"مجله علوم زراعي ايران"
جلد دوازدهم، شماره ۱،بهار ۱۳۸۹

بررسی تنوع ژنتیکی و روابط بین صفات گیاهی و عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های گندم نان (*Triticum aestivum* L.) سنبله بلند با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره

Study on genetic variation and relationship between plant characteristics and grain yield in long spike bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes-using multivariate analysis

مهدی زکی زاده[۱]، محسن اسماعیل زاده مقدم[۲] و دانیال کهریزی[۳]

چکیده

زکی زاده،م.، م. اسماعیل زاده مقدم و د. کهریزی. ۱۳۸۹. بررسی تنوع ژنتیکی و روابط بین صفات مختلف و عملکرد دانه در ژنوتیپ های گندم نان (***Triticum aestivum* L.**) سنبله بلند با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره . **مجله علوم زراعی ایران: ۱۲ (۱): ۳۰-۱۸.**

به منظور بررسی تنوع ژنتیکی و ارتباط صفات مختلف گیاهی با عملکرد دانه در گندم نان، تعداد ۷۰ ژنوتیپ سنبله بلند به همراه دو رقم شاهد در قالب طرح آلفا لاتیس با دو تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند. در این آزمایش ۳۰ صفت شامل عملکرد دانه و اجزای آن، خصوصیات مورفولوژیک بوته و دانه و صفات کیفی ارزیابی شدند. نتایج حاصل از تجزیه به عامل‌ها نشان داد که سه عامل اصلی و مستقل، ۹۶ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه می‌نمایند، به طوری که این سه عامل با عنوان عامل اجزای عملکرد، عامل صفات کیفی و عامل عملکرد و اجزای نامگذاری شدند. بر اساس رگرسیون مرحله‌ای، عملکرد بیولوژیک، وزن دانه در سنبله و تعداد سنبله در مترمربع، از مهم‌ترین اجزای عملکرد بوده و سهم موثرتری در توجیه عملکرد دانه داشتند. تجزیه علیت نشان داد که بزرگ‌ترین اثرات مستقیم بر عملکرد دانه مربوط به صفات تعداد سنبله‌درمترمربع، وزن دانه در سنبله و عملکرد بیولوژیک بودند. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از تجزیه خوشه‌ای بر اساس همه صفات مورد بررسی به روش وارد، سه گروه و بر اساس صفات کیفی مورد بررسی چهار گروه را از یکدیگر تفکیک نمود.

واژه های کلیدی: تجزیه به عامل‌ها، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه علیت، تنوع ژنتیکی، رگرسیون، ژنوتیپ‌های سنبله بلند و گندم.

تاریخ دریافت: ۱۳۸۷/۸/۲۲ تاریخ پذیرش: ۱۳۸۸/۷/۱۵

۱- دانشجوی سابق کارشناسی ارشد رشته اصلاح نباتات دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرمانشاه (مکاتبه کننده)

۲- عضو هیات علمی موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر

۳- عضو هیات علمی دانشکده کشاورزی، دانشگاه رازی کرمانشاه

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1389.12.1.2.9]

مقدمه

یکی از یافته های مهم طی چند دهه گذشته در زمینه اصلاح نباتات، شناخت سرمایه عظیم تنوع ژنتیکی در گیاهان بوده است، اما تاکنون بشر فقط توانسته یک گام مقدماتی برای شناسایی پتانسیل وسیع آن بردارد. براساس بررسی های انجام شده، تنها حدود ۱۰ درصد از گونه‌های موجود تا به حال با روش علمی مورد ارزیابی قرار گرفته‌اند (Von Braun and Virchow, 1996). برای استفاده از این سرمایه عظیم، اطلاع از ماهیت و میزان تنوع موجود در ژرم‌پلاسم، از اهمیت بسیار زیادی در برنامه‌های به نژادی برخوردار است. والدینی که از لحاظ ژنتیکی متفاوت هستند، هیبریدهایی با هتروزیس بیشتر تولید می کنند و احتمال به دست آوردن نتاج تفرق یافته برتر (تفکیک متجاوز) افزایش می‌یابد. از طرف دیگر تعیین مشخصات و گروه‌بندی ژرم‌پلاسم به به‌نژادگران امکان می دهد تا از دوباره کاری در نمونه‌گیری از جمعیت‌ها اجتناب نمایند (Sharma and Hore, 1993). تولید ارقام برتر که به افزایش تولید گندم کمک کرده است، بدون شناسایی تنوع ژنتیکی آنها امکان پذیر نبوده است. دانشمندان علوم گیاهی به این نتیجه رسیده‌اند که تنوع طبیعی به لحاظ دارا بودن فرم‌های پایدار و ژن‌های مطلوب و اقتصادی بودن آن، به مراتب با ارزش‌تر از تنوع مصنوعی می‌باشد. موفقیت متخصصان اصلاح‌نباتات در آینده به حفظ ذخایر ژنتیکی در زمان حال بستگی دارد. شانس موفقیت به نژادگران در گرو امکان انتخاب مواد مناسب و وجود تنوع بوده و در اصلاح نباتات آن دسته از صفاتی که دارای وراثت‌پذیری بیشتری هستند، از اهمیت بیشتری برخوردارند و ارزیابی و کاربرد این نتایج نقش قابل ملاحظه‌ای را در علوم کشاورزی به دنبال داشته است (Borojevic,1990).

تنوع ژنتیکی گندم‌های زراعی به دلایل مختلفی از جمله استفاده از تکنولوژی‌های جدید در برنامه‌های اصلاحی این محصول کاهش یافته است (Feldman and Sears, 1981). کاهش تنوع ژنتیکی باعث محدود شدن برنامه‌های به‌نژادی برای صفاتی شامل مقاومت به آفات و بیماری‌ها و تحمل به تنش‌های زیستی شده و در سال‌های اخیر، به‌نژاد گران توجه خود را به بانک‌های ژن به خصوص توده‌های بومی معطوف داشته‌اند که تنوع در آن ها طی هزاران سال ایجاد شده و در طبیعت پایدار باقی مانده‌اند (Zali, 1996). عدم وجود تنوع ژنتیکی برای یک صفت در یک مجموعه ژرم‌پلاسم به معنای تثبیت و عدم پیشرفت آن صفت می‌باشد. در مورد صفاتی که از لحاظ اقتصادی حائز اهمیت می‌باشند، عدم وجود تنوع ژنتیکی باعث عدم کارایی روش‌های اصلاح نباتات شده و اتخاذ هر روش اصلاحی جهت بهبود این صفات غیر موثر می باشد (Mohammadi, *et al*., 2002). برآورد تنوع ژنتیکی در ارقام زراعی از جنبه کاربرد در برنامه‌های به‌نژادی و محافظت از منابع ژنتیکی حائز اهمیت است(Staub *et al*., 1996).

نگرشی منطقی برای طبقه‌بندی خصوصیات در نمونه‌های حاوی تنوع بالا مانند آنچه در ژرم‌پلاسم دیده می‌شود استفاده از روش‌های چند متغیره مانند تجزیه به عامل‌ها را ایجاب می کند. تجزیه به عامل‌ها روش قدرتمندی است که برای برآورد اجزای عملکرد، استخراج زیر مجموعه‌ای از متغیرهای همسان، شناخت مفاهیم اساسی داده‌های چند متغیره، شناخت ارتباطات بیولوژیک و کاربردی موجود بین صفات، کاهش تعداد زیادی از صفات همبسته به تعداد کمی از عامل‌ها و تشریح همبستگی بین متغیرها مورد استفاده قرار گرفته است (Guertin and Bailey, 1982; Johnson and Wichern, 1982; Bramel *et al*., 1984). ژیاو و پی (Xiao and Pei, 1991)، در آزمایشی روی ۳۹ رقم گندم زمستانه، ۱۰ صفت کمی را مطالعه و با استفاده از تجزیه به عامل‌ها 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.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1389.12.1.2.9]

تجزیه رگرسیون روشی است که برای برآورد ارزش یک متغیر کمی با توجه به رابطه آن با یک یا چند متغیر کمی دیگر به کار می‌رود. این رابطه به گونه‌ای است که با استفاده از یک متغیر می توان تغییرات دیگری را پیش‌بینی کرد (Farshadfar,1998; Farshadfar, 2004). به منظور تعیین نقش اجزای عملکرد در بالا بردن عملکرد و افزایش کارایی انتخاب توسط تعداد کمی از خصوصیات به عنوان شاخص‌های موثر در دستیابی به اهداف اصلاحی، از رگرسیون مرحله‌ای استفاده می‌شود(Walton, 1971- Acquaah *et al*., 1992). صفایی حکیمی(Safaei-Hakimi, 1996) در آزمایشی روی ۸۰ لاین کلکسیون گندم‌های دوروم بومی ایران نشان داد که صفات طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد گلچه عقیم در سنبله و تعداد دانه در سنبله، بیشترین اثر را بر روی عملکرد دانه داشتند.

تجزیه علیت اثرات مستقیم و غیر مستقیم متغیرهای علت بر روی متغیر های معلول را مورد مطالعه قرار می‌دهد. در این روش ضریب همبستگی بین دو صفت به اجزایی که اثرات مستقیم و غیر مستقیم را اندازه‌گیری می کنند، تفکیک می‌گردد (Farshadfar, 2004). بات (Bhatt, 1973) ، با تجزیه علیت روی ۴۰ ژنوتیپ گندم، اثرات مستقیم و غیرمستقیم صفات زمان ظهور سنبله، ارتفاع بوته، تعداد سنبله و وزن دانه بر عملکرد را بررسی کرد و نشان داد که تعداد سنبله و وزن دانه (اجزای اولیه عملکرد) اثر مستقیم بزرگی بر عملکرد دارند. وی اشاره نمود که زمان ظهور سنبله اثر مستقیمی بر عملکرد دانه نداشته و از طریق وزن دانه و تعداد سنبله به طور غیر مستقیم بر آن تاثیر دارد.

این آزمایش با هدف ارزیابی تنوع ژنتیکی در ژنوتیپ‌های گندم نان، صفاتی که بیشترین میزان تنوع عملکرد را توجیه می‌کنند و نیز درک روابط بین صفات، تعیین اثرات مستقیم و غیرمستقیم صفات موثر بر عملکرد دانه و شناسایی عوامل پنهانی موثر بر آن انجام شد.

مواد و روش‌ها

این آزمایش به مدت یک سال زراعی در مزرعه به‌نژادی گندم نان بخش تحقیقات غلات موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج در سال زراعی ۱۳۸۶- ۱۳۸۵ انجام شد. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه شامل ۷۰ لاین گندم نان همراه با دو رقم شاهد (چمران و بهار) بودند که از جنبه صفات مورفولوژیک، فیزیولوژیک، فنولوژیک، صفات مرتبط با عملکرد و صفات کیفی مورد ارزیابی قرار گرفتند. ژنوتیپ های مورد مطالعه، دارای سنبله‌های بلند بوده و از نتیجه یک برنامه به نژادی و از بین ۵۰۰ لاین F5 بدست آمده بودند. لاین ها در دو تکرار و در قالب طرح آلفا لاتیس ارزیابی شدند. تجزیه به عامل ها با روش تجزیه به مولفه‌های اصلی انجام شد و عوامل بدست آمده با روش وریماکس چرخش داده شدند. برای تعیین سهم اثر تجمعی صفات در تعیین عملکرد دانه، از روش رگرسیون مرحله‌ای چند متغیره خطی (گام به گام) استفاده گردید و برای مطالعه روابط علّی و نحوه تاثیر صفات دارای همبستگی معنی دار با عملکرد در مجموعه ۷۲ ژنوتیپ گندم نان، از روش تجزیه علیت معمولی استفاده گردید. همچنین به منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها، از تجزیه خوشه‌ای با روش وارد و بر مبنای مربع فاصله اقلیدسی به عنوان معیار تشابه استفاده شد.

به منظور جلوگیری از خسارت بیماری‌های بذر زاد، بذور قبل از کشت با استفاده از قارچ‌کش ویتاواکس ضدعفونی شدند. محل اجرای آزمایش دارای ارتفاع ۱۳۱۲ متر با طول جغرافیایی ۵۰ درجه و ۵۷ دقیقه و عرض جغرافیایی ۳۵ درجه و ۴۸ دقیقه بود.

در این آزمایش برخی از صفات در مزرعه و برخی دیگر در آزمایشگاه مورد اندازه‌گیری قرار گرفتند. برای صفات مورفولوژیک ۱۰ بوته در هر لاین و هر تکرار به طور تصادفی انتخاب و از میانگین صفات اندازه‌گیری شده در محاسبات استفاده شد. به منظور اندازه گیری برخی صفات زراعی و تعیین عملکرد و اجزای آن از

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1389.12.1.2.9]

روش پیشنهادی سایری استفاده شد (Sayre, 1998). کلیه صفات کیفی در آزمایشگاه شیمی و تکنولوژی بخش تحقیقات غلات موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، بر اساس استانداردهای بین‌المللی انجام گرفت. محاسبات آماری با استفاده از نرم‌افزارهای، Alpha lattice ، SAS ، SPSS و MSTATC انجام شد.

نتایج و بحث

۱- تجزیه به عامل‌ها

در تجزیه به عامل‌ها سه عامل استخراج گردید. نتایج مربوط به این تجزیه در جداول ۱ و ۲ ارائه شده است. در این تجزیه سه عامل اصلی و مستقل ۹۶ درصد از تغییرات کل داده ها را توجیه نمودند. ضرایب عاملی در هر عامل اصلی و مستقل که بزرگ‌تر از ۰/۵ بودند، معنی دار در نظر گرفته شدند. عامل اول که ۶۹/۲۵ درصد از واریانس کل را توجیه نمود، مربوط به دو صفت تعداد سنبله در مترمربع و عملکرد بیولوژیک بود. عامل دوم با دارا بودن ۱۵/۵۳ درصد از تنوع کل ضرایب عاملی معنی‌دار، شامل صفات میزان پروتئین، عددزلنی، حجم نان، سختی دانه و میزان جذب آب که جزء صفات کیفی هستند، با نام عامل صفات کیفی معرفی شد. عامل سوم با دارا بودن ۱۱/۱۹ درصد از واریانس کل تنها مربوط به صفات شاخص برداشت، سرعت پر شدن دانه و عملکرد دانه با ضرایب عاملی مثبت بود که این عامل با نام عامل عملکرد و اجزا معرفی شدند. با توجه به این نتایج عامل اول و سوم از مهم‌ترین عوامل توجیه کننده عملکرد دانه بوده و در مجموع ۸۰/۴۴ درصد عملکرد دانه را توجیه می‌کنند. گوپتا و همکاران(Gupta *et al.*, 1999) و محمدی و همکاران (Mohammadi, *et al.*, 2002) در آزمایشات خود در این زمینه، نتایج مشابهی را گزارش کرده‌اند.

جدول ۱- مقادیر ویژه، مقدار ویژه به درصد و درصد تجمعی واریانس برای ۵ عامل در ژنوتیپ‌های گندم نان سنبله بلند

Table 1. Eigen values, percentage of Eigen values and cumulative variance for 5 factors in long spike bread wheat genotypes

Factors	عامل ها	مقدار ویژه Eigen values	مقدار ویژه به درصد Eigen values (%)	درصد تجمعی واریانس Cumulative variance (%)
Factor 1	عامل اول	6426.4360	69.25	69.25
Factor 2	عامل دوم	1440.8959	15.53	84.78
Factor 3	عامل سوم	1038.0683	11.19	95.97
Factor 4	عامل چهارم	96.3189	1.04	97.01
Factor 5	عامل پنجم	74.7381	0.81	97.82

۲- رگرسیون مرحله‌ای

برای تعیین سهم اثر تجمعی صفات در تعیین عملکرد دانه، از روش رگرسیون مرحله‌ای چند متغیره خطی (گام به گام) استفاده گردید (جدول ۳). عملکرد بیولوژیک اولین متغیری بود که به مدل رگرسیون مرحله‌ای وارد گردید و حدود ۵۱/۳ درصد از تغییرات عملکرد دانه را توجیه نمود. وزن دانه در سنبله دومین صفت وارد شده به مدل بود که به تنهایی ۱۳/۶ درصد و در مجموع و همراه با عملکرد بیولوژیک، ۶۴/۸ درصد از تغییرات عملکرد را توجیه کرد. سومین متغیر وارد شده به مدل رگرسیون، تعداد سنبله در مترمربع بود که به تنهایی ۲۱/۱ درصد از تغییرات عملکرد دانه را توجیه و در مجموع با دو صفت فوق الذکر، ۸۵/۹ درصد از کل تغییرات را توجیه کردند. با توجه به اینکه سه صفت مهم وارد شده به مدل از مهم‌ترین اجزای عملکرد هستند، می توان چنین نتیجه گرفت که توجیه عملکرد با صفت وزن دانه در سنبله می تواند متاثر از صفت طول سنبله باشد که با افزایش طول سنبله وزن دانه در سنبله نیز تغییر یافته و در نهایت عملکرد تغییر می یابد. ماس و همکاران (Maas *et al*,1996) با تجزیه رگرسیون

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1389.12.1.2.9]

جدول ۲- ضرایب عاملی، میزان اشتراک و میانگین صفات مورد بررسی در تجزیه به عامل‌ها در ژنوتیپ‌های گندم نان سنبله بلند

Table 2. Factor loadings, communality and mean of traits in the factor analysis in long spike bread wheat genotypes

Trait	صفت	میانگین Mean	میزان اشتراک Communality	ضرایب عاملی Factors loading		
				1	2	3
Length of inter node from flag leaf until spike	طول میانگره از برگ پرچم تا سنبله	20.07	0.2046	0.19489	0.38825	-0.12613
Awn length (cm)	طول ریشک	7.40	0.0348	0.11118	-0.04179	-0.14415
Plant height (cm)	ارتفاع بوته	92.65	0.1785	0.37714	0.17774	-0.06841
Peduncle length (cm)	طول پدانکل	39.56	0.1894	0.10656	0.41616	-0.07018
Length of inter node below peduncle (cm)	طول میانگره زیر پدانکل	17.91	0.0150	0.10209	0.03574	0.05801
Flag leaf area (cm^2)	سطح برگ پرچم	32.35	0.2442	-0.40674	0.27359	0.06292
Spike length (cm)	طول سنبله	11.90	0.0966	-0.28416	0.11294	-0.05808
No. of tillers	تعداد پنجه	7.41	0.2280	0.45844	0.13225	-0.02069
No. of grains.spike^{-1}	تعداد دانه در سنبله	44.86	0.5392	-0.62570	0.04735	0.38140
No. of spikes.m^{-2}	تعداد سنبله در متر مربع	351.27	0.9999	0.99867**	-0.01723	-0.04788
Grains weight.spike^{-1} (g)	وزن دانه در سنبله	1.67	0.8398	-0.84396	-0.01263	0.35689
1000 Kernel weight (g)	وزن هزار دانه	37.27	0.2121	-0.39046	0.11004	0.21809
Biological yield (ton. ha^{-1})	عملکرد بیولوژیک	15.88	0.5699	0.70169**	0.19844	0.19548
Harvest Index (%)	شاخص برداشت	35.60	0.4784	-0.33430	-0.13535	0.59025**
No. of days to heading	تعداد روز تا ظهور سنبله	189.52	0.0744	0.13199	-0.14822	-0.18727
No. of days to anthesis	تعداد روز تا گرده افشانی	196.33	0.0396	0.00663	-0.17733	0.09035
No. of days to physiologic maturity	تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک	226.23	0.1402	0.21943	-0.12237	-0.27780
Grain filling rate (kg.ha^{-1}.day^{-1})	سرعت پر شدن دانه	190.00	0.9996	0.31791	0.10743	0.94485**
Grain filling duration (day)	مدت زمان پرشدن دانه	29.87	0.3921	0.10120	-0.03319	-0.61713
Hectoliter weight (kg)	وزن هکتولیتر	76.75	0.0207	0.09310	0.10956	0.00681
Protein content (%)	میزان پروتئین	12.92	0.5151	0.00437	0.71154**	-0.09430
Zeleny sedimentation volume	عدد زلنی	34.69	0.4627	-0.00997	0.67907**	0.03864
Bread volume (mm^3)	حجم نان	579.90	0.9996	0.05028	0.99502**	-0.08392
Hardness Index	سختی دانه	55.62	0.4266	-0.06473	0.64675**	-0.06457
Water absorption (%)	میزان جذب آب	65.95	0.3747	-0.01435	0.59322**	-0.15037
Wet gluten content (%)	میزان گلوتن مرطوب	34.84	0.1259	-0.13669	0.32651	0.02615
Gluten Index	شاخص گلوتن	32.68	0.0292	0.07193	-0.07078	-0.13796
Dry gluten content (%)	میزان گلوتن خشک	12.06	0.1309	-0.13564	0.32129	0.09646
Grain yield (ton. ha^{-1})	عملکرد دانه	5.62	0.6343	0.47181	0.090065	0.63527**

**: ضرایب عاملی در هر عامل اصلی و مستقل که بزرگ تر از ۰/۵ بودند معنی دار در نظر گرفته شدند

**: Factors loading in each main and independent factor were greater than 0.5 considered significant

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1389.12.1.2.9]

مرحله‌ای در گندم نان نشان دادند که عملکرد دانه به تعداد پنجه های بارور که توسط هر بوته تولید می‌شود وابسته می باشد. افیونی و محلوجی (Efyoni and Mahloji, 2005) با تجزیه رگرسیون مرحله‌ای در ۴۲ لاین و رقم گندم نان نشان دادند که دوره پر شدن دانه، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبله در متر مربع و ارتفاع بوته زودتر از بقیه صفات به مدل رگرسیون وارد شده و موثرترین صفات بر عملکرد دانه بودند.

۳- تجزیه علیت

به منظور تفسیر بهتر نتایج بدست آمده از رگرسیون مرحله‌ای، تجزیه علیت برای عملکرد دانه انجام گردید (جدول۴ و شکل ۱). تعداد سنبله در متر مربع بالاترین اثر مستقیم (۱/۲۴۱) را بر عملکرد دانه داشت، ولی ضریب همبستگی این صفت با عملکرد دانه به علت اثرات غیرمستقیم و منفی از طریق صفات عملکرد بیولوژیک و وزن دانه در سنبله ناچیز و غیر معنی دار بود (r= ۰/۰۱۳). وزن دانه در سنبله پس از تعداد سنبله در مترمربع، بیشترین اثر مستقیم (۱/۲۰۷) را بر عملکرد دانه داشت و به علت اثر غیرمستقیم و منفی آن توسط تعداد دانه در سنبله (۱/۰۶۴-)، همبستگی وزن دانه در سنبله با عملکرد دانه کاهش (r =۰/۴۴۰**) یافت. عملکرد بیولوژیک اثر مستقیمی معادل ۰/۴۳۳ بر عملکرد دانه داشت اما اثر مثبت آن از طریق صفت وزن دانه در سنبله (۰/۸۳۰) باعث شد تا همبستگی آن با عملکرد دانه افزایش یابد (r=۰/۷۱۶**).

با توجه به این نتایج، عملکرد بیولوژیک و وزن دانه با وجود اثر مستقیم کمتر نسبت به صفت تعداد سنبله در مترمربع، اثر بارزتری بر عملکرد دانه داشتند. اثرات غیر مستقیم این دو صفت از طریق یکدیگر بر عملکرد دانه، موجب افزایش همبستگی مثبت آن ها با عملکرد دانه گردید. همچنین این دو صفت همبستگی مثبتی نیز با یکدیگر داشتند. با این تفسیر می‌توان نتیجه گرفت که افزایش وزن دانه در سنبله با تغییر طول سنبله و

جدول ۳- نتایج تجزیه رگرسیون گام به گام برای عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های گندم نان سنبله بلند

Table 3. Result of stepwise regression analysis for grain yield in long spike bread wheat genotypes

Variable added to the model	متغیر اضافه شده به مدل	a	b_1	b_2	b_3	R^2
Biological yield	عملکرد بیولوژیک	1.353**	0.269**	---	---	0.513
Grains weight. Spike^{-1}	وزن دانه در سنبله	-1.158**	0.337**	0.855**	---	0.648
No. of Spikes. m^{-2}	تعداد سنبله در متر مربع	-5.530**	0.163**	2.592**	0.012**	0.859

** : Significant at 1% probability levels

**: معنی دار در سطح احتمال یک درصد

جدول ۴ – تجزیه ضرایب همبستگی به اثرهای مستقیم و غیرمستقیم برای عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های گندم نان سنبله بلند

Table 4. Correlation coefficient analysis to direct and indirect effects for grain yieldin long spike bread wheat genotypes

Trait	صفت	اثر مستقیم Direct effect	اثرات غیر مستقیم از طریق Indirect effect via			ضریب همبستگی با عملکرد دانه Correlation coefficient with grain yield
			X1	X2	X3	
No. of Spikes.m^{-2}	X_1= تعداد سنبله در متر مربع	1.241	---	-1.036	-0.191	0.013$^{n.s}$
Grains weight.spike^{-1}	X_2=وزن دانه در سنبله	1.207	-1.064	---	0.298	0.440**
Biological yield	X_3=عملکرد بیولوژیک	0.433	-0.548	0.830	---	0.716**
Residual= 0.008	باقیمانده					

ns: Non-significant

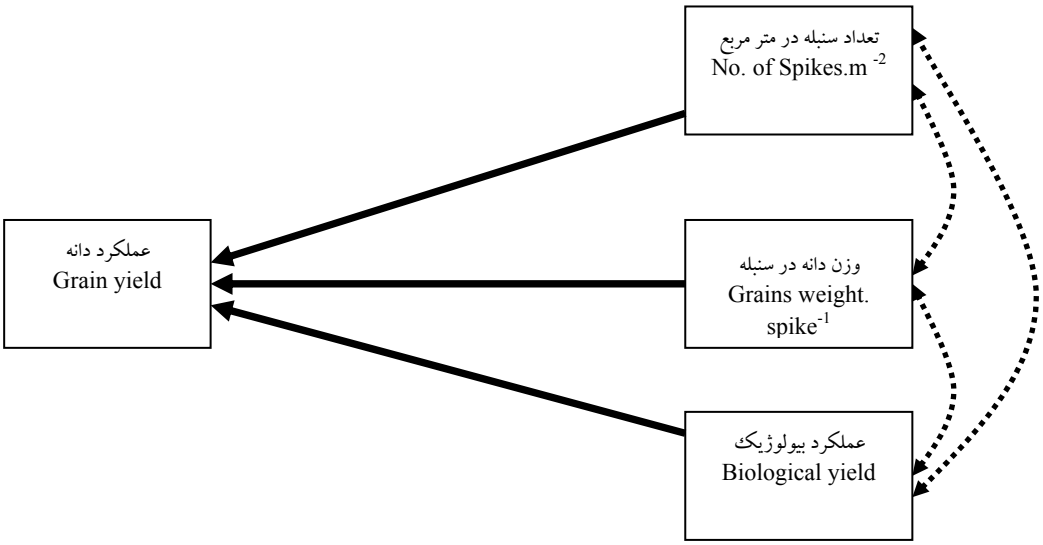
** : Significant at 1% probability level

ns: غیر معنی دار

**: معنی دار در سطح احتمال یک درصد

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1389.12.1.2.9]



شکل۱- تجزیه علیت برای عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های گندم نان سنبله بلند
**: معنی دار در سطح احتمال یک درصد

Fig 1. Path analysis for grain yield in long spike bread wheat genotypes
**: Significant at 1% probability level

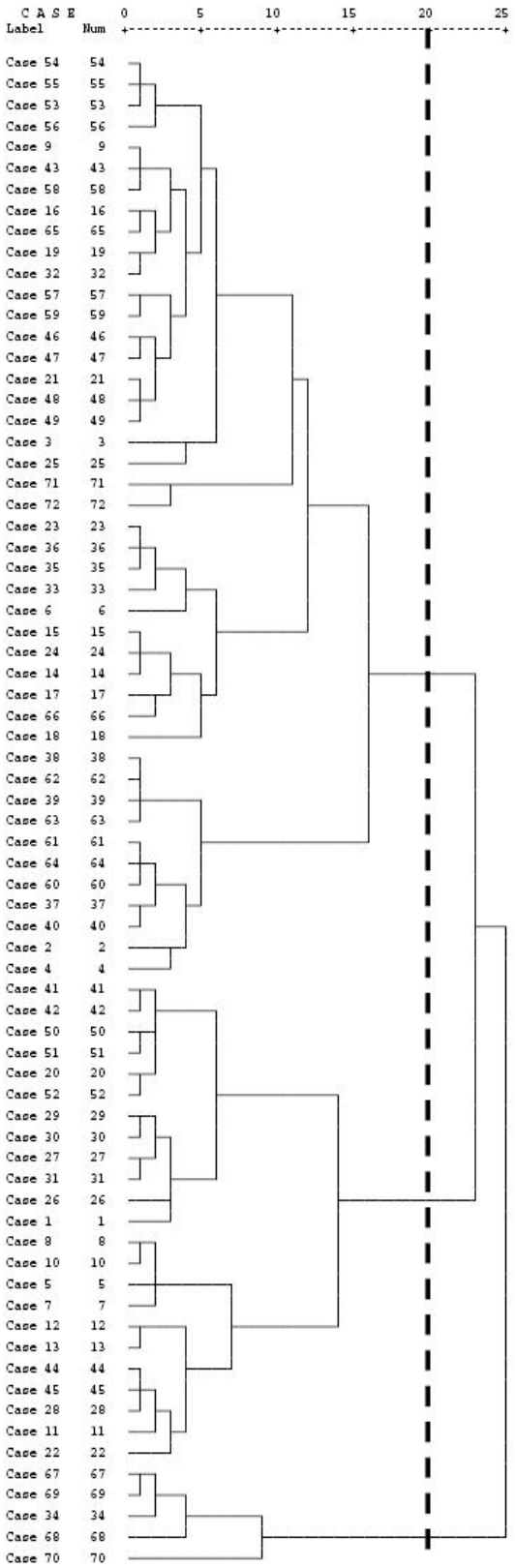
تعداد دانه در سنبله می تواند تأثیر چشمگیری بر عملکرد دانه داشته باشد.

آلی و ال بانا (Aly and El-Bana, 1994) نیز در تجزیه علیت برای اجزای عملکرد گندم نان و در سطوح مختلف کود نیتروژن نشان دادند که تعداد سنبله در متر مربع، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه، ۹۸/۹ درصد از تغییرات عملکرد را توجیه نموده و بیشترین میزان اثر مستقیم را به تعداد سنبله در متر مربع مرتبط دانستند.

٤- تجزیه خوشه‌ای

به منظور تعیین قرابت ژنوتیپ‌های مورد بررسی و گروه بندی آن ها در ارتباط با صفات اندازه‌گیری شده، از تجزیه خوشه‌ای به روش وارد و با استفاده از مربع فاصله اقلیدسی به عنوان معیار فاصله استفاده شد (Dillon and Goldstein, 1984). ابتدا داده‌های مورد بررسی از نظر واحد بر مبنای روش رتبه بندی Z استاندارد شده و سپس مورد تجزیه قرار گرفتند. تجزیه خوشه‌ای انجام شده بر مبنای همه صفات (۳۰ صفت مورد ارزیابی) و قطع دندروگرام در محدوده ۲۰ در مقیاس تغییر یافته، ژنوتیپ‌ها را به سه گروه اصلی رتبه‌بندی کرد. در گروه اول ۴۴ ژنوتیپ (معادل ۶۱/۱ درصد کل ژنوتیپ ها) قرار گرفتند که از لحاظ صفات فنولوژیک و مورفولوژیک مشابه بودند و از لحاظ صفات کیفی تفاوت چندانی نداشتند. میانگین عملکرد این گروه از ژنوتیپ‌ها از دو گروه دیگر بیشتر بود (۵/۷ تن در هکتار) و ژنوتیپ‌هایی که دارای بیشترین عملکردها بودند در این گروه قرار گرفتند. گروه دوم با ۲۳ ژنوتیپ، ۳۱/۹ درصد از کل ژنوتیپ‌ها را شامل شد که از لحاظ صفات فنولوژیک، مورفولوژیک و کیفی، مشابه بودند و از نظر میانگین عملکرد، این ژنوتیپ‌ها دارای عملکردی خوب بودند که بهتر از گروه سوم و مقداری کمتر از گروه اول بود خود جای داد و شامل ژنوتیپ‌هایی بود که عملکرد آنها کمتر از دو گروه دیگر بود. متوسط عملکرد این گروه ۴/۶ تن در هکتار بود (شکل۲). همچنین به منظور تایید این گروه‌بندی تجزیه تابع تشخیص انجام شد و

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-27]
[DOR: 20.1001.1.15625540.1389.12.1.2.9]



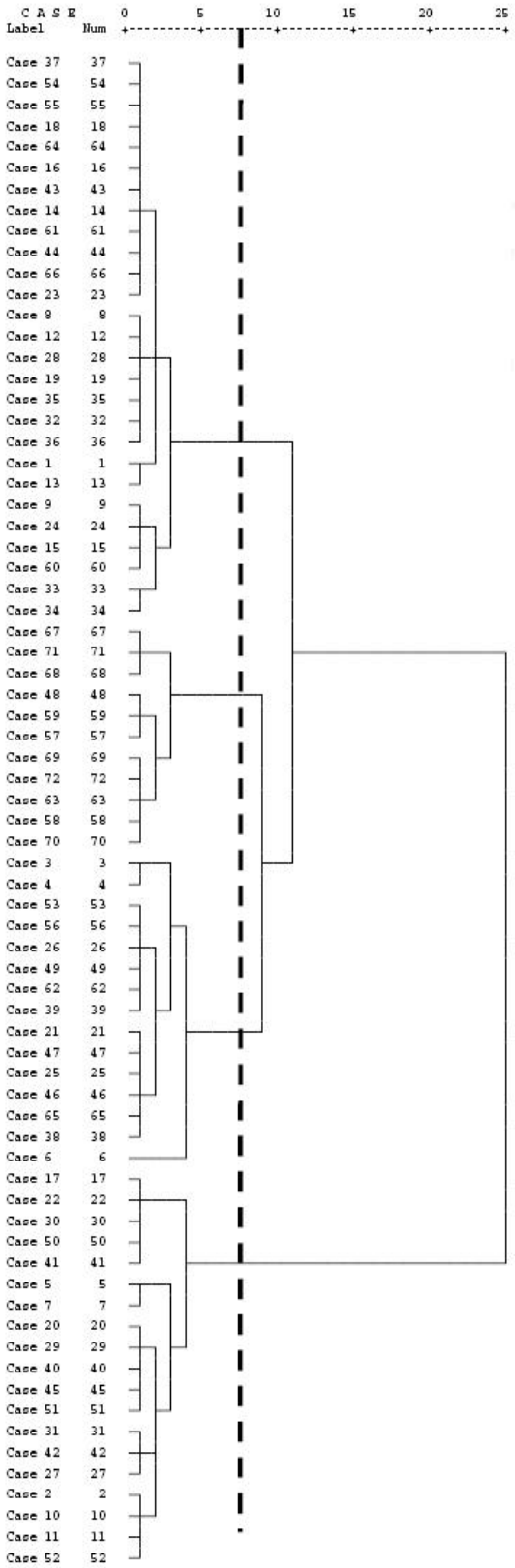
Commercial cultivars	رقم‌های شاهد
72 = Chamran	۷۲ = چمران
71 = Bahar	۷۱= بهار

شکل ۲- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای بر مبنای مجموع صفات مورد ارزیابیدر ژنوتیپ‌های گندم نان سنبله بلند به روش وارد

Fig 2. Dendrogram of cluster analysis for all the traits in long spike bread wheat genotypes using WARD's method

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1389.12.1.2.9]



رقم‌های شاهد	Commercial cultivars
۷۲ = چمران	72 = Chamran
۷۱= بهار	71 = Bahar

شکل۳- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای بر مبنای صفات کیفی در ژنوتیپ‌های گندم نان سنبله بلند به روش وارد

Fig 3. Dendrogram of cluster analysis for qualitative traits in long spike bread wheat genotypes using WARD's method

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1389.12.1.2.9]

میزان موفقیت گروه‌بندی ۷۰/۱ درصد محاسبه شد. نوری (Nouri, 1993) در بررسی گندم‌های بومی غرب ایران نتایج مشابهی را گزارش کرده است. تجزیه خوشه‌ای برای صفات کیفی(۸ صفت کیفی) و قطع دندروگرام در محدوده ۵/۵ در مقیاس تغییر یافته، ژنوتیپ‌ها را در چهار گروه دسته‌بندی کرد. از بین ۸ صفت مورد بررسی، میزان پروتئین دانه بهترین صفت (متوسط عملکرد این گروه ۵/۶ تن در هکتار بود). گروه سوم با ۵ ژنوتیپ، ۷ درصد از کل ژنوتیپ‌ها را در کیفی بود که می‌توان از آن جنبه به تفسیر نتایج پرداخت. علت این موضوع آن است که سایر صفات کیفی مورد بررسی، دارای ارتباط قوی با میزان پروتئین دانه بودند. گروه اول، بیشترین تعداد ژنوتیپ (۲۷ ژنوتیپ و حدود ۳۷/۵ درصد از کل ژنوتیپ ها) را در بر داشت و ژنوتیپ‌های این گروه از لحاظ میزان پروتئین، در حد خوبی بودند (متوسط میزان پروتئین این گروه ۱۲/۹۶ درصد بود). گروه دوم با ۱۱ ژنوتیپ (۱۵/۲۸ درصد از کل ژنوتیپ‌ها) از لحاظ میزان پروتئین پایین‌ترین گروه (متوسط میزان پروتئین ۱۲/۵۰ درصد) برای این صفت بودند. گروه سوم با ۱۵ ژنوتیپ (۲۰/۸۳ درصد از کل ژنوتیپ‌ها) میزان متوسط تا کم از لحاظ پروتئین (۱۲/۶۰درصد) را در بین ژنوتیپ‌ها دارا بودند. در گروه چهارم ۱۹ ژنوتیپ (۲۶/۳۹درصد از کل ژنوتیپ‌ها) از لحاظ میزان پروتئین جزء ژنوتیپ‌های برتر بودند که متوسط میزان پروتئین این گروه ۱۳/۳۳درصد بود (شکل۳).

نتایج این گروه‌بندی نشان داد که رقم‌های شاهد همراه با چند ژنوتیپ سنبله بلند که عملکرد آن‌ها نزدیک به عملکرد ارقام شاهد بود، در گروه بهترین ژنوتیپ‌ها قرار گرفتند که نشان دهنده برتر بودن رقم‌های شاهد نسبت به اکثر ارقام سنبله بلند بود. اما در گروه‌بندی مربوط به صفات کیفی مشخص شد که میزان پروتئین و سایر صفات کیفی ارقام سنبله بلند از ارقام شاهد برتر و بهتر بود.

نتیجه‌گیری

نتایج این آزمایش نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی که دارای سنبله‌های بلند بودند، علیرغم دارا بودن عملکرد نسبتاً مطلوب، با رقم شاهد (چمران) که دارای سنبله‌های متوسط بود قابل مقایسه نمی‌باشند. این موضوع نشان می‌دهد که افزایش طول سنبله ممکن است در اثر افزایش فاصله بین سنبلچه‌ها بوده و تعداد دانه در سنبله این ژنوتیپ‌ها علیرغم افزایش نسبت به رقم شاهد (چمران)، به دلیل قابلیت پنجه‌دهی کمتر، تغییرات عملکرد دانه معنی‌داری را نداشته است. این موضوع حاکی از این مطلب مهم است که افزایش طول سنبله ممکن است باعث کاهش تعداد پنجه شده باشد و به دنبال کاهش تعداد پنجه در واحد سطح، تعداد سنبله و تعداد دانه در متر مربع نیز کاهش یافته است. وجود رابطه منفی بین وزن دانه در سنبله و وزن هزار دانه با تعداد سنبله در متر مربع باعث شد که تفاوت عملکرد دانه در ارقام شاهد با ژنوتیپ‌های سنبله بلند معنی‌دار نباشد. گرچه نتایج این آزمایش نشان داد که سهم وزن دانه در سنبله در تعیین عملکرد در مقایسه با تعداد سنبله در متر مربع، بیشتر بوده است بنابراین به منظور اصلاح و گزینش برای ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا، ایجاد توازن بین تعداد دانه در سنبله (طول سنبله)، وزن دانه در سنبله، تعداد پنجه و به دنبال آن تعداد سنبله در متر مربع، ضروری می‌باشد. بدین منظور به نظر می‌رسد که با اعمال روش‌های مدیریت زراعی از جمله افزایش تراکم بوته، می‌توان این جزء عملکرد (تعداد پنجه) را به منظور افزایش تعداد سنبله در متر مربع، افزایش داد.

در مجموع نتایج این آزمایش نشان داد که در شرایط آب و هوایی منطقه آزمایش، ارقام با طول سنبله متوسط و تعداد پنجه بیشتر، بر ارقام با طول سنبله بلند و قابلیت پنجه‌دهی کمتر، ارجحیت دارند که این موضوع بایستی در برنامه‌های به نژادی مورد توجه قرار گیرد.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1389.12.1.2.9]

سپاسگزاری

از موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر که بودجه و امکانات لازم جهت انجام این تحقیق را فراهم نمودند تشکر و قدردانی می‌گردد. همچنین از کارکنان بخش غلات موسسه که در انجام این آزمایش نقش داشته‌اند تشکر و قدردانی می‌شود.

منابع مورد استفاده References

Acquaah, G., M. W. Adams and J. D. Kelly. 1992. A factor analysis of plant variables associated with architecture and seed in dry bean. Euphytica. 60: 171-177.

Aly, R. M. and A. Y. A. El-Bana. 1994. Grain yield analysis for nine wheat cultivars grown in newly cultivated sandy soil under different N fertilization levels. Zagazing J. Agric. Res. 21: 67-77.

Bhatt, G. H. 1973. Significance of path coefficient analysis determining the nature of character association. Euphytica. 22: 338-343.

Borojevic, S., 1990. Principles and methods of plant breeding. Developments in Crop Sci. 17: 145-152.

Bramel, P. L., P. N. Hinz, D. E. Green and R. M. Shibles. 1984. Use of factor analysis in the study of three stems termination types of soybean. Euphytica. 33: 387-400.

Dillon, W. R. and M. Goldstein. 1984. Multivariate analysis: Method of applications. John Wiley and Sons. New York.

Efyoni, D. and M. Mahloji. 2005. Correlation analysis of some agronomic traits in wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes under salinity stress. J. Seed and Plant. 22: 186-199. (In Persian with English abstract).

Farshadfar, E. 1998. Application of biometrical genetics in plant breeding (vol. II). Taghbostan Publication. (In Persian).

Farshadfar, E. 2004. Multivariate principles and procedures of statistics. Taghbostan publication. (In Persian).

Feldman. M. and E. R. Sears. 1981. The wild gene resources of wheat. Am. Sci. 244: 102-112.

Guertin, W. H. and J. P. Bailey.1982. Introduction to modern factor analysis. Edwards Brothers Inc. Michigan.

Gupta, A. K., R. K. Mittal and A. Z. Ziauddin. 1999. Association and factor analysis in spring wheat. Annals of Agric. Res. 20: 481-485.

Johnson, R. A. and D. W. Wichern. 1982. Applied multivariate statistical analysis. Prentice Hall International Inc. New York.

Maas, E. V., S. M. Lesch, L. E. Francois and C. M. Grieve. 1996. Contribution of individual culms to yield of salt-stressed wheat. Crop Sci. 36: 142-149.

Mohammadi, M., M. R. Ghannadha and A. Taleei. 2002. Study of genetic variation within Iranian local bread wheat lines using multivariate techniques. Seed and Plant J. 18:328-347. (In Persian with English abstract).

Nouri, F. 1993. Study of genetic and geographical variation of bread wheat landraces in western part of Iran. Proceeding of the 1th Iranian Congress of Crop Science, Karaj. Iran. p. 96. (In Persian).

Safaei-Hakimi, N. 1996. Study of genetic and geographical variation for Iranian Durum wheats. Proceeding of

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1389.12.1.2.9]

the 4th Iranian Congress of Crop Science. Isfahan, Iran. p. 262. (In Persian).

Sayre, K. D. 1998. Methods for estimating wheat yield components from hand harvest plots. Wheat Special Report, CIMMYT Press.

Sharma, B. D. and D. K. Hore. 1993. Multivariate analysis of divergence in upland rice. Indian J. Agric. Sci. 63: 515 - 517.

Staub, J. E., F. C. Serquen, and P. K. Gupta. 1996. Genetic marker, map construction and their application in plant breeding. Hort. Sci. 31: 729-740.

Von Braun, J. and D. Virchow. 1996. Economic evaluation of biotechnology and plant diversity in developing countries. Plant Res. Develop. 43: 50-61.

Walton, P. D. 1971. The use of factor analysis in determining characters for yield selection in wheat. Euphytica. 20: 416-421.

Xiao, H. and X. Pei. 1991. Applying factor analysis method to study winter wheat quantity characters and varieties classification. Acta Agricultureae Universitatis Pekinen Sci. 17: 17-24.

Zali, A. 1996. Utilization of germplasm collection in plant breeding. Proceeding of the 3th Iranian Congress of Crop Science.Tabriz, Iran. p. 135. (In Persian).

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1389.12.1.2.9]

Study on genetic variation and relationship between plant characteristics and grain yield in long spike bread wheat *(Triticum aestivum* L.*)* genotypes-using multivariate analysis

Zakizadeh. M.[1], M. Esmaeilzadeh Moghaddam[2] and D. Kahrizi[3]

ABSTRACT

Zakizadeh. M., M. Esmaeilzadeh and D. Kahrizi. 2010. Study on genetic variation and relationship between plant characteristics and grain yield in long spike bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes-using multivariate analysis. **Iranian Journal of Crop Sciences. 12 (2):18-30 (in Persian).**

To study genetic variation and to determine the relations between different plant characteristics with grain yield, seventy long spike bread wheat genotypes together and two commercial cultivars (Chamran and Bahar) were evaluated using Alpha Lattice design with two replications, in Karaj Field Station, Seed and Plant Improvement Institute (SPII),, Karaj, Iran. Thirty traits including grain yield and its components, plant and grain morphological and quality related traits were measured and recorded for all genotypes. Factor analysis determined three factors that accounted 96% of total variations among genotypes. These factors were yield components, quality related traits and grain yield and its components. Stepwise regression analysis showed that biological yield, grain weight.spike^{-1} and number. of spike m^{-2} were of higher importance among other grain yield components. Path analysis coefficients showed that the highest direct effects for grain yield were biological yield, grain weightsSpike^{-1} and number. of spikes m^{-2}. Cluster analysis with Ward's method based on all measured traits and quality related traits resulted in three and four groups, respectively.

Key words: Bread wheat, Cluster analysis, Factor analysis, Genetic variation, Long spike, Path analysis and Regression.

Received: November 2008 Accepted: October, 2009

1- Former M. Sc. student, Islamic Azad University, Kermanshah Unit, Kermanshah, Iran (Corresponding author)
2- Assistant Prof., Seed and Plant Improvement Institute, Karaj, Iran
3- Assistant Prof., Razi University, Kermanshah, Iran

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2026-11-27]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1389.12.1.2.9]