doi: 10.22124/cr.2020.15856.1581

(مقاله پژوهشی)

تحقیقات غلات

دوره دهم/ شماره دوم/ تابستان ۱۳۹۹ (۱۶۵-۱۴۹)

ارزیابی ویژگی‌های مرفوفنولوژیک گندم‌های هگزاپلوئید مصنوعی

علی ایزانلو[1*]، سمیه علی‌پور مقدم[2]، محمدقادر قادری[3] و علیرضا صمدزاد[4]

تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۱۲/۲۳ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۰۶/۱۵

چکیده

گندم‌های هگزاپلوئید مصنوعی، آمفی‌پلوئید حاصل از تلاقی بین گندم دوروم و گونه‌های آجیلوپس، منابع ارز شمندی برای افزایش تنوع ژنتیکی گندم و استفاده از آلل‌های بیرون از خزانه ژنی اولیه گندم هستند. در این تحقیق، تعداد ۵۰ لاین گندم هگزاپلوئید مصنوعی همراه با پنج رقم گندم نان (آنفارم۴، ارگ، افق، نارین و بک‌کراس روشن) به‌عنوان ارقام شاهد آزمایش برای صفات مورفوفنولوژیک مختلف در آزمایشگاه و مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه بیرجند مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد که اختلاف آماری معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مختلف برای همه صفات مورد مطالعه به‌جز تعداد پنجه وجود داشت که نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها است. وراثت‌پذیری برای صفات مختلف در محدوده ۲۶ تا ۹۰ درصد برآورد شد. مقایسه میانگین بین لاین‌های گندم مصنوعی و ارقام شاهد نشان داد که برای بیش‌تر صفات مطالعه شده به‌جز طول سنبله، تعداد پنجه و وزن هزار دانه، اختلاف آماری معنی‌داری وجود داشت. تجزیه خوشه‌ای بر اساس روش حداقل واریانس وارد، ژنوتیپ‌ها را به سه گروه دسته‌بندی کرد. نمودار بای‌پلات بر اساس دو مولفه اصلی که ۵۳/۰۹ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه کردند نیز گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای را تایید کرد. نتایج این تحقیق نشان داد که اگرچه برتری کلی با ارقام شاهد بود، اما تنوع ژنتیکی زیادی برای بسیاری از صفات مورد مطالعه در لاین‌های گندم مصنوعی مشاهده شد و بنابراین از لاین‌های دارای صفات برتر می‌توان به‌عنوان والدین انتخابی برای تولید ارقام گندم جدید در برنامه‌های به‌نژادی آینده استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، تنوع ژنتیکی، کلئوپتیل، وراثت‌پذیری، وزن هزار دانه

۱- دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند، بیرجند، ایران

۲- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند، بیرجند، ایران

۳- استادیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند، بیرجند، ایران

۴- مربی، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند، بیرجند، ایران

* نویسنده مسئول: a.izanloo@birjand.ac.ir

مقدمه

گندم از نظر سطح زیر کشت و مصرف، گسترده‌ترین محصول زراعی در پهنه جهانی است و غذای اصلی حدود ۳۵ درصد جمعیت دنیا را تشکیل می‌دهد. در ایران نیز به‌عنوان یک کالای استراتژیک، غذای اصلی بیش‌تر مردم است، به‌طوری‌که تقاضا برای آن با شدتی بیش‌تر از هر محصول زراعی دیگر در حال افزایش است. پیش‌بینی می‌شود تقاضای جهانی برای گندم در سال ۲۰۲۰ بین ۸۴۰ میلیون تن تا ۱۰۵۰ میلیون تن برسد. با توجه به تولید فعلی این محصول که در حدود ۷۷۱ میلیون تن است (FAO, 2017)، برای رسیدن به چنین سطحی، تولید این محصول باید سالانه ۱/۵ تا ۲ درصد افزایش یابد. با توجه به رشد جمعیت جهان به‌ویژه در کشورهای در حال توسعه و کم‌تر توسعه‌یافته و عواملی نظیر تغییر اقلیم، کمبود بارندگی، افزایش دما به‌عنوان چالش قرن و امکانات محدودی که در جهت افزایش سطح زیر کشت گیاهان زراعی وجود دارد، فقر و گرسنگی زندگی بشر را بیش از پیش تهدید می‌کند. بنابراین، افزایش عملکرد در واحد سطح جهت تامین غذای جمعیت رو به رشد ضروری است و به‌نظر می‌رسد مهم‌ترین راهکار اصلاح و ایجاد ارقام پرمحصول با ویژگی‌های کمی و کیفی بالا باشد.

تنوع ژنتیکی اساس کار هر برنامه به‌نژادی است. در سال‌های اخیر با کشت وسیع ارقام گندم اصلاح شده که دارای زمینه ژنتیکی مشابهی هستند، دامنه تنوع ژنتیکی گندم‌های زراعی به‌شدت کاهش یافته است (Li *et al.,* 2018). کاهش تنوع علاوه بر کاهش بازدهی برنامه‌های اصلاحی، باعث ایجاد یکنواختی ژنتیکی در مزارع و آسیب‌پذیری شدید گیاهان زراعی در برابر تنش‌های زیستی و غیرزیستی می‌شود. در شرایط فعلی، برای برخی از صفات تنوع ژنتیکی بسیار محدود است و به‌همین دلیل پژوهشگران به‌دنبال تنوع در سایر گونه‌های گیاهی خویشاوند گندم هستند (Jiang *et al.,* 1993; Friebe *et al.,* 1996; Reynolds *et al.,* 2006). از آنجا که خویشاوندان وحشی گندم (دیپلوئید و تترا پلوئید) تنوع ژنتیکی بالایی دارند و انواع ژن‌های مفید در آن‌ها یافت می‌شود (Valkoun, 2001; Gill and Friebe, 2002; Kilian *et al.,* 2011)، از این‌رو می‌توان از آن‌ها جهت وسیع کردن تنوع در گندم‌های هگزاپلوئید و اصلاح گندم نان بهره‌برداری کرد.

اولین تلاش‌ها برای تولید گندم‌های مصنوعی از طریق تلاقی اجداد وحشی گندم به دهه ۱۹۴۰ برمی‌گردد (McFadden, 1944, 1946). این تلاش‌ها در نهایت منجر به توسعه اولین گندم‌های هگزاپلوئید مصنوعی شد (Gill *et al.,* 1985). برای افزایش تأثیر ارزش تلاقی‌های گسترده در سطح جهانی، سیمیت شروع به توسعه گندم‌های هگزاپلوئید مصنوعی برای افزایش تنوع ژنوم D در دهه ۱۹۸۰ کرد. تولید مجدد گندم‌های مصنوعی هگزاپلوئید از طریق تلاقی بین گندم‌های دوروم اصلاح شده با *A. tauschii* در مقیاس بزرگ‌تر مورد آزمایش و بررسی قرار گرفت (Mujeeb-Kazi *et al.,* 1996). در حال حاضر بیش از ۱۵۲۴ گندم هگزاپلوئید مصنوعی توسط سیمیت تولید شده‌اند (van Ginkel and Ogbonnaya, 2007).

گندم‌های هگزاپلوئید مصنوعی، آمفی‌پلوئیدهای حاصل از تلاقی بین گندم دوروم با ژنوم AABB و *A. tauschii* با ژنوم DD هستند (Mujeeb-Kazi *et al.,* 2008)، که منابع مهمی برای غنی‌سازی خزانه ژنی و تلفیق صفات مورد نظر گونه‌ها طی برنامه‌های کوتاه‌مدت یا بلندمدت به گندم بوده است (Jauhar, 1993; Wang, 2009). گندم‌های مصنوعی به‌عنوان منابع ارز شمند و امیدبخشی برای آلل‌های بیرون از خزانه ژنی اولیه گندم در نظر گرفته می‌شوند که قابلیت انتقال به گندم‌های زراعی را دارند (Mujeeb-Kazi *et al.,* 1996, 2006)، همچنین، می‌توانند به‌عنوان یک پل ژنتیکی برای ایجاد سطوح بالای تنوع محسوب شوند و گونه‌های اجدادی و وحشی را به ذخیره ژنتیکی گندم‌های زراعی متصل کنند. بنابراین، لاین های گندم مصنوعی منبع مهمی از تنوع ژنتیکی هستند و دارای صفات مهمی مانند عملکرد بالا، تحمل یا مقاومت در برابر تنش‌های زیستی و غیرزیستی و نیز صفات جدید کیفیت دانه هستند. بسیاری از آن‌ها مقاومت یا تحمل بالایی به انواع تنش‌های زیستی و غیرزیستی نشان داده‌اند که بیانگر اهمیت این گونه وحشی و ظرفیت آن در غنی‌سازی خزانه ژنی گندم برای برنامه‌های به‌نژادی است (Dreisigacker *et al.,* 2008; Mares and Mrva, 2008). تلاقی بین ارقام پیشرفته گندم و گندم‌های مصنوعی منجر به تولید ارقام مشتق شده‌ای با سازگاری بیش‌تر نسبت به تنش خشکی شده است (Reynolds *et al.,* 2006; Trethowan *et al.,* 2005). بررسی‌های دل بلانکو و همکاران (del Blanco *et al.,*

2001) نشان داد که بیش از ۸۰ درصد لاین‌های مصنوعی از نظر وزن خوشه به‌طور معنی‌داری برتر از والدین خود بودند و از این‌رو نتیجه‌گیری کردند که هگزاپلوئیدهای مصنوعی می‌توانند منبع آللی مناسبی برای بهبود وزن خوشه باشند. آزمایش‌های اخیر، مشتقات گندم مصنوعی را شناسایی کرده‌اند که ۱۸ تا ۳۰ در صد عملکرد بالاتری نسبت به ارقام تجاری در شرایط دیم نشان داده‌اند (van Ginkel and Ogbonnaya, 2007). اخیراً گندم مصنوعی جدیدی به نام "گندم سوپر" توسعه یافته است که حداقل ۳۰ درصد عمکرد بیش‌تری نسبت به ارقام موجود گندم دارد (Ogbonnaya *et al.*, 2013; Rana *et al.*, 2013). لی و همکاران (Li *et al.*, 2014) با استفاده از لاین‌های گندم هگزاپلوئید مصنوعی اولیه، چهار رقم گندم با عملکرد بالا تولید کردند. علاوه بر این، آن‌ها با استفاده از لاین‌های مشتق شده از گندم هگزاپلوئید مصنوعی به‌عنوان والدین تلاقی، ۱۲ رقم جدید گندم اصلاح کردند. نتایج تعیین ژنوتیپ و فنوتیپ و انگشت‌نگاری DNA نشان داد که آلل‌های وارد شده از لاین‌های گندم هگزاپلوئید مصنوعی در بروز تعداد زیادی از ویژگی‌های برجسته شامل مقاومت به بیماری، تعداد سنبله بیش‌تر در بوته، تعداد دانه بیش‌تر در سنبله، دانه‌های بزرگ‌تر و پتانسیل عملکرد دانه بالاتر به واریته‌های جدید گندم سهیم بوده‌اند (Li *et al.*, 2014). محمدی (Mohammadi, 2008) نیز با مقایسه ویژگی‌های زراعی و عملکرد دانه مشتقات گندم مصنوعی و لاین‌های گندم معمولی نشان داد که مشتقات گندم مصنوعی دارای رشد گیاهچه قوی‌تر، ظهور سنبله و رسیدگی فیزیولوژیک زودتر، تعداد پنجه بیش‌تر، وزن هزار دانه بیش‌تر (۶ گرم) و عملکرد دانه بالاتر (۹ درصد) بودند. تظاهر موفق این لاین‌ها در محیطی با شدت‌های متفاوت تنش‌های خشکی و گرما، نویدبخش امکان استفاده از این ژنوتیپ‌ها در عرصه وسیع و متنوع آب و هوایی دیم‌زارهای نیمه گرمسیری است، هر چند که برخی از لاین‌های گندم معمولی نیز از نظر صفات زراعی و عملکرد دانه در مقایسه با رقم شاهد رقابت نزدیکی نشان دادند.

در گندم علاوه بر صفات مرتبط با عملکرد دانه و ژن‌های مقاومت به آفات و بیماری‌ها، صفات مرتبط با کیفیت نیز از اهمیت بالایی برخوردار هستند. فلوگر و همکاران (Pflüger *et al.*, 2001) با بررسی نوارهای زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا و پایین (HMW و LMW) در مجموعه‌ای از لاین‌های گندم هگزاپلوئید مصنوعی، تنوع وسیعی را برای پروتئین‌های ذخیره‌ای دانه در مکان‌های ژنی $Glu\text{-}D^t1$ و $Glu\text{-}D^t3$ مشاهده کردند. تنوع مشاهده شده، هم از نظر تنوع نوارها و هم از نظر ترکیبات مختلف جفت نوارهایی که معمولاً با یکدیگر مشاهده می شوند، بسیار فراتر از تنوع مشاهده شده در گندم‌های معمولی بود. در مطالعات دیگری هفت آلل مختلف در مکان $Glu\text{-}D^t1$ در گندم‌های هگزاپلوئید مصنوعی مشاهده شد که سه مورد (Dx1.5 1Dy101، 1Dx1.5 1Dy12.2 و Dx2.1 1Dy101) قبلاً در ژرم‌پلاسم موجود در گندم نان گزارش نشده بودند. حدود ۶۳ درصد از این گندم‌های هگزاپلوئید مصنوعی انواع آللی مطلوبی از گلوتنین‌های HMW را نشان دادند که می‌توانند از طریق گزینش و دورگ‌گیری با گندم‌های نان، مشتقات با ترکیبات ژنی مطلوب ایجاد کنند (Lage *et al.*, 2006; Bibi *et al.*, 2012).

در تحقیق حاضر نیز ارقام گندم مصنوعی از لحاظ صفات مختلف زراعی و مورفولوژیک مورد ارزیابی قرار گرفتند. هدف اصلی از این آزمایش، بررسی تنوع موجود در بین ارقام مصنوعی و بهره‌برداری از این تنوع در برنامه‌های به‌نژادی گندم بود. این بررسی به شناسایی منابع ارزشمند واجد صفات مناسب در بین ژنوتیپ‌های گندم مصنوعی کمک می‌کند تا در نهایت بتوان با استفاده از آن‌ها در خزانه‌های دورگ‌گیری، از تنوع ژنی موجود در گونه‌های وحشی که در ارقام گندم مصنوعی تثبیت شده‌اند، در به‌نژادی گندم نان بهره‌برداری کرد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق، ۵۰ لاین گندم هگزاپلوئید مصنوعی تهیه‌شده از نمایندگی CIMMYT در بخش تحقیقات غلات مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر به‌همراه پنج رقم شاهد (نارین، آنفارم۴، بک‌کراس روشن، افق و ارگ) به‌صورت دو آزمایش مجزا در آزمایشگاه و مزرعه تحقیقاتی مورد ارزیابی قرار گرفتند. در آزمایشگاه برای اندازه‌گیری طول کلئوپتیل از طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار استفاده شد. ابتدا، تعداد ۴۵ بذر سالم و یکنواخت از هر ژنوتیپ (۱۵ بذر در هر تکرار) انتخاب و به‌مدت ۳۰ ثانیه با هیپوکلریت سدیم یک درصد ضدعفونی و سپس سه بار با آب مقطر آبشویی شدند. اجرای آزمایش برای اندازه‌گیری طول کلئوپتیل طبق روش لیاتوکاس و روزگاس (Liatukas and Ruzgas, 2011) انجام شد. به‌منظور

شکستن خواب بذر، نمونه‌ها به‌مدت ۴۸ ساعت در دمای چهار درجه سلسیوس در یخچال نگهداری شدند. سپس نمونه‌ها به‌صورت اریب به‌مدت هفت روز در دمای ۱۵ درجه سلسیوس و پس از آن هفت روز دیگر در دمای ۱۸ درجه سلسیوس در داخل انکوباتور قرار گرفتند. بعد از گذشت ۱۴ روز، نمونه‌ها از انکوباتور خارج و از نمونه‌ها جهت اندازه‌گیری طول کلئوپتیل، عکس‌برداری شد. عکس‌های ثبت‌شده با استفاده از نرم‌افزار ImageJ (Schneider *et al.*, 2012) مقیاس‌بندی و سسپس طول کلئوپتیل هر یک از بذرها برحسب میلی‌متر اندازه‌گیری شد. برای تجزیه داده‌ها، میانگین طول کلئوپتیل هر تکرار محاسبه شد.

آزمایش مزرعه‌ای در قالب طرح آلفا لاتیس (Cullis *et al.*, 2006) با دو تکرار در مزرعه دانشکده کشاورزی دانشگاه بیرجند با عرض جغرافیایی ″۵۶ و ′۳۲ شمالی، طول جغرافیایی ″۱۳ و ′۵۹ شرقی و ارتفاع ۱۴۸۰ متر از سطح دریا در آبان سال زراعی ۹۶-۱۳۹۵ اجرا شد. قالب طرح آزمایش شامل ۱۰ ردیف (بلوک ناقص) و ۱۵ ستون (ده لاین گندم مصنوعی به‌همراه پنج رقم شاهد به‌صورت آگمنت) بود. بذر ژنوتیپ‌های مختلف روی دو ردیف در کرت‌هایی به‌ابعاد ۱/۵×۰/۶ متر کشت شد. برای حذف آثار حاشیه‌ای، دو رقم تریتیکاله در سمت چپ و راست بلوک‌های ناقص کشت شد. عملیات کشت و اولین آبیاری در هفته سوم آبان‌ماه ۱۳۹۵ انجام شد. طی فصل رشد، کلیه صفات فنولوژیک مورد بررسی و اندازه‌گیری قرار گرفتند. برای اندازه‌گیری صفاتمربوطه، پنج بوته به‌طور تصادفی از هر کرت انتخاب و صفات مورفولوژیک و زراعی در آن‌ها اندازه‌گیری و میانگین آن‌ها جهت تجزیه داده‌ها ثبت شد.

صفات مورد ارزیابی عبارت بودند از: زمان ظهور گیاهچه (SE، تعداد روز از زمان کاشت بذر تا ظهور ۵۰ درصد گیاهچه؛ شاخص زیدوکس G10-G11)، قدرت جوانه‌زنی گیاه (Vigor، به‌صورت مشاهده‌ای به واحد آزمایشی با حداکثر جوانه‌زنی رتبه ۵ و به واحد آزمایشی با حداقل جوانه‌زنی عدد یک داده شد)، زمان غلاف‌دهی (BT، تعداد روز از کاشت تا ظهور ۵۰ درصد برآمدگی غلاف برگ؛ شاخص زیدوکس Z45-Z49)، زمان گلدهی (FT، تعداد روز از کاشت بذر تا ظهور ۵۰ درصد سنبله؛ شاخص زیدوکس Z50-Z56)، زمان گرده‌افشانی (AT، تعداد روز از کاشت بذر تا ظهور ۵۰ درصد پرچم‌ها در سنبله؛ شاخص زیدوکس Z60-Z65)، زمان رسیدگی فیزیولوژیک (MT، تعداد روز از کاشت بذر تا ۵۰ درصد زرد شدن سنبله‌ها؛ شاخص زیدوکس Z90-Z92)، میزان آلودگی به شته روسی (Aph، به واحد آزمایشی با بیش‌ترین آلودگی عدد ۹ و به واحد آزمایشی با کم‌ترین آلودگی عدد یک اختصاص داده شد)، دوره پرشدن دانه (GFP، اختلاف بین زمان گرده‌افشانی تا رسیدگی فیزیولوژیک)، واکسی‌بودن برگ پرچم (Wax، طبق رتبه‌بندی بنت و همکاران (Bennett *et al.*, 2012) کد ۹-۱ داده شد)، محتوای کلروفیل (SPAD، میزان کلروفیل در زمان گرده‌افشانی به‌طور تصادفی از پنج برگ پرچم مربوط به هر کرت با دستگاه SPAD اندازه‌گیری و میانگین آن‌ها برای هر کرت محاسبه شد)، ارتفاع گیاه (PH، فاصله بین سطح خاک تا انتهای سنبله اصلی بدون در نظر گرفتن ریشک‌ها بر حسب سانتی‌متر در پنج بوته تصادفی از هر کرت اندازه‌گیری و میانگین آن‌ها برای هر کرت محاسبه شد، طول خروج پدانکل (PdL، فاصله اولین گره پای سنبله تا محل اتصال برگ پرچم به ساقه اصلی بر حسب سانتی‌متر اندازه‌گیری شد)، طول سنبله (SpL، فاصله بین قاعده سنبله تا نوک آن بدون در نظر گرفتن ریشک‌ها بر حسب سانتی‌متر اندازه‌گیری شد)، عملکرد دانه (YLD، دانه‌های هر کرت به‌صورت جداگانه توزین و سپس بر حسب کیلوگرم در هکتار محاسبه شد)، وزن هزار دانه (TGW، تمام دانه‌های پنج بوته تصادفی از هر کرت توزین و بر تعداد دانه‌ها تقسیم و سپس در ۱۰۰۰ ضرب شد)، تعداد دانه در بوته (Gps، تمام دانه‌های پنج بوته تصادفی از هر کرت به‌وسیله دستگاه بذرشمار لیزری شمارش و بر تعداد سنبله تقسیم شد)، شاخص برداشت (HI، از نسبت عملکرد دانه پنج بوته به وزن زیست‌توده آن‌ها به‌دست آمد).

پس از اندازه‌گیری صفات مربوطه، اختلاف استاندارشده (SMD) بین میانگین لاین‌های گندم هگزاپلوئید و میانگین ارقام شاهد از رابطه (۱) محاسبه شد:

$$SMD = \frac{\overline{X}_s - \overline{X}_c}{S_{\overline{d}}} \qquad (۱)$$

که در آن، $\overline{X}_s$ میانگین کل لاین‌های مصنوعی، $\overline{X}_c$ میانگین کل ارقام شاهد و $S_{\overline{d}}$ اختلاف معیار بین میانگین‌ها است. مقادیر نزدیک و یا برابر با صفر نشان‌دهنده تفاوت غیرمعنی‌دار بین میانگین‌ها، مقادیر مثبت نشان‌دهنده برتری گندم‌های مصنوعی و مقادیر منفی نشان‌دهنده برتری ارقام شاهد است.

جهت برآورد اجزاء واریانس از تجزیه ریمل (REML)

و برای برآورد میانگین صفات از روش بهترین برآورد ناریب خطی (BLUEs) استفاده شد. برای انجام این دو تجزیه و محاسبه مقادیر وراثت‌پذیری عمومی و LSD از برنامه ACBD-R (Rodríguez *et al.*, 2017) استفاده شد. تجزیه خوشه‌ای توسط بسته Cluster، تجزیه به مولفه‌های اصلی و ترسیم بای‌پلات توسط بسته Factoextra (Kassambara, 2017) و تجزیه همبستگی و ترسیم نمودار آن توسط بسته Corrplot در نرم‌افزار R نسخه ۳.۶.۳ (R Core Team, 2020) انجام شد. قبل از تجزیه خوشه‌ای، تعداد بهینه خوشه‌ها با روش‌های Silhouette و Elbow توسط بسته "NbClust" تعیین و سپس تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش حداقل واریانس Ward بر اساس فاصله اقلیدسی انجام شد.

نتایج

نتایج تجزیه واریانس برای صفت طول کلئوپتیل نشان داد که اختلاف آماری معنی‌داری ($P<0.01$) بین ژنوتیپ‌ها و نیز بین گروه لاین‌های گندم مصنوعی در مقابل گروه ارقام شاهد وجود داشت (جدول ۱). میزان وراثت‌پذیری برآورد شده برای این صفت ۷۳/۷ درصد بود که نشان‌دهنده نقش زیاد عوامل ژنتیکی در بروز این صفت است. بررسی اختلاف میانگین استاندارد شده (SMD) بین گندم‌های مصنوعی و ارقام شاهد نشان داد که لاین‌های گندم مصنوعی از لحاظ صفت طول کلئوپتیل (۸۶/۷۳ میلی‌متر) برتری معنی‌داری نسبت به ارقام شاهد (۶۸/۳۸ میلی‌متر) داشتند (شکل ۲). مقایسه میانگین گندم‌های مصنوعی نشان داد که بیش‌تر آن‌ها به‌جز هشت لاین (S5، S13، S29، S30، S35، S36، S38 و S42) برتری معنی‌داری نسبت به ارقام شاهد داشتند، به‌طوری‌که لاین S28 با میانگین ۱۱۴ میلی‌متر، بیش‌ترین طول کلئوپتیل و رقم آنفارم۴ به‌عنوان یکی از ارقام شاهد این آزمایش با میانگین ۶۲/۵۰ میلی‌متر، کم‌ترین مقدار طول کلئوپتیل را داشتند. نتایج همچنین نشان داد که ژنوتیپ S28 با ژنوتیپ‌های S8، S9، S12، S16، S19، S20، S22، S23، S26 و S41 تفاوت معنی‌داری نداشت، اما تفاوت آن با سایر ژنوتیپ‌های مطالعه‌شده معنی‌دار بود (جدول ۲).

نتایج تجزیه REML برای صفات مورفوفنولوژیک نشان داد که بین ژنوتیپ‌های گندم هگزاپلوئید مصنوعی برای بیش‌تر صفات به‌جز تعداد پنجه اختلاف آماری معنی‌داری در سطح احتمال پنج درصد وجود داشت. مقایسه گندم‌های مصنوعی با ارقام شاهد نیز نشان داد که برای بیش‌تر صفات به‌جز طول سنبله، تعداد پنجه و وزن هزار دانه، اختلاف آماری معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد وجود داشت. به‌طور کلی با درنظر گرفتن کلیه صفات، برتری با ارقام شاهد بود (شکل ۱)، به‌طوری‌که برای صفات فنولوژیک (زمان ظهور گیاهچه، بوتینگ و زمان گلدهی)، لاین‌های گندم مصنوعی برتر بودند، ولی برای صفات مورفولوژیک و زراعی مانند ارتفاع گیاه، طول پدانکل، قدرت رشد گیاهچه، تعداد دانه در سنبله، دوره پرشدن دانه، شاخص برداشت، محتوی کلروفیل، میزان واکسی بودن برگ پرچم و عملکرد دانه، ارقام شاهد برتری معنی‌داری داشتند. در مقابل، میزان خسارت شته در ارقام شاهد نسبت به گندم‌های مصنوعی بیش‌تر بود، به‌عبارت دیگر ارقام شاهد نسبت به آفت شته حساس‌تر از لاین‌های مصنوعی بودند (جدول ۲ و شکل ۱).

قدرت رشدی اولیه یکی از صفات مهم در استقرار گیاهچه‌ها است و گندم‌های با قدرت رشدی اولیه برای افزایش عملکرد دانه نویدبخش هستند (Rebetzke and Richards, 1999). بیش‌تر لاین‌های گندم هگزاپلوئید مصنوعی از قدرت رشدی اولیه کم‌تری برخوردار بودند و تنها لاین‌های S20 و S34 دارای قدرت رشدی بیش‌تری در سطح ارقام شاهد بودند. وراثت‌پذیری این صفت ۲۵/۹ درصد برآورد شد. زمان ظهور گیاهچه نیز وراثت‌پذیری ۸۵/۸ درصد داشت. برای این صفت، ۱۱ لاین گندم مصنوعی شامل S34، S20، S25، S38، S28، S29، S3، S49، S13، S19 و S10 زودتر جوانه زدند و هم‌سطح ارقام شاهد بودند، در حالی‌که سایر لاین‌ها، زمان ظهور گیاهچه دیرتری نسبت به ارقام شاهد داشتند، به‌طوری‌که لاین‌های S32، S47، S1، S9، S11، S35، S37 و S16 دیرتر جوانه زدند (جدول ۲).

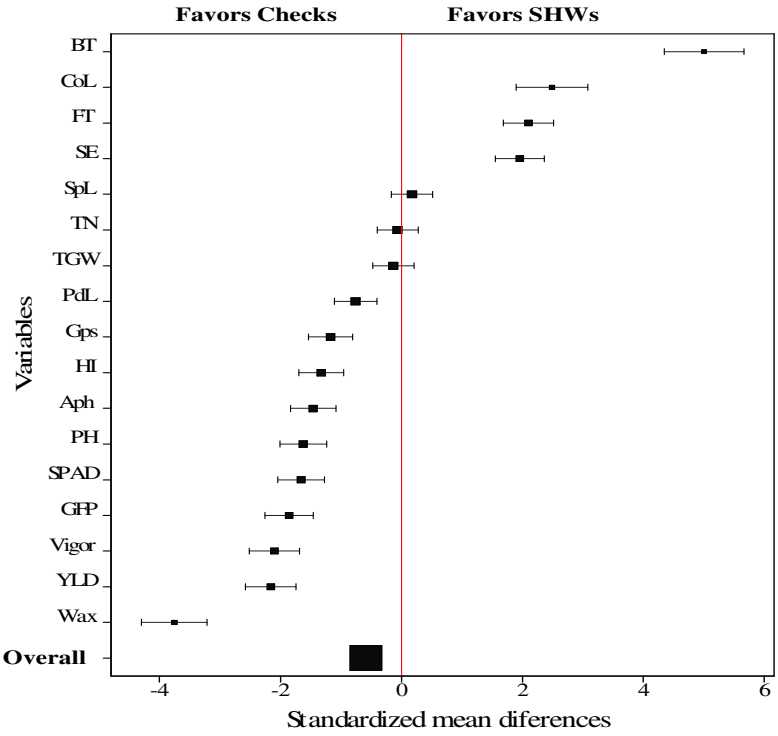
جدول ۱- تجزیه واریانس صفت طول کلئوپتیل

Table 1. Analysis of variance for coleoptile length

Source of varations	df	Mean squares
Genotype	51	511.93**
Controls vs SHW†	1	3891.28**
Error	103	54.87

**: Significant at %1 probability level.

†: Synthetic hexaploid wheat.



شکل ۱- اختلاف استاندارد بین میانگین لاین‌های گندم هگزاپلوئید مصنوعی و میانگین ارقام شاهد برای صفات مختلف. سمت راست خط صفر برتری با گندم‌های مصنوعی و سمت چپ آن برتری با ارقام شاهد است. ■ اختلاف استانداردشده؛ خط افقی، حدود اطمینان ۹۵ درصد. Col طول کلئوپتیل، SE زمان ظهور گیاهچه، Vigor قدرت جوانه‌زنی اولیه گیاه، BT زمان غلاف‌دهی، FT زمان گلدهی، Aph میزان آلودگی شته،GFP دوره پرشدن دانه، Wax واکسی بودن برگ پرچم، SPAD محتوای کلروفیل، PH ارتفاع گیاه، PdL طول پدانکل، SpL طول سنبله، TN تعداد پنجه، Gps تعداد دانه در سنبله، TGW وزن هزار دانه، YLD عملکرد دانه، HI شاخص برداشت.

Figure 1. Standardized difference between means of synthetic hexaploid wheat lines and control cultivars for different traits. The right-hand side of line 0 is superior to synthetic wheat and the left-hand is superior to control cultivars. ■ Standardized mean difference; horizontal bars, 95% confidence interval. Col, coleoptile length; SE, seedling emergence; Vigor, early vigor, BT, booting time; FT, flowering time; Aph, aphid infestation rate; GFP, grain filling period; Wax, flag leaf waxiness; SPAD, chlorophyll content; PH, plant height; PdL, peduncle length; SpL, spike length; TN, tiller number; Gps, grain per spike; TGW, thousand grain weight; YLD, grain yield; HI, harvest index.

زمان گلدهی عامل مهمی در سازگاری جهانی گندم است. این ویژگی، گیاهان را قادر می‌سازد تا عملکرد مطلوب و رضایت‌بخشی در شرایط متنوع محیطی تولید کنند (Kamran *et al.*, 2014). برای صفت زمان گلدهی، شش لاین گندم مصنوعی شامل S29، S10، S27، S25، S26 و S28 زودرس‌ترین ژنوتیپ‌ها بودند که اختلاف آماری معنی‌داری بین آن‌ها وجود نداشت و در محدوده زمان گلدهی ارقام شاهد (۱۵۵ تا ۱۵۷ روز پس از کاشت) قرار گرفتند. در مقابل، لاین‌های S32، S47، S2، S37، S24، S35 و S3 دیررس‌ترین (۱۶۵ تا ۱۶۹ روز پس از کاشت) ژنوتیپ‌های این آزمایش بودند. در بین ارقام شاهد، آنفارم۴ و نارین با کم‌ترین روز تا ظهور سنبله (۱۵۵ روز پس از کاشت) زودرس‌ترین و رقم افق با بیش‌ترین روز تا ظهور سنبله (۱۵۸/۱ روز پس از کاشت) دیررس‌ترین بودند (جدول۲). بین زمان بوتینگ و زمان گلدهی همبستگی بالایی (r=۰/۹۳، P <۰/۰۰۱) وجود داشت.

دوره پر شدن دانه، مدت زمان بین زمان گرده‌افشانی تا رسیدگی فیزیولوژیک، مرحله مهمی در دوره رشدی گندم است که در این مدت تجمع ماده خشک و تسهیم آن به دانه مشخص می‌شود (Sharma, 1994). وراثت‌پذیری دوره پر شدن دانه در این آزمایش، ۶۹/۶ درصد برآورد شد. لاین‌های S29، S49، S7، S10، S26، S25 و S27 دارای بیش‌ترین طول دوره پر شدن دانه بودند که اختلاف آماری معنی‌داری با میانگین ارقام شاهد نداشتند. سایر لاین‌ها

طول دوره پر شدن کم‌تری از میانگین شاهدها داشتند و کم‌ترین طول دوره پرشدن دانه (۲۲/۳ تا ۲۴/۶ روز) را ژنوتیپ‌های S47، S2، S37، S24 و S3 به‌خود اختصاص دادند. در بین ارقام شاهد نیز رقم افق با ۳۱/۹ روز دارای کم‌ترین و ارقام آنفارم۴ و نارین با ۳۵ روز دارای بیش‌ترین طول دوره پر شدن دانه بودند (جدول ۲).

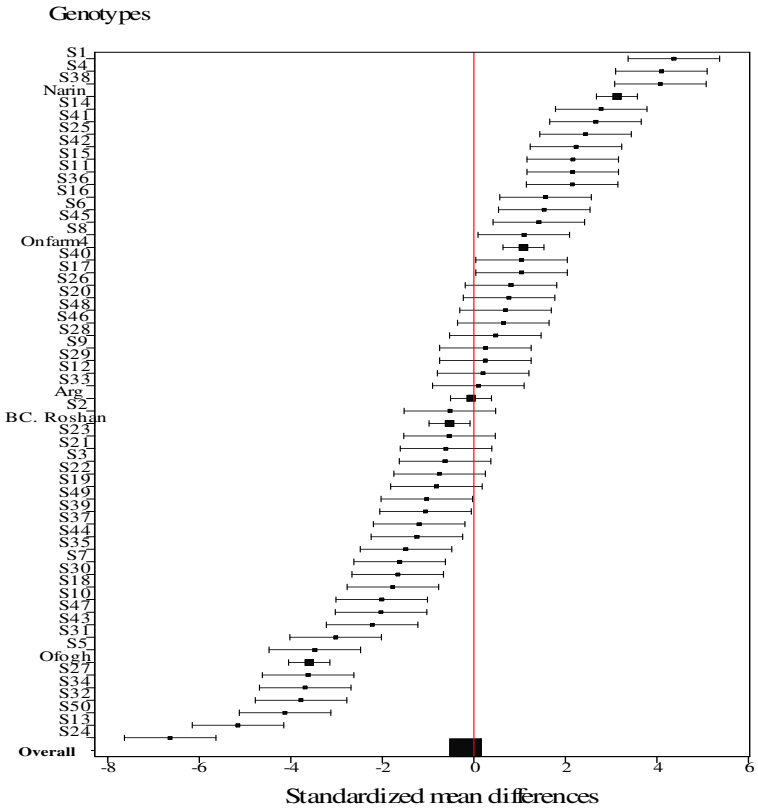
ارتفاع گیاه و طول پدانکل به‌عنوان صفات مرفولوژیک نقش مهمی در سازگاری گیاهان گندم به شرایط اقلیمی خشک و نیمه‌خشک ایفا می‌کنند. میزان وراثت‌پذیری این دو صفت در این آزمایش به‌ترتیب ۷۷/۵ و ۷۳/۹ درصد برآورد شد. در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی، لاین‌های S38، S31 و S28 به‌ترتیب با ۸۹، ۸۸ و ۸۱ سانتی‌متر دارای بیش‌ترین ارتفاع بوته و لاین‌های S33، S18، S37، S47 و S44 به‌ترتیب با ۴۰، ۴۱، ۴۲، ۴۳ و ۴۴ سانتی‌متر دارای کم‌ترین ارتفاع بوته بودند. در بین ارقام شاهد نیز رقم افق با ۶۵/۸ سانتی‌متر، کم‌ترین ارتفاع بوته و رقم بک‌کراس روشن با ۷۹/۴ سانتی‌متر، بیش‌ترین ارتفاع بوته را داشتند (جدول ۲). از نظر طول پدانکل نیز تفاوت آماری معنی‌داری بین گندم‌های مصنوعی و ارقام شاهد وجود داشت. لاین‌های S31، S2، S3 و S13 بیش‌ترین طول پدانکل و لاین‌های S47 و S50 کوته‌ترین طول پدانکل را داشتند. همبستگی بین ارتفاع گیاه و طول پدانکل نیز مثبت و معنی‌دار (r= ۰/۶۵، p <۰/۰۰۱) بود.

تعداد دانه در سنبله به‌عنوان یکی از اجزای مهم عملکرد دانه در غلات می‌باشد. میانگین تعداد دانه در سنبله در گندم‌های مصنوعی معادل ۲۰/۸۲ عدد و کم‌تر از ارقام شاهد با میانگین ۲۶/۴۶ عدد بود. در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی، لاین‌های S13، S43، S31 و S24 به‌ترتیب با میانگین ۴۲/۵۲، ۴۰/۶، ۳۳/۵۳ و ۳۲/۸۷ دانه، بیش‌ترین تعداد دانه در سنبله را دارا بودند. در بین ارقام شاهد نیز رقم بک‌کراس روشن با میانگین ۳۲/۷۲ بیش‌ترین و رقم نارین با میانگین ۱۸/۱۳ کم‌ترین تعداد دانه در سنبله را داشتند (جدول ۲). از نظر طول سنبله، لاین‌های S13 و S29 به‌ترتیب با ۱۴/۵۰ و ۸/۷۰ سانتی‌متر دارای بیش‌ترین و کم‌ترین طول سنبله بودند، در حالی‌که در بین ارقام شاهد، بیش‌ترین و کم‌ترین مقدار طول سنبله با ۱۱/۲۴ و ۱۰/۳۷ سانتی‌متر به‌ترتیب در ارقام بم و نارین مشاهده شد (جدول ۲).

وزن هزار دانه نیز همیشه به‌عنوان یکی از مهم‌ترین اجزای عملکرد دانه در گندم مطرح بوده است. میزان وراثت‌پذیری عمومی این صفت در این آزمایش ۷۸ درصد برآورد شد. همبستگی منفی معنی‌داری بین وزن هزار دانه با تعداد دانه در سنبله (r=-۰/۴۶، p <۰/۰۱) و همبستگی مثبت معنی‌داری بین وزن هزار دانه و دوره پر شدن دانه (r= ۰/۲۹، p <۰/۰۵) مشاهده شد. تعداد ۱۵ لاین، وزن هزار دانه بالاتر از میانگین ارقام شاهد داشتند. لاین‌های S1، S4 و S38 به‌ترتیب با ۴۱/۹۲، ۴۱/۳۱ و ۴۱/۲۶ گرم دارای بیش‌ترین وزن هزار دانه بودند، در حالی‌که کم‌ترین مقدار وزن هزار دانه مربوط به ژنوتیپ S24 به‌میزان ۱۷/۱۷ گرم بود. در بین ارقام شاهد نیز رقم افق با ۲۳ گرم، کم‌ترین و رقم نارین با ۴۱/۸۳ گرم، بیش‌ترین وزن هزار دانه را به‌خود اختصاص دادند (جدول ۲، شکل ۲).

عملکرد دانه به‌عنوان نتیجه نهایی از نحوه عمل گیاهان زراعی طی مراحل مختلف رشد و نمو است که از مرحله رویشی آغاز می‌شود و پس از طی مرحله تولید مثلی، در نهایت با مرحله پر شدن دانه پایان می‌یابد. در این مطالعه، بیش‌تر لاین‌های گندم مصنوعی، عملکرد دانه کم‌تری نسبت به ارقام شاهد داشتند. از بین گندم‌های مصنوعی، فقط دو لاین S25 و S2 به‌ترتیب با عملکرد ۳۶۸۰ و ۳۳۷۳ کیلوگرم در هکتار، اختلاف آماری معنی‌داری با میانگین ارقام شاهد نداشتند. در بین ارقام شاهد، رقم بک‌کراس روشن با تولید ۶۰۱۶ کیلوگرم در هکتار بیش‌ترین عملکرد را نسبت به سایر شاهدها دارا بود. شاخص برداشت نیز در بیش‌تر لاین‌های گندم مصنوعی کم‌تر از میانگین ارقام شاهد بود، به‌جز لاین‌های S38 و S43 که به‌همراه رقم شاهد بک‌کراس روشن، شاخص برداشت بالاتری از تمامی ژنوتیپ‌های دیگر داشتند (جدول ۲).

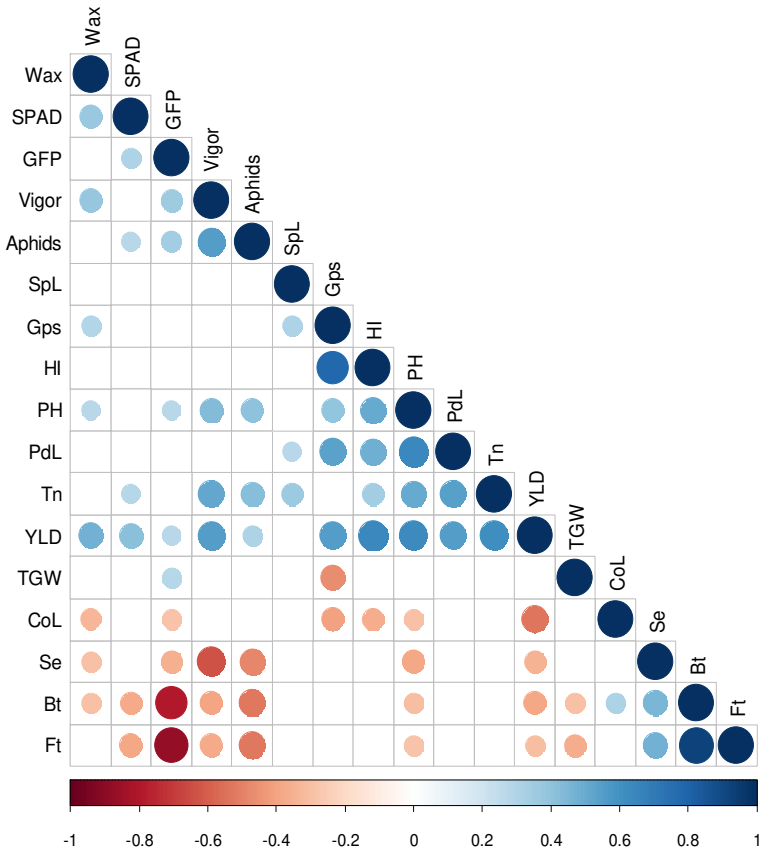
برآورد ضریب همبستگی بین صفات نیز نشان داد که عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی‌داری با ارتفاع بوته، طول پدانکل، تعداد دانه در سنبله، تعداد پنجه، شاخص برداشت، واکسی‌بودن برگ پرچم و قدرت رشد اولیه در سطح احتمال یک درصد و با میزان کلروفیل در سطح احتمال پنج درصد داشت، در حالی‌که همبستگی آن با زمان ظهور گیاهچه، گلدهی و بوتینگ و طول کلئوپتیل در سطح احتمال پنج درصد منفی و معنی‌دار بود (شکل ۳).



شکل ۲- اختلاف استاندارد بین میانگین لاین‌های گندم هگزاپلوئید مصنوعی و ارقام شاهد برای صفت وزن هزاردانه، سمت راست خط صفر برتری با گندم‌های مصنوعی و سمت چپ آن برتری با شاهدها است. ■ اختلاف استاندارد؛ خط افقی، حدود اطمینان ۹۵ درصد.

Figure 2. Standardized difference between means of synthetic hexaploid wheat lines and control cultivars for thousand grain weight. The right-hand side of line 0 is superior to synthetic wheat and the left-hand is superior to control cultivars. ■ Standardized mean difference; Horizontal bars, 95% confidence interval.

تجزیه خوشه‌ای بر اساس روش حداقل واریانس Ward ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را در تعداد سه خوشه گروه‌بندی کرد. دندروگرام مربوطه که در آن هر خوشه با رنگ‌های متفاوتی مشخص شده است، در شکل ۴a ارایه شده است. در خوشه اول پانزده ژنوتیپ شامل لاین‌های گندم مصنوعی S1، S2، S3، S4، S11، S13، S15، S23، S24، S31، S38، S40، S43، S45 و S48 قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های این گروه، عملکرد و وزن هزار دانه متوسطی داشتند، ولی از نظر ارتفاع گیاه، طول پدانکل، طول سنبله و شاخص برداشت دارای مقادیر بالاتر و از نظر صفات فنولوژیک در محدوده متوسطرس تا دیررس بودند. گروه دوم شامل پانزده ژنوتیپ بود که تمام ارقام شاهد نیز در این گرو قرار گرفتند و شامل ارقام آنفارم۴، بک‌کراس روشن، نارین، ارگ، افق و لاین‌های مصنوعی S5، S7، S10، S14، S20، S25، S28، S29، S30 و S34 بودند. ژنوتیپ‌های این گروه، زودرس و دارای قدرت رشد اولیه، طول دوره پرشدن دانه، میزان کلروفیل، واکسی‌بودن و عملکرد دانه بیش‌تری بودند، اما از نظر وزن هزار دانه، ارتفاع گیاه، طول پدانکل، تعداد دانه در سنبله و شاخص برداشت در محدوده متوسط بودند. در گروه سوم ۲۵ ژنوتیپ قرار گرفتند که همه آن‌ها لاین‌های گندم مصنوعی و شامل S6، S8، S9، S12، S16، S17، S18، S19، S21، S22، S26، S27، S32، S33، S35، S36، S37، S39، S41، S42، S44، S46، S47، S49 و S50 بودند. ژنوتیپ‌های این گروه بر خلاف گروه قبل، دیررس و دارای عملکرد، اجزای عملکرد و شاخص برداشت کم‌تری بودند، در حالی‌که طول کلئوپتیل بیش‌تری داشتند. نتایج تجزیه خوشه‌ای نشان داد که هر یک از گروه‌ها دارای صفات مطلوبی هستند که با توجه به نیاز و اهداف به‌نژادی می‌توانند در راستای افزایش تنوع ژنتیکی خزانه ژنی گندم نان مورد استفاده قرار گیرند.



شکل ۳- نقشه همبستگی فنوتیپی بین صفات مورد مطالعه در سطح احتمال ۵٪. رنگ قرمز و آبی به‌ترتیب همبستگی منفی و مثبت را نشان می‌دهند. Col طول کلئوپتیل، SE زمان ظهور گیاهچه، Vigor قدرت جوانه‌زنی اولیه گیاه، BT زمان غلاف‌دهی، FT زمان گلدهی، Aph میزان آلودگی به شته، GFP دوره پرشدن دانه، Wax واکسی بودن برگ پرچم، SPAD محتوای کلروفیل، PH ارتفاع گیاه، PdL طول پدانکل، SpL طول سنبله، Tn تعداد پنجه، Gps تعداد دانه در سنبله، TGW وزن هزار دانه، YLD عملکرد دانه، HI شاخص برداشت.

Figure 3. The heatmap of significant phenotypic correlation at 5% probability level among the studied traits. Red and blue indicates negative and positive correlations, respectively, the intensity of colors shows the degree of correlation, and white squares indicates absence of correlation. Col, coleoptile; SE, seedling emergence; Vigor, early vigor; BT, booting time; FT, flowering time; Aph, aphid infestation rate; GFP, grain filling period; Wax, flag leaf waxiness; SPAD, chlorophyll content; PH, plant height; PdL, peduncle length; Sp, spike length; Tn, tiller number; Gps, grain per spike; TGW, thousand grain weight; YLD, grain yield; HI, harvest index.

به‌منظور تایید گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مولفه‌های اصلی انجام و نمودار بای‌پلات بر اساس دو مولفه اصلی اول و دوم که ۵۳/۴ درصد از کل تغییرات داده‌ها را توجیه کردند، رسم شد (شکل ۴-b). در فضای بای‌پلات، ژنوتیپ‌ها همانند نتایج تجزیه خوشه‌ای در سه گروه مشخص قرار گرفتند که مرتبط با میانگین عملکرد و گلدهی آن‌ها بود. مولفه اول به تنهایی ۳۴/۸ درصد از کل تغییرات داده‌ها را شامل شد و همبستگی مثبت و نسبتاً بالایی با عملکرد و اجزای عملکرد نشان داد. بنابراین، این مولفه که به‌عنوان مولفه پتانسیل عملکرد نام‌گذاری شد، می‌تواند ژنوتیپ‌های دارای پتانسیل عملکرد بالا را از ژنوتیپ‌های با میانگین عملکرد پایین جدا کند. دومین مولفه که ۱۸/۶ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه کرد، با صفات فنولوژیک همبستگی مثبت و بالایی داشت و بنابراین به‌عنوان مولفه فنولوژیک نام‌گذاری شد و قادر به جداسازی ژنوتیپ‌های زودرس از دیررس است. در مجموع نتایج بای‌پلات نشان داد که ژنوتیپ‌های واقع در گروه یک، ژنوتیپ‌های مطلوب و ایده‌آل از نظر هر دو گروه صفات عملکردی و فنولوژیک هستند، به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های این گروه از نظر صفات عملکرد و اجزای مهم عملکرد دارای مقادیر بالا و از لحاظ صفات فنولوژیک و مرتبط با گلدهی و رسیدگی، زودرس هستند.

جدول ۲- میانگین برازش شده صفات مختلف براساس بهترین برآورد ناریب خطی به‌همراه وراثت‌پذیری، اجزای واریانس، انحراف معیار، LSD و ضریب تغییرات در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه

Table 2. Fitted mean of different traits based on best linear unbiased estimation along with heritability, variance components, standard deviation, LSD and coefficient of variation in the studied genotypes

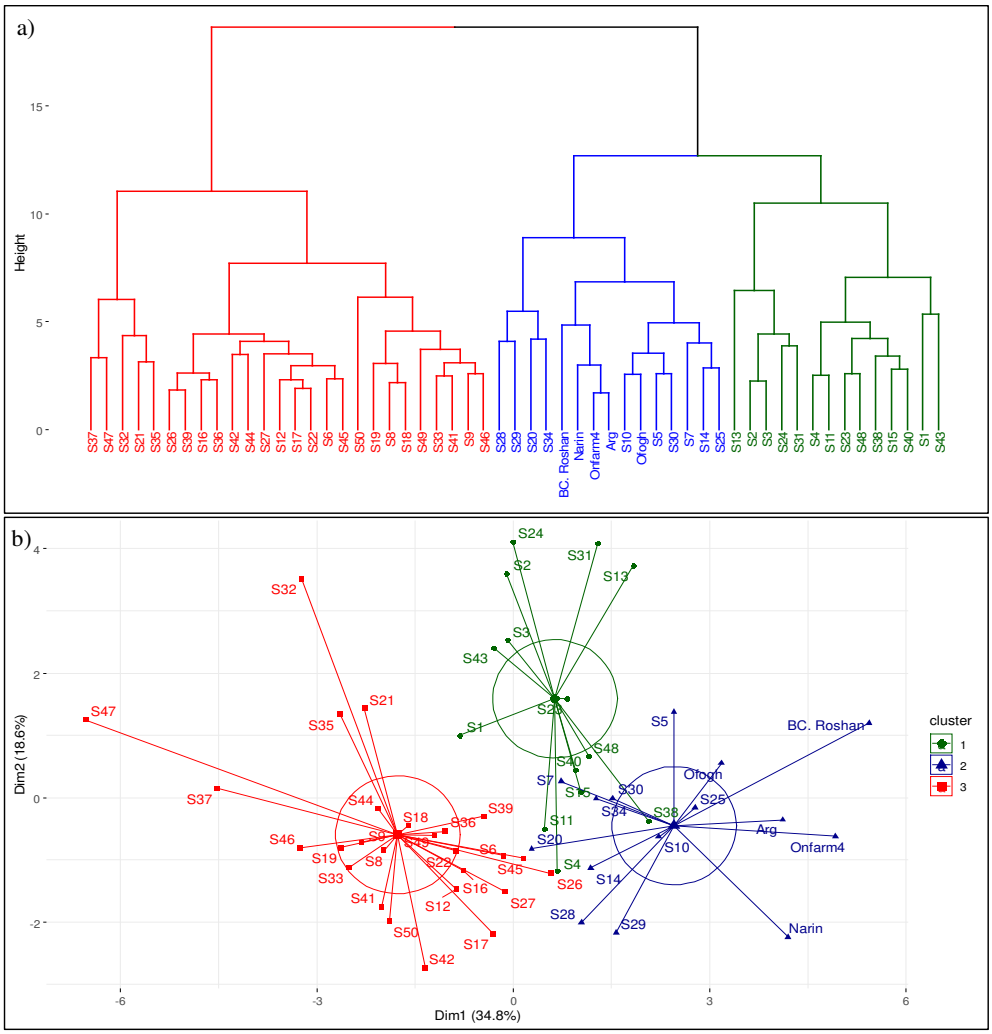
Genotype	CoL (mm)	Vigor (1-5)	SE (DAP)	Booting (DAP)	FT (DAP)	GFP (Days)	PH (cm)	PdL (cm)	SpL (cm)	Tn	TGW (g)	GpS	HI	Aph (1-9)	Wax (1-9)	Chl (SPAD)	YLD (kg/ha)
S1	77.06	1.35	40.23	158.40	162.34	27.57	71.04	28.60	11.10	9.81	41.92	22.17	0.26	6.00	2.43	52.27	2356.74
S2	85.73	3.43	27.60	160.04	166.72	23.30	77.84	35.50	9.70	14.31	30.93	27.24	0.25	5.00	4.37	46.09	3372.52
S3	70.10	3.35	25.23	158.90	165.34	24.57	73.04	35.30	9.90	8.56	30.68	23.66	0.23	6.50	5.43	42.31	2418.87
S4	83.89	3.43	33.06	153.08	158.45	31.46	72.04	29.10	13.20	13.99	41.31	12.94	0.17	6.00	3.43	45.07	1776.44
S5	66.32	2.89	31.20	151.87	158.20	31.77	72.04	31.80	12.10	10.98	24.29	32.39	0.22	7.00	6.89	47.50	3005.32
S6	76.73	2.93	30.60	154.54	158.22	31.80	55.84	25.70	11.40	11.06	35.55	18.51	0.20	5.00	4.37	45.32	1551.14
S7	90.36	2.93	30.06	154.58	158.95	33.46	61.04	23.10	11.90	7.24	28.45	29.12	0.22	4.50	8.43	47.24	1320.29
S8	109.16	2.93	30.10	157.54	163.72	26.30	52.84	20.50	10.50	11.06	34.56	13.58	0.19	6.50	1.87	48.84	891.54
S9	102.18	2.36	40.08	155.86	159.76	29.86	52.04	22.10	10.10	5.59	32.67	18.94	0.21	5.00	0.88	44.47	940.62
S10	81.67	3.39	26.70	151.87	156.70	33.27	67.04	26.50	9.50	10.63	27.57	24.23	0.24	7.00	4.89	48.34	2482.80
S11	84.61	3.44	39.80	153.42	158.75	31.29	74.84	27.80	11.90	11.87	36.95	16.32	0.22	6.00	1.41	47.29	2165.08
S12	101.23	2.94	30.80	153.42	158.75	31.29	54.84	27.00	12.30	11.27	32.55	12.16	0.16	6.00	1.41	42.98	929.54
S13	65.24	3.40	25.40	155.75	161.74	28.25	70.04	33.20	14.50	12.43	20.51	42.52	0.28	6.50	0.93	46.76	3016.99
S14	85.02	2.90	31.40	153.25	158.74	31.25	57.04	26.00	11.40	10.93	38.35	16.02	0.21	6.00	8.43	52.39	2127.91
S15	90.97	2.43	29.75	155.46	159.49	30.44	78.04	29.20	11.20	6.44	36.95	24.61	0.26	8.50	0.97	46.81	1723.76
S16	106.43	2.94	36.80	155.92	160.25	29.79	59.84	24.50	11.00	12.37	35.62	12.81	0.19	7.00	1.41	49.55	1705.89
S17	89.66	2.85	26.92	153.28	158.87	31.05	53.04	24.10	10.90	8.76	34.43	12.53	0.17	7.50	1.97	46.45	996.94
S18	93.58	3.35	30.92	158.28	161.87	28.05	41.04	19.90	11.20	10.86	28.11	17.31	0.21	6.50	1.97	47.91	1499.92
S19	103.29	2.86	25.77	159.74	162.30	27.34	48.04	23.10	8.90	6.84	30.25	13.97	0.17	5.50	0.92	46.03	437.71
S20	105.38	4.36	23.27	158.24	160.80	28.84	60.04	21.60	10.70	7.74	33.83	16.82	0.22	7.50	6.92	44.96	816.29
S21	-	2.12	33.45	160.59	165.97	26.45	68.04	24.80	12.00	11.15	30.73	18.50	0.20	5.00	1.68	48.47	1607.59
S22	100.52	3.05	26.97	155.37	159.78	29.85	49.04	24.80	11.10	9.26	30.42	17.57	0.20	6.50	1.63	43.76	1011.91
S23	98.51	3.05	27.47	157.87	159.78	29.85	74.04	31.70	12.80	13.26	30.89	26.39	0.25	5.50	3.13	46.63	1881.64
S24	86.75	3.08	30.60	159.38	165.72	24.26	73.04	32.50	11.90	12.19	17.17	32.87	0.23	6.50	5.14	47.44	2733.17
S25	82.45	3.12	25.00	153.05	157.74	32.30	66.84	27.70	11.40	11.08	37.58	21.02	0.28	6.00	6.62	50.18	3679.92
S26	100.29	2.62	31.00	153.05	157.74	32.30	69.84	28.60	10.90	10.48	33.92	16.12	0.17	6.00	2.12	49.66	1856.76
S27	80.79	2.58	30.60	152.88	157.72	32.26	56.04	24.80	11.00	9.09	23.95	18.29	0.16	8.00	1.64	47.51	862.43
S28	114.01	3.54	25.13	152.91	157.86	32.06	81.04	30.30	9.80	12.37	33.16	9.41	0.12	8.00	2.69	44.14	1392.84
S29	68.43	2.54	25.13	149.91	155.36	34.56	68.04	23.10	8.70	9.12	32.66	19.20	0.22	7.50	6.19	41.46	1803.11
S30	66.45	3.54	31.13	152.91	159.36	30.56	73.04	24.80	11.90	13.92	28.37	22.35	0.21	7.00	5.69	48.64	2325.04

Table 2. Continued

جدول ۲- ادامه

Genotype	CoL (mm)	Vigor (1-5)	SE (DAP)	Booting (DAP)	FT (DAP)	GFP (Days)	PH (cm)	PdL (cm)	SpL (cm)	Tn	TGW (g)	GpS	HI	Aph (1-9)	Wax (1-9)	Chl (SPAD)	GY (kg/ha)
S31	92.95	2.99	30.52	160.29	163.18	29.69	88.04	41.10	10.50	11.42	25.31	33.53	0.28	5.00	5.36	47.69	2421.69
S32	86.32	2.92	41.04	161.08	169.49	27.09	56.04	31.40	11.30	6.72	23.60	25.14	0.19	3.00	4.81	40.86	1869.57
S33	96.14	2.49	30.02	154.79	161.68	28.69	40.04	20.70	9.80	3.57	32.32	18.64	0.17	3.50	1.36	48.26	799.47
S34	80.49	4.46	22.67	155.09	160.93	29.51	75.04	22.70	10.30	10.71	23.81	25.38	0.19	8.50	0.81	45.93	2320.00
S35	67.74	2.46	39.67	162.09	165.43	31.51	55.04	27.80	11.00	12.81	28.75	19.55	0.21	5.00	1.31	43.97	1642.07
S36	67.26	1.99	32.06	155.25	160.94	29.54	56.84	27.90	10.80	7.95	36.93	18.72	0.19	6.00	2.30	47.07	1432.08
S37	-	1.99	39.02	160.29	166.18	24.19	42.04	20.90	9.70	4.32	29.41	16.34	0.13	5.50	3.36	46.19	538.21
S38	70.48	2.99	25.02	152.29	158.68	31.69	89.04	24.90	11.70	7.77	41.26	20.78	0.32	7.00	1.86	42.58	2368.89
S39	83.08	2.41	32.69	155.11	161.07	31.80	62.04	29.50	11.30	9.69	29.71	19.12	0.16	6.00	2.36	49.77	1290.22
S40	76.46	2.92	27.04	155.08	158.49	31.59	72.04	31.20	10.30	9.57	34.44	24.60	0.27	5.50	0.81	44.93	2371.49
S41	99.78	2.72	31.89	155.68	160.96	29.14	57.84	22.30	10.40	7.74	38.08	10.10	0.14	4.50	1.65	47.48	823.30
S42	72.91	2.14	33.01	153.04	158.08	31.90	51.04	26.00	12.70	9.28	37.12	6.94	0.09	6.00	1.71	47.68	758.71
S43	87.18	1.22	32.84	155.23	160.19	29.79	62.04	26.80	12.40	5.71	27.11	40.60	0.31	3.50	5.21	49.26	667.26
S44	92.98	2.14	32.01	155.54	161.08	28.90	44.04	24.00	13.00	7.23	29.29	19.51	0.18	5.00	2.21	44.95	735.77
S45	90.78	2.65	26.86	153.01	158.51	31.20	74.04	24.90	11.60	7.66	35.29	18.72	0.20	5.50	1.16	44.89	1381.80
S46	83.53	1.68	31.49	158.02	162.45	30.11	50.04	20.40	9.70	3.90	33.54	17.73	0.17	4.00	1.67	43.08	509.54
S47	87.70	1.22	40.34	162.23	167.69	22.29	43.04	18.20	9.90	3.71	27.53	16.54	0.13	2.50	1.71	40.86	787.95
S48	89.98	2.68	32.49	153.02	157.95	32.11	62.04	30.80	12.60	10.40	33.65	29.15	0.27	5.50	1.67	47.45	2315.21
S49	83.79	3.15	25.36	158.01	161.51	33.70	59.04	21.80	10.10	6.56	29.78	18.08	0.22	3.50	1.16	46.31	737.91
S50	-	2.65	26.86	155.51	161.51	28.20	64.04	18.50	10.50	4.56	22.82	3.86	0.03	5.50	5.66	49.37	1153.42
Bam	62.18	4.40	25.60	150.30	155.00	35.00	72.40	30.74	11.24	12.03	34.53	24.36	0.26	7.80	6.70	51.71	4126.97
BC. Roshan	73.75	4.00	23.50	150.00	155.50	34.50	79.40	29.16	10.86	13.40	30.90	32.72	0.33	5.40	6.40	50.90	6016.32
Narin	72.07	4.60	23.30	150.30	155.30	34.70	74.40	29.32	10.37	8.04	39.13	18.13	0.19	8.10	7.20	53.00	2414.41
Arg	67.59	3.90	25.80	151.20	156.60	33.40	68.20	28.52	11.16	11.42	31.95	25.42	0.26	7.60	7.10	54.57	3594.03
Ofogh	66.30	4.10	23.80	151.80	158.10	31.90	65.80	24.70	11.04	12.12	24.01	31.68	0.26	7.20	5.30	49.61	3620.60
Heritability (%)	73.7	25.9	85.8	56.1	60.9	69.6	77.5	73.9	66.4	31.4	78.0	76.2	52.4	57.8	89.8	54.1	60.7
Genetic variance	152.02	0.17	62.62	5.91	6.80	6.38	114.35	15.63	0.79	26.24	26.57	44.90	0.002	1.06	4.80	6.49	964711.2
Residual variance	54.39	0.45	10.37	1.05	5.14	4.97	33.16	7.67	0.80	10.72	9.72	28.10	0.002	0.89	0.85	10.82	1089537.2
Mean	85.07	2.92	30.13	155.37	160.43	30.14	63.53	26.58	11.08	9.51	31.72	20.82	0.21	5.97	3.39	47.00	1885.7
Standard deviation	6.02	0.50	4.46	2.28	2.30	1.94	7.44	2.79	0.71	18.60	3.37	4.52	0.04	0.94	0.97	2.38	847.8
$LSD_{\%5}$	11.94	0.98	8.90	4.51	4.54	3.84	14.85	5.52	1.40	36.75	6.66	8.94	0.08	1.85	1.92	4.69	1678.7
CV (%)	8.70	22.99	10.69	0.66	1.41	7.40	9.06	10.42	8.09	34.43	9.83	25.47	21.45	15.85	27.13	7.00	55.4

Col, coleoptile length; SE, seedling emergence; Vigor, early vigor; BT, booting time; FT, flowering time; Aph, aphid infestation rate; GFP, grain filling period; Wax, flag leaf waxiness; SPAD, chlorophyll content; PH, plant height; PdL, peduncle length; SpL, spike length; Tn, tiller number; Gps, grain per spike; TGW, thousand grain weight; YLD, grain yield; HI, harvest index.



شکل ۴- تجزیه خوشه‌ای لاین‌های گندم مصنوعی و ارقام شاهد. الف) دندروگرام و ب) تجزیه به مولفه‌های اصلی برای تایید خوشه‌بندی. خوشه‌های ۱، ۲ و ۳ به‌ترتیب با رنگ‌های سبز، آبی و قرمز مشخص شده‌اند.

Figure 4. Cluster analysis of synthetic wheat lines and control cultivars. a) Dendrogram, b) Principal component analysis for clustering confirmation. Clusters 1, 2 and 3 are marked in green, blue, and red, respectively.

بحث

نتایج این آزمایش تنوع بالایی بین ژنوتیپ‌های گندم مصنوعی از نظر بیش‌تر صفات مرفوفنولوژیک و زراعی نشان داد. وراثت‌پذیری عمومی برای صفات مورد مطالعه در محدود ۲۶ تا ۸۹/۸ درصد برآورد شد، به‌طوری‌که صفت قدرت رشد اولیه کم‌ترین و صفت زمان گلدهی بیش‌ترین میزان وراثت‌پذیری را داشت. بررسی نتایج نشان داد که برتری کلی با ارقام شاهد بود و گندم‌های مصنوعی برای بیش‌تر صفات مطالعه‌شده ضعیف‌تر از ارقام شاهد عمل کردند، اما گندم‌های مصنوعی طول کلئوپتیل بیش‌تر، زمان ظهور گیاهچه و گلدهی دیرتر و در نتیجه طول دوره پرشدن کم‌تر و معنی‌داری را نسبت به ارقام شاهد داشتند.

طول کلئوپتیل عامل اصلی تعیین‌کننده استقرار موفقیت‌آمیز گیاهان زراعی است. تفاوت‌های ژنوتیپی بین ارقام گندم از نظر طول کلئوپتیل، همبستگی مثبت و قوی با تعداد گیاهچه‌های سبزشده در کشت‌های عمیق دارد (Rebetzke *et al.*, 2007)، به‌ویژه در مناطق دیم و خشک که برای رسیدن به رطوبت خاک، عمیق کشت می‌شوند. مطالعات نشان داده است که اغلب نژادهای محلی کشت شده در نواحی خشک دارای طول کلئوپتیل حدود ۱۰ سانتی‌متر هستند (Yu and Bai, 2010). در این مطالعه بدون در نظر گرفتن ارقام شاهد، همبستگی معنی‌داری بین طول کلئوپتیل و ارتفاع گیاه مشاهده نشد، ولی با در نظر گرفتن ارقام شاهد، همبستگی بین ارتفاع گیاه و طول

کلئوپتیل منفی و معنی‌دار ($P<0/05$ ،$r=-0/3$) بود. ربتزک و همکاران (Rebetzke *et al.*, 1999) نیز رابطه ضعیفی بین طول کلئوپتیل با ارتفاع گیاه در گندم گزارش کردند. آن‌ها بیان کردند که در گندم‌های حساس به جیبرلین، ارتفاع گیاه و طول کلئوپتیل تحت کنترل ژنتیکی مستقلی قرار دارند و پیشنهاد کردند که ژنهای *Rht* حساس به جیبرلین می‌توانند برای گزینش گندم‌های با ارتفاع کوتاه‌تر، طول کلئوپتیل بیش‌تر و استقرار گیاهچه و قدرت رشدی اولیه بیش‌تر گیاهچه استفاده شوند (Rebetzke *et al.*, 1999). در این آزمایش نیز با توجه به وراثت‌پذیری بالای طول کلئوپتیل و ارتفاع گیاه و همبستگی ضعیف بین آن‌ها در جمعیت، می‌توان لاین‌های گندم مصنوعی با طول کلئوپتیل بیش‌تر و ارتفاع کم‌تر را به‌عنوان والدین تلاقی‌ها برای تولید گندم‌های با طول کلئوپتیل بیش‌تر بدون افزایش ارتفاع گیاه در برنامه‌های به‌نژادی انتخاب کرد.

از نظر صفات طول دوره رشد، لاین‌های گندم مصنوعی دیررس‌تر بودند، ولی طول دوره پر شدن دانه کم‌تری نسبت به ارقام شاهد داشتند. آقایی سربرزه و امینی (Aghaee Sarbarzeh and Amini, 2013) نیز زمان ظهور سنبله و زمان رسیدگی بیش‌تر و طول دوره پر شدن دانه کم‌تری برای لاین‌های گندم مصنوعی نسبت به ارقام شاهد گزارش کردند. عملکرد دانه با زمان ظهور گیاهچه، زمان بوتینگ و زمان گلدهی رابطه منفی و معنی‌داری داشت، به این معنی که ژنوتیپ‌های دیررس‌تر، عملکرد دانه کم‌تری داشتند. وجود رابطه مستقیم و مثبت عملکرد دانه با قدرت رشد اولیه، طول دوره پر شدن دانه، ارتفاع بوته، طول پدانکل، تعداد دانه در سنبله و شاخص برداشت نیز نشان‌دهنده اهمیت این صفات در افزایش عملکرد دانه است. طول دوره پر شدن دانه از مهم‌ترین فاکتورهای تعیین کننده وزن هزار دانه است. طولانی‌بودن این مرحله باعث عرضه مناسب و کافی شیره پرورده از طریق فتوسنتز جاری خواهد شد. در این راستا تعدادی از محققین به ارتباط نزدیک طول دوره پر شدن دانه و انتقال مجدد نیز اشاره کرده‌اند و بر این باورند که مواد فتوسنتزی ذخیره شده در اندام‌های رویشی (میانگره‌های ساقه و غلاف برگ‌ها) در شرایطی که فرصت کافی برای صادر شدن به دانه‌ها را داشته باشند، نقش به‌سزایی در افزایش عملکرد دانه خواهند داشت (Blum, 1998).

در این آزمایش، همبستگی معنی‌داری بین وزن هزار دانه و عملکرد دانه مشاهده نشد. اگرچه تفاوت معنی‌داری بین گندم‌های مصنوعی و ارقام شاهد از نظر وزن هزار دانه مشاهده نشد، ولی مقایسه میانگین بین گندم‌های مصنوعی و ارقام شاهد نشان داد که برخی از نمونه‌های گندم مصنوعی، وزن هزار دانه بیش از ۴۱ گرم داشتند که از میانگین ارقام شاهد به‌طور معنی‌داری بیش‌تر بود. تالبوت و همکاران (Talbot *et al.*, 2008) نیز در آزمایش خود، وزن هزار دانه لاین‌های گندم مصنوعی را در حد رقم شاهد و حتی بیش‌تر از آن گزارش کردند. آن‌ها پیشنهاد دادند که گندم‌های مصنوعی می‌تواند سهم مهمی در افزایش اندازه دانه در محیط‌های تحت تنش آبی داشته باشند. وزن هزار دانه بالا می‌تواند سرعت جوانه‌زنی بذر و رشد نهال را افزایش داده و توانایی واریته برای مقاومت در برابر تنش‌های طبیعی را افزایش دهد (Zhang *et al.*, 2013). علاوه بر این، وزن هزار دانه بالا می‌تواند عملکرد آرد را افزایش دهد و بر کیفیت دانه‌های گندم تأثیر بگذارد (Campbell *et al.*, 1999). بر این اساس، وزن هزار دانه بالا به‌عنوان یکی از ویژگی‌های مهم گندم معمولی اهلی شده و گندم مدرن اصلاح شده در نظر گرفته شده است (Peng *et al.*, 2003).

تعداد دانه در سنبله یکی دیگر از اجزای عملکرد دانه گندم است. تعداد دانه از مولفه‌های مهم در تعیین اندازه مخزن در گندم است. از طرف دیگر، محققان ایرانی بر این باورند که محدودیت مخزن، از دلایل اصلی افت عملکرد دانه در اغلب ارقام گندم ایرانی است (Ahmadi *et al.*, 2009). بنابراین، ارقامی که پتانسیل تولید تعداد دانه بیش‌تری دارند، می‌توانند در مطالعات اصلاحی جهت افزایش عملکرد دانه مورد توجه قرار گیرند. میانگین تعداد دانه در سنبله در گندم‌های مصنوعی معادل ۲۰/۸۲ عدد و کم‌تر از ارقام شاهد با میانگین ۲۶/۴۶ عدد بود، اما در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی، ژنوتیپ S13 با میانگین تعداد دانه ۴۲/۵۲ عدد دارای بیش‌ترین تعداد دانه در سنبله بود. با وجود رابطه منفی بین تعداد دانه در سنبله و وزن دانه، لاین‌های گندم مصنوعی S1 و S38 با داشتن وزن هزار دانه بالا، به‌ترتیب تعداد ۲۲/۱۷ و ۲۰/۸ دانه در سنبله داشتند که بالاتر و در حد میانگین کل بود. از طرف دیگر، گریفیث و همکاران (Griffiths *et al.*, 2015) در پژوهش خود آللی را روی کروموزوم 7B در رقم ویبیل (Weebill) شناسایی کردند که موجب افزایش وزن دانه‌ها بدون کاهش در تعداد دانه‌ها شد. بنابراین، امکان گزینش ژنوتیپ‌هایی با وزن هزار دانه و تعداد دانه بالا برای برنامه‌های به‌نژادی وجود دارد.

نتیجه‌گیری کلی

به‌طور کلی، نتایج این تحقیق نشان داد که تفاوت‌های معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه وجود داشت که نشان‌دهنده وجود تنوع بین آن‌ها بود. بررسی صفات مورفوفنولوژیک ژنوتیپ‌ها در رابطه با عملکرد دانه نشان داد که در شرایط منطقه بیرجند، ژنوتیپ‌هایی که از قدرت جوانه‌زنی بیش‌تری برخوردار بودند و ارتفاع بوته، طول پدانکل و تعداد دانه در سنبله بیش‌تری داشتند، زودتر وارد مرحله گلدهی و گرده‌افشانی شدند و از طول دوره پر شدن دانه طولانی‌تر و عملکرد دانه بیش‌تری برخوردار بودند. تجزیه خوشه‌ای و بای‌پلات ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در این آزمایش را در سه گروه دسته‌بندی کردند. هر یک از گروه‌ها دارای صفات مطلوبی بودند که با توجه به نیاز برنامه پژوهشی، می‌توانند در راستای افزایش تنوع ژنتیکی خزانه ژنی گندم نان مورد استفاده قرار گیرند. بنابراین، با توجه به نتایج این تحقیق می‌توان گفت که در شرایط آب و هوایی گرم و خشک منطقه بیرجند، ژنوتیپ‌های هگزاپلوئید مصنوعی در برخی از صفات مانند طول کلئوپتیل، وزن هزار دانه، تعداد دانه در سنبله و طول سنبله نسبت به ارقام شاهد رایج کشت در منطقه بهتر بودند. اگرچه استفاده مستقیم از ژنوتیپ‌های گندم مصنوعی به‌عنوان یک رقم زراعی جدید امکان‌پذیر نیست، اما با توجه به تنوع زیادی که برای بسیاری از صفات در آن‌ها مشاهده شد، می‌توانند به‌عنوان والدین تلاقی‌ها برای تولید ارقام گندم جدید در برنامه‌های به‌نژادی آینده سهم قابل‌توجهی داشته باشند. با توجه به نتایج حاصل از این آزمایش، تعداد ده ژنوتیپ گندم مصنوعی با داشتن عملکرد دانه بالا و برخی ویژگی‌های زراعی مناسب شناسایی و برای انجام تحقیقات بعدی گزینش شدند.

References

Aghaee Sarbarzeh, M. and Amini, A. 2013. Evaluation of agronomic characteristics of synthetic wheat genotypes. **Seed and Plant Improvement Journal** 29: 25-44. (In Persian with English Abstract).

Ahmadi, A., Jodi, M., Tavakoli, A. and Ranjbar, M. 2009. Investigation of yield and its related morphological traits responses in wheat genotypes under drought stress and irrigation conditions. **Journal of Water and Soil Science** 12: 155-165. (In Persian with English Abstract).

Bennett, D., Izanloo, A., Edwards, J., Kuchel, H., Chalmers, K., Tester, M., Reynolds, M., Schnurbusch, T. and Langridge, P. 2012. Identification of novel quantitative trait loci for days to ear emergence and flag leaf glaucousness in a bread wheat (*Triticum aestivum* L.) population adapted to southern Australian conditions. **Theoretical and Applied Genetics** 124: 697-711.

Bibi, A., Rasheed, A., Kazi, A. G., Mahmood, T., Ajmal, S., Ahmed, I. and Mujeeb-Kazi, A. 2012. High-molecular-weight (HMW) glutenin subunit composition of the Elite-II synthetic hexaploid wheat subset (*Triticum turgidum*× *Aegilops tauschii*; 2n= 6x= 42; AABBDD). **Plant Genetic Resources** 10: 1-4.

Blum, A. 1998. Improving wheat grain filling under stress by stem reserve mobilisation. **Euphytica** 100: 77-83.

Campbell, K. G., Bergman, C. J., Gualberto, D. G., Anderson, J. A., Giroux, M. J., Hareland, G., Fulcher, R. G., Sorrells, M. E. and Finney, P. L. 1999. Quantitative trait loci associated with kernel traits in a soft x hard wheat cross. **Crop Science** 39: 1184-1195.

Cullis, B.R., Smith, A. B. and Coombes, N. E. 2006. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics** 11: 381-393.

del Blanco, I. A., Rajaram, S. and Kronstad, W. E. 2001. Agronomic potential of synthetic hexaploid wheat-derived populations. **Crop Science** 41: 670-676.

Dreisigacker, S., Kishii, M., Lage, J. and Warburton, M. 2008. Use of synthetic hexaploid wheat to increase diversity for CIMMYT bread wheat improvement. **Australian Journal of Agricultural Research** 59: 413-420.

FAO. 2017. FAOSTAT: FAO statistical databases. Available at: http://www.fao.org/faostat/.

Friebe, B., Jiang, J., Raupp, W., McIntosh, R. and Gill, B. 1996. Characterization of wheat-alien translocations conferring resistance to diseases and pests: Current status. **Euphytica** 91: 59-87.

Gill, B. S. and Friebe, B. 2002. Cytogenetics, phylogeny and evolution of cultivated wheats. In: Curtis, B. C., Rajaram, S. and Macpherso, H. G. (Eds.). Bread wheat improvement and production. pp: 71-88.

Gill, B. S., Sharma, H., Raupp, W., Browder, L. and Hatchett, J. 1985. Evaluation of *Aegilops* species for resistance to wheat powdery mildew, wheat leaf rust, hessian fly, and greenbug. **Plant Disease** 69: 314-316.

Griffiths, S., Wingen, L., Pietragalla, J., Garcia, G., Hasan, A., Miralles, D., Calderini, D. F., Ankleshwaria, J. B., Waite, M.L. and Simmonds, J. 2015. Genetic dissection of grain size and grain number trade-offs in CIMMYT wheat germplasm. **PLoS ONE** 10 (3): e0118847.

Jauhar, P. 1993. Alien gene transfer and genetic enrichment of bread wheat. In: Damania, A. B. (Ed.). Biodiversity and wheat improvement. John Wiley and Sons, New York. pp: 103-119.

Jiang, J., Friebe, B. and Gill, B. S. 1993. Recent advances in alien gene transfer in wheat. **Euphytica** 73: 199-212.

Kamran, A., Iqbal, M. and Spaner, D. 2014. Flowering time in wheat (*Triticum aestivum* L.): A key factor for global adaptability. **Euphytica** 197: 1-26.

Kassambara, A. 2017. Practical guide to cluster analysis in R: Unsupervised machine learning, STHDA.

Kilian, B., Mammen, K., Millet, E., Sharma, R., Graner, A., Salamini, F., Hammer, K. and Ozkan, H. 2011. *Aegilops*, wild crop relatives, genomic and breeding resources. Kole, C. (Ed.). Cereals. Springer. pp: 1-76.

Lage, J., Skovmand, B., Peña, R. and Andersen, S. B. 2006. Grain quality of emmer wheat derived synthetic hexaploid wheats. **Genetic Resources and Crop Evolution** 53: 955-962.

Li, A., Liu, D., Yang, W., Kishii, M. and Mao, L. 2018. Synthetic hexaploid wheat: Yesterday, today and tomorrow. **Engineering** 4: 552-558.

Li, J., Wan, H.-S. and Yang, W.-Y. 2014. Synthetic hexaploid wheat enhances variation and adaptive evolution of bread wheat in breeding processes. **Journal of Systematics and Evolution** 52: 735-742.

Liatukas, Z. and Ruzgas, V. 2011. Coleoptile length and plant height of modern tall and semi-dwarf European winter wheat varieties. **Acta Societatis Botanicorum Poloniae** 80 (3): 197-203.

Mares, D. and Mrva, K. 2008. Genetic variation for quality traits in synthetic wheat germplasm. **Australian Journal of Agricultural Research** 59: 406-412.

McFadden, E. S. and Sears, E. R. 1944. The artificial synthesis of *Triticum spelta*. **Records of the Genetic Society of America** 13: 26-27.

McFadden, E. S. and Sears, E. R. 1946. The origin of *Triticum spelta* and its free-threshing hexaploid relatives. **Journal of Heredity** 37: 81-89.

Mohammadi, M. 2008. Study of the possibility of using synthetic wheat derivatives under warm and dry conditions. **Seed and Plant** 24: 487-500. (In Persian with English Abstract).

Mujeeb-Kazi, A., Fuentes-Davilla, G., Gul, A. and Mirza, J. I. 2006. Karnal bunt resistance in synthetic hexaploid wheats (SH) derived from durum wheat *Aegilops tauschii* combinations and in some SH. bread wheat derivatives. **Cereal Research Communications** 34: 1199-1205.

Mujeeb-Kazi, A., Gul, A., Farooq, M., Rizwan, S. and Ahmad, I. 2008. Rebirth of synthetic hexaploids with global implications for wheat improvement. **Australian Journal of Agricultural Research** 59: 391-398.

Mujeeb-Kazi, A., Rosas, V. and Roldan, S. 1996. Conservation of the genetic variation of *Triticum tauschii* (Coss) Schmalh. (*Aegilops squarrosa* auct. non L.) in synthetic hexaploid wheats (*T. torgidum* L. S. lat. X. *T. tauschii,* 2n=6x=42 AABBDD) and its potential utilization for wheat improvement. **Genetic Resources and Crop Evolution** 43: 129-134.

Ogbonnaya, F. C., Abdalla, O., Mujeeb-Kazi, A., Kazi, A. G., Xu, S. S., Gosman, N., Lagudah, E. S., Bonnett, D., Sorrells, M. E. and Tsujimoto, H. 2013. Synthetic hexaploids: Harnessing species of the primary gene pool for wheat improvement. **Plant Breeding Reviews** 37: 35-122.

Peng, J., Ronin, Y., Fahima, T., Roder, M. S., Li, Y., Nevo, E. and Korol, A. 2003. Domestication quantitative trait loci in *Triticum dicoccoides*, the progenitor of wheat. **PNAS** 100: 2489-2494.

Pflüger, L., D'ovidio, R., Margiotta, B., Pena, R., Mujeeb-Kazi, A. and Lafiandra, D. 2001. Characterisation of high and low molecular weight glutenin subunits associated to the D genome of *Aegilops tauschii* in a collection of synthetic hexaploid wheats. **Theoretical and Applied Genetics** 103: 1293-1301.

R Core Team. 2020. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. (http://www.R-project.org/).

Rana, R. M., Bilal, M., Rehman, S. U., Iqbal, F. and Shah, M. K. N. 2013. Synthetic wheat: A new hope for the hungry world. **Asian Journal of Agriculture and Biology** 1: 91-94.

Rebetzke, G. and Richards R. A. 1999. Genetic improvement of early vigour in wheat. **Australian Journal of Agricultural Research** 50: 291-302.

Rebetzke, G. J., Richards, R. A., Fettell, N. A., Long, M., Condon, A. G., Forrester, R. I. and Botwright, T. L. 2007. Genotypic increases in coleoptile length improves stand establishment, vigour and grain yield of deep-sown wheat. **Field Crops Research** 100: 10-23.

Rebetzke, G. J., Richards, R. A., Fischer, V. M. and Mickelson, B. J. 1999. Breeding long coleoptile, reduced height wheats. **Euphytica** 106: 159-168.

Reynolds, M., Dreccer, F. and Trethowan, R. 2006. Drought-adaptive traits derived from wheat wild relatives and landraces. **Journal of Experimental Botany** 58: 177-186.

Rodríguez, F., Alvarado, G., Pacheco, Á. and Burgueño, J. 2017. ACBD-R. Augmented Complete Block Design with R for Windows. Ver. 3.0. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT).

Schneider, C. A., Rasband, W. S. and Eliceiri, K. W. 2012. NIH Image to ImageJ: 25 years of image analysis. **Nature Methods** 9: 671-675.

Sharma, R. C. 1994. Early generation selection for grain-filling period in wheat. **Crop Science** 34: 945-948.

Talbot, S., Ogbonnaya, F., Chalmers, K., Mather, D., Appels, R., Eastwood, R., Lagudah, E., Langridge, P., Mackay, M. and McIntyre, L. 2008. Is synthetic hexaploid wheat a useful germplasm source for increasing grain size and yield in bread wheat breeding? Proceedings of the 11th International Wheat Genetics Symposium, 24-29 Aug. 2008, Brisbane, Qld., Australia.

Trethowan, R. M., Reynolds, M. P., Sayre, K. D. and Ortiz-Monasterio, I. 2005. Adapting wheat cultivars to resource conserving farming practices and human nutritional needs. **Annals of Applied Biology** 146: 404-413.

Valkoun, J. 2001. Wheat pre-breeding using wild progenitors. **Euphytica** 119: 17-23.

van Ginkel, M. and Ogbonnaya, F. 2007. Novel genetic diversity from synthetic wheats in breeding cultivars for changing production conditions. **Field Crops Research** 104: 86-94.

Wang, D. 2009. Wide hybridization: engineering the next leap in wheat yield. **Journal of Genetics and Genomics** 9: 509-510.

Yu, J.-B. and Bai, G.-H. 2010. Mapping quantitative trait loci for long coleoptile in Chinese wheat landrace Wangshuibai. **Crop Science** 50: 43-50.

Zhang, K., Wang, J., Zhang, L., Rong, C., Zhao, F., Peng, T., Li, H., Cheng, D., Liu, X., Qin, H., Zhang, A., Tong, Y. and Wang, D. 2013. Association analysis of genomic loci important for grain weight control in elite common wheat varieties cultivated with variable water and fertiliser supply. **PLoS ONE** 8: e57853.

doi: 10.22124/cr.2020.15856.1581

University of Guilan
Faculty of Agricultural Sciences

(Research Article)

Cereal Research
Vol. 10, No. 2, Summer 2020 (149-165)

Assessing morpho-phenological characteristics of synthetic hexaploid wheats

Ali Izanloo[1*], Somayeh Alipour Moghaddam[2], Mohammad Ghader Ghaderi[3] and Alireza Samadzadeh[4]

Received: March 13, 2020 Accepted: September 5, 2020

Abstract

Synthetic hexaploid wheats (SHWs), amphiploids resulting from the crosses between durum wheat and *Aegilops* species, are valuable resources for enhancing wheat genetic diversity and useful for the exploitation of alleles outside the primary wheat gene pool. In this research, 50 SHW lines along with five bread wheat cultivars as controls (Onfarm4, Arg, Ofogh, Narin, Backcross Roshan) were evaluated based on different morpho-phenological traits in the laboratory and research field of Faculty of Agriculture, University of Birjand, Iran. The results of analysis of variance showed that there was a significant difference between different genotypes for the studied traits except for the tiller number, indicating the existence of genetic diversity among genotypes. The estimated heritability for different traits ranged from 26% to 90%. Comparison of mean between SHW lines and the control cultivars showed that there were statistically significant differences for most of the studied traits except for spike length, tiller number and 1000-grain weight. Cluster analysis based on Ward's minimum variance method classified the studied genotypes into three clusters. Biplot diagram based on two principal components that accounted for 53.09% of the total variations also confirmed the grouping from the cluster analysis. The results of this study showed that the general superiority was related to the control cultivars, but high genetic diversity was observed among the synthetic wheat lines for many of the studied traits and therefore the superior lines for important traits can be selected as parents to produce new wheat cultivars in the future breeding programs.

Keywords: Coleoptile, Cluster analysis, Genetic diversity, Heritability, 1000-grain weight

1. Assoc. Prof., Dept. of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Birjand, Birjand, Iran
2. M. Sc. Graduate, Dept. of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Birjand, Birjand, Iran
3. Assist. Prof., Dept. of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Birjand, Birjand, Iran
4. Instructor, Dept. of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Birjand, Birjand, Iran
[*] Corresponding author: a.izanloo@birjand.ac.ir