



University of Guilan
Faculty of Agricultural Sciences

Cereal Research

Vol. 12, No. 2, Summer 2022 (207-223)

doi: 10.22124/CR.2023.23556.1753

pISSN: 2252-0163 eISSN: 2538-6115



RESEARCH PAPER

OPEN ACCESS

Investigating the genetic diversity of bread wheat germplasm under salinity stress

Yousef Arshad¹, Mehdi Zahravi^{2*} and Ali Soltani³

1. Research Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
2. Research Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran (*Corresponding author: mehdi.zahravi@gmail.com)
3. Researcher, Agriculture and Natural Resources Research Center of Yazd, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Yazd, Iran

Comprehensive abstract

Introduction

Soil salinity, as one of the most important environmental stresses, is a serious threat to agricultural production. Currently, more than 20% of the agricultural lands, which includes 954 million hectares of the world's lands, is affected by soil salinity. Salinity is expanding daily and it is predicted that by 2050, more than 50% of the world's arable lands will be saline. The decrease in yield due to salinity stress in wheat is considerable and worrying, so that a 50% decrease in yield of durum wheat due to salinity of rainfed lands, and an 88% decrease in yield of bread wheat under irrigation with high salinity and a 70% decrease in yield of bread wheat in sodic soils has been reported. The high levels of salt in soils and irrigation waters are worrying factors for agriculture, therefore it is necessary to develop the effective strategies to improve yield through salinity stress tolerance. The present study was carried out due to the importance of genetic accessions as sources of tolerance to biotic and abiotic stresses including salinity, and the existence of considerable genetic diversity in wheat germplasm to salinity stress tolerance. The objective of this experiment is to investigate the diversity of genetic accessions of bread wheat collection of Iran's National Plant Gene Bank, to compare the accessions with the tolerant control varieties, and to identify the new genetic resources for salinity tolerance.

Materials and methods

To identify the genetic resources of salinity tolerance in wheat germplasm, 512 accessions from the bread wheat collection of the National Plant Gene Bank of Iran along with salinity tolerant varieties, Kavir, Roshan and Mahoti as controls, were investigated in two different augmented designs under normal and salinity stress conditions. The normal experiment was carried out at the research field of Yazd Research Center and the salt experiment was done at saline lands of Ardekan Research Station. The studied traits included spike length, spike density, 100-grain weight, number of tillers, plant height, number of spikelets per spike, number of florets per spikelet, number of grains per spike, days to heading, days to maturity, grain filling period and grain weight of five spikes, which were recorded according to the international description. To perform data statistical analyses, descriptive statistical indices were first calculated and then the studied accessions were grouped using K-means cluster analysis. Discriminant function analysis based on principal components was used to investigate the differentiation between the groups resulting from cluster analysis. Statistical analyzes were performed by SPSS and R softwares.



Research findings

The results showed that grain weight of five spikes (with a minimum of 4.15 and a maximum of 12.26 g in normal conditions and a minimum of 2.19 and a maximum of 9.78 g in stress conditions) and the number of spikes (with a minimum of 3 and a maximum of 8 in normal conditions and a minimum of 3 and a maximum of 7 in stress conditions) had the highest coefficients of variation, while days to heading (with a minimum-maximum of 130-163 days and 126-168 days in normal and salinity stress conditions, respectively) and days to maturity (with a minimum-maximum of 173-189 days and 168-196 days in normal and salinity stress conditions, respectively) had the lowest coefficient of variation under both normal and salinity stress conditions. A large number of superior accessions were identified for various traits compared to the control cultivars under both normal and salinity stress conditions. The results of stepwise regression indicated the importance of three characteristics, 100-grain weight, number of grains per spike and number of florets per spikelet, in describing the variation of grain weight of five spikes. The investigated accessions were divided into five groups using K-means cluster analysis and the control cultivars were separated into different groups so that Roshan and Mahooti along with 70 accessions were grouped in the first cluster and Kavir along with 53 accessions in the fifth cluster.

Conclusion

The results of this experiment showed the presence of significant and valuable genetic diversity in traits related to salt stress tolerance in the studied bread wheat germplasm. The effect of salinity stress on different traits of the studied accessions was different. Among the studied traits, 100-grain weight, number of grains per spike and number of florets per spike were more important, so they can be used in breeding programs. A large number of accessions were also superior to control cultivars for various traits. Cluster analysis grouped the control cultivars into distinct clusters, which indicates different aspects of salt stress tolerance in these cultivars. The superior accessions identified in this research can be used to improve salt stress tolerance in bread wheat breeding programs.

Keywords: Accession, Cluster analysis, Gene bank, Grain weight, Salinity tolerance

Received: May 22, 2022

Accepted: July 26, 2022

Cite this article:

Arshad, Y., Zahravi, M. and Soltani, A. 2022. Investigating the genetic diversity of bread wheat germplasm under salinity stress. *Cereal Research* 12 (2): 207-223.



بررسی تنوع ژنتیکی ژرم پلاسما گندم نان تحت شرایط تنش شوری

یوسف ارشد^۱، مهدی زهراوی^{۲*} و علی سلطانی^۳

۱- استادیار پژوهش، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

۲- استادیار پژوهش، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران (* نویسنده

مسئول: mehdi.zahravi@gmail.com)

۳- محقق، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی یزد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، یزد، ایران

چکیده جامع

مقدمه: شوری خاک یه عنوان یکی از مهم ترین تنش های محیطی، تهدیدی جدی برای تولیدات کشاورزی است. در حال حاضر بیش از ۲۰ درصد از اراضی کشاورزی که شامل ۹۵۴ میلیون هکتار از سطح خشکی دنیا است، تحت تأثیر این پدیده می باشد. شوری به طور روزانه در حال گسترش است و پیش بینی می شود که تا سال ۲۰۵۰ بیش از ۵۰ درصد از اراضی قابل کشت دنیا شور شوند. کاهش عملکرد ناشی از تنش شوری در گندم قابل توجه و نگران کننده است، به طوری که برای گندم دو روم، کاهش ۵۰ درصدی عملکرد ناشی از شوری اراضی دیم، و برای گندم نان، کاهش ۸۸ درصدی عملکرد تحت آبیاری با شوری بالا و کاهش ۷۰ درصدی در خاک های سدیمی گزارش شده است. سطح بالای نمک در خاک و آب آبیاری از عوامل نگران کننده برای کشاورزی است و بنابراین لازم است راهبردهای مؤثری برای بهبود عملکرد از طریق تحمل به تنش شوری توسعه یابد. به دلیل اهمیت ذخایر ژنتیکی به عنوان منابع تحمل به تنش های زیستی و غیرزیستی از جمله شوری و وجود تنوع ژنتیکی قابل توجه در ژرم پلاسما گندم برای تحمل به تنش شوری، تحقیق حاضر اجرا شد که هدف از آن، بررسی تنوع نمونه های ژنتیکی کلکسیون گندم نان بانک ژن گیاهی ملی ایران از لحاظ تحمل به شوری، مقایسه آنها با ارقام شاهد متحمل و امکان شناسایی منابع متحمل جدید بود.

مواد و روش ها: به منظور شناسایی منابع متحمل به تنش شوری در ذخایر ژنتیکی گندم، تعداد ۵۱۲ نمونه ژنتیکی از کلکسیون گندم نان بانک ژن گیاهی ملی ایران به همراه ارقام متحمل به شوری کویر، روشن و ماهوتی به عنوان شاهد، در قالب دو طرح آگمنت مجزا تحت دو شرایط نرمال و تنش شوری مورد بررسی قرار گرفتند. آزمایش نرمال در مزرعه تحقیقاتی مرکز تحقیقات یزد و آزمایش شوری در اراضی شور ایستگاه تحقیقات اردکان یزد انجام شد. صفات مورد مطالعه شامل طول سنبله، تراکم سنبله، وزن صد دانه، تعداد پنجه، ارتفاع بوته، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد گلچه در سنبلچه، تعداد دانه در سنبله، روز تا سنبله دهی، روز تا رسیدگی کامل، طول دوره پرشدن دانه و وزن دانه پنج سنبله بودند که مطابق با توصیف نامه بین المللی یادداشت برداری شدند. برای انجام تجزیه و تحلیل های آماری داده ها، ابتدا شاخص های آماری توصیفی، محاسبه و سپس نمونه های ژنتیکی مورد مطالعه با استفاده از تجزیه خوشه ای به روش K-means گروه بندی شدند. از تجزیه تابع تشخیص مبتنی بر مؤلفه های اصلی جهت بررسی تمایز بین گروه های حاصل از تجزیه خوشه ای استفاده شد. تجزیه های آماری توسط نرم افزارهای SPSS و R انجام شد.

یافته‌های تحقیق: نتایج این آزمایش نشان داد که صفات وزن دانه پنج سنبله (با حداقل ۴/۱۵ و حداکثر ۱۲/۲۶ گرم در شرایط نرمال و حداقل ۲/۱۹ و حداکثر ۹/۷۸ گرم در شرایط تنش) و تعداد پنجه (با حداقل ۳ و حداکثر ۸ عدد در شرایط نرمال و حداقل ۳ و حداکثر ۷ عدد در شرایط تنش) از بیش‌ترین ضریب تغییرات و صفات روز تا سنبله‌دهی (با حداقل ۱۳۰ و حداکثر ۱۶۳ روز در شرایط نرمال و حداقل ۱۲۶ و حداکثر ۱۶۸ روز در شرایط تنش) و روز تا رسیدگی کامل (با حداقل ۱۷۳ و حداکثر ۱۸۹ روز در شرایط نرمال و حداقل ۱۶۸ و حداکثر ۱۹۶ روز در شرایط تنش) از کم‌ترین ضریب تغییرات تحت هر دو شرایط نرمال و تنش شوری برخوردار بودند. تعداد زیادی از نمونه‌های ژنتیکی برتر از لحاظ صفات مختلف نسبت به ارقام شاهد تحت هر دو شرایط نرمال و تنش شوری شناسایی شد. نتایج رگرسیون گام به گام حاکی از اهمیت سه صفت وزن صد دانه، تعداد دانه در سنبله و تعداد گلچه در سنبلچه در تغییرات صفت وزن دانه پنج سنبله بود. نتایج حاصل از تجزیه‌ای خوشه‌ای به روش K-means نمونه‌های ژنتیکی مورد بررسی را در پنج خوشه متمایز تفکیک کرد و ارقام شاهد نیز در گروه‌های مختلف قرار گرفتند، به‌نحوی که ارقام روشن و ماهوتی به‌همراه ۷۰ نمونه ژنتیکی در خوشه اول و رقم کویر به‌همراه ۵۳ نمونه ژنتیکی در خوشه پنجم گروه‌بندی شدند.

نتیجه‌گیری: نتایج این آزمایش نشان دهنده وجود تنوع ژنتیکی قابل توجه و ارزشمند برای صفات مرتبط با تحمل به تنش شوری در ژرم‌پلاسم گندم نان مورد مطالعه بود. تأثیر تنش شوری بر صفات مختلف نمونه‌های ژنتیکی مطالعه شده، متفاوت بود. از بین صفات مورد بررسی، وزن صد دانه، تعداد دانه در سنبله و تعداد گلچه در سنبلچه، اهمیت بیش‌تری داشتند و بنابراین می‌توان از آن‌ها در برنامه‌های به‌زادای استفاده کرد. تعداد زیادی از نمونه‌های ژنتیکی از لحاظ صفات مختلف نسبت به ارقام شاهد برتری داشتند. تجزیه خوشه‌ای، ارقام شاهد را در خوشه‌های متمایز گروه‌بندی کرد که بیانگر جنبه متفاوت تحمل به تنش شوری در این ارقام می‌باشد. از نمونه‌های ژنتیکی برتر شناسایی شده در این تحقیق می‌توان به‌منظور بهبود تحمل به تنش شوری در برنامه‌های به‌زادای گندم نان بهره‌برداری کرد.

واژه‌های کلیدی: بانک ژن، تجزیه خوشه‌ای، تحمل به شوری، نمونه ژنتیکی، وزن دانه

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۳/۰۱

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۵/۰۴

نحوه استناد به این مقاله:

ارشد، یوسف، زهراوی، مهدی و سلطانی، علی. ۱۴۰۱. بررسی تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم گندم نان تحت شرایط تنش شوری. تحقیقات غلات ۱۲ (۲): ۲۰۷-۲۲۳.

مقدمه

شوری خاک به عنوان یکی از تهدیدات جدی برای کشاورزی محسوب می‌شود و در حال حاضر بیش از ۲۰ درصد از اراضی کشاورزی که شامل ۹۵۴ میلیون هکتار از سطح خشکی دنیا است، تحت تأثیر این پدیده می‌باشد (Munns and Tester, 2008; Shahid *et al.*, 2018; Hafeez *et al.*, 2021). شوری به طور روزانه در حال گسترش است و پیش‌بینی می‌شود که تا سال ۲۰۵۰ بیش از ۵۰ درصد از سطح قابل کشت در دنیا را فراگیرد (Jamil *et al.*, 2011). در گندم دوروم، کاهش حدود ۵۰ درصدی عملکرد ناشی از شوری اراضی دیم (James *et al.*, 2012) و در گندم نان، کاهش ۸۸ درصدی عملکرد تحت آبیاری با شوری بالا (Jafari-Shabestari *et al.*, 1995) و کاهش ۷۰ درصدی عملکرد در خاک‌های سدیمی (Rengasamy, 2002) گزارش شده است. سطح بالای نمک در خاک و آب آبیاری از عوامل نگران کننده برای کشاورزی است و بنابراین لازم است راهبردهای مؤثری برای بهبود عملکرد از طریق تحمل به تنش شوری توسعه یابد (Saddiq *et al.*, 2021).

خرانه ژنتیکی گندم دارای سطح بالایی از تنوع برای تحمل به تنش شوری است (Mujeeb-Kazi *et al.*, 2019). طی دهه‌های قبلی، ذخایر ژنتیکی متنوعی با انواع مکانیسم‌های تحمل به شوری شامل تحمل بافتی، تحمل اسمزی و ممانعت یونی (Na^+) توسعه پیدا کرد، اما اصلاح ارقام متحمل به شوری با تأخیر صورت گرفت که دلیل آن خلأ دانش موجود در درک اساس ژنتیکی تحمل به تنش شوری و کاربرد آن در ایجاد ارقام متحمل به شوری بود. کنترل ژنتیکی تحمل به شوری در گیاهان، صفتی پیچیده و چندژنی است و اثرات ژنی غالبیت و افزایشی در توارث بسیاری از صفت مرتبط با این ویژگی، دخیل می‌باشند (Foolad, 2004; Yamaguchi and Blumwald, 2005). در اصلاح برای مناطق پرتنش و کم بازده، مشکل اصلی کارایی‌گزینش است که هر چه تفاوت بین محیط‌گزینش با محیط هدف بیش‌تر شود، از این کارایی‌گزینش خواهد شد (Ceccarelli, 1994; Ceccarelli *et al.*, 1994). سطح مناسب شوری برای غربال ژرم پلاسما از اهمیت زیادی برخوردار است. اصلاح برای تحمل به شوری در سطح شوری متوسط، بهترین راهبرد است (Isla *et al.*, 2003)، اما اصلاح و گزینش در سطح شوری بالاتر می‌تواند منجر به مزیت عملکرد بالاتر شود. از سوی دیگر،

غربال برای هر دو فاز یونی و اسمزی ضروری است، زیرا تنش شوری ناشی از هر دو عامل مذکور است (Munns *et al.*, 1995).

تحقیقات متعددی در زمینه تأثیر تنش شوری بر صفات مختلف، روابط بین صفات با عملکرد دانه و شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل به شوری انجام شده است. محلول‌جی و اکبری (Mahlouji and Akbari, 2001) اثر شوری آب بر عملکرد ارقام مختلف گندم در آبیاری بارانی را مورد مطالعه قرار دادند و مشاهده کردند که ارقام مختلف از نظر عملکرد، اختلاف معنی‌داری نشان ندادند، ولی وزن هزار دانه و وزن خشک اندام‌ها در مراحل گلدهی و رسیدگی فیزیولوژیک و انباشت یون سدیم و پتاسیم در برگ پرچم در مرحله گلدهی اختلاف معنی‌داری نشان داد. پوستینی (Poustini, 2002) اثر تنش شوری روی ۳۰ رقم گندم از جمله گندم‌های ایرانی را مورد ارزیابی قرار داد. نتایج نشان داد که از نظر وزن خشک دانه، تحمل نسبی به شوری در سه رقم نیک نژاد، کارچیا-۶۶ و الوند در بالاترین حد و تحمل نسبی دو رقم اترک و قدس، در پایین‌ترین مقدار بود. ارقام دیگری که متحمل به شوری شناخته نمی‌شدند نیز از نظر رشد دانه و شاخساره و یا یکی از این دو به نوعی، تحمل نسبی به شوری را به نمایش گذاشتند. در ارزیابی دو رقم گندم زاگرس و تجن در چهار سطح شوری توسط قربانی و همکاران (Ghorbani *et al.*, 2004)، عملکرد دانه در رقم زاگرس در سطوح ۸/۷ و ۱۴/۵ و در تجن در شوری ۱۴/۵ دسی‌زیمنس بر متر نسبت به شاهد به طور معنی‌داری کاهش یافت. با این حال، میانگین عملکرد زاگرس در سطوح شوری ۴/۷، ۸/۷ و ۱۴/۵ دسی‌زیمنس بر متر، ۴۶ درصد بیش‌تر از تجن بود. رجبی و همکاران (Rajabi *et al.*, 2005) در بررسی اثرات شوری بر عملکرد و برخی صفات فیزیولوژیک ۳۰ رقم گندم نشان دادند که ارقامی که به واسطه پرهیز از تنش خشکی فیزیولوژیک ناشی از شوری، پتانسیل آب برگ بالاتری در شرایط تنش شوری داشتند، متحمل‌تر به شوری بودند. آنها پیشنهاد کردند که اجتناب از شوری، روش اصلی مقابله گندم با شوری است و ممکن است سازوکار تحمل نقش کم‌تری داشته باشد. یدرلو و مجیدی هروان (Yadlariou and Majidi, 2008) اثرات شوری را بر برخی صفات مورفوفیزیولوژیک چهار رقم گندم بررسی و مشاهده کردند که تنش شوری سبب افزایش محتوای کلروفیل نسبی و

نتایج بررسی آزادی و همکاران (Azadi *et al.*, 2013) نشان داد که بین ارقام مختلف از نظر تمام صفات و نیز بین سطوح مختلف شوری از نظر تأثیر بر صفات مختلف، اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد وجود داشت. در این تحقیق شوری باعث افزایش معنی‌دار میزان سدیم و پرولین و کاهش معنی‌دار بقیه صفات شد. در ارزیابی واکنش ۱۰۰ لاین گندم نان به تنش شوری، نتایج حاصل از بررسی ضرایب عاملی، بیانگر اهمیت صفات عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت و اجزای عملکرد در تنش شوری بود (Sardouie-Nasab *et al.*, 2013). در بررسی واکنش ۲۵ ژنوتیپ گندم نان به تنش شوری توسط امینی و همکاران (Amini *et al.*, 2015)، ژنوتیپ‌های شماره ۲۵، ۲۲، ۲۰ و ۱۳ با پتانسیل تولید بالا و حساسیت پایین به شوری، به‌عنوان ژنوتیپ‌های متحمل و برتر از ارقام شاهد شناسایی شدند. ارشد و همکاران (Arshad *et al.*, 2020) به‌منظور غربال ژنوتیپ‌های گندم نان برای شناسایی منابع ژنتیکی تحمل به شوری، مشاهده کردند که تعداد ۳۸ ژنوتیپ به‌همراه هر سه رقم شاهد در گروه A (عملکرد دانه بالاتر تحت هر دو شرایط نرمال و تنش) قرار گرفتند. در بررسی اثر تنش شوری روی ۱۱۷ رقم گندم توسط دولت‌آبادی و همکاران (Dowlat Abadi *et al.*, 2019) برخی از ارقامی که در مرحله جوانه‌زنی در برابر تنش شوری تحمل بالایی داشتند، در مرحله رشد زایشی به شوری مقاوم نبودند.

به‌دلیل اهمیت ذخایر ژنتیکی به‌عنوان منابع تحمل به تنش‌های زیستی و غیرزیستی از جمله تنش شوری در جهت بهره‌برداری از آنها در تحقیقات اصلاح گیاهان برای تحمل به شوری (Mujeeb-Kazi *et al.*, 2019)، تحقیق حاضر اجرا شد که هدف از آن، بررسی تنوع نمونه‌های ژنتیکی کلکسیون گندم نان بانک ژن گیاهی ملی ایران از لحاظ صفات مورد بررسی در شرایط تنش شوری، مقایسه آنها با ارقام شاهد متحمل و امکان شناسایی منابع ژنتیکی متحمل جدید بود.

مواد و روش‌ها

به‌منظور شناسایی منابع متحمل به تنش شوری در ذخایر ژنتیکی گندم، تعداد ۵۱۲ نمونه ژنتیکی از کلکسیون گندم نان بانک ژن گیاهی ملی ایران به‌همراه ارقام متحمل به شوری کویر، روشن و ماهوتی به‌عنوان شاهد به صورت دو طرح مجزا در قالب طرح حجیم‌شده

میزان سدیم و کاهش یون پتاسیم برگ‌ها شد. عزیزی و مساوات (Azizi and Mosavat, 2009)، ۲۲ ژنوتیپ گندم انتخاب شده از آزمایشات مقدماتی را تحت تنش شوری بررسی و مشاهده کردند که ژنوتیپ ۲۶ پایداری عملکرد پایینی داشت. آن‌ها با توجه به عملکرد ژنوتیپ‌ها در هر دو محیط و پایداری ژنوتیپ‌ها در محیط شور و بیماری‌ها، ژنوتیپ‌های ۶۲، ۵۶، ۴۴، ۸۰، ۲۳، ۸۱، ۷۸ و ۷ را انتخاب کردند. در تحقیق افیونی و مرجوی (Afiuni and Marjovi, 2009) روی شش رقم گندم نان، روشن متحمل‌ترین و مرودشت حساس‌ترین رقم به افزایش شوری آب آبیاری معرفی شد. گماریان و همکاران (Gomarian *et al.*, 2009) واکنش لاین‌های دابل هاپلوئید و ارقام گندم را نسبت به تنش شوری بررسی و مشاهده کردند که بین ژنوتیپ‌های متحمل و حساس از نظر جذب یون سدیم و پتاسیم تنوع وجود داشت و شاخص نسبت پتاسیم به سدیم، همبستگی بالا و معنی‌داری با طول دوره پرشدن دانه و وزن خشک دانه داشت.

غربال ژرم‌پلاسم گندم توسط دشتی و همکاران (Dashti *et al.*, 2011) نشان داد که تنوع ژنتیکی معنی‌داری در جمعیت مورد مطالعه وجود داشت. سعادتیان و همکاران (Saadatian *et al.*, 2012) تحمل به تنش شوری را در چند رقم گندم ارزیابی و مشاهده کردند که بین ارقام گندم در صفات مورد بررسی تفاوت معنی‌دار وجود داشت. دو رقم الوند و نوید در مقایسه با سایر ارقام با افزایش سطح شوری از لحاظ صفات طول ساقه‌چه، طول ریشه‌چه و وزن خشک گیاهچه از شاخص تحمل به شوری بالاتری برخوردار بودند. نتایج تحقیق رنجبر و همکاران (Ranjbar *et al.*, 2013) نشان داد که عملکرد ماده خشک به‌میزان زیادی با مصرف آب شور از مرحله استقرار بوته تا پایان فصل رشد کاهش یافت. همچنین از مرحله استقرار بوته تا پنجه رفتن و از مرحله استقرار بوته تا ساقه رفتن، به ترتیب بیش‌ترین حساسیت به شوری از نظر طول سنبله و ارتفاع بوته وجود داشت. ارشد و همکاران (Arshad *et al.*, 2013) تحمل به تنش شوری را در ۸۲۳ نمونه ژنتیکی با مبدأ متفاوت از کلکسیون گندم نان بانک ژن گیاهی ملی ایران مورد آزمایش قرار دادند و بر اساس نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی، نمونه‌های ژنتیکی برتر را تفکیک کردند. نتایج آن‌ها در مجموع نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی بالا و امکان گزینش برای تحمل به شوری در ذخایر ژنتیکی گندم نان بود.

اقدام شد. صفات مورد مطالعه شامل طول سنبله، تراکم سنبله، وزن صد دانه، تعداد پنجه، ارتفاع بوته، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد گلچه در سنبلچه، تعداد دانه در سنبله، روز تا سنبله‌دهی، روز تا رسیدگی کامل، طول دوره پرشدن دانه و وزن دانه پنج سنبله بودند که مطابق با دستورالعمل موسسه بین‌المللی ذخایر توارثی گیاهی (IBPGR, 1978) اندازه‌گیری شدند. جهت اندازه‌گیری تراکم سنبله (SD)، درصد تعداد سنبلچه در سنبله (NSS) به طول سنبله (SL) محاسبه شد (رابطه ۱):

$$SD = \frac{NSS}{SL} \times 10 \quad (1)$$

که در آن، تراکم سنبله، و طول سنبله است. به‌منظور تحلیل آماری داده‌ها، ابتدا از آماره‌های توصیفی نمونه‌های ژنتیکی تحت هر دو شرایط نرمال و تنش شوری محاسبه و سپس نمونه‌های ژنتیکی با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به روش K-means گروه‌بندی شدند. از تجزیه تابع تشخیص مبتنی بر مؤلفه‌های اصلی (Jombart *et al.*, 2010) نیز جهت بررسی تمایز بین گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای استفاده شد. تجزیه‌های آماری توسط نرم‌افزار SPSS و کد نویسی در محیط نرم‌افزار R انجام شد.

(آگمنت) تحت دو شرایط نرمال و تنش شوری در سال زراعی ۱۳۹۲-۱۳۹۳ مورد ارزیابی قرار گرفتند. آزمایش شوری در اراضی شور (خاک و آب آبیاری شور با هدایت الکتریکی ۱۲ دسی‌زیمنس بر متر) ایستگاه تحقیقات اردکان (طول جغرافیایی ۵۴°۱۷' شرقی و عرض جغرافیایی ۳۱°۵۴' شمالی) و آزمایش نرمال در خاک و آب با هدایت الکتریکی حدود ۲ دسی‌زیمنس بر متر در مزرعه پژوهشی یزد (طول جغرافیایی ۵۱°۶۷' شرقی و عرض جغرافیایی ۳۵°۳۱' شمالی) انجام شد. در هر یک از مناطق، هر نمونه ژنتیکی در یک خط ۲/۵ متری به فاصله ۵۰ سانتی متر نسبت به خطوط مجاور کشت شد. با انجام نمونه‌برداری از عمق ۳۰ سانتی‌متری، ویژگی‌های فیزیکی و شیمیایی خاک اندازه‌گیری شد (جدول ۱). عملیات کوددهی در هر شرایط تنش شوری (اردکان) و شرایط نرمال (یزد)، با افزودن کود نیتروژن به‌میزان ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار به شکل سولفات آمونیوم در دو تقسیم شامل یک‌سوم قبل از کاشت و دوسوم در مرحله پنجه‌زنی و کود فسفر به‌میزان ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار به شکل P₂O₅ انجام شد. آبیاری طبق عرف مناطق آزمایش انجام شد و در طول فصل رشد نسبت به وجین علف‌های هرز

جدول ۱- ویژگی‌های فیزیکی و شیمیایی خاک مزارع تحقیقاتی اردکان و یزد در ارزیابی تحمل ژرم پلاسما گندم نان به تنش شوری

Table 1. Soil Physico-chemical properties in evaluating salinity stress tolerance of bread wheat germplasm

Region	EC (dS/m)	pH	Neutralizing substances (%)	Organic carbon (%)	Phosphorous (ppm)	Potassium (ppm)	Sand	Silt	Clay	Texture
Ardekan	12.7	8.13	18.78	0.74	16.8	261	66	12.9	21.1	Sandy clay loam
Yazd	2.33	7.30	21.60	1.067	16.4	212	76.8	6.1	17.1	Sandy clay loam

نتایج و بحث

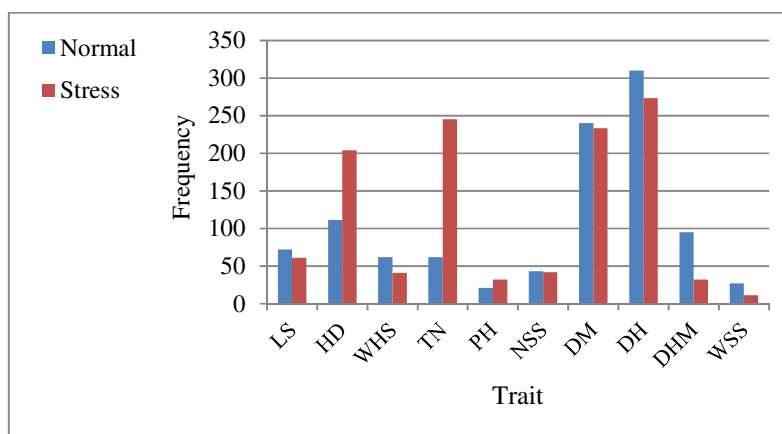
درصد در شرایط نرمال و ۶/۲۵ و ۳/۳۴ درصد در شرایط تنش) بودند. دامنه صفات طول سنبله، تعداد پنجه، تعداد گلچه در سنبلچه، وزن دانه پنج سنبله و تعداد دانه در سنبله در شرایط تنش شوری نسبت به شرایط نرمال کاهش یافت و بیش‌ترین درصد کاهش مربوط به طول سنبله و تعداد پنجه (به‌ترتیب ۲۱/۷۹ و ۲۰ درصد) بود. همچنین میانگین تمام صفات، به‌جز روز تا سنبله‌دهی (شرایط تنش ۱۵۰/۳۴ و شرایط نرمال ۱۴۴/۰۱ روز)، در شرایط تنش کم‌تر از شرایط نرمال بود و بیش‌ترین درصد کاهش (۱۸/۹ درصد) در صفت طول دوره پر شدن دانه مشاهده شد. تعداد زیادی از نمونه‌های ژنتیکی نیز نسبت به ارقام شاهد در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری برتری داشتند (شکل ۱ و جدول ۳).

از بین ۵۱۲ نمونه ژنتیکی مورد بررسی، تعداد ۴۹۶ نمونه بقاء یافتند که ارزیابی صفات در مورد آنها انجام شد. نتایج تجزیه واریانس ارقام شاهد در قالب طرح آگمنت، تفاوت معنی‌داری را بین بلوک‌ها نشان نداد (نتایج ارائه نشده است) و در نتیجه نیاز به تصحیح میانگین اثر بلوک‌ها روی نمونه‌های ژنتیکی نبود. نتایج آماره‌های توصیفی (جدول ۲) نشان داد که صفات وزن دانه پنج سنبله و تعداد پنجه در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری دارای بیش‌ترین ضریب تغییرات (به‌ترتیب ۱۸/۷۱ و ۲۱/۳۷ درصد در شرایط نرمال و ۲۵/۸۳ و ۲۱/۴۴ درصد در شرایط تنش) و روز تا سنبله‌دهی و روز تا رسیدگی کامل دارای کم‌ترین ضریب تغییرات (به‌ترتیب ۳/۵۷ و ۲/۲۸

جدول ۲- آماره‌های توصیفی نمونه‌های ژنتیکی گندم نان در شرایط نرمال (مزرعه پژوهشی یزد) و تنش شوری (مزرعه پژوهشی اردکان)

Table 2. Descriptive statistics of bread wheat accessions under normal (research field of Yazd) and salinity stress (research field of Ardekan) conditions

Trait	Minimum		Maximum		Mean		CV (%)	
	Normal	Stress	Normal	Stress	Normal	Stress	Normal	Stress
Spike length (cm)	4.70	4.60	12.50	10.70	7.56	7.42	12.04	14.18
Spike density	12.00	13.30	31.90	33.30	21.44	20.01	14.42	15.84
100-grain weight (g)	2.00	1.40	4.60	4.20	3.12	2.43	13.60	20.37
Number of tillers	3.00	3.00	8.00	7.00	5.41	4.59	21.37	21.44
Plant height (cm)	40.00	33.00	105.00	100.00	72.98	68.88	15.05	16.35
Number of spikelets per spike	12.00	9.00	19.00	17.00	15.99	14.62	8.05	12.06
Number of florets per spikelet	1.90	1.80	4.40	4.00	3.45	3.31	17.53	16.60
Number of grain per spike	21.00	19.00	58.00	55.00	43.93	38.53	13.82	14.20
Days to full maturity	173.00	168.00	189.00	196.00	181.16	180.46	2.28	3.34
Days to heading	130.00	126.00	163.00	168.00	144.01	150.34	3.57	6.25
Grain filling period (days)	25.00	17.00	50.00	50.00	37.15	30.13	11.74	20.29
Grain weight of five spikes (g)	4.15	2.19	12.26	9.78	7.22	5.05	18.71	25.83



شکل ۱- تعداد نمونه‌های ژنتیکی گندم برتر از ارقام شاهد در شرایط نرمال (مزرعه پژوهشی یزد) و تنش شوری (مزرعه پژوهشی اردکان)

Figure 1. The number of superior wheat accessions to check cultivars evaluated under normal (research field of Yazd) and salinity stress (research field of Ardekan) conditions. LS, spike length; HD, spike density; WHS, 100-grain weight; TN, number of tillers; PH, plant height; NSS, number of grains per spike; DM, days to full maturity; DH, days to heading; DHM, grain filling period; WSS, grain weight of five spikes.

جدول ۳- نمونه‌های ژنتیکی گندم با بیش‌ترین مقدار صفات در شرایط نرمال (مزرعه پژوهشی یزد) و تنش شوری (مزرعه پژوهشی اردکان)

Table 3. Bread wheat accessions with the highest trait values under normal (research field of Yazd) and salinity stress (research field of Ardekan) conditions

Trait	Normal	Salinity stress
Spike length	KC 12120 (12.5 cm)	KC 12445 (10.7 cm)
Spike density	KC 12153 (31.9)	KC 12401 (33.3)
100-grain weight	KC 12349 (4.6 g)	KC 12349 (4.2)
Number of tillers	KC 12152, KC 12168, KC 12178, KC 12233, KC 12261, KC 12276, KC 12292, KC 12334, KC 12380, KC 12400, KC 12483, KC 12507, KC 12563, KC 12602, KC 12603 (8)	KC 12346, KC 12381, KC 12385, KC 12388, KC 12423, KC 12523, KC 12583, KC 12584, KC 12594, KC 12603 (7)
Plant height	KC 12522 (105 cm)	KC 12522 (100 cm)
Number grains per spike	KC 12376, KC 12597 (58)	KC 12468 (55)
Days to full maturity	KC 12297, KC 12300 (189 days)	KC 12297 (196 days)
Days to heading	KC 12576 (163 days)	KC 12147 (168 days)
Grain filling period	KC 12322, KC 12413 (50 days)	KC 12192 (50 days)
Grain weight of five spikes	KC 12513 (12.26 g)	KC 12401 (9.78 g)

تغییرات وزن دانه پنج سنبله داشت. نتایج رگرسیون گام به گام در شرایط تنش شوری (جدول ۴) نیز نشان داد که ۸۷/۳ درصد از تغییرات وزن دانه پنج سنبله مربوط به سه صفت وزن صد دانه، تعداد دانه در سنبله و تعداد گلچه در سنبلچه بود و وزن صد دانه با بزرگ‌ترین ضریب (۲/۰۱) بیش‌ترین تأثیر را در تغییرات آن داشت.

بر اساس تجزیه رگرسیون گام به گام برای صفت وزن دانه پنج سنبله تحت شرایط نرمال (جدول ۴)، سه صفت وزن صد دانه، تعداد دانه در سنبله و تعداد گلچه در سنبلچه به‌عنوان متغیر مستقل وارد مدل شدند و حدود ۷۰ درصد از تغییرات متغیر وابسته را توجیه کردند. وزن صد دانه با بزرگ‌ترین ضریب (۱/۹۹) بیش‌ترین تأثیر را در

جدول ۴- نتایج تجزیه رگرسیون گام به گام برای وزن دانه پنج سنبله نمونه‌های ژنتیکی گندم نان تحت شرایط نرمال (مزرعه پژوهشی

یزد) و تنش شوری (مزرعه پژوهشی اردکان)

Table 4. The results of stepwise regression for grain weight of five spikes of bread wheat accessions under normal (research field of Yazd) and salinity stress (research field of Ardekan) conditions

Step	Normal conditions	Regression coefficient	Standard error	t-value	Adjusted R ²
1	Constant	1.015	0.363	2.796	0.387
	100-grain weight (X ₁)	1.992	0.115	17.266	
2	Constant	-4.382	0.359	-12.199	0.691
	100-grain weight (X ₁)	1.986	0.082	24.271	
	Number of grains per spike (X ₂)	0.123	0.006	21.565	
3	Constant	-4.578	0.359	-12.747	0.699
	100-grain weight (X ₁)	1.987	0.081	24.575	
	Number of grains per spike (X ₂)	0.108	0.007	15.11	
	Number of florets per spikelet (X ₃)	0.253	0.071	3.541	
Final regression model		-4.578+ 1.978 X ₁ + 0.108 X ₂ + 0.253 X ₃			

Table 4. Continued

جدول ۴- ادامه

Step	Salinity stress conditions	Regression coefficient	Standard error	t-value	Adjusted R ²
1	Constant	-0.308	0.168	-1.838	0.994
	100-grain weight (X ₁)	2.205	0.067	32.667	
2	Constant	-3.862	0.177	-21.826	0.871
	100-grain weight (X ₁)	2.051	0.044	46.416	
	Number of grains per spike (X ₂)	0.102	0.004	25.466	
3	Constant	-3.547	0.203	-17.435	0.873
	100-grain weight (X ₁)	2.014	0.045	44.34	
	Number of grains per spike (X ₂)	0.108	0.004	24.529	
	Number of florets per spikelet (X ₃)	-0.135	0.044	-3.057	
Final regression model		-3.547+ 2.014 X ₁ + 0.108 X ₂ - 0.135 X ₃			

۸/۱۴ سانتی‌متر)، تعداد پنجه (به‌ترتیب ۵/۵۴ و ۵/۳۴ عدد)، ارتفاع بوته (به‌ترتیب ۹۰/۲۷ و ۸۶/۷۳ سانتی‌متر) و تعداد سنبلچه در سنبله (به‌ترتیب ۱۶/۲۵ و ۱۵/۷۲ عدد) و بیش‌ترین میانگین تعداد دانه در سنبله (۴۱/۳۱ عدد) در شرایط تنش شوری بود. تعدادی از نمونه‌های ژنتیکی این گروه با برخی از صفات برتر نسبت به ارقام شاهد این گروه (روشن و ماهوتی) در جدول ۶ ارائه شده است. خوشه دوم متشکل از ۴۹ نمونه ژنتیکی، دارای بیش‌ترین میانگین تعداد گلچه در سنبلچه در شرایط نرمال (۳/۷۵ عدد) و

نتایج تجزیه خوشه‌ای به روش K-means با در نظر گرفتن تعداد متفاوت خوشه‌ها نشان داد که گروه‌بندی نمونه‌های ژنتیکی گندم در پنج خوشه، بهترین گروه‌بندی را ارائه می‌دهد و بیش‌ترین تعداد صفات دارای تفاوت معنی‌دار بین میانگین گروه‌ها، با در نظر گرفتن پنج خوشه به‌دست می‌آید (جدول ۵). خوشه اول، ۷۰ نمونه ژنتیکی به‌همراه دو رقم شاهد روشن و ماهوتی را در برداشت. این گروه دارای بیش‌ترین میانگین صفات در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری برای طول سنبله (به‌ترتیب ۸/۰۱ و

تنش شوری (۳/۵۸ عدد) و بیشترین میانگین تعداد دانه در سنبله (۴۵/۴۳ عدد) و طول دوره پرشدن دانه (۴۰/۶۱ روز) در شرایط نرمال بود. خوشه سوم با تعداد ۱۳۰ نمونه ژنتیکی، از بیشترین میانگین تراکم سنبله (۲۲/۴۹) در شرایط نرمال برخوردار بود. تعداد ۱۶۷ نمونه ژنتیکی موجود در خوشه چهارم، کمترین میانگین وزن صد دانه (۲/۲۸ گرم) را تحت شرایط تنش شوری داشتند. خوشه پنجم شامل ۵۳ نمونه ژنتیکی به همراه رقم شاهد کویر بود و در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری دارای بیشترین میانگین وزن صد دانه (به ترتیب ۳/۴۹ و ۲/۷۷ گرم) و وزن دانه پنج سنبله (به ترتیب ۷/۹۸ و ۶/۰ گرم)، بیشترین میانگین طول دوره پرشدن دانه در شرایط نرمال (۴۱/۵۶ روز) و بیشترین میانگین تراکم سنبله (۲۱/۴۹) در شرایط تنش شوری بود. تعدادی از نمونه‌های ژنتیکی این گروه با برخی از صفات برتر نسبت به ارقام شاهد این گروه (کویر) در جدول ۷ ارایه شده است.

جدول ۵- میانگین صفات در گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای نمونه‌های ژنتیکی گندم نان تحت شرایط نرمال (مزرعه پژوهشی یزد) و تنش شوری (مزرعه پژوهشی اردکان)

Table 4. Mean of the traits in the groups derived from cluster analysis of the bread wheat accessions under normal (research field of Yazd) and salinity stress (research field of Ardekan) conditions

Trait	Normal conditions				
	Cluster 1	Cluster 2	Cluster 3	Cluster 4	Cluster 5
Spike length (cm)	8.01	7.51	7.20	7.68	7.53
Spike density	20.56	21.82	22.49	20.95	21.23
100-grain weight (g)	3.11	3.23	2.97	3.09	3.49
Number of tillers	5.54	5.12	5.48	5.35	5.49
Plant height (cm)	90.27	63.12	63.08	74.77	77.80
Number of spikelets per spike	16.25	16.22	15.93	15.93	15.78
Number of florets per spikelet	3.44	3.75	3.29	3.47	3.53
Number of grains per spike	45.35	45.43	41.99	44.31	44.47
Days to full maturity	180.44	177.33	184.21	181.32	177.77
Days to heading	144.48	136.71	147.11	146.05	136.21
Grain filling period (days)	35.97	40.61	37.10	35.27	41.56
Grain weight of five spikes (g)	7.36	7.79	6.72	7.17	7.98
Number of members	72	49	130	167	54

Table 5. Continued

جدول ۵- ادامه

Trait	Salinity stress conditions				
	Cluster 1	Cluster 2	Cluster 3	Cluster 4	Cluster 5
Spike length (cm)	8.14	7.33	6.99	7.54	7.24
Spike density	19.56	21.03	19.59	19.74	21.49
100-grain weight (g)	2.62	2.58	2.34	2.28	2.77
Number of tillers	5.34	4.92	4.05	4.56	4.75
Plant height (cm)	86.73	59.59	58.49	69.99	75.79
Number of spikelets per spike	15.72	15.22	13.57	14.66	15.19
Number of florets per spikelet	3.30	3.58	3.17	3.33	3.38
Number of grains per spike	41.31	40.31	35.79	38.23	41.07
Days to full maturity	181.01	173.61	185.47	180.40	174.03
Days to heading	148.64	135.73	160.34	151.96	136.42
Grain filling period (days)	32.37	37.88	25.13	28.44	37.61
Grain weight of five spikes (g)	5.73	5.64	4.59	4.67	6.00
Number of members	72	49	130	167	54

جدول ۶- نمونه‌های ژنتیکی گندم برتر از لحاظ برخی صفات زراعی نسبت به ارقام شاهد در گروه اول حاصل از تجزیه خوشه‌ای تحت

شرایط تنش شوری در مزرعه پژوهشی اردکان

Table 6. Superior bread wheat accessions to the check varieties for some agronomic traits in the first group derived from cluster analysis under salinity stress conditions in the research field of Ardekan

Accession	Spike length (cm)	100-grain weight (g)	No. of grains per spike	Plant height (cm)	Grain filling period (days)	Grain weight of five spikes (g)
KC 12247	9.10	3.30	43	96	27	7.01
KC 12328	8.40	3.80	36	91	26	7.11
KC 12349	9.40	4.20	43	84	32	8.85
KC 12367	7.90	3.20	27	85	28	4.28
KC 12395	7.30	3.30	50	88	37	8.68
KC 12423	9.20	3.20	37	95	32	6.23
KC 12439	8.90	2.10	49	87	29	5.41
KC 12459	8.20	2.30	46	96	32	5.57
KC 12468	6.40	3.30	55	78	36	7.23
KC 12521	7.20	2.80	48	98	39	7.07
KC 12527	9.30	2.50	46	88	38	6.05
KC 12553	8.40	2.50	47	88	36	6.18
KC 12555	9.50	2.90	49	90	31	7.47
KC 12582	9.50	2.50	50	85	34	6.02
KC 12583	6.70	3.40	41	86	33	6.02
KC 12587	9.00	2.40	49	91	35	6.19
KC 12596	8.40	3.00	48	72	38	7.57
Mahooti	8.54	3.11	45.94	84.25	33.19	7.88
Roshan	8.54	3.12	44.44	86.13	30.56	7.27

جدول ۷- نمونه‌های ژنتیکی گندم برتر از لحاظ برخی صفات زراعی نسبت به ارقام شاهد در گروه پنجم حاصل از تجزیه خوشه‌ای تحت

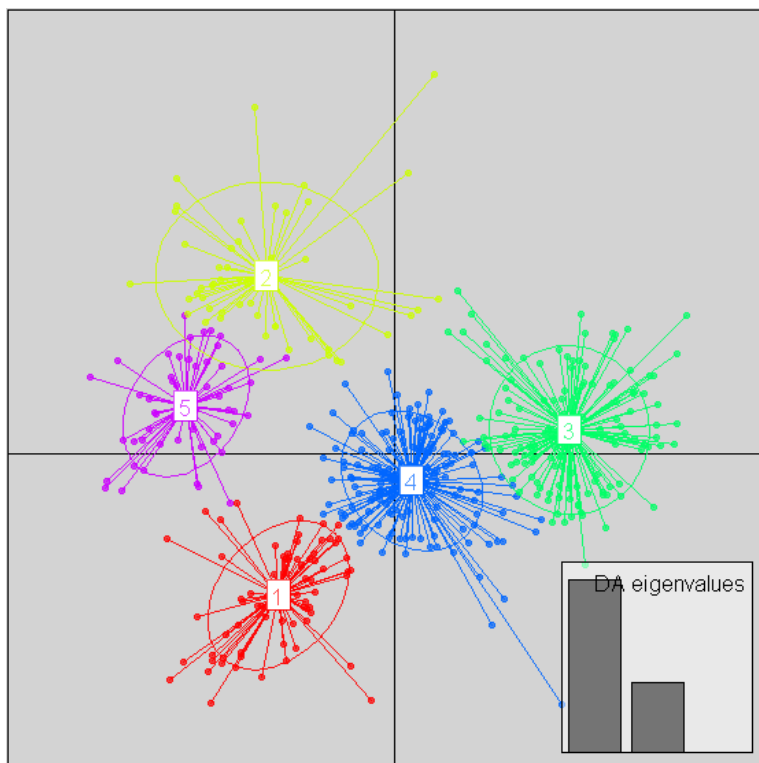
شرایط تنش شوری در مزرعه پژوهشی اردکان

Table 7. Superior bread wheat accessions to the check varieties for some agronomic traits in the fifth group derived from cluster analysis under salinity stress conditions in the research field of Ardekan

Accession	Spike length (cm)	100-grain weight (g)	No. of grains per spike	Plant height (cm)	Grain filling period (days)	Grain weight of five spikes (g)
12248	6.20	3.60	38	80	33	7.56
12309	7.40	3.10	41	77	33	8.04
12341	5.30	3.10	48	74	42	7.93
12343	5.40	4.10	42	67	41	8.92
12344	6.00	3.40	44	82	43	8.75
12346	7.10	3.60	41	84	42	7.83
12348	8.20	3.90	42	75	45	6.84
12377	8.10	2.40	54	73	35	6.82
12379	8.30	2.60	49	74	35	6.70
12382	8.30	3.00	45	88	36	6.67
12383	7.80	3.00	46	77	37	7.26
12384	8.20	3.10	42	82	37	6.85
12391	8.90	3.60	40	85	37	7.86
12396	7.50	3.90	44	86	38	8.76
12397	7.00	3.00	42	78	36	6.74
12419	7.80	3.40	40	82	30	7.15
12462	6.20	3.30	41	75	43	6.97
12463	6.70	2.90	46	73	38	7.47
12464	7.30	2.80	49	72	39	7.22
12469	6.80	3.10	49	80	37	7.15
12545	7.50	3.30	37	78	40	6.96
Kavir	8.4	2.62	44.75	72.75	39.75	6.61

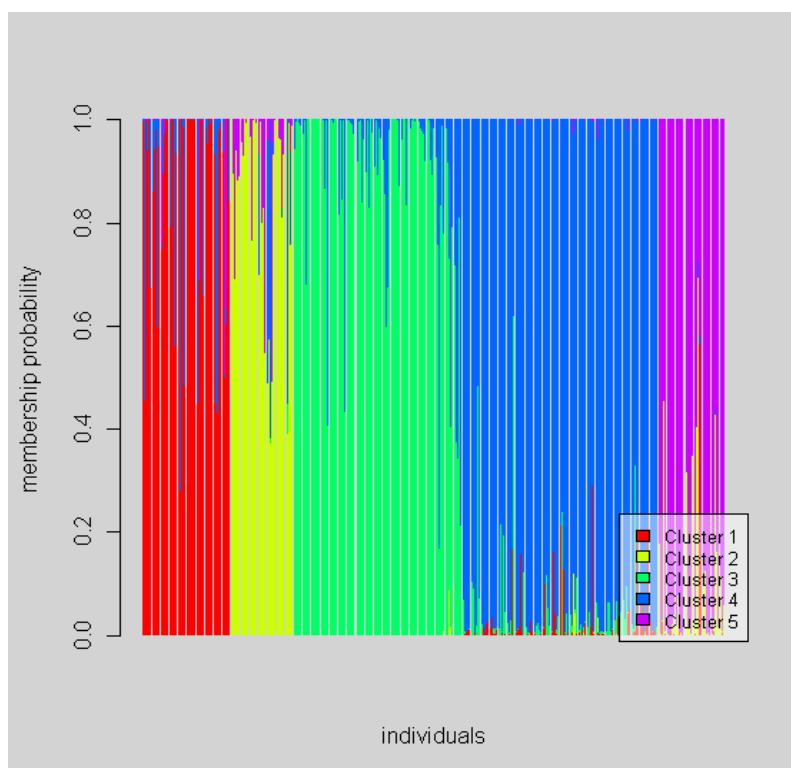
ژنتیکی (۴۰/۸۲ درصد)، احتمال عضویت بیش از ۹۵ درصد داشتند و احتمال عضویت سایر نمونه‌ها از ۹۳/۳ تا ۲۷/۲ درصد بود. در این خوشه نیز فقط شش نمونه دارای احتمال عضویتی کم‌تر از ۵۰ درصد بودند. در خوشه سوم، ۸۴ نمونه (۶۴/۶۲ درصد) با احتمال بیش از ۹۵ درصد به این گروه منتسب شدند و احتمال عضویت سایر نمونه‌ها از ۹۴/۹ درصد تا ۱۶/۸ درصد بود و شش عضو نیز دارای احتمال عضویتی کم‌تر از ۵۰ درصد بودند. در خوشه چهارم، تعداد ۱۱۵ نمونه ژنتیکی (۶۸/۸۶ درصد)، احتمال عضویت بیش از ۹۵ درصد داشتند. سایر نمونه‌های این خوشه دارای احتمال عضویتی در دامنه ۹۹/۴ تا ۱۹/۱ درصد بودند و فقط چهار نمونه احتمال عضویت کم‌تر از ۵۰ درصد داشتند. در خوشه پنجم، ۳۲ نمونه (۵۹/۲۶ درصد) دارای احتمال عضویت بیش از ۹۵ درصد بودند. سایر نمونه‌ها نیز با دامنه احتمالی از ۹۴/۹ تا ۲۹ درصد در این گروه عضویت داشتند و سه عضو دارای احتمال عضویتی کم‌تر از ۵۰ درصد بودند.

میزان تفکیک و تمایز خوشه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای با انجام تجزیه توابع تشخیص مورد بررسی قرار گرفت. پراکنش نمونه‌های ژنتیکی بر اساس دو تابع تشخیص اول در شکل ۲ ارایه شده است. نتایج نشان داد که تفکیک و گروه‌بندی نمونه‌های گندم، مناسب بوده است. خوشه اول و پنجم که ارقام شاهد را در برداشتند، به‌طور متمایز از یکدیگر و از سایر گروه‌ها در سمت چپ و پایین نمودار قرار گرفتند. به‌منظور بررسی دقیق‌تر، وضعیت تمایز گروه‌ها با در نظر گرفتن احتمال عضویت نمونه‌های ژنتیکی در خوشه‌های مختلف، محاسبه و در شکل ۳ ارایه شد. با توجه به این احتمالات، ۴۴ نمونه (۶۱/۱۱ درصد) از نمونه‌های ژنتیکی خوشه اول (که شامل ارقام شاهد ماهوتی و روشن نیز می‌باشد) با احتمال بیش از ۹۵ درصد به این گروه منتسب شدند. سایر نمونه‌ها با دامنه احتمالی از ۹۴/۳ درصد تا ۲۵/۶ درصد در این گروه عضویت داشتند و فقط شش نمونه دارای احتمال عضویتی کم‌تر از ۵۰ درصد بودند. در خوشه دوم، تعداد ۲۰ نمونه



شکل ۲- تفکیک گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای نمونه‌های ژنتیکی گندم بر اساس توابع تشخیص تحت شرایط نرمال (مزرعه پژوهشی یزد) و تنش شوری (مزرعه پژوهشی اردکان)

Figure 2. Separation of groups derived from cluster analysis of bread wheat accessions based on discriminant functions under normal (research field of Yazd) and salinity stress (research field of Ardekan) conditions



شکل ۳- احتمال انتساب نمونه‌های ژنتیکی گندم به گروه‌های مختلف حاصل از تجزیه خوشه‌ای بر اساس توابع تشخیص تحت شرایط نرمال (مزرعه پژوهشی یزد) و تنش شوری (مزرعه پژوهشی اردکان)

Figure 3. Membership probability of bread wheat accessions to different groups derived from cluster analysis based on discriminant functions under normal (research field of Yazd) and salinity stress (research field of Ardekan) conditions

بالاترین ضریب تغییرات در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری برای صفات وزن دانه پنج سنبله و تعداد پنجه مشاهده شد که این مشاهدات با نتایج ارزیابی تحمل به شوری ۸۲۳ نمونه ژنتیکی گندم نان توسط ارشد و همکاران (Arshad *et al.*, 2013) مطابقت داشت و نشان‌دهنده اهمیت این صفات در ایجاد تمایز بیش‌تر بین نمونه‌های مورد ارزیابی تحت هر دو شرایط نرمال و تنش شوری بود. نتایج آزمایش حاضر از لحاظ تأثیر شوری در کاهش مقدار صفات نسبت به شرایط نرمال با نتایج تحقیق افیونی و مرجوی (Afiuni and Marjovvi, 2009) برای صفات تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته و طول دوره پر شدن دانه در تطابق بود، ولی گماریان و همکاران (Gomarian *et al.*, 2009) در بررسی ۱۵ ژنوتیپ گندم مشاهده کردند که زمان گلدهی تحت تأثیر تنش شوری قرار نگرفت. با این حال، طول دوره پرشدن دانه در آزمایش گماریان و همکاران (Gomarian *et al.*, 2009) در ژنوتیپ‌های مورد بررسی کاهش یافت که در تطابق با

نتایج تحقیقات مختلف تأثیر سوء تنش شوری بر رشد و عملکرد گیاه را نشان داده است. درحقیقت، قرار گرفتن گیاه در معرض تنش شوری، در وحله اول سبب تنش اسمزی می‌شود که به دلیل تغییر محتوای آب بین سلولی رشد گیاه را تحت تأثیر قرار می‌دهد و مانع بزرگ شدن سلول‌ها و تقسیم آن‌ها و کاهش باز شدن روزنه‌ها و تعرق می‌شود (Munns *et al.*, 2008; Woodrow *et al.*, 2017). نتایج تحقیق حاضر نیز نشان‌دهنده تأثیر تنش شوری بر صفات مورد ارزیابی بود، به طوری که میانگین اکثر صفات، کاهش ولی ضریب تغییرات، افزایش یافت. افزایش ضریب تغییرات به لحاظ آماری می‌تواند به دلیل کاهش میانگین یا افزایش انحراف معیار و یا هر دو باشد. دامنه صفات نیز اکثراً در شرایط شوری کاهش یافته بود. تأثیر تنش شوری در تغییرات صفات در سایر آزمایشات نیز گزارش شده است. در تحقیق عزیزی و مساوات (Azizi and Mosavat, 2009) واریانس ژنتیکی در محیط شور کم‌تر از محیط غیرشور بود. در تحقیق حاضر،

انتخاب از گروه‌های مختلف می‌توان به تنوعی از صفات دست یافت. به‌ویژه قرار گرفتن ارقام شاهد در گروه‌های مختلف نشان داد که مواد ژنتیکی برتر شناسایی شده در این تحقیق از جنبه‌های متفاوتی می‌توانند در تحمل به تنش شوری مورد استفاده قرار گیرند. دشتی و همکاران (Dashti et al., 2011) نیز از روش تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی ژرم‌پلاسما گندم در شرایط تنش شوری استفاده نمودند. تجزیه خوشه‌ای ۱۵ ژنوتیپ گندم نان در شرایط تنش شوری توسط گماریان و همکاران (Gomarian et al., 2009)، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را در چهار گروه دسته‌بندی کرد. نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای تحت شرایط تنش شوری توسط آزادی و همکاران (Azadi et al., 2013)، ارقام هیرمند و هامون را یک گروه قرار داد و این دو رقم بر اساس بیش‌تر شاخص‌های کلیدی و مهم جهت شناسایی و غربال تحمل به شوری نظیر وزن خشک، محتوای سدیم، نسبت پتاسیم به سدیم، محتوای نسبی آب برگ، میزان پرولین و سطح برگ، به‌عنوان ارقام متحمل پیشنهاد شدند. در تجزیه خوشه‌ای ۸۲۳ نمونه ژنتیکی گندم در شرایط تنش شوری توسط ارشد و همکاران (Arshad et al., 2013) نیز تعداد ۳۸ نمونه ژنتیکی دارای وزن دانه پنج سنبله، وزن صد دانه و تعداد دانه در سنبله بیش‌تر نسبت به رقم کویر، در خوشه دوم و سه نمونه ژنتیکی دارای وزن دانه پنج سنبله، وزن صد دانه و تعداد دانه سنبله بیش‌تر نسبت به ارقام شاهد روشن و ماهوتی، در خوشه پنجم گروه‌بندی شدند.

در آزمایش حاضر، تعدادی از نمونه‌های ژنتیکی که در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری برتر از ارقام شاهد بودند، شناسایی شدند که می‌توانند به‌عنوان منابع متحمل به تنش شوری در نظر گرفته شوند. شناسایی مواد ژنتیکی برتر از ارقام شاهد نشان‌دهنده پتانسیل ژرم‌پلاسما گندم برای جستجوی منابع متحمل به تنش شوری است و توسط محققان دیگر نیز گزارش شده است. در بررسی ۱۰۰ لاین گندم نان توسط ساردویی‌نسب و همکاران (Sardouie-Nasab et al., 2013) نیز با توجه به نتایج عملکرد به‌دست آمده از محیط‌های مختلف، برخی از لاین‌ها دارای عملکرد بیش‌تری نسبت به ارقام شاهد پرمحصول متحمل به تنش ارگ، بم و کویر بودند و به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر آزمایش تعیین شدند. نتایج تحقیق گماریان و همکاران (Gomarian et al., 2009) نشان

تحقیق حاضر بود. در آزمایش قربانی و همکاران (Ghorbani et al., 2004)، تعداد دانه در سنبلچه در رقم تجن با افزایش تنش شوری، افزایش یافت که مغایر با نتایج تحقیق حاضر بود، اما تعداد دانه در سنبلچه رقم زاگرس در شرایط تنش شوری همانند تحقیق حاضر کاهش نشان داد. نتایج این تحقیقات در مجموع نشان‌دهنده این است که صفات مختلف متأثر از تنش شوری هستند، ولی میزان و اهمیت آن در ژنوتیپ‌های گوناگون متفاوت است. بنابراین باید به دنبال ژنوتیپ‌هایی بود که این شرایط را بهتر تحمل کنند و کم‌تر تحت تأثیر منفی شوری قرار می‌گیرند. به‌عبارت دیگر، تنوع ژنتیکی برای تحمل به شوری وجود دارد و جستجو برای منابع ژنتیکی متحمل به شوری، از اهمیت برخوردار است (Mujeeb-Kazi et al., 2019).

به‌منظور پی بردن به صفات مؤثرتر بر عملکرد در تحقیق حاضر از روش رگرسیون استفاده شد. نتایج بیانگر اهمیت صفات وزن صد دانه، تعداد دانه در سنبله و تعداد گلچه در سنبلچه بود. پوستینی (Poustini, 2002) نیز در ارزیابی ۳۰ رقم گندم، با توجه همبستگی معنی‌دار بین وزن خشک دانه و طول دوره پر شدن دانه بر اهمیت وزن هزار دانه در تحمل به شوری تأکید کرد، اما در تحقیق حاضر با وجود اینکه اهمیت صفت وزن صد دانه با وارد شدن آن در مدل رگرسیون مورد تأیید قرار گرفت، ولی صفات فنولوژیک از جمله طول دوره پر شدن دانه وارد مدل رگرسیون نشدند. عزیز و مساوات (Azizi and Mosavat, 2009) نیز همبستگی بین وزن هزار دانه و عملکرد در شرایط شور را معنی‌دار گزارش کردند. نتایج تحقیق حاضر با یافته‌های آزمایش ساردویی‌نسب و همکاران (Sardouie-Nasab et al., 2013)، از لحاظ اهمیت صفات تعداد دانه در سنبله و وزن دانه در سنبله در شرایط تنش شوری، بر اساس رگرسیون گام به گام در تطابق بود. در مقابل، اهمیت صفت ارتفاع بوته در تحمل به تنش شوری در تحقیق ارشد و همکاران (Arshad et al., 2020)، مورد تأکید قرار گرفت، در حالی که این صفت در تحقیق حاضر در مدل رگرسیونی وارد نشد.

با استفاده از روش تجزیه خوشه‌ای، مواد ژنتیکی مورد مطالعه در تحقیق حاضر در گروه‌های مختلفی دسته‌بندی شدند و تجزیه تابع تشخیص، وجود تفاوت معنی‌دار بین گروه‌ها را مورد تأیید قرار داد. این نتایج بیانگر وجود تنوع ژنتیکی در نمونه‌های مورد بررسی بود، به‌نحوی که با

تنش شوری در این ارقام بود. تعداد زیادی از نمونه‌های ژنتیکی به‌همراه ارقام شاهد در گروه‌های مربوط از یکدیگر تفکیک شدند که بیانگر تنوع ژنتیکی برای صفات مختلف مربوط به تحمل تنش شوری است. در مجموع ظرفیت بالای تنوع ژنتیکی مشاهده شد که در برنامه‌های به‌نژادی تحمل به شوری قابل استفاده است.

تضاد منافع

نویسنده (گان) تایید می‌کنند که این تحقیق در غیاب هر گونه روابط تجاری یا مالی که می‌تواند به‌عنوان تضاد منافع بالقوه تعبیر شود، انجام شده است.

رعایت اخلاق در نشر

نویسنده (گان) اعلام می‌کنند که در نگارش این مقاله به‌طور کامل از اخلاق نشر از جمله سرقت ادبی، سوء رفتار، جعل داده‌ها و یا ارسال و انتشار دوگانه، پیروی کرده‌اند. همچنین این مقاله حاصل یک کار تحقیقاتی اصیل بوده و تا کنون به‌طور کامل به هیچ‌زبانی و در هیچ نشریه یا همایشی چاپ و منتشر نشده و هیچ اقدامی نیز برای انتشار آن در هیچ نشریه یا همایشی صورت نگرفته و نخواهد گرفت.

اجازه انتشار مقاله

نویسنده (گان) با چاپ این مقاله به صورت دسترسی باز موافقت کرده و کلیه حقوق استفاده از محتوا، جدول‌ها، شکل‌ها، تصویرها و غیره را به ناشر واگذار می‌کنند.

داد که رقم ماهوتی و لاین دابل هاپلوئید DH-1557-3 با تحمل نسبی در مقابل تنش شوری، از نظر وزن خشک بوته و دانه نسبت به بقیه ژنوتیپ‌ها برتری داشتند و تحمل مطلق رقم روشن در بیش‌ترین مقدار قرار داشت و از بین لاین‌های Onfarm نیز لاین Onfarm-6 تحمل مطلق بالاتری نسبت به لاین‌های Onfarm-4 و Onfarm-9 داشت. ارشد و همکاران (Arshad *et al.*, 2020) نیز ۹۷ ژنوتیپ گندم نان گزینش یافته را تحت شرایط تنش شوری مورد بررسی قرار دادند و مشاهده کردند که تعداد نه ژنوتیپ عملکرد دانه بیش‌تری نسبت به رقم شاهد برتر در شرایط تنش داشتند.

نتیجه‌گیری کلی

نتایج تحقیق حاضر در مجموع نشان داد که ژرم پلاسما گندم نان دارای ظرفیت ارزشمندی برای شناسایی منابع متحمل به تنش شوری می‌باشد. بیش‌تر صفات مورد بررسی تحت تأثیر شرایط تنش شوری قرار گرفتند، ولی میزان این تأثیر در نمونه‌های ژنتیکی گوناگون، متفاوت بود. از بین صفات مورد بررسی، وزن صد دانه، تعداد دانه در سنبله و تعداد گلچه در سنبلچه، وارد مدل رگرسیونی شدند و اهمیت بیش‌تری از سایر صفات داشتند و بنابراین لازم است در برنامه‌های اصلاحی مدنظر قرار گیرند. تعداد زیادی از نمونه‌های ژنتیکی از لحاظ صفات مختلف نسبت به ارقام شاهد برتری داشتند. در گروه‌بندی تجزیه خوشه‌ای، ارقام شاهد در خوشه‌های مختلف و متمایز گروه‌بندی شدند که بیانگر جنبه‌های متفاوت تحمل به

References

- Afiuni, D. and Marjovvi, A. 2009. Assessment of different bread wheat cultivars responses to irrigation water salinity. *Journal of Crops Improvement* 11 (2): 1-10. (In Persian with English Abstract).
- Amini, A., Amirnia, R. and Ghazvini, H. 2015. Evaluation of salinity tolerance in bread wheat genotypes under field conditions. *Seed and Plant Journal* 31 (1): 95-115. (In Persian with English Abstract).
- Arshad, Y., Zahravi, M. and Soltani, A. 2020. Screening of bread wheat genotypes for identifying tolerance genetic resources to salinity. *Journal of Plant Production* 26 (4): 1-23. (In Persian with English Abstract).
- Arshad, Y., Zahravi, M. and Soltani, A. 2013. Selection for tolerance to salt stress in wheat genetic resources. *Journal of Crop Production Research* 5 (1): 13-21. (In Persian with English Abstract).
- Azadi, A., Pazoki, A., Hosseini Sianaki, H., Zandipour, M., Mirzaabdollah, N. and Abbaszadeh, E. 2013. Screening the salinity tolerance of the wheat cultivars at germination and seedling stages. *Plant and Ecosystem* 9 (1-34): 53-72. (In Persian with English Abstract).
- Azizi, M. and Mosavat, S.A. 2009. Selection criteria of wheat genotypes under salt stress in Golestan province. *Crop Production* 1 (4): 19-33. (In Persian with English Abstract).
- Ceccarelli, S. 1994. Specific adaptation and breeding for marginal conditions. *Euphytica* 77: 205-219.

- Ceccarelli, S., Erskine, W., Hamblin, J. and Grando, S. 1994.** Genotype by environment interaction and international breeding programmes. **Experimental Agriculture** 30: 177-187.
- Dashti, H., Taj Abadi Pour, A., Shirani, H. and Naghavi, M.R. 2011.** Evaluation of wheat germplasm in response to salinity stress. **Iranian Journal of Field Crop Science** 41 (4): 655-664. (In Persian with English Abstract).
- Dowlatabadi, Y., Najafi Zarini, H., Ranjbar, G. and Darzi Radmandi, H. 2019.** Determining resistant wheat varieties to salinity stress with multivariate statistics methods. **Plant Ecophysiology** 11 (37): 74-84. (In Persian with English Abstract).
- Foolad, M.R. 2004.** Recent advances in genetics of salt tolerance in tomato. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture** 76: 101-119.
- Ghorbani, M.H., Zeinali, E., Solatini, A. and Galeshi, S. 2004.** The effect of salinity on growth, yield and yield components in two wheat cultivars. **Journal of Agriculture Science and Natural Resources** 10 (4): 5-14. (In Persian with English Abstract).
- Gomarian, M., Malbobi, M.A., Darvish, F. and Mohammadi, S. 2009.** Investigating the reaction of bread wheat genotypes (*Triticum aestivum* L.) to salinity stress. **Journal of Research in Agricultural Science** 5 (1): 21-31. (In Persian with English Abstract).
- Hafeez, M.B., Raza, A., Zahra, N., Shaukat, K., Akram, M.Z., Iqbal, S. and Basra, S.M.A. 2021.** Gene regulation in halophytes in conferring salt tolerance. In: Hasanuzzaman, M. and Prasad, M.(Eds.). Handbook of bioremediation: Physiological, molecular and biotechnological interventions. Academic Press. pp: 341-370.
- IBPGR. 1978.** Descriptors for wheat and aegilops. International Board for Plant Genetic Resources. Rome, Italy.
- Isla, R., Aragues, R. and Royo, A., 2003.** Spatial variability of salt-affected soils in the middle Ebro valley (Spain) and implications in plant breeding for increased productivity. **Euphytica** 134: 325-334.
- Jafari-Shabestari, J., Corke, H. and Qualset, C.O. 1995.** Field evaluation of tolerance to salinity stress in Iranian hexaploid wheat landrace accessions. **Genetic Resources and Crop Evolution** 42 (2): 47-156.
- James, R.A., Blake, C., Zwart, A.B., Hare, R.A., Rathjen, A.J. and Munns, R. 2012.** Impact of ancestral wheat sodium exclusion genes *Nax1* and *Nax2* on grain yield of durum wheat on saline soils. **Functional Plant Biology** 39: 609-618.
- Jamil, A., Riaz, S., Ashraf, M. and Foolad, M.R. 2011.** Gene expression profiling of plants under salt stress. **Critical Reviews in Plant Sciences** 30 (5): 435-458.
- Jombart, T., Devillard, S. and Balloux, F. 2010.** Discriminant analysis of principal components: A new method for the analysis of genetically structured populations. **BMC Genetics** 11 (1): 1-15.
- Mahlouji, M. and Akbari, M. 2001.** Effect of water salinity in sprinkler irrigation on yield of different wheat cultivars. **Seed and Plant Journal** 17 (2): 172-182. (In Persian with English Abstract).
- Mujeeb-Kazi, A., Munns, R., Rasheed, A., Ogonnaya, F.C., Ali, N., Hollington, P., Dundas, I., Saeed, N., Wang, R., Rengasamy, P., Saddiq, M.S., De León, J.L.D., Ashraf, M. and Rajaram, S. 2019.** Breeding strategies for structuring salinity tolerance in wheat. **Advances in Agronomy** 155: 121-187.
- Munns, R., Schachtman, D.P. and Condon, A.G. 1995.** The significance of a two-phase growth response to salinity in wheat and barley. **Functional Plant Biology** 22 (4): 561-569.
- Munns, R. and Tester, M. 2008.** Mechanisms of salinity tolerance. **Annual Review of Plant Biology** 59: 651-681.
- Poustini, K. 2002.** An evaluation of 30 wheat cultivars regarding the response to salinity stress. **Iranian Journal of Agriculture Science** 33 (1): 57-64. (In Persian with English Abstract).
- Rajabi, R., Poustini, K., Jahanipour, P. and Ahmadi, A. 2005.** Effects of salinity on yield and some of physiological characteristics in 30 wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars. **Agriculture Science** 11 (2): 153-163. (In Persian with English Abstract).
- Ranjbar, G.H., Pirasteh Anosheh, H., Emam, Y. and Hosseinzadeh, S.H. 2013.** Effect of salinity on different growth stages of wheat, cv. Roshan. **Crop Production in Environmental Stress** 5 (1): 23-31. (In Persian with English Abstract).
- Rengasamy, P. 2010.** Soil processes affecting crop production in salt-affected soils. **Functional Plant Biology** 37: 613-620.

- Saadatian, B., Soleimani, F. and Ahmadvand, G. 2012.** Evaluation of salinity tolerance of some wheat cultivars. *Seed Research* 2 (4): 1-12. (In Persian with English Abstract).
- Saddiq, M.S., Iqbal, S., Hafeez, M.B., Ibrahim, A.M.H., Raza, A., Fatima, E.M., Baloch, H., Jahanzaib, Woodrow, P. and Ciarmiello, L.F. 2021.** Effect of salinity stress on physiological changes in winter and spring wheat. *Agronomy* 11 (6): 1193.
- Sardouie-Nasab, S., Mohammadi Nejad, G., Zebarjadi, A.R., Nakhoda, B. Mardi, M., Tabatabaie, S.M.T., Sharifi, G.R., Amini, A. and Majidi Heravan, E. 2013.** Response of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) lines to salinity stress. *Seed and Plant Journal* 29 (1): 81-102. (In Persian with English Abstract).
- Shahid, S.A., Zaman, M. and Heng, L. 2018.** Soil salinity: Historical perspectives and a world overview of the problem. In: Zaman, M., Shhid, S.A. and Heng, L. (Eds.). *Guideline for salinity assessment, mitigation and adaptation using nuclear and related techniques*. Springer, Switzerland. pp: 43-53.
- Woodrow, P., Ciarmiello, L.F., Annunziata, M.G., Pacifico, S., Iannuzzi, F., Mirto, A., D'Amelia, L., Dell'Aversana, E., Piccolella, S. and Fuggi, A. 2017.** Durum wheat seedling responses to simultaneous high light and salinity involve a fine reconfiguration of amino acids and carbohydrate metabolism. *Physiologia Plantarum* 159 (3): 290-312.
- Yadlariou, L. and Majidi Heravan, E. 2008.** Evaluation of salinity stress on morpho-physiological traits of four saline tolerant wheat cultivars. *Iranian Journal of Field Crops Research* 6 (1): 205-215. (In Persian with English Abstract).
- Yamaguchi, T. and Blumwald, E. 2005.** Developing salt tolerant crop plants: Challenges and opportunities. *Trends in Plant Science* 10: 615-620.