بندرانزلی	۱
	پرند	۲		رودبار	۴
	ورامین	۱		رودبار/احمدآباد	۳
	کرج	۲		رودسر	۴
قزوین	قزوین	۲	خراسان رضوی	درگز	۱
	الموت	۳		قوچان	۱
	تاکستان	۲		گنبد	۱
	رودبار	۱		مشهد	۱۷
مرکزی	اراک	۶	آذربایجان غربی	نیشابور	۳
	دلیجان	۱		ترت حیدریه	۴
	آشتیان	۱		ترت جام	۲
	خمین	۱		ارومیه	۳
سمنان	سربند	۳	آذربایجان شرقی	خوی	۱
	ساوه	۱		نقده	۱
	تفرش	۲		اردبیل	۲
	شاهرود	۱۷		مغان	۱
مازندران	بهشهر	۹	زنجان	اهر	۱
	رامسر	۱		میانه	۱
	ساری	۴		تبریز	۱
	گنبد کاووس	۷		زنجان	۱۲
گلستان	کوه پایه	۱	کردستان	خداپنده	۱
	کردکوی	۵		مریوان	۲
خراسان شمالی	بجنورد	۱۱		سقر	۱
		کل			۱۵۴

صفات مورفولوژیک به‌سادگی و با دقت زیاد قابل اندازه‌گیری بوده و توارث پذیری نسبتاً بالایی دارند، بنابراین انتخاب بر اساس این صفات ممکن است راه مطمئن و سریعی برای غربال‌گری جوامع گیاهی و بهبود عملکرد باشد (۳۲). با توجه به نتایج حاصل از بررسی پارامتر میانگین و انحراف معیار، صفات عرض گره‌های محور سنبله، عرض دانه و ارتفاع بوته بترتیب با ۲۴/۱۳، ۲۳/۳۳، ۲۰/۵۳ درصد متنوع‌ترین صفات و صفات تعداد گره در ساقه و طول دانه بترتیب با ۱۴/۰۷ و ۱۴/۰۶ درصد دارای کمترین ضریب تغییرات فنوتیپی در میان صفات مورد بررسی بودند (جدول ۲).

برای صفات کیفی که از لحاظ آماری صفات مورفولوژیک رتبه‌ای و اسمی خوانده می‌شوند و تحت تأثیر تعداد گروه‌های فنوتیپی می‌باشند، از شاخصی غیر از ضریب تغییرات برای ارزیابی تنوع آن‌ها استفاده می‌شود که به آن شاخص شانون می‌گویند. میزان شاخص شانون نسبی در صفات شکنندگی محور سنبله، رنگ پرچم، کرک گلوم و رنگ‌دانه بترتیب با ۸۶، ۷۸، ۶۹ و ۶۹ درصد به‌عنوان بیشترین تنوع فنوتیپی و در صفات بافت دانه و رنگ گلوم بترتیب با ۱۵ و ۲ درصد کمترین تنوع فنوتیپی مشاهده گردید (جدول ۳).

به‌طورکلی در میان توده‌های مورد بررسی از لحاظ تنوع صفات کمی، بیشترین تنوع بترتیب در استان‌های آذربایجان شرقی و قزوین و کمترین تنوع بترتیب در استان‌های کردستان و خراسان شمالی مشاهده گردید (جدول ۴) و از لحاظ تنوع صفات کیفی استان‌های آذربایجان شرقی، آذربایجان غربی و زنجان در اکثر صفات دارای بالاترین شاخص و استان سمنان در بیشتر صفات فاقد شاخص تنوع فنوتیپی بودند (جدول ۵).

ضرایب همبستگی اسپیرمن بین صفات مورد مطالعه در جدول ۶ درج شده است. بیشترین میزان همبستگی فنوتیپی مثبت (\*\* $r=0/379$ ) بین صفات عرض گلوم سنبلچه و قطر

ارزیابی صفات از نیمه دوم خرداد ۱۳۹۵ آغاز و ۲۳ صفت بر اساس دیسکریپتور IPGRI (۲۰) ارزیابی شدند. این صفات عبارت بودند از: عادت رشد، رنگ پرچم، تعداد برگ زیر خوشه، ارتفاع بوته، تعداد گره در ساقه، قطر ساقه، رنگ ساقه، کرک ساقه، طول سنبله، قطر سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، طول گره‌های محور سنبله، عرض گره‌های محور سنبله، شکنندگی محور سنبله، تعداد بذر در سنبلچه، عرض گلوم سنبلچه، طول گلوم سنبلچه، رنگ گلوم، کرک گلوم، طول دانه، عرض دانه، رنگ دانه و بافت دانه. مبنای اندازه‌گیری ارتفاع بوته از محل طوقه تا انتهای سنبله بود. همچنین عادت رشد بوته‌ها بر اساس زاویه کمتر از ۳۰ درجه، ۳۰-۷۰ درجه و ۹۰ درجه بترتیب به خوابیده، نیمه-ایستاده و ایستاده تقسیم‌بندی شد. رنگ پرچم سفید، زرد و قهوه‌ای، رنگ ساقه زرد کمرنگ، سبز پررنگ، ارغوانی-سبز و ارغوانی، رنگ گلوم سفید، قرمز تا قهوه‌ای و ارغوانی تا سیاه، رنگ دانه سفید، قرمز و ارغوانی و بافت دانه به صورت آردی، نیمه شیشه‌ای و شیشه‌ای یادداشت‌برداری شدند. پس از ارزیابی، تجزیه داده‌های حاصل با استفاده از نرم‌افزار SPSS 19.0 انجام شد. تجزیه‌های آماری شامل همبستگی ساده، آماره‌های توصیفی مانند حداکثر و حداقل صفات کمی، میانگین، انحراف معیار و ضریب تغییرات، و نیز شاخص شانون برای صفات کیفی، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی روی همه صفات مورفولوژیکی انجام شد. شاخص شانون به‌عنوان معیاری از تنوع ژنتیکی درون جمعیتی برای صفات مورفولوژیک که تحت تأثیر تعداد گروه‌های فنوتیپی هستند تعیین گردید. توده‌های مورد بررسی از لحاظ مکان‌های جمع‌آوری شده با استفاده از تجزیه خوشه‌ای و به روش Ward گروه‌بندی شدند. برای محاسبه ضرایب همبستگی کلیه صفات از روش اسپیرمن استفاده شد. همچنین تجزیه به عامل‌ها با هدف کاهش حجم داده‌ها انجام گرفت.

## نتایج

معنی‌داری با صفت قطر سنبله (۰/۱۵) بود. صفت بافت دانه (KT) علاوه بر صفت رنگ‌دانه، با صفات مهم دیگری همچون صفت رنگ ساقه (۰/۲۹۱)، رنگ گلوم (۰/۲۵۲) و کرک گلوم (۰/۲۵۳) همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت (جدول ۶).

سنبله بود. همچنین بیشترین میزان همبستگی فنوتیپی منفی (\*\* $r = -0.334$ ) بین صفات طول سنبله و تعداد گره در ساقه بود. صفت ارتفاع بوته (PH) دارای همبستگی مثبت و معنی‌داری با صفات تعداد برگ زیر خوشه (۰/۱۷۶)، قطر ساقه (۰/۱۲۷) و عرض دانه (۰/۱۵۷) بود. صفت تعداد بذر در سنبلچه (SSN) دارای همبستگی مثبت و

جدول ۲- پارامترهای آماری صفات کمی برای توده‌های مورد مطالعه *Ae. triuncialis*

صفات کمی	حداکثر	حداقل	انحراف معیار	میانگین	ضریب تغییرات
	Max	Min	Stdv	Mean	CV
تعداد برگ زیر خوشه (LN)	۵	۲	۰/۵۷	۳/۳۳	۱۷/۰۹
ارتفاع بوته (PH) (سانتی‌متر)	۶۲	۱۵	۷/۶۳	۳۷/۱۸	۲۰/۵۳
تعداد گره در ساقه (NN)	۵	۲	۰/۴۲	۳/۰۴	۱۴/۰۷
قطر ساقه (StW) (سانتی‌متر)	۰/۲۱	۰/۰۳	۰/۰۲۵	۰/۱۳	۱۹/۵۷
طول سنبله (SpL) (سانتی‌متر)	۱۸	۳/۹	۱/۸۱	۹/۲۴	۱۹/۶۵
قطر سنبله (SpW) (سانتی‌متر)	۰/۶	۰/۱۲	۰/۰۶	۰/۳۵	۱۸/۸۷
تعداد سنبلچه در سنبله (SNS)	۱۲	۳	۰/۸۶	۴/۸۵	۱۷/۷۲
طول گره‌های محور سنبله (RNL) (سانتی‌متر)	۱۹	۱/۱	۱/۲۷	۸/۸۱	۱۴/۳۹
عرض گره‌های محور سنبله (RNW) (سانتی‌متر)	۰/۴۳	۰/۱	۰/۰۴	۰/۱۶	۲۴/۱۳
تعداد بذر در سنبلچه (SSN)	۴	۱	۰/۳۷	۱/۹۸	۱۹/۱۸
عرض گلوم سنبلچه (SGW) (سانتی‌متر)	۰/۴۵	۰/۱۷	۰/۰۴	۰/۲۸	۱۵/۵۵
طول گلوم سنبلچه (SGL) (سانتی‌متر)	۱/۶	۰/۱	۰/۱۴	۰/۹۶	۱۵/۱۹
طول دانه (SeL) (سانتی‌متر)	۱	۰/۴۶	۰/۱	۰/۷۴	۱۴/۰۶
عرض دانه (SeW) (سانتی‌متر)	۰/۸	۰/۰۹	۰/۰۴	۰/۱۹	۲۳/۳۳

جدول ۳- پارامترهای آماری صفات کیفی برای توده‌های مورد مطالعه *Ae. triuncialis*

صفات کیفی	حداکثر	حداقل	میان	مد	شاخص شانون	شاخص شانون نسبی (H) (%)
	Max	Min	Median	Mode	مطلق (H') (%)	
عادت رشد (GrH)	۵	۱	۱	۱	۷۲	۶۵
رنگ پرچم (SpC)	۲	۱	۱	۱	۵۴	۷۸
رنگ ساقه (StC)	۵	۱	۱	۱	۶۸	۶۲
کرک ساقه (SH)	۵	۱	۱	۱	۶۳	۵۷
شکندگی محور سنبله (RB)	۵	۱	۵	۵	۹۵	۸۶
رنگ گلوم (GC)	۳	۱	۱	۱	۱/۴	۲
کرک گلوم (GIH)	۷	۱	۱	۱	۹۶	۶۹
رنگ‌دانه (SeC)	۳	۱	۱	۱	۷۶	۶۹
بافت دانه (KT)	۷	۳	۳	۳	۱۶	۱۵

جدول ۴- ضریب تغییرات فنوتیپی صفات کمی جمعیت‌های *Ae. triuncialis* بر اساس محل جمع‌آوری استان‌های مورد مطالعه

استان‌ها صفات	تهران	آذربایجان شرقی	آذربایجان غربی	قزوین	گیلان	گلستان	خراسان رضوی	خراسان شمالی	کردستان	مرکزی	مازندران	سمنان	زنجان
تعداد برگ زیر خوشه (LN)	۱۷/۰۱	۱۴/۹۹	۱۷/۷۹	۱۵/۸۶	۱۵/۶۶	۱۴/۴۶	۱۸/۴۳	۱۷/۷۲	۱۳/۶۸	۱۸/۱۴	۱۴/۶۳	۱۶/۸۳	۱۶/۷۰
ارتفاع بوته (PH)	۱۶/۶۵	۲۳/۸۷	۱۲/۹۱	۳۰/۴۸	۲۲/۱۷	۱۹/۰۵	۲۱/۵۸	۱۷/۱۹	۱۴/۰۷	۲۲/۴۳	۲۰/۷۵	۱۶/۶۲	۱۶/۵۴
تعداد گره در ساقه (NN)	۱۶/۱۶	۱۳/۶۷	۱۷/۷۹	۱۱/۷۵	۰	۹/۲۴	۱۱/۲۵	۵/۸۶	۱۱/۵۳	۱۲/۳	۱۱/۶۶	۸/۳۲	۱۱/۷۹
قطر ساقه (StW)	۱۵/۵۲	۲۸/۹۵	۴۰/۹	۲۲/۴۲	۱۱/۷	۱۲/۵۶	۱۲/۶۱	۱۵/۵۴	۸/۴۰	۱۱/۹۳	۱۲	۱۳/۸۵	۲۵/۰۱
طول سنبله (SpL)	۱۱/۸۹	۱۵/۵۲	۲۰/۶۳	۱۷/۸۰	۱۳/۰۴	۱۳/۸۵	۱۶/۸۹	۱۰/۴۹	۱۶/۵۳	۱۱/۴۶	۱۲/۱۱	۱۱/۴۶	۳۲/۲۹
قطر سنبله (SpW)	۱۹/۷۲	۱۵/۱۰	۱۴/۵	۱۵/۱۵	۱۷/۴	۱۵/۶۷	۱۹/۲۸	۱۶/۷۹	۲۱/۴۴	۱۵/۱۶	۱۸/۰۲	۱۳/۵۷	۱۱/۰۴
تعداد سنبلچه در سنبله (SNS)	۱۳/۵۳	۱۳/۷۱	۱۳/۶۴	۱۲/۹۵	۱۲/۳۶	۱۴/۹۵	۱۲/۹۲	۱۲/۷۵	۱۰/۷۱	۱۴/۹۲	۱۱/۶۶	۱۰/۵۰	۳۹/۱۱
طول گره‌های محور سنبله (RNL)	۱۰/۶۳	۸/۲۸	۱۳/۱۳	۱۷/۱۷	۱۰/۷۲	۹/۶۲	۱۱/۳۵	۱۳/۰۴	۱۴/۲۸	۱۱/۲۹	۹/۶۶	۲۷/۳۰	۱۱/۹۸
عرض گره‌های محور سنبله (RNW)	۱۸/۱۱	۲۱/۷۹	۱۶/۸۳	۳۴/۳۲	۱۷/۳۸	۱۸/۱۲	۱۹/۴۲	۱۴/۸۳	۱۴/۸۴	۱۸/۸۷	۳۰/۰۵	۲۲/۷۲	۱۸/۶۰
تعداد بذر در سنبلچه (SSN)	۱۷/۶۹	۴۲/۴۲	۲۵/۴۸	۳۲/۱۹	۱۴/۶۲	۱۱/۴۷	۱۳/۲	۱۷/۹۵	۰	۱۰/۱۹	۷/۸	۲۲/۴۰	۲۰/۷۶
عرض گلوم سنبلچه (SGW)	۱۹/۹۸	۱۷/۴۳	۹/۰۳	۱۴/۶۲	۱۸/۴۷	۱۶/۴۹	۱۳/۱۷	۱۳/۲۲	۱۴/۱۰	۱۴/۹۸	۱۰/۰۶	۱۷/۴۳	۱۷/۵۸
طول گلوم سنبلچه (SGL)	۸/۰۸	۱۱/۱۸	۱۱	۲۵/۸۸	۱۲/۵۳	۱۴/۶۲	۱۱/۰۲	۱۰/۹۵	۱۴/۴۹	۱۷/۹۲	۸/۲۰	۲۳/۰۰۹	۹/۹۶
طول دانه (SeL)	۱۶/۵۹	۱۵/۱۴	۱۶/۱۱	۱۶/۱۷	۱۷/۷۳	۱۲/۹۳	۱۱/۴۷	۱۰/۳۹	۱۹/۳	۱۳/۲۷	۱۴/۸۲	۱۲/۶۶	۱۲/۸۳
عرض دانه (SeW)	۱۵/۰۴	۶۱/۸۳	۱۴/۷۳	۱۲/۹	۲۴/۸۷	۱۹/۶۹	۱۷/۱۲	۸/۱۹	۳۵/۵۳	۱۳/۶۲	۱۷/۱۴	۱۴/۶۳	۱۵/۶۶

جدول ۵- میزان شاخص نسبی شانون صفات کیفی جمعیت‌های *Ae. triuncialis* بر اساس استان‌های محل جمع‌آوری

استان‌ها صفات	تهران	آذربایجان شرقی	آذربایجان غربی	قزوین	گیلان	گلستان	خراسان رضوی	خراسان شمالی	کردستان	مرکزی	مازندران	سمنان	زنجان	کل
عادت رشد (GrH)	۰/۷۵	۰/۹۹	۰/۷۲	۰/۶۵	۰/۸۵	۰/۶۷	۰/۲۶	۰/۵۳	-	۰/۶۸	۰/۸۴	۰/۵۱	۰/۹۳	۰/۶۴
رنگ پرچم (SpC)	۰/۹۶	۱	۰/۹۱	۰/۷۳	-	۰/۶۷	۰/۹۱	۰/۶۸	۰/۵۰	۰/۶۲	۰/۵۹	۰/۱۴	۰/۸۷	۰/۶۶
رنگ ساقه (StC)	۰/۶۵	۰/۹۰	۰/۹۷	۰/۶۵	۰/۵۸	۰/۴۹	۰/۳۸	۰/۳۳	۰/۵۰	۰/۵۷	۰/۹۷	۰/۴۶	۰/۶۵	۰/۶۲
کرک ساقه (SH)	۰/۵۰	-	۰/۳۵	۰/۵۴	۰/۸۱	۰/۶۱	۰/۵۸	۰/۶۱	۰/۹۹	۰/۷۶	۰/۵۹	۰/۳۳	۰/۶۵	۰/۵۶
شکندگی محور سنبله (RB)	۰/۷۱	۰/۵۹	۰/۷۷	۰/۹۶	۰/۸۵	۰/۷۳	۰/۴۹	۰/۶۸	۰/۹۱	۰/۹۷	۰/۷۸	۰/۴۱	۰/۶۶	۰/۷۳
رنگ گلوم (GC)	-	۰/۳۱	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	۰/۰۲
کرک گلوم (GIH)	-	۰/۹۹	۰/۹۵	۰/۵۴	۰/۶۰	۰/۶۷	۰/۴۵	۰/۹۰	۰/۹۱	۰/۶۷	۰/۹۱	۰/۷۵	۰/۸۱	۰/۷۰
رنگ دانه (SeC)	۰/۸۹	۰/۳۱	۰/۷۲	۰/۷۴	۰/۵۸	۰/۷۱	۰/۹۶	۰/۷۴	۰/۹۱	۰/۷۶	۰/۹۸	۰/۷۵	۰/۹۸	۰/۷۷
بافت دانه (KT)	-	۰/۹۳	۰/۷۲	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	۰/۱۵

جدول ۶- همبستگی بین صفات کمی و کیفی توده‌های *Ae. triuncialis* با روش اسپیرمن

SNS	SpW	SpL	SH	StC	StW	NN	PH	LN	SpC	GrH	صفات
										۱	GrH
									۱	-۰/۰۳۳	SpC
								۱	۰/۰۴۲	-۰/۰۴۶	LN
							۱	۰/۱۷۶**	۰/۰۹۲	-۰/۱۹۵**	PH
					۱	-۰/۲۵۳**	۰/۱۰۸*	۰/۳۰۳**	۰/۱۴۰**	۰/۰۲۳	NN
				۱	-۰/۱۰۵*	۰/۱۵۵**	-۰/۱۰۰*	۰/۰۳۰	۰/۰۷۶	۰/۰۲۳**	StW
			۱	۰/۲۲۹**	-۰/۱۳۸**	۰/۳۱۵**	-۰/۰۴۴	۰/۲۱۰**	۰/۰۵۲	۰/۰۷۲	SH
		۱	-۰/۲۱۴**	-۰/۱۹۴**	۰/۲۵۲**	-۰/۳۴۲**	-۰/۰۳۰	۰/۱۳۴**	-۰/۰۷۸	۰/۰۲۷	SpL
	۱	-۰/۰۸۲	۰/۰۷۵	۰/۰۴۹	-۰/۰۹۱	۰/۱۹۸**	۰/۰۹۵*	۰/۰۶۸	-۰/۰۴۶	۰/۰۰۵	SpW
۱	۰/۱۹۱**	۰/۱۱۲*	۰/۰۶۸	۰/۱۹۳**	۰/۰۸۳	۰/۱۹۶**	-۰/۰۴۳	۰/۰۶۷	۰/۱۱۰*	۰/۱۲۲**	SNS
۰/۰۹۴*	-۰/۰۷۹	۰/۱۱۹*	-۰/۰۳۸	۰/۰۸۶	-۰/۰۰۱	۰/۰۰۵	۰/۰۵۶	۰/۰۰۷	۰/۰۵۱	-۰/۰۹۴*	RNL
۰/۱۳۵**	۰/۲۵۹**	-۰/۱۲۸**	۰/۱۸۵**	۰/۱۴۹**	-۰/۱۵۳**	۰/۲۹۱**	۰/۰۱۳	۰/۰۳۱	۰/۰۷۴	-۰/۰۵۲	RNW
-۰/۰۱۵	۰/۲۷۱**	۰/۰۴۱	۰/۰۱۶	۰/۰۳۰	-۰/۰۰۸*	۰/۰۴۶	۰/۰۱۷	۰/۰۳۸	-۰/۱۷۲**	-۰/۰۱۸	RB
۰/۰۶۵	۰/۱۵۰**	-۰/۰۲۷	۰/۰۷۳	۰/۰۷۴	-۰/۰۴۰	۰/۰۷۶	-۰/۰۴۲	۰/۰۲۵	۰/۱۰۰*	-۰/۰۶۱	SSN
۰/۰۴۹	۰/۳۷۹**	-۰/۰۶۵	۰/۰۴۴	۰/۱۵۹**	-۰/۰۱۵*	۰/۱۰۵*	۰/۰۱۲	-۰/۰۱۶	-۰/۰۴۸	۰/۰۵۸	SGW
-۰/۰۰۱	۰/۰۴۹	۰/۲۳۹**	-۰/۰۶۰	-۰/۱۱۵*	۰/۰۶۱	-۰/۰۸۹	-۰/۰۳۸	-۰/۰۴۲	-۰/۰۲۵	-۰/۱۱۴*	SGL
۰/۰۱۷	۰/۰۶۶	-۰/۰۷۹	۰/۰۷۹	۰/۰۷۷	-۰/۰۷۷	-۰/۰۰۵	۰/۰۴۶	-۰/۰۳۰	۰/۰۸۶	-۰/۰۲۷	GC
۰/۰۴۹	۰/۱۵۸**	-۰/۱۵۸**	۰/۲۶۶**	۰/۱۸۹**	-۰/۲۴۵**	۰/۲۳۰**	۰/۰۲۹	۰/۱۲۶**	۰/۰۰۹	۰/۱۲۴**	GIH
-۰/۰۱۴	۰/۰۷۷	۰/۰۵۲	۰/۰۰۹	-۰/۰۳۶	-۰/۰۵۲	۰/۰۲۴	۰/۱۰۹*	۰/۰۳۱	۰/۰۳۳	-۰/۰۸۳	SeL
۰/۰۱۴	۰/۱۴۰**	۰/۰۰۶	-۰/۰۲۰	۰/۰۰۷	-۰/۰۶۱	۰/۱۰۵*	۰/۱۵۷**	۰/۰۳۸	-۰/۰۰۱	-۰/۰۷۰	SeW
۰/۱۰۰*	۰/۲۲۲**	-۰/۲۷۱**	-۰/۰۵۸	۰/۱۰۲*	-۰/۲۱۸**	۰/۱۸۶**	۰/۰۲۶	۰/۰۶۳	۰/۰۹۰	۰/۰۰۳	SeC
۰/۱۸۰**	۰/۱۳۹**	-۰/۲۹۷**	۰/۳۰۹**	۰/۲۹۱**	-۰/۲۹۵**	۰/۳۶۹**	۰/۰۲۷	۰/۱۵۶**	۰/۱۰۳*	۰/۱۵۵**	KT

\* و \*\*: پرتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

ادامه جدول ۶ -

KT	SeC	SeW	SeL	GIH	GC	SGL	SGW	SSN	RB	RNW	RNL	صفات	
											۱	RNL	
											۱	۰/۱۵۹**	RNW
									۱	۰/۱۶۴**	۰/۰۲۷	۰/۰۲۷	RB
								۱	-۰/۰۸۲	۰/۱۰۳*	۰/۰۵۵	۰/۰۵۵	SSN
							۱	۰/۰۶۵	۰/۰۹۵*	۰/۲۱۵**	-۰/۰۴۹	-۰/۰۴۹	SGW
						۱	-۰/۰۰۷	۰/۱۱۶*	۰/۱۱۷*	۰/۱۰۵*	۰/۲۸۸**	۰/۲۸۸**	SGL
					۱	-۰/۰۵۳	-۰/۰۱۰	۰/۰۰۴	-۰/۰۵۶	۰/۰۷۶	۰/۰۵۱	۰/۰۵۱	GC
				۱	۰/۰۵۰	-۰/۰۶۵	۰/۰۵۵	۰/۰۴۱	۰/۲۶۹**	۰/۱۸۴**	-۰/۰۵۳	-۰/۰۵۳	GIH
			۱	۰/۱۷۲**	۰/۰۵۱	۰/۰۵۳	۰/۰۸۷	-۰/۰۸۵	۰/۰۵۸	۰/۰۳۵	۰/۰۴۸	۰/۰۴۸	SeL
		۱	۰/۲۹۵**	۰/۱۰۷*	۰/۰۶۸	۰/۰۴۲	۰/۱۵۸**	۰/۰۴۲	۰/۲۲۲**	۰/۱۷۲**	۰/۰۷۲	۰/۰۷۲	SeW
	۱	۰/۱۲۵**	۰/۰۱۳	-۰/۰۰۵	۰/۰۵۳	۰/۰۰۳	۰/۱۷۱**	۰/۰۱۴	۰/۱۴۹**	۰/۲۸۱**	۰/۱۷۳**	۰/۱۷۳**	SeC
۱	۰/۲۱۸**	۰/۰۵۳	۰/۰۴۸	۰/۲۵۳**	۰/۲۵۲**	-۰/۱۰۱*	۰/۰۱۳	۰/۰۱۵	-۰/۰۱۳	۰/۲۶۱**	۰/۰۳۹	۰/۰۳۹	KT

سنبله با همبستگی منفی عمده‌ترین نقش را در تشکیل عامل اول داشتند. در عامل دوم قطر سنبله و عرض گلوم سنبلچه ضرایب مثبت و تعداد برگ زیرخوشه، ارتفاع بوته و قطر ساقه ضرایب منفی داشتند. در عامل سوم طول گره‌های محور سنبله و طول گلوم سنبلچه، در عامل چهارم ارتفاع بوته، طول و عرض دانه و در عامل پنجم تعداد سنبلچه در سنبله بیشترین اهمیت را در تبیین این عامل‌ها داشتند (جدول ۷).

نتایج تجزیه به عامل‌ها بر اساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با استفاده از چرخش واریماکس برای ۱۵۴ جمعیت *truncialis* با استفاده از ۱۴ صفت کمی انجام و در جدول (۷) ارائه شده است. نتایج حاصل پنج عامل پنهان را با مقادیر ویژه بالاتر از یک نشان داد که سهم عوامل اول تا پنجم بترتیب ۱۵/۴۶، ۱۲/۲۶، ۹/۹۲، ۹/۸۱ و ۸/۸۹ درصد بود و در مجموع حدود ۵۶ درصد تغییرات بین کل داده‌ها را توجیه کردند. صفات تعداد برگ زیرخوشه و تعداد گره در ساقه با همبستگی مثبت و صفات قطر ساقه و طول

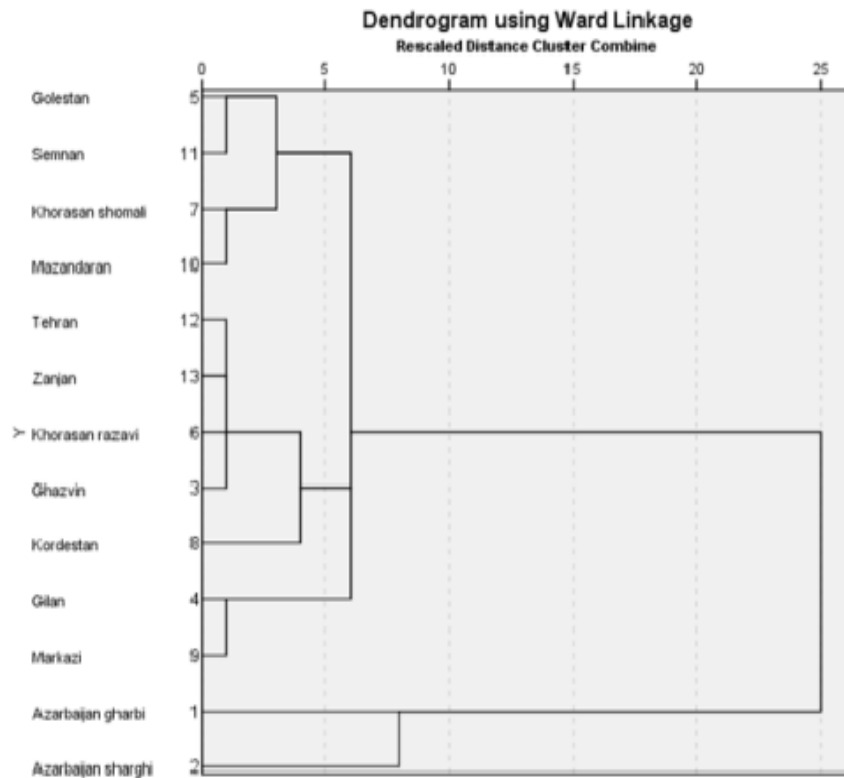
جدول ۷- ماتریس چرخش یافته ضرایب عاملی حاصل از تجزیه به عامل‌ها

صفات کمی	عامل‌ها				
	۱	۲	۳	۴	۵
تعداد برگ زیر خوشه	۰/۵۰۳	-۰/۲۱۹	-۰/۰۲۰	۰/۲۹۶	۰/۳۵۴
ارتفاع بوته	۰/۰۴۲	-۰/۱۳۳	۰/۰۰۸	۰/۶۴۸	۰/۲۶۴
تعداد گره در ساقه	۰/۷۴۵	۰/۱۴۵	۰/۰۰۵	۰/۱۳۹	۰/۲۸۳
قطر ساقه	-۰/۷۰۳	-۰/۱۸۶	۰/۰۱۱	۰/۰۷۳	۰/۱۶۸
طول سنبله	-۰/۷۶۰	-۰/۰۵۷	۰/۱۸۸	۰/۰۵۱	۰/۳۵۴
قطر سنبله	۰/۱۰۵	۰/۷۱۴	-۰/۱۰۱	۰/۱۴۱	۰/۱۵۲
تعداد سنبلچه در سنبله	-۰/۰۹۷	۰/۱۷۲	۰	-۰/۰۳۱	۰/۸۳۰
طول گره‌های محور سنبله	۰/۰۲۸	-۰/۰۶۶	۰/۷۷۵	۰/۰۳۵	۰/۰۸۸
عرض گره‌های محور سنبله	۰/۴۱۹	۰/۵۰۲	۰/۲۹۷	-۰/۰۳۷	۰/۰۵۵
تعداد بذر در سنبلچه	۰/۰۹۹	۰/۴۵۵	۰/۲۶۹	-۰/۲۳۵	۰/۱۷۲
عرض گلوم سنبلچه	۰/۰۱۸	۰/۷۱۸	-۰/۱۳۰	۰/۱۳۶	-۰/۱۰۲
طول گلوم سنبلچه	-۰/۱۴۲	۰/۰۱۶	۰/۷۳۰	۰/۱۰۵	-۰/۰۹۵
طول دانه	-۰/۱۱۹	۰/۱۳۵	۰/۰۱۲	۰/۶۷۷	-۰/۲۱۳
عرض دانه	۰/۲۰۳	۰/۲۳۶	۰/۱۷۹	۰/۵۲۲	-۰/۰۱۳
مقادیر ویژه	۲/۱۶۵	۱/۷۱۷	۱/۳۸۹	۱/۳۷۵	۱/۲۴۵
درصد واریانس	۱۵/۴۶۴	۱۲/۲۶۴	۹/۹۲۵	۹/۸۱۹	۸/۸۹۲
درصد واریانس تجمعی	۱۵/۴۶۴	۲۷/۷۲۸	۳۷/۶۵۳	۴۷/۴۷۱	۵۶/۳۶۳

گونه‌های جمع‌آوری شده از استان‌های آذربایجان غربی و آذربایجان شرقی و در گروه دوم گونه‌های جمع‌آوری شده از استان‌های تهران، سمنان، گیلان، گلستان، خراسان شمالی، خراسان رضوی، مازندران، زنجان، قزوین، مرکزی و کردستان قرار گرفتند (شکل ۱).

بمنظور تعیین قرابت جمعیت‌ها و گروه‌بندی آن‌ها بر مبنای صفات مورد بررسی، تجزیه خوشه‌ای با استفاده از داده‌های استاندارد شده به روش Ward و با استفاده از مربع فاصله اقلیدسی انجام شد. بدین وسیله توده‌ها به دو گروه تقسیم‌بندی شدند که گروه یک از نظر اکثر صفات بیشترین ضریب تغییرات از میانگین را داشتند. در گروه اول،





شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای توده‌های *Ae. triuncialis* بر اساس صفات مورفولوژیک کمی با روش Ward

## بحث

و همکاران (۳۷) با بررسی میانگین، واریانس و ضریب تغییرات در گونه‌های *Ae. tauschii* ایران نتیجه گرفتند که زیرگونه استرانگولاتا بالاترین تنوع مربوط به صفت ارتفاع بوته و در زیرگونه تائوشی بعد از صفت تعداد دانه در سنبلچه، ارتفاع بوته کمترین تنوع را نشان داده و در هر دو زیرگونه کمترین تنوع مربوط به صفت تاریخ رسیدن بود. همچنین در مطالعه‌ای که بر روی ۳۰ نمونه از *Ae. cylindrica* در منطقه آمریکای غربی صورت گرفته، نتایج نشان داده است که ژنوتیپ‌های مورد مطالعه دارای تفاوت معنی‌دار از لحاظ صفات روز تا گل‌دهی، ارتفاع گیاه، تعداد پنجه و تعداد سنبلچه بوده‌اند (۱۶).

نتایج این تحقیق نشان داد که صفات رنگ‌دانه، کرک گلوم و شکنندگی محور سنبله دارای بیشترین میزان شاخص تنوع و رنگ گلوم و بافت دانه واجد کمترین میزان شاخص تنوع بودند. بدین ترتیب صفات رنگ دانه، کرک گلوم و شکنندگی محور سنبله بیشترین تأثیر را در بین

تفاوت آماری معنی‌دار صفات مورد مطالعه در این تحقیق حکایت از آن داشت که جمعیت‌های مورد مطالعه از تنوع ژنتیکی کافی برای صفات مختلف از جمله عرض گره‌های محور سنبله، عرض دانه، ارتفاع بوته، شکنندگی محور سنبله، رنگ پرچم، کرک گلوم و رنگ دانه برخوردار بودند. از این رو می‌توان از میان آن‌ها، جمعیت‌های با صفات شاخص را انتخاب و در شناسایی، طبقه‌بندی و مطالعات اصلاحی استفاده کرد. در تحقیقی مشابه، محققین تنوع ژنتیکی جمعیت‌های گندم وحشی *Aegilops sp.* موجود در کلکسیون بانک ژن گیاهی ملی ایران را از نظر صفات مورفولوژیک بررسی کردند و نتیجه گرفتند گونه‌های *Ae. neglecta* و *Ae. umbellulata* متنوع‌ترین گونه‌ها و گونه‌های *Ae. crassa* و *Ae. triuncialis* از تنوع کمتری برخوردار بودند (۱۱). در تحقیق دیگری طاهر نژاد

صفات کیفی در متمایز کردن نمونه‌ها از یکدیگر داشته‌اند. محققین در تحقیقی مشابه با مطالعه سه گونه *Aegilops* دریافتند که ارتفاع گیاه، وزن هزار دانه و زودرسی نسبت به دیگر صفات سهم بیشتری در تنوع جمعیت‌ها دارند (۴۱). Saeedi و همکاران (۳۴) نیز با بررسی ۵۶ توده *Ae. tauschii* توسط نشانگر مولکولی میکروساتلایت، تنوع بسیار زیادی را در بین اجداد وحشی موجود در ایران گزارش دادند. در این بررسی بیشترین تنوع ژنتیکی در ناحیه شمال ایران گزارش داده شد.

در این تحقیق همبستگی صفات نشان داد که صفات مهم ارتفاع بوته و تعداد بذر در سنبلچه که در سازگاری و بقای نسل گیاه ضروری هستند، بیشتر تحت تأثیر خصوصیات ساقه و سنبله می‌باشند. همچنین صفت مهم بافت دانه که تأثیر بسزایی در وجود یا عدم وجود و یا کیفیت پروتئین‌های ذخیره‌ای در بذر این جنس دارد، دارای همبستگی مثبت و معنی‌داری با صفات کیفی همچون رنگ دانه، رنگ ساقه، رنگ گلوم و کرک گلوم دارد. یکی از دلایل وجود همبستگی بین دو صفت می‌تواند به علت قرار گرفتن ژن‌های کنترل‌کننده آن دو صفت روی یک کروموزوم باشد (۲۹). در خصوص صفات کیفی همبستگی بین صفات منحصرأ به مکان ژنی کنترل‌کننده آن صفات و ارتباط آن‌ها روی کروموزوم بستگی دارد که این ارتباط می‌تواند به صورت لینکاژ ژن‌ها یا اپیستازی و یا ترکیبی از این حالات جلوه کند ولی در مورد صفات کمی علاوه بر ژن‌های کنترل‌کننده صفت، پارامترهای مختلف از جمله عوامل اقلیمی می‌تواند موجب همبستگی بین صفات شود (۱۰). در مطالعه‌ای بر روی 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 و معنی‌داری وجود دارد ولی با وزن هزار دانه، عملکرد بیولوژیکی و عملکرد دانه همبستگی منفی وجود داشته است (۲۷). وجود همبستگی بین زوج صفات در کارهای اصلاحی به‌خصوص در امر

گزینش بر اساس تعدادی از صفات بسیار ضروری است. روش اسپیرمن یک روش ناپارامتری است و بدین علت بکار برده شده است که مانند روش پیرسون نیازی به محاسبه میانگین واریانس که برای داده‌های کیفی مقدور نیست، ندارد. آنالیز همبستگی این تحقیق نتایج قابل‌توجهی را در راستای اهداف اصلاحی آینده نشان داد. از آنجائیکه به صورت کلی، خویشاوندان وحشی گندم از تنوع بسیار بالایی برخوردار می‌باشند نتایج تحقیق صالحی شانجانی و همکاران حکایت از وجود تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای در بین جمعیت‌های مختلف علف گندمی بیابانی داشت (۷). همچنین در سایر تحقیقات مشابه بر روی کلکسیون‌های خویشاوندان وحشی گندم موجود در بانک ژن گیاهی ملی ایران از جمله *Ae. triuncialis* *Ae. tauschii* *Ae. crassa* (۱۱، ۱۸) و *Ae. cylindrica* (۲) نتایج مشابهی به دست آمده است. نتایج تحقیق حاجی کرم و همکاران نیز نشان داد که نمونه‌های *Ae. tauschii* نواحی شمالی ایران از تنوع بالایی برخوردار می‌باشند (۳).

بمنظور درک عمیق ساختار داده‌ها، از تجزیه به عامل‌ها نیز استفاده شد. تجزیه به عامل‌ها یک روش آماری برای کاهش یا تبدیل تعداد زیادی از متغیرهای همبسته به تعداد کمی از عوامل اصلی می‌باشد (۱۴) و به‌طور مؤثری برای درک ساختار و روابط مابین اجزای عملکرد و صفات مورفولوژیکی محصولات زراعی بکار گرفته می‌شود (۲۱). (۳۸). عامل‌های اول، دوم، سوم و پنجم مربوط به خصوصیات سنبله و عامل چهارم مربوط به خصوصیات ارتفاع بوته و بذر بود. در نتیجه انتخاب از طریق هر یک از عامل‌ها، منجر به گزینش توده‌ها بر اساس مجموعه صفات مؤثر در هر یک از این عامل‌ها می‌گردد. با ارزیابی ۹ صفت روی توده‌های *Ae. tauschii* توسط Naghavi و همکاران (۳۰)، سه مؤلفه شناسایی شدند که ۶۷/۸ درصد از کل واریانس را توجیه می‌کردند. بر اساس دو مؤلفه اول پیشنهاد شد که صفات مورد ارزیابی برای تشخیص زیرگونه‌های *Ae. tauschii* مفید هستند. همچنین تجزیه به

مجزا به ۵۵، ۵۴ و ۵۰ لاین طبقه‌بندی کردند که میانگین مربعات بین گروه‌ها برای همه صفات مهم زراعی به جز عملکرد دانه در واحد سطح بسیار معنی‌دار بود.

### نتیجه‌گیری کلی

در مطالعه حاضر استفاده از صفت کمی و کیفی مورفولوژیک جهت بررسی تنوع ژنتیکی توده‌های بومی *Ae. triuncialis* جمع‌آوری شده از نیمه شمالی ایران نشان داد که تنوع ژنتیکی بالایی بین جمعیت‌های مختلف این گونه وجود دارد. با توجه به اینکه به‌کارگیری خویشاوندان وحشی گندم در برنامه‌های اصلاحی مستلزم وجود تنوع ژنتیکی می‌باشد، نتایج این مطالعه بر اهمیت به‌سزای گونه *Ae. triuncialis* به عنوان منبعی از ژن‌های با ارزش که دارای پتانسیل ژنتیکی بالا جهت اصلاح گندم می‌باشد تأکید می‌کند. خزانه ژنی گونه‌های وحشی گندم در طی صدها هزار سال انتخاب طبیعی و تکامل در نواحی هلال حاصل‌خیز تحت شرایط تنش‌های غیر زیستی و زیستی نظیر خشکی، شوری و آفات و بیماری‌ها نسبتاً غنی شده‌اند. به همین لحاظ انتظار می‌رفت که مطالعه حاضر تنوع قابل توجهی برای ویژگی‌های مختلف درون گونه مزبور را برای توده‌های مناطق شمال شرقی، شمال و شمال غرب کشور نشان دهد.

### سپاسگزاری

بدین‌وسیله از بخش ژنتیک و بانک ژن ملی گیاهی ایران و موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج به خاطر در اختیار گذاردن بذر و تجهیزات آزمایشگاهی موردنیاز، تشکر و قدردانی می‌گردد.

مؤلفه‌های اصلی باعث شد که ژرم پلاسما *Ae. tauschii* به گروه‌های مختلف ژنتیکی تقسیم شود. محققین در آزمایش دیگری روی ۳۹ رقم گندم زمستانه، ۱۰ صفت کمی را مطالعه و با استفاده از تجزیه به‌عامل‌ها توانستند تنوع داده‌ها را به پنج عامل اصلی کاهش دهند. آن‌ها عامل اول را ارتفاع بوته و عامل دوم را تعداد دانه در سنبله اصلی نامیدند (۴۰).

با نگاه کلی به تجزیه خوشه‌ای جمعیت‌های *Ae. triuncialis* بر اساس صفات مورد بررسی می‌توان نتیجه گرفت که در برخی موارد، این گروه‌بندی با پراکنش جغرافیایی مطابقت داشت، به طوری که استان‌های گروه اول، طبق نقشه وان اسلاجرن جزء مراکز مهم و تنوع این جنس در کشور می‌باشند. گروه دوم که شامل استان‌های شمال و شمال شرقی است به‌مراه استان‌های مرکزی ایران (به‌استثنای کردستان)، بیشتر به مناطق حاشیه مراکز تنوع تعلق دارند. در مطالعه‌ای که توسط Pestsova و همکاران (۳۱) روی ۱۱۳ توده *Ae. tauschii* با استفاده از نشانگر مولکولی میکروساتلایت انجام شد، توده‌ها به دو دسته بزرگ تقسیم‌بندی شدند. بر اساس نمودار درختی حاصل، الگوی دسته‌بندی توده‌های *Ae. tauschii* پراکنش جغرافیایی آن‌ها را نشان می‌داد و توده‌های ایرانی در طول نمودار پراکنده شده بودند. Fang و همکاران (۱۷) بر اساس تعدادی از صفات مورفولوژیک شامل تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و عملکرد دانه تک سنبله، ۱۲۰ واریته گندم دوروم را توسط تجزیه خوشه‌ای به پنج گروه تقسیم کردند. Heydari و همکاران (۴) با استفاده از تجزیه خوشه‌ای، ۱۵۷ لاین دابل‌هاپلوئید گندم را به سه گروه

### منابع

۲- بخشی، ب.، جعفرآقایی، م.، بی‌همتا، م.ر.، درویش‌کجوری، ف. ۱۳۸۷. ارزیابی صفات مورفولوژیک در کلکسیون *Aegilops cylindrica* ایران. دهمین کنگره علوم زراعت و اصلاح‌نباتات ایران. ۲۴۰-۲۳۸.

۱- باقری، ع.، کوچکی، ع.، زند، ا. ۱۳۷۵. اصلاح نباتات در کشاورزی پایدار (کتاب). انتشارات جهاد دانشگاهی مشهد، ۱۵۰ صفحه.

- ۳- حاجی کریم، م.، نقوی، م.ر.، طالعی، ع.، جعفرآقایی، م. ۱۳۹۰. بررسی تنوع ژنتیکی نمونه های *Aegilops tauschii* نواحی شمالی ایران با استفاده از نشانگرهای SSR. مجله زیست‌شناسی ایران. جلد ۲۴ (۳): ۳۹۰-۳۹۹.
- ۴- حیدری، بهرام، سعیدی، ق.ا.، سید طباطبائی، ب.ا. ۱۳۸۶. تجزیه به عامل‌ها برای صفات کمی و بررسی ضرایب مسیر برای عملکرد دانه در گندم. مجله علوم آب و خاک. جلد ۱۱ (۴۲): ۱۳۵-۱۴۳.
- ۵- رجبی، ا.، مقدم، م.، رحیم‌زاده خوبی، ف.، مصباح، م.، رنجی، ذ. ۱۳۸۱. ارزیابی تنوع ژنتیکی در توده های چغندر قند برای صفات زراعی و کیفیت محصول. مجله علوم کشاورزی ایران، جلد ۳۳ (۳): ۵۵۳-۵۶۷.
- ۶- سرخی‌لله‌لو، ب.، یزدی‌صمدی، ب. ۱۳۷۷. بررسی تنوع ژنتیکی کلکسیون گندم نان در رابطه با صفات مورفولوژیک و طبقه بندی جغرافیایی و اقلیمی. مجله علوم کشاورزی، جلد ۲۹ (۴): ۶۵۷-۶۳۹.
- ۷- صالحی‌شانجانی، پ.، جعفری، ع.ا.، کلاگری، م.، محمداسماعیلی، م. ۱۳۹۳. بررسی تنوع ژنتیکی و رابطه جغرافیایی میان ۱۸
- ۱۲- Aghaee-Sarbarzeh, M., Ferrahi, S., Singh, H., Singh, B., Friebe, B.S., Gill, H. and Dhaliwal, S., 2002. PhI-induced transfer of leaf and stripe rust-resistance genes from *Aegilops triuncialis* and *Ae. geniculata* to bread wheat. *Euphytica*, 127: 377-382.
- ۱۳- Baghizadeh, A., Khosravi, S., 2011. Genetic diversity assessment of *Aegilops* germplasm by RAPD molecular markers. *Agriculture and Biology Journal of North America*, 2: 197-202.
- ۱۴- Beheshtizadeh, H., Rezaie, A., Ghandi A., 2013. Principal component analysis and determination of the selection criteria in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. *International Journal of Agriculture and Crop Sciences*, 5(18):2024.
- ۱۵- Devos, K.M., Gale, M.D., 2000. Genome relationships: the grass model in current research. *The plant cell*, 12(5):637-646.
- ۱۶- Econopouly, B.F., McKay, J.K., Westra, P., Reid, S.D., Helm, A.L., Byrne, P.F., 2013. Phenotypic diversity of *Aegilops cylindrica* (jointed goatgrass) accessions from the western United States under irrigated and dryland conditions. *Agriculture, ecosystems & environment*, 164:244-251.
- ۱۷- Fang, X., Xiong, E., Zhu, W., 1996. Cluster analysis of elite wheat germplasm. *Jiangsu Academy of Agricultural Sciences*, 4:14-16.
- ۱۸- Ghasemzadeh, R., Bihanta, M., Omid, M., Mohammadi, V., Aghaei, M., 2011. Study on morphological diversity in Iranian wild wheat (*Aegilops tauschii*) populations and their responses to yellow rust, pathotype 134E134A+ at seedling stage. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 42(3).
- ۱۹- Gill B.S., Friebe, B., Raupp, W.J., Wilson, D.L., Cox, T.S., Sears, R.G., et al. 2006. Wheat genetics resource center: the first 25 years. *Advances in Agronomy*, 89: 73-136.
- ۲۰- IPGRI I. BAMNET, 2000. Descriptors for bambara groundnut (*Vigna subterranea*), International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy; International Institute of Tropical Agriculture, Ibadan, Nigeria. The International Bambara Groundnut Network, Germany.
- ۲۱- Khodadadi, M., Fotokian, M.H., Miransari, M., 2011. Genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes based on cluster and principal component analyses for breeding strategies. *Australian Journal of Crop Science*, 5(1): 17.

- 22- Kilian, B., Mammen, K., Millet, E., Sharma, R., Graner, A., Salamini, F., et al. 2011. *Aegilops* Wild crop relatives: genomic and breeding resources: Springer, 1-76.
- 23- Kole, C., 2011. Wild crop relatives: Genomic and breeding resources: Cereals: Springer Science & Business Media.
- 24- Kuraparthi, V., Sood, S., Chhuneja, P., Dhaliwal, H.S., Kaur, S., Bowden, R.L., et al. 2007. A cryptic wheat-*Aegilops triuncialis* translocation with leaf rust resistance gene Lr58. *Crop Science*, 47(5):1995-2003.
- 25- Liu, Z., Yan, Z., Wan, Y., Liu, K., Zheng, Y., Wang, D., 2003. Analysis of HMW glutenin subunits and their coding sequences in two diploid *Aegilops* species. *Theoretical and Applied Genetics*, 106(8):1368-1378.
- 26- Martin-Sanchez, J., Gomez-Colmenarejo, M., Del-Moral, J., Sin, E., Montes, M., Gonzalez-Belinchon, C., et al. 2003. A new Hessian fly resistance gene (H30) transferred from the wild grass *Aegilops triuncialis* to hexaploid wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 106(7):1248-1255.
- 27- Masood, M.S., Javaid, A., Rabbani, M.A., Anwar, R., 2005. Phenotypic diversity and trait association in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) landraces from Baluchistan, Pakistan. *Pakistan Journal of Botany*, 37(4): 949.
- 28- Mohammadi, A., Majidi-Heravan, E., Bihamta, M.R., Heydari-sharifabad, H., 2007. Evaluation of drought stress on agro – morphological characteristics in some wheat cultivars. *Agronomy and horticulture*. 19(4): 184-192.
- 29- Molnár, I., Vrána, J., Burešová, V., Cápál, P., Farkas, A., Darkó, É., et al. 2016. Dissecting the U, M, S and C genomes of wild relatives of bread wheat (*Aegilops* spp.) into chromosomes and exploring their synteny with wheat. *The Plant Journal*, 88(3): 452-467.
- 30- Naghavi, M.r., Amirian, R., 2005. Morphological characterization of accessions of *Aegilops tauschii*. *Int J Agri Biol*, 7: 392-394.
- 31- Pestsova, E., Korzun, V., Gncharov, N.P., Hammer, K., Ganai M.W., Roder, M.S., 2000. Microsatellite analysis of *Aegilops tauschii* germplasm. *Theoretical and Applied Genetics*, 101: 100-106.
- 32- Potla, K., Bornare, S., Prasad, L., Prasad, R., Madakemohekar, A., 2013. Study of heterosis and combining ability for yield and yield contributing traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *The bioscan*, 8(4):1231-1235.
- 33- Romero, M., Montes, M., Sin, E., Lopez-Brana, I., Duce, A., Martin-Sanchez, J., et al. 1998. A cereal cyst nematode (*Heterodera avenae* Woll.) resistance gene transferred from *Aegilops triuncialis* to hexaploid wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 96(8): 1135-1140.
- 34- Saeidi, H., Rahiminejad, M.R., Vallian, S., Heslop-Harrison, J., 2006. Biodiversity of diploid D-genome *Aegilops tauschii* Coss. in Iran measured using microsatellites. *Genetic resources and crop evolution*, 53(7): 1477-1484.
- 35- Schneider, A., Molnár, I., Molnár-Láng, M., 2008. Utilisation of *Aegilops* (goatgrass) species to widen the genetic diversity of cultivated wheat. *Euphytica*, 163(1): 1-19.
- 36- Soltis, P.S., Soltis, D.E., 2000. The role of genetic and genomic attributes in the success of polyploids. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 97(13): 7051-7057.
- 37- Tahernezhad, Z., Zamani, M.J., Solouki, M., Zahravi, M., Imamjomeh, A.A., Jafaraghaei, M., et al. 2010. Genetic diversity of Iranian *Aegilops tauschii* Coss. using microsatellite molecular markers and morphological traits. *Molecular biology reports*, 37(7): 3413-3420.
- 38- Vaisi, H., Golparvar, A.R., Resaie, A., Bahraminejad, S., 2013. Factor analysis of some quantitative attributes in oat (*Avena sativa* L.) genotypes. *Sci Agric*, 3: 62-65.
- 39- Van-Slageren, M.W., 1994. Wild wheats: a monograph of *Aegilops* L. and *Amblyopyrum* (Jaub. & Spach) Eig (Poaceae). Wageningen Agricultural University Papers (94-7).
- 40- Xinde, X.H.P., 1991. Applying factor analysis method to study Winter wheat quantity characters and varieties classification. *Acta Agriculturae Universitatis Pekinen Science*, 17: 17-24.
- 41- Zaharieva, M., Dimov, A., Stankova, P., David, J., Monneveux, P., 2003. Morphological diversity and potential interest for wheat improvement of three *Aegilops* L. species from Bulgaria. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 50(5): 507-517.
- 42- Zhang, H., Jia, J., Gale, M., Devos, K., 1998. Relationships between the chromosomes of *Aegilops umbellulata* and wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 96(1): 69-75.
- 43- Zhang, P., Dundas, I.S., McIntosh, R.A., Xu, S.S., Park, R.F., Gill, B.S., et al. 2015. Wheat-*Aegilops* Introgressions. *Alien Introgression in Wheat*: Springer. 221-243.

## Morphological Genetic Variation of Native Species of *Aegilops triuncialis* L. Collected from the northern half of Iran

Shirzad H.<sup>1</sup>, Ahmadi J.<sup>1</sup>, Aghaei M.J.<sup>2</sup> and Sorkhi B.<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Dept. of Genetics and Plant Breeding, College of Agriculture, Imam Khomeini International University, Qazvin, I.R. of Iran

<sup>2</sup> Horticulture Research Institute, Alborz, I.R. of Iran

<sup>3</sup> Dept. of Genetics Research and National Genetic Gene Bank of Iran, Seed and Plant Improvement Research Institute, Alborz, I.R. of Iran

### Abstract

Genetic diversity is the basis of breeding programs and allows plant breeding with desirable traits and characteristics. *Aegilops* spp. is one of the wild relatives of bread wheat and has a large distribution in the Middle East and West Asia, with Iran covering a large part of this region. In this research, 154 native populations of *Aegilops triuncialis* L. from the National Iranian Genetic Bank were evaluated in an Agement block design with three replications. Evaluation of morphological traits was carried out according to the instructions of the International Institute of Genetic Resources. According to the results, the highest genetic diversity was related to the *Aegilops triuncialis* populations of East Azerbaijan and Qazvin provinces, and the least diversity was in the populations of Kurdistan and North Khorasan provinces. In terms of diversity coefficient of qualitative traits, the accessions of East Azerbaijan, West Azerbaijan and Zanjan provinces in most of the traits have the highest indices and the accessions of Semnan province were in most of the traits lacking diversity. Correlation analysis showed that spike and stem traits had the highest correlation coefficients. Based on the cluster analysis of the accessions with morphological traits, in some cases, the grouping pattern was matched with the geographic distribution of the accessions. The results also showed that there is high genetic diversity among different populations of this species. Given that the use of wild wheat relatives in breeding programs requires genetic diversity, the results of this study emphasize the importance of *Ae. triuncialis* species as a source of valuable genes that have high genetic potential for wheat breeding.

**Key words:** *Aegilops triuncialis*, Factor analysis, Genetic diversity, Geographic distribution