doi: 10.22124/CR.2021.20075.1680

(مقاله پژوهشی)

تحقیقات غلات

دوره یازدهم/ شماره دوم/ تابستان ۱۴۰۰ (۱۷۴-۱۶۳)

ارزیابی ژرم‌پلاسم تقلیل یافته ارزن مرواریدی برای صفات مرتبط با عملکرد علوفه

رضا عطایی[1*]، علی ماهرخ[1] و محمد رزمی چرمخوران[2]

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۰۲/۱۵ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۶/۱۷

چکیده

ارزن مرواریدی (*Pennisetum glaucum* L.) یکی از گیاهان مهم مناطق خشک و نیمه‌خشک است که به‌منظور تولید دانه و علوفه کشت می‌شود. ارزیابی و استفاده از ژرم‌پلاسم‌های جدید جهت به‌دست آوردن ارقام جدید با عملکرد بالا، سازگاری به تنش‌های محیطی و مقاومت به آفات و عوامل بیماری‌زا ضروری است. به‌منظور ارزیابی ژرم‌پلاسم ارزن مرواریدی از نظر صفات مرتبط با عملکرد علوفه، ۹۴ نمونه ارزن مرواریدی از بانک ژن ایکریسات به‌همراه رقم مهران و یک لاین امیدبخش (KPM1) در قالب طرح لاتیس در دو تکرار کشت شد. نتایج تجزیه واریانس نشان‌دهنده وجود تفاوت معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها از نظر کلیه صفات مورد بررسی (تعداد روز تا گلدهی، ارتفاع بوته، قطر ساقه، تعداد برگ، تعداد پنجه و عملکرد علوفه) به‌جز تعداد پنجه، در سطح احتمال یک درصد بود. مقایسه میانگین عملکرد علوفه نیز نشان داد که ژنوتیپ شماره ۶۳ با تولید ۸۱/۹۲ تن در هکتار علوفه تر، به‌طور معنی‌داری عملکرد بیش‌تری از رقم شاهد (مهران) داشت. محاسبه ضریب تنوع فنوتیپی صفات اندازه‌گیری شده نشان داد که بیش‌ترین تنوع مربوط به صفات قطر ساقه و عملکرد علوفه بود. نتایج تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نیز ساختار ژنتیکی جمعیت حاضر را بر اساس زمان گلدهی به سه زیرگروه (زودرس، متوسطرس و دیررس) تقسیم کرد. در مجموع، وجود تنوع ژنتیکی قابل‌توجه و ساختار قوی موجود در جمعیت بر اساس زمان گلدهی نشان داد که ژرم‌پلاسم مورد مطالعه، خزانه ژنی مهمی در ارزن مرواریدی برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی است.

واژه‌های کلیدی: ارزن مرواریدی، تنوع ژنتیکی، ژرم پلاسم تقلیل یافته، ایکریسات

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

۲- کارشناس، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

* نویسنده مسئول: reza_ataei@ut.ac.ir

مقدمه

تأمین امنیت غذایی در مناطق خشک و نیمه‌خشک به دلیل رشد سریع جمعیت و تغییرات شدید آب و هوایی، همواره یکی از چالش‌های بزرگ بخش کشاورزی بوده است (Lobell *et al.*, 2008). افزایش عملکرد گیاهان زراعی، افزایش پایداری عملکرد در محیط‌های مختلف و بهبود ارزش غذایی و کیفیت محصولات کشاورزی تا حد زیادی می‌تواند به تأمین غذا در این مناطق کمک کند (Wheeler and Von Braun, 2013). امروزه تولید علوفه به‌دلیل ارتباط مستقیم با بخش دام‌پروری و تولید محصولات پروتئینی یکی از اهداف بخش کشاورزی است.

ارزن‌ها گروهی از غلات دانه‌ریز و یکی از قدیمی‌ترین گیاهان زراعی هستند که در سراسر دنیا به‌منظور تولید دانه و علوفه کشت می‌شوند (Radhouane, 2013). ارزن معمولی (*Panicum miliaceum* L.)، ارزن دم‌روباهی (*Setaria italica* L.)، ارزن انگشتی (*Eleusine coracana* L.) و ارزن مرواریدی (*Pennisetum glaucum* L.) مهم‌ترین گونه‌های ارزن هستند که در سطح وسیعی از دنیا کشت می‌شوند. بر اساس آخرین گزارش فائو تولید ارزن (شامل تمامی گونه‌های ارزن) در سال ۲۰۱۹ بیش از ۲۸ میلیون تن (با سطح زیر کشت حدود ۳۲ میلیون هکتار) بوده است که در مقایسه با ذرت با تولید بیش از هزار میلیون تن (با سطح زیر کشت بیش از ۱۹۷ میلیون هکتار)، سهم بسیار کمی در اقتصاد کشاورزی دنیا دارد. سطح زیرکشت ارزن در ایران در حدود ۱۰ تا ۱۱ هزار هکتار با عملکرد دانه ۱/۸ تن در هکتار و میانگین عملکرد علوفه ۴۰ تن در هکتار است (FAO, 2019).

تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های گیاهی و ارزیابی ژرم‌پلاسم های جدید جهت به دست آوردن ارقام جدید با عملکرد بالا، سازگاری به تنش‌های محیطی و مقاومت به آفات و عوامل بیماری‌زا ضروری است. بانک ژن ICRISAT دارای بزرگ‌ترین ژرم‌پلاسم ارزن مرواریدی با ۲۱۵۹۴ نمونه از ۵۰ کشور مختلف و شامل ۷۵۰ نمونه گیاهی از ۲۴ گونه وحشی جنس *Pennisetum* است (Upadhyaya *et al.*, 2007). مفهوم مجموعه اصلی (Core collection) جهت افزایش استفاده از ژرم‌پلاسم بانک ژن در برنامه‌های اصلاحی تعریف شد و شامل ده درصد از کل ژرم‌پلاسم و بدون تغییر در شاخص‌های ژنتیکی و آماری (مانند فراوانی ژنی، واریانس، شاخص فراوانی، میانگین و غیره) است. چنین مجموعه‌هایی در ارزن مرواریدی، سورگوم، برنج، ذرت و ارزن دم‌روباهی ایجاد شده و برای صفات مختلف مورد ارزیابی قرار گرفته است (Upadhyaya *et al.*, 2011). ارزیابی دقیق مجموعه اصلی ارزن مرواریدی در چندین منطقه با استفاده از طرح‌های تکراردار نشان داد که برهمکنش ژنوتیپ و محیط به‌طور قابل‌ملاحظه‌ای در این مجموعه وجود داشت (Bhattacharjee *et al.*, 2007). برای غلبه بر چنین مشکلی در سال ۲۰۰۱ ایده تشکیل مجموعه تقلیل‌یافته (Mini core collection) برای گیاهانی که دارای ژرم‌پلاسم بزرگ هستند، پیشنهاد شد (Upadhyaya and Ortiz, 2001). مجموعه‌های تقلیل‌یافته حدود ۱۰ درصد از ژنوتیپ‌های مجموعه‌های اصلی (یک درصد کل ژرم‌پلاسم) را در برمی‌گیرند و نماینده تنوع موجود در ژرم‌پلاسم اصلی هستند.

ارزیابی ۱۰۴ نمونه گیاهی ارزن مرواریدی نشان داد که تنوع قابل‌ملاحظه‌ای در داخل جمعیت وجود دارد. تجزیه خوشه‌ای جمعیت را به ۱۲ خوشه مختلف تقسیم کرد. بیش‌ترین واریانس برای صفات زراعی وجود داشت که نشان‌دهنده امکان گزینش در داخل جمعیت برای این صفات می‌باشد. تمامی صفات مورد بررسی به‌جز تعداد روز تا گلدهی از پیشرفت ژنتیکی خوبی برخوردار بودند (Shanmuganathan *et al.*, 2006). با توجه به بزرگی اندازه کل ژرم‌پلاسم ارزن مرواریدی (۲۰۹۴ نمونه گیاهی) و دشواری ارزیابی آن، در آزمایشی به‌منظور تشکیل مجموعه اصلی و استفاده از آن در برنامه‌های اصلاحی، ۲۳۸ نمونه برای ده صفت کیفی و هشت صفت کمی مورد بررسی قرار گرفت و با تجزیه خوشه‌ای، افراد مجموعه اصلی به ۱۳۶ خوشه تقسیم شد. نتایج نشان داد که مجموعه تقلیل‌یافته از لحاظ شاخص‌های آماری و ژنتیکی با مجموعه اصلی تفاوت معنی‌داری نداشت (Upadhyaya *et al.*, 2011). در آزمایش دیگری، ۲۲۱ نمونه ارزن مرواریدی با استفاده از ۲۷ صفت زراعی و مورفولوژیک مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج آزمایش نشان داد که این مجموعه برای تمامی صفات مورد بررسی دارای تنوع ژنتیکی خوبی بود. تجزیه خوشه‌ای جمعیت را به سه خوشه تقسیم کرد و گروه‌بندی حاصل با منشأ جغرافیایی نمونه‌های مورد بررسی مطابقت خوبی داشت. به‌طور کلی نتایج این بررسی نشان داد که نمونه‌های بانک ژن

پتانسیل قابل‌ملاحظه‌ای برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی دارند (Kumari *et al.*, 2016).

ارزیابی مجموعه اصلی ارزن مرواریدی به‌منظور بررسی تنوع موجود از لحاظ ریزمغذی‌های ضروری در هند نشان داد که در مجموعه حاضر تنوع بیش از دو برابری برای آهن، روی و کلسیم وجود داشت. از طرفی نتایج نشان داد که کنترل این صفات به‌طور قابل ملاحظه‌ای ژنتیکی است و تنوع محیطی نقش کمی در کنترل این صفات داشت. در این بررسی ده نمونه برتر برای هر ریزمغذی و پانزده نمونه برتر برای مجموع ریزمغذی‌ها شناسایی شد. همچنین نتایج نشان داد که احتمال امکان افزایش روی و آهن دانه با گزینش هم‌زمان روی تعداد روز تا گلدهی و وزن هزار دانه وجود دارد (Govindaraj *et al.*, 2020).

با وجود اینکه ژرم‌پلاسم ارزن مرواریدی دارای دامنه وسیعی از تنوع ژنتیکی برای صفات مهم زراعی، تحمل به تنش‌های زنده و غیرزنده و ارزش غذایی است، با این‌حال مانند ژرم‌پلاسم سایر گیاهان زراعی در برنامه‌های اصلاحی کم‌تر مورد استفاده قرار گرفته است (Yadav *et al.*, 2009). بنابراین ارزیابی وسعت تنوع ژنتیکی موجود در ژرم‌پلاسم ارزن مرواریدی برای صفات زراعی و شناسایی ژرم‌پلاسم‌های امیدبخش برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی از اهمیت خاصی برخوردار است. با توجه به اینکه ژرم‌پلاسم مطالعه شده در این تحقیق از مناطق مختلف جهان جمع‌آوری شده است، بنابراین فرض تحقیق این بود که تنوع ژنتیکی کافی در جمعیت وجود دارد. با توجه به محدود بودن ژرم‌پلاسم ارزن مرواریدی ایران، هدف از تحقیق حاضر بررسی امکان اضافه کردن ژرم‌پلاسم وارداتی از بانک ژن ICRISAT به مجموعه موجود کشور و استفاده از آن در برنامه‌های اصلاحی ارزن مرواریدی بود.

مواد و روش ها

مواد گیاهی این آزمایش، مجموعه تقلیل‌یافته ارزن مرواریدی با ۹۴ نمونه متعلق به بانک ژن ICRISAT بود که به‌همراه رقم مهران و یک لاین امیدبخش (KPM1) در قالب طرح آلفا لاتیس با دو تکرار در مزرعه تحقیقاتی موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر ارزیابی شد (جدول ۱). هر واحد آزمایشی شامل چهار ردیف به‌طول پنج متر با فاصله ردیف ۶۰ سانتی‌متر بود. یادداشت‌برداری صفات بر اساس دستورالعمل ایکریسات از دو ردیف وسط انجام شد و دو ردیف کناری به‌عنوان حاشیه در نظر گرفته شد. به‌منظور اندازه‌گیری صفات تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی، ارتفاع گیاه، تعداد برگ، قطر ساقه و تعداد پنجه، تعداد ده بوته تصادفی از هر کرت انتخاب و میانگین آن‌ها برای انجام تجزیه‌های آماری استفاده شد. نمره‌دهی صفات حساسیت به ورس در مرحله خمیری دانه و پتانسیل عملکرد علوفه سبز در مرحله گلدهی به‌صورت مشاهده‌ای و بر اساس دستور العمل ICRISAT انجام شد. به‌منظور اندازه‌گیری عملکرد علوفه در چین‌های مختلف، دو خط وسط از هر کرت آزمایشی در زمان گلدهی برداشت و عملکرد علوفه تر اندازه‌گیری شد. تجزیه آماری داده‌های حاصل در قالب طرح آلفا لاتیس با استفاده از نرم‌افزار PLABSTAT v. 3A انجام گرفت (Utz, 2001). سپس مقایسه میانگین‌های تصحیح شده با اثر بلوک ناقص در مقایسه با رقم شاهد (مهران) به‌روش LSD با استفاده از نرم‌افزار SAS صورت گرفت. برای انجام تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای نیز از نرم‌افزارهای آماری PAST ver. 2.17c (Hammer *et al.*, 2001) و SPSS ver. 22 (Nie *et al.*, 1975) استفاده شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه نشان داد که اختلاف بین ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات مورد بررسی به‌جز تعداد پنجه در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود (جدول ۲). تفاوت معنی‌دار بین نمونه‌های مورد بررسی نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی قابل توجه بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد بررسی بود. علاوه بر این، بررسی‌های مشاهده‌ای نشان داد که تنوع قابل ملاحظه‌ای از نظر صفات مورد بررسی در جمعیت حاضر وجود داشت. دامنه تغییرات صفت روز تا ۵۰ درصد گلدهی برای ژنوتیپ‌های مورد بررسی بین ۵۱ تا ۷۴ روز بود و ۲۲ درصد از ژنوتیپ‌ها نیز در شرایط اقلیمی و جغرافیایی کرج به‌دلیل ناسازگاری با شرایط آب و هوایی در حالت رویشی باقی ماندند (بدون انتقال به مرحله زایشی و گلدهی). کم‌ترین ضریب تغییرات بین ژنوتیپ‌ها از لحاظ صفت تعداد روز تا گلدهی و تعداد پنجه بود، اما چون ضریب تغییرات هفت درصدی برای تعداد روز تا گلدهی فقط بین ژنوتیپ‌هایی که در شرایط این آزمایش توانایی انتقال به مرحله زایشی را داشتند، محاسبه شد، بنابراین اعتبار چندانی ندارد و

نمی‌تواند نشان‌دهنده تنوع این صفت در کل نمونه‌های مطالعه شده باشد. بیش‌ترین دامنه تنوع بین ژنوتیپ‌ها نیز برای صفات قطر ساقه و عملکرد ارزیابی شذ (جدول ۳). به‌طور کلی عملکرد (علوفه و دانه) به‌دلیل تأثیرپذیری از صفات دیگر مانند ارتفاع، تعداد روز تا گلدهی و غیره، دارای بیش‌ترین تنوع بود و با نتایج مطالعات قبلی توافق خوبی داشت (Singh *et al.*, 2013; Kumari *et al.*, 2017). وجود تنوع کافی در بین ژنوتیپ‌ها می‌تواند ناشی از پایه ژنتیکی متفاوت ژنوتیپ‌ها باشد.

جدول ۱- اسامی و منشأ ژنوتیپ‌های استفاده شده در این پژوهش

Table 1. Name and origin of the genotypes used in this study

No.	IP	Origin	No.	IP	Origin	No.	IP	Origin
1	196	Kenya	33	4747	India	65	7497	Somalia
2	277	Congo	34	4979	Nigeria	66	7537	India
3	869	USA	35	5085	Nigeria	67	7675	India
4	952	India	36	5153	Niger	68	7829	India
5	1060	India	37	5185	Niger	69	7846	ICRISAT
6	1098	India	38	5261	Niger	70	7860	India
7	1405	India	39	5298	Niger	71	7886	India
8	1536	India	40	5389	Niger	72	7915	Niger
9	1566	India	41	5407	Niger	73	7978	ICRISAT
10	1625	India	42	5438	Niger	74	8022	Zambia
11	1834	India	43	5455	Niger	75	8051	Mexico
12	1917	India	44	5581	Niger	76	8074	ICRISAT
13	2083	South Africa	45	5711	Nigeria	77	8155	ICRISAT
14	2246	Nigeria	46	5719	Nigeria	78	8205	Nigeria
15	2322	Nigeria	47	5869	Senegal	79	8220	ICRISAT
16	2704	Chad	48	5957	Senegal	80	8245	ICRISAT
17	2761	Burkina Faso	49	5964	Senegal	81	8276	ICRISAT
18	2789	Mauritania	50	6057	Central African	82	8288	ICRISAT
19	3110	India	51	6113	Niger	83	8350	India
20	3329	India	52	6193	Cameroon	84	8418	Nigeria
21	3432	India	53	6275	Mali	85	8472	Niger
22	3489	India	54	6278	Mali	86	8529	India
23	3525	India	55	Mehran	Iran	87	8540	India
24	3626	India	56	6340	Mali	88	8562	India
25	3642	India	57	6517	Mali	89	8672	Sudan
26	3646	India	58	6769	Malawi	90	8707	Sudan
27	3706	India	59	6798	Malawi	91	KPM1	Iran
28	3852	India	60	6805	Malawi	92	8863	Zambia
29	4177	India	61	7118	India	93	8913	Gambia
30	4291	India	62	7259	India	94	9000	Niger
31	4363	India	63	7358	India	95	9026	Gambia
32	4488	India	64	7422	Tanzania	96	9157	India

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات مورد بررسی

Table 2. Analysis of variance of the studied traits

Source of variations	Mean squares					
	Days to flowering	Plant height (cm)	Stem diameter (mm)	Leaves number	Tiller number	Forage yield (t/ha)
Replication	393.82**	3375.13**	61.92**	223.64**	5.53**	1528.67**
Treatment (unadj)	43.84**	1555.97**	7.68**	34.99**	0.49	454.21**
Block (adj)	99.29**	870.24**	9.09**	42.60**	0.96**	360.28**
Error	10.52	379.81	3.99	17.10	0.38	174.14
CV (%)	5	9	21	9	8	28

**: Significant at 1% probability level.

جدول ۳- میانگین، بیشینه، کمینه، دامنه تغییرات و ضریب تنوع صفات مورد بررسی

Table 3. Mean, maximum, minimum, range and phenotypic coefficient of variation of the studied traits

Trait	Mean	Maximum	Minimum	Range	PCV (%)**
Days to flowering*	64.00	74.00	51.00	23.00	7
Plant height (cm)	214.73	288.20	140.20	148.00	14
Stem diameter (mm)	9.37	15.80	3.50	12.30	25
Leaves number	41.67	55.60	30.40	25.20	11
Tiller number	7.49	9.10	6.10	3.00	8
Forage yield (t/ha)	46.24	94.12	6.20	87.92	37

*: The values of days to flowering are rounded to the nearest tenth.

**: Phenotypic coefficient of variation.

به‌دلیل اینکه ارزن‌ها مقاومت خوبی به شرایط محیطی نامطلوب (مانند خشکی، گرما، شوری و فقر مواد غذایی) دارند، از این‌رو اغلب در زمین‌های حاشیه‌ای با بارندگی اندک و در شرایط گرما کشت و کار می‌شود (Bhoite *et al.*, 2008). با وجود تمامی تلاش‌های اصلاحگران جهت افزایش عملکرد علوفه و دانه ارزن‌ها (ارزن مرواریدی، ارزن دم‌روباهی و ارزن معمولی) در سال‌های اخیر، متأسفانه عملکرد آن‌ها در حال حاضر حتی در مقیاس جهانی نیز رضایت‌بخش نیست (Shashikala *et al.*, 2013; Kumar *et al.*, 2017). اصلاح ژنتیکی و افزایش عملکرد ارزن تا حدود زیادی بستگی به وجود تنوع ژنتیکی در ژرم‌پلاسم پایه و شناسایی صفات مؤثر بر عملکرد دارد. بررسی تنوع ژنتیکی در ۲۶ ژنوتیپ ارزن مرواریدی نشان داد که ضریب تنوع ژنتیکی از ۳/۸۴ برای صفت تعداد روز تا رسیدگی تا ۳۰/۳۵ برای عملکرد دانه متغیر بود (Bhoite *et al.*, 2008). علاوه بر این، نتایج حاصل از مطالعات قبلی روی ژرم‌پلاسم ارزن مرواریدی نیز تنوع قابل ملاحظه‌ای برای مقاومت به بیماری‌ها نشان داده است (Kanfany *et al.*, 2018).

مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها به روش LSD در مقایسه با رقم مهران به‌عنوان شاهد در جدول شماره ۴ ارایه شده است. به‌دلیل زیاد بودن حجم داده‌ها، فقط ده ژنوتیپ با بیش‌ترین اختلاف معنی‌دار از لحاظ صفات مورد بررسی نسبت به رقم مهران در این جدول ارایه شده است. نتایج بررسی میانگین صفات مورد بررسی به روش LSD نشان داد که صفت تعداد روز تا گلدهی بین ۵۴ تا ۷۰ روز بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی متغیر بود. ژنوتیپ شماره ۲۶ با میانگین ۵۴ روز تا گلدهی زودرس‌ترین لاین بود و اختلاف معنی‌داری با رقم مهران (۶۷ روز تا گلدهی) داشت (جدول ۴). هرچند بیش‌ترین تعداد روز تا گلدهی مربوط به ژنوتیپ شماره ۳۱ با ۷۰ روز تعلق داشت، با این‌حال بیش از ۲۰ درصد از ژنوتیپ‌ها در شرایط آب و هوایی کرج توانایی انتقال به مرحله زایشی را نداشتند و امکان ثبت این صفت وجود نداشت. تمامی ژنوتیپ‌هایی که با مهران از لحاظ صفت تعداد روز تا گلدهی اختلاف معنی‌دار داشتند، زودرس‌تر بودند (جدول ۴). زودرسی یکی از مهم‌ترین صفات در ارزن مرواریدی است. به‌دلیل اینکه ارزن اغلب به‌عنوان کشت دوم بعد از گندم در کشور مطرح است، بنابراین کشت ارقام زودرس ارزن امکان برنامه‌ریزی برای سیستم کشت دوم را فراهم می‌آورد. از طرفی در مقیاس جهانی، کشت و کار ارزن‌ها اغلب در نواحی گرم و خشک انجام شده و گیاه در طول رشد خود با انواع تنش‌ها به‌ویژه تنش خشکی روبرو می‌شود. ارزن مرواریدی مقاومت خوبی به تنش خشکی میان فصل دارد و هنگام روبرو با آن قابلیت جبران کاهش عملکرد را با توجه به تولید پنجه‌های ثانویه دارد. بنابراین خشکی میان فصل از اهمیت کم‌تری در مقایسه با خشکی آخر فصل دارد. ارقام زودرس در نواحی که با تنش خشکی آخر فصل روبرو هستند، به‌وسیله مکانیسم فرار تا حد زیادی از خسارت وارده در امان می‌مانند (Vadez *et al.*, 2012). بررسی صفت تعداد روز تا گلدهی نشان داد که مجموعه مطالعه شده در این آزمایش، منبع خوبی برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی با هدف زودرسی است.

بیش‌ترین ارتفاع با ۲۶۱/۹۵ سانتی‌متر مربوط به ژنوتیپ شماره ۷۲ و کم‌ترین ارتفاع با ۱۴۰/۳۴ سانتی‌متر مربوط به ژنوتیپ شماره ۹۵ بود. علاوه بر این، تمامی ژنوتیپ‌هایی که با رقم مهران اختلاف معنی‌دار داشتند، دارای قطر ساقه و تعداد برگ کم‌تری نیز نسبت به این رقم بودند (جدول ۴). ارزیابی‌های مزرعه‌ای برای صفت حساسیت به خوابیدگی (ورس) نیز در این آزمایش نشان

داد که ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۷، ۱۳، ۲۳، ۲۴، ۳۶ و ۸۲ بیش‌ترین خوابیدگی بوته و ژنوتیپ‌های شماره ۱۰، ۲۱، ۳۴، ۶۲، ۶۵، ۷۰ و ۷۱ در رتبه بعدی از لحاظ حساسیت به ورس قرار داشتند.

عملکرد علوفه صفت بسیار پیچیده و در تعامل با صفات دیگر است و بنابراین درک ارتباطات بین عملکرد علوفه و صفات مؤثر بر آن و تأکید بر گزینش این صفات در برنامه‌های اصلاحی از اهمیت خاصی برخوردار است (Kumar *et al.*, 2017). بررسی روابط بین صفات مرفولوژیک نشان داد که عملکرد دانه ارزن دم‌روباهی همبستگی مثبت و معنی‌داری با تعداد پنجه، تعداد روز تا گلدهی و قطر ساقه داشت، در حالی‌که ارقام با طول پانیکول بیش‌تر از عملکرد پایین‌تری برخوردار بودند. همچنین تجزیه مسیر نشان داد که عملکرد علوفه تا حد زیادی با صفات تعداد برگ، تعداد پنجه و تعداد روز تا گلدهی به‌صورت همسو و هم‌جهت تغییر می‌کند (Dezfouli and Mehrani, 2010). نتایج تحقیقات دیگر نیز نشان داد که صفات تعداد پنجه، تعداد برگ، تعداد روز تا گلدهی و ارتفاع ارتباط تنگاتنگی با عملکرد علوفه دارد (Imran *et al.*, 2010; Shinde *et al.*, 2010; Zhang *et al.*, 2010; Kumar *et al.*, 2017). نتایج مقایسه میانگین‌ها نشان داد که به‌جز ژنوتیپ شماره ۶۳ سایر ژنوتیپ‌ها عملکرد علوفه معنی‌دار کم‌تری نسبت به رقم شاهد داشتند. هرچند از لحاظ آماری ژنوتیپ شماره ۶۳ بیش‌ترین عملکرد را داشت، اما به‌دلیل عدم شاخص بودن این ژنوتیپ در صفات تعیین‌کننده عملکرد علوفه (تعداد برگ، تعداد پنجه، ارتفاع و تعداد روز تا گلدهی) نیاز به بررسی‌های بیش‌تری دارد (جدول ۴).

جدول ۴- مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها با رقم مهران به‌عنوان شاهد به روش LSD در سطح احتمال پنج درصد *

Table 4. Comparison of means of the genotypes with Mehran cultivar as control by LSD at 5% probability level*

No.	Days to flowering**	Height (cm)	Stem diameter (mm)	Leaves number	Forage yield (t/ha)
1	54(26)	261.95(72)	7.01(72)	37.01(14)	81.92(63)
2	55(4)	259.95(29)	6.76(82)	36.91(7)	26.09(1)
3	57(24)	255.80(36)	6.76(10)	36.81(13)	24.33(65)
4	57(8)	255.70(45)	6.76(4)	36.71(91)	24.27(16)
5	57(16)	181.10(46)	6.76(27)	36.61(56)	24.06(4)
6	58(91)	176.20(18)	6.66(76)	35.76(20)	23.89(80)
7	58(45)	165.90(26)	6.46(91)	35.11(76)	23.77(70)
8	58(81)	163.75(61)	6.26(26)	33.91(24)	23.25(82)
9	59(6)	175.90(91)	6.06(52)	33.81(4)	23.10(8)
10	59(9)	152.55(15)	5.81(24)	31.81(71)	20.91(37)
Mehran (control)	67	218.45	11.01	47.26	51.05

*: The numbers in parentheses indicate the genotype number in table 1.

**: The values of days to flowering are rounded to the nearest tenth.

تجزیه خوشه‌ای با الگوریتم UPGMA و با استفاده از معیار تشابه اقلیدسی (ضریب تصحیح ۰/۸۵۴) تمامی ۹۶ ژنوتیپ را در سه خوشه مختلف دسته‌بندی کرد (شکل ۱). خوشه اول شامل ۲۱ ژنوتیپ (۲۲ درصد از ژنوتیپ‌ها)، خوشه دوم شامل ۶۷ ژنوتیپ (۷۰ درصد از ژنوتیپ‌ها) و خوشه سوم شامل ۸ ژنوتیپ (۸ درصد از ژنوتیپ‌ها) بود. همچنین، دسته‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای با منشأ جغرافیایی ژنوتیپ‌ها مطابقت نداشت. در مجموعه مطالعه شده در این آزمایش، بیش از ۷۰ درصد از ژنوتیپ‌ها از سه کشور هند (۴۵ ژنوتیپ)، نیجر (۱۳ ژنوتیپ) و نیجریه (۸ ژنوتیپ) بودند. از طرفی به‌دلیل نزدیکی کشورهای آفریقایی به یکدیگر از لحاظ جغرافیایی و از سوی دیگر جریان ژنی از سوی هند به سمت دیگر مناطق به‌واسطه وجود مرکز بین‌المللی ICRISAT، عدم وجود ساختار ژنتیکی منطبق با منشأ جغرافیایی قابل توجیه است. این نتایج با برخی از نتایج قبلی مطابقت داشت (Adeoti *et al.*, 2017; Bashir *et al.*, 2014). فقدان وجود ساختار جغرافیایی در ارزن مرواریدی را می‌توان به آلوگامی و دگرگشنی بالای این گیاه نسبت داد (Stich *et al.*, 2010). گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها توسط تجزیه خوشه‌ای به سه گروه را می‌توان به زمان گلدهی نسبت داد، به‌طوری‌که ۲۱ ژنوتیپ که در شرایط آب و هوایی کرج نتوانستند به دوره

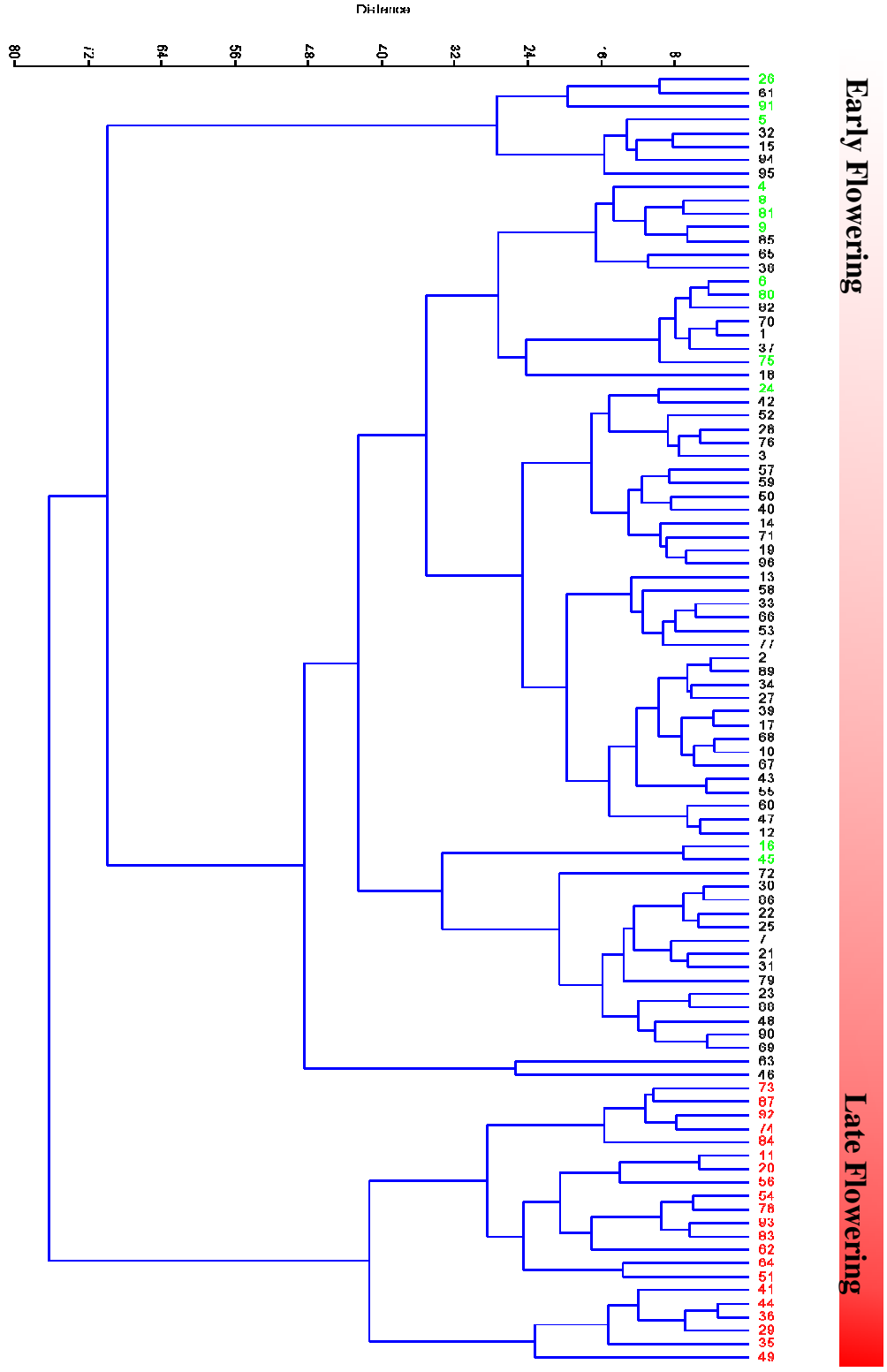
زایشی برسند، همگی در خوشه اول دسته‌بندی شدند. خوشه دوم شامل ژنوتیپ‌هایی با متوسط گلدهی بین ۶۰ تا ۷۰ روز (متوسطرس) و خوشه سوم شامل ژنوتیپ‌هایی با میانگین گلدهی ۵۰ تا ۶۰ روز (زودرس) بود و پنج ژنوتیپ متوسطرس و نه ژنوتیپ زودرس نیز به‌صورت ناجور (Missmatch) و در خوشه‌های دیگر دسته‌بندی شدند. با این‌حال، بیش‌تر ژنوتیپ‌های زودرس (مربوط به خوشه سوم) در انتهای خوشه دوم و در مجاورت خوشه سوم دسته‌بندی شدند (شکل ۱).

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که دو مؤلفه اصلی اول و دوم به‌ترتیب ۵۵/۴ و ۳۳/۰۹ درصد و در مجموع ۸۳/۴۹ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه کردند. بررسی بارهای عاملی نشان داد که بیش‌ترین همبستگی مؤلفه اول با صفت ارتفاع (۰/۸) بود و مؤلفه دوم بیش‌ترین همبستگی را با صفت روز تا گلدهی (۰/۷۱-) داشت. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی مطابقت خوبی با نتایج تجزیه خوشه‌ای داشت، به‌طوری‌که گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با دو مؤلفه اصلی حاصل (به‌ترتیب مولفه ارتفاع و گلدهی)، ۹۶ ژنوتیپ را به سه گروه تفکیک کرد (شکل ۲). گروه اول، کم‌ترین مقدار مؤلفه‌های اول و دوم را داشتند و در ناحیه سوم قرار گرفتند. این ژنوتیپ‌ها دارای ارتفاع کم و روز تا گلدهی بالایی بودند. گروه دوم در ناحیه دوم بای‌پلات تجزیه به مولفه‌های اصلی قرار گرفت و شامل ژنوتیپ‌هایی بود که کم‌ترین زمان گلدهی و بیش‌ترین ارتفاع را داشتند. گروه سوم نیز شامل ژنوتیپ‌هایی بود که در ناحیه اول و چهارم و حول محور مؤلفه دوم دارای بیش‌ترین پراکندگی بودند و مطابق با ژنوتیپ‌هایی بود که در تجزیه خوشه‌ای در خوشه دوم قرار داشتند.

گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس زمان گلدهی با نتایج تحقیقات قبلی مطابقت خوبی داشت (Sathya *et al.*, 2013; Diack *et al.*, 2017; Govindaraj *et al.*, 2020). تمایز بین گروه‌های زودرس و دیررس ارزن مرواریدی احتمالاً بعد از فرآیند اهلی شدن و در نتیجه پدید آمدن مراکز تنوع در دنیا بوده است. این فرضیه توسط گزارشات قبلی در مورد مهاجرت، تبادل و جریان ژنی که منجر به تنوع ژنتیکی به‌عنوان یک مکانیسم سازگاری شده است، تقویت می‌شود (Burgarella *et al.*, 2018; Burgarella *et al.*, 2019). این یافته‌ها فرض می‌کند که زودگلدهی و دیرگلدهی دو گروه متمایز کننده اصلی هستند که به‌ترتیب می‌توان از آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی با هدف زودرسی و افزایش عملکرد استفاده کرد. دو ویژگی فنولوژیک همبسته با عنوان زمان گلدهی و زمان خوشه‌دهی در ارزن مرواریدی وجود دارند که با حساسیت به طول روز نیز همبستگی بالایی دارند. ژنوتیپ‌های دیررس بیش‌تر از ژنوتیپ‌های زودرس به‌طول روز حساسیت نشان می‌دهند و این دو یعنی ویژگی‌های فنولوژیک و حساسیت به طول روز دو مکانیسم اصلی در سازگاری به اقلیم‌های متفاوت هستند. زودگلدهی در ارزن مرواریدی وابسته به مکانیسم سازگاری جمعیت است، در حالی‌که حساسیت به طول روز به‌عنوان یک مکانیسم سازگاری فردی شناخته می‌شود (Haussmann *et al.*, 2007; Vigouroux *et al.*, 2011). دوره‌های خشکی متفاوت در سرتاسر مراکز تنوع ارزن مرواریدی مانند آفریقا و آسیا ممکن است منجر به تمایز زمان گلدهی در ژرم‌پلاسم ارزن مرواریدی شده باشد. زودگلدهی، زودرسی و به‌دنبال آن فرار از خشکی (به‌ویژه خشکی انتهای دوره) یکی از مهم‌ترین مکانیسم‌های مقابله با تنش خشکی است که در طبیعت به‌وفور اتفاق می‌افتد.

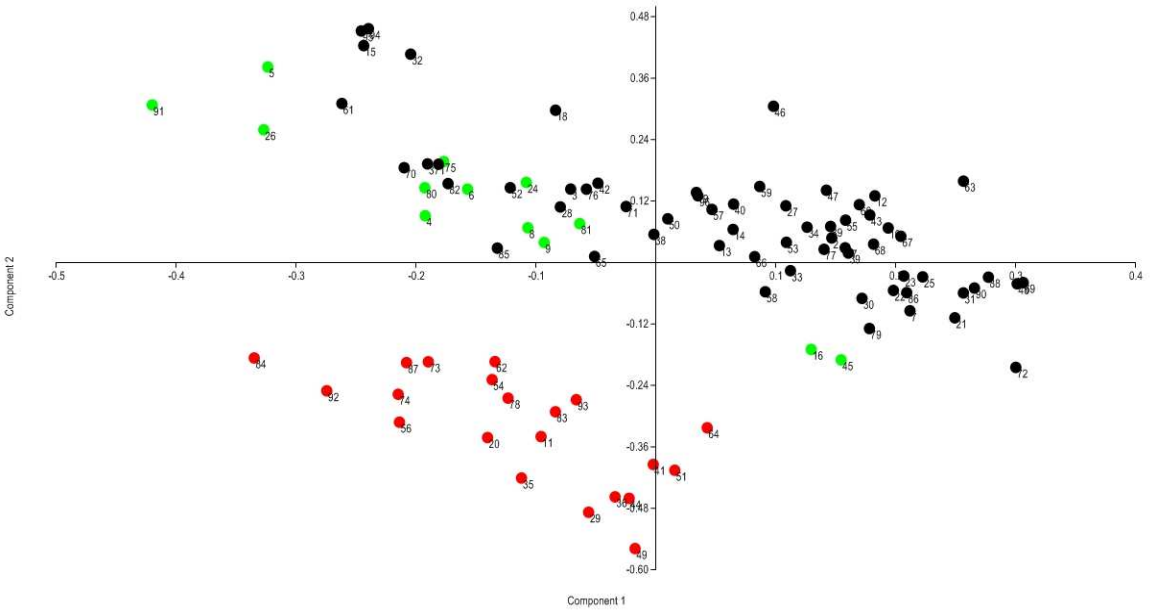
نتیجه‌گیری کلی

به‌طور کلی نتایج حاصل از تحقیق حاضر نشان داد که تنوع ژنتیکی قابل‌توجهی بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد بررسی وجود داشت و می‌توان از آن در برنامه‌های اصلاحی مبتنی بر انتخاب استفاده کرد. علاوه بر این، نتایج تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که ساختار ژنتیکی جمعیت حاضر را می‌توان بر اساس زمان گلدهی به سه زیرگروه تقسیم کرد. ارتباط قوی بین ساختار جمعیت و زمان گلدهی نشان داد که خزانه ژنی مهمی در ارزن مرواریدی برای دستکاری این صفت در برنامه‌های اصلاحی وجود دارد.



شکل ۱- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای ۹۶ ژنوتیپ ارزن مرواریدی و تفکیک آن‌ها به سه خوشه مختلف بر اساس زمان گلدهی

Figure 1. Dendrogram from cluster analysis of 96 pearl millet genotypes and their grouping into three different clusters based on flowering time



شکل ۲- نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و دسته‌بندی ۹۶ ژنوتیپ ارزن مرواریدی به سه گروه مختلف (قرمز، سبز و سیاه)

Figure 2. Results of principal component analysis and classification of 96 pearl millet genotypes into three different groups (red, green and black)

سپاسگزاری

بدینوسیله از زحمات ریاست محترم بانک ژن ICRISAT جناب آقای دکتر Upadhyaya جهت همکاری و تبادل ژرم‌پلاسم تشکر و قدردانی می‌شود.

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 هیچ زبانی 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.

References

Adeoti, K., Djedatin, G., Ewedje, E., Beulé, T., Santoni, S., Rival, A. and Jaligot, E. 2017. Assessment of genetic diversity among cultivated pearl millet (*Pennisetum glaucum*, Poaceae) accessions from Benin, west Africa. **African Journal of Biotechnology** 16: 782-790.

Bashir, E. M., Ali, A. M., Ali, A. M., Melchinger, A. E., Parzies, H. K. and Haussmann, B. I. 2014. Characterization of Sudanese pearl millet germplasm for agro-morphological traits and grain nutritional values. **Plant Genetic Resources** 12: 35-47.

Bhattacharjee, R., Khairwal, I., Bramel, P. J. and Reddy, K. 2007. Establishment of a pearl millet [*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.] core collection based on geographical distribution and quantitative traits. **Euphytica** 155: 35-45.

Bhoite, K., Pardeshi, S., Mhaske, B. and Wagh, M. 2008. Study of genetic variability in pearl millet (*Pennisetum glaucum* L.). **Agricultural Science Digest** 28: 115-117.

Burgarella, C., Barnaud, A., Kane, N. A., Jankowski, F., Scarcelli, N., Billot, C., Vigouroux, Y. and Berthouly-Salazar, C. 2019. Adaptive introgression: An untapped evolutionary mechanism for crop adaptation. **Frontiers in Plant Science** 10: 4.

Burgarella, C., Cubry, P., Kane, N. A., Varshney, R. K., Mariac, C., Liu, X., Shi, C., Thudi, M., Couderc, M. and Xu, X. 2018. A western Sahara centre of domestication inferred from pearl millet genomes. **Nature Ecology and Evolution** 2: 1377-1380.

Dezfouli, A. and Mehrani, A. 2010. A study of the relationships between yield and yield components in promising cultivars of foxtail millet (*Setaria italica*). **Iranian Journal of Field Crop Science** 41: 413-421. (In Persian with English Abstract).

Diack, O., Kane, N. A., Berthouly-Salazar, C., Gueye, M. C., Diop, B. M., Fofana, A., Sy, O., Tall, H., Zekraoui, L. and Piquet, M. 2017. New genetic insights into pearl millet diversity as revealed by characterization of early- and late-flowering landraces from Senegal. **Frontiers in Plant Science** 8: 818.

FAO. 2019. Food and Agriculture Organization. FAOSTAT agriculture. https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL.

Govindaraj, M., Rai, K. N., Kanatti, A., Upadhyaya, H. D., Shivade, H. and Rao, A. S. 2020. Exploring the genetic variability and diversity of pearl millet core collection germplasm for grain nutritional traits improvement. **Scientific Reports** 10: 1-13.

Hammer, Q., Harper, D. A. and Ryan, P. D. 2001. PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. **Palaeontologia Electronica** 4: 1-9.

Haussmann, B., Boureima, S., Kassari, I., Moumouni, K. and Boubacar, A. 2007. Mechanisms of adaptation to climate variability in west African pearl millet landraces: A preliminary. **Journal of SAT Agricultural Research** 3: 1-3.

Imran, M ,.Ashiq, H., Rizwan, K., Sartaj, K., Zahid, M., Ali, G. Z., Allah, B. and Daulat, B. 2010. Study of correlation among yield contributing and quality parameters in different millet varieties grown under and HWAR conditions. **Sahrad Journal of Agriculture** 26: 365-368.

Kanfany, G., Fofana, A., Tongoona, P., Danquah, A., Offei, S., Danquah, E. and Cisse, N. 2018. Estimates of combining ability and heterosis for yield and its related traits in pearl millet inbred lines under downy mildew prevalent areas of Senegal. **International Journal of Agronomy** 2018: 3439090.

Kumar, S., Babu, C., Revathi, S. and Iyanar, K. 2017. Estimation of genetic variability, heritability and association of green fodder yield with contributing traits in napier grass [*Pennisetum purpureum* Schum.]. **Vegetos-An International Journal of Plant Research** 30: 463-468.

Kumari, J., Bag, M. K., Pandey, S., Jha, S., Chauhan, S., Jha, G. K., Gautam, N. and Dutta, M. 2016. Assessment of phenotypic diversity in pearl millet [Pennisetum glaucum (L.) R. Br.] germplasm of Indian origin and identification of trait-specific germplasm. **Crop and Pasture Science** 67: 1223-1234.

Kumari, J., Bag, M. K., Pandey, S., Jha, S., Chauhan, S., Jha, G. K., Gautam, N. and Dutta, M. 2017. Assessment of phenotypic diversity in pearl millet [*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.] germplasm of Indian origin and identification of trait-specific germplasm. **Crop and Pasture Science** 67: 1223-1234.

Lobell, D. B., Burke, M. B., Tebaldi, C., Mastrandrea, M. D., Falcon, W. P. and Naylor, R. L. 2008. Prioritizing climate change adaptation needs for food security in 2030. **Science** 319: 607-610.

Nie, N. H., Bent, D. H. and Hull, C. H. 1975. SPSS: Statistical package for the social sciences. McGraw-Hill, New York.

Radhouane, L. 2013. The Evolutionary History of *Pennisetum Glaucum* L .**Nyame akuma**: 115-123.

Sathya, M., Vinodhna, N., Sumathi, P. 2013. Hierarchical clustering of pearl millet (*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.) In-breeds for morpho-physiological traits. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences** 2: 647-652.

Shanmuganathan, M., Gopalan, A. and Mohanraj, K. 2006. Genetic variability and multivariate analysis in pearl millet (*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.) germplasm for dual purpose. **Journal of Agricultural Sciences** 2 (1): 73-80.

Shashikala, T., Rai, K., Balaji Naik, R., Shanti, M., Chandrika, V. and Loka Reddy, K. 2013. Fodder potential of multicut pearl millet genotypes during summer season. **International Journal of Bioresource Stress Management** 4: 628-630.

Shinde, S., Sonone, A. and Gaikwad, A. 2010. Association of characters and path coefficient analysis for forage and related traits in bajra× napier grass hybrids. **International Journal of Plant Sciences** 5: 188-191.

Singh, A. K., Rana, M. K., Singh, S., Kumar, S., Kumar, D. and Arya, L. 2013. Assessment of genetic diversity among pearl millet [*Pennisetum glaucum* (L.) R Br.] cultivars using SSR markers. **Range Management and Agroforestry** 34: 77-81.

Stich, B., Haussmann, B. I., Pasam, R., Bhosale, S., Hash, C. T., Melchinger, A. E. and Parzies, H. K. 2010. Patterns of molecular and phenotypic diversity in pearl millet [*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.] from west and central Africa and their relation to geographical and environmental parameters. **BMC Plant Biology** 10: 216.

Upadhyaya, H. D. and Ortiz, R. 2001. A mini core subset for capturing diversity and promoting utilization of chickpea genetic resources in crop improvement. **Theoretical and Applied Genetics** 102: 1292-1298.

Upadhyaya, H. D., Reddy, K. N. and Gowda, C. L. L. 2007. Pearl millet germplasm at ICRISAT genebank - status and impact. **Journal of SAT Agricultural Research** 3: 1-5.

Upadhyaya, H. D., Yadav, D., Reddy, K., Gowda, C. and Singh, S. 2011. Development of pearl millet minicore collection for enhanced utilization of germplasm. **Crop Science** 51: 217-223.

Utz, H. F. 2001. PLABSTAT: A computer program for statistical analysis of plant breeding experiments. Institute for Plant Breeding, Seed Science and Population Genetics, University of Hohenheim, Stuttgart, Germany.

Vadez, V., Hash, T., Bidinger, F. and Kholova, J. 2012. Phenotyping pearl millet for adaptation to drought. **Frontiers in Physiology** 3: 386.

Vigouroux, Y., Mariac, C., De Mita, S., Pham, J.-L., Gérard, B., Kapran, I., Sagnard, F., Deu, M., Chantereau, J. and Ali, A. 2011. Selection for earlier flowering crop associated with climatic variations in the Sahel. **Plos One** 6: e19563.

Wheeler, T. and Von Braun, J. 2013. Climate change impacts on global food security. **Science** 341: 508-513.

Yadav, O. P., Bidinger, F. R. and Singh, D. V. 2009. Utility of pearl millet landraces in breeding dual-purpose hybrids for arid zone environments of India. **Euphytica** 166: 239-247.

Zhang, X., Gu, H., Ding, C., Zhong, X., Zhang, J. and Xu, N. 2010. Path coefficient and cluster analyses of yield and morphological traits in *Pennisetum purpureum* L. **Tropical Grasslands** 44: 95-102.

University of Guilan
Faculty of Agricultural Sciences

doi: 10.22124/CR.2021.20075.1680

(Research Article)

Cereal Research
Vol. 11, No. 2, Summer 2021 (163-174)

Evaluation of pearl millet mini core collection for forage yield related traits

Reza Ataei[1*], Ali Mahrokh[1] and Mohammad Razmi-Charmkhoran[2]

Received: May 5, 2021 Accepted: September 8, 2021

Abstract

Pearl millet (*Pennisetum glaucum* L.) is one of the most important crops in arid and semi-arid regions that is cultivated for grain and forage. Evaluation and using of new germplasms are essential for breeding new and high-yielding cultivars, adaptation to environmental stresses, and resistance to pests and pathogens. in order to evaluate pearl millet germplasm, 94 accessions from minicar collection with Mehran and KPM1 (as control) were cultivated in lattice design with two replications. The results of ANOVA showed that all the studied traits (number of days to flowering, height, stem diameter, number of leaves, number of tillers and forage yield) except the number of tillers were significant at 1% probability level. Phenotypic coefficient of variation (PCV) showed that the highest diversity was related to stem diameter and forage yield. Means comparison by LSD showed that genotype 63 (with 81.92 t/ha fresh forage yield) had significantly more forage yield than control cultivar (Mehran). The results of cluster analysis and principal component analysis (PCA) showed that the genetic structure of the present population can be assigned to flowering time with three sub-groups (Early, Medium and Late maturity). Substantial genetic diversity and strong population structure based on flowering time suggested the present panel is an important gene pool in pearl millet for using in breeding programs.

Keywords: Pearl Millet, Genetic diversity, Minicore collection, ICRISAT

1. Research Assist. Prof., Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
2. Research Assistant, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
[*] Corresponding author: reza_ataei@ut.ac.ir