ژنتیک نوین
دوره بیستم، شماره ٤، زمستان ١٤٠٤
صفحه ٣٢٠ - ٣٠٥

ارزیابی و شناسایی ژرم پلاسم گندم نان متحمل به تنش گرمای انتهای فصل

Evaluation and identification of bread wheat germplasm tolerant to terminal heat stress

نازنین امیر بختیار*[1]، مهدی زهراوی[1]، یوسف ارشد[1]، غلامعباس مشرف قهفرخی[2]، جواد مهدوی مجد[2]، محمد حسین افزاز[1]

١- بخش تحقیقات ژنتیک، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
٢- بخش تحقیقات اصلاح بذر، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، اهواز، ایران

Amirbakhtiar N*[1], Zahravi M[1], Arshad Y[1], Mosharraf Ghahfarrokhi Gh[2], Mahdavimajd J[2], Afzaz MH[1]

1- Genetic Research Department, Seed and Plant Improvement Institute (SPII), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
2- Agricultural and Natural Resources Research Center of Khuzestan, Agricultural Research,Education and Extension Organization (AREEO), Ahvaz, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: nabakhtiar@spii.ir

(تاریخ دریافت: ١٤٠٤/١١/٢٦ - تاریخ پذیرش: ١٤٠٥/٠٦/١٦)

چکیده

به‌منظور شناسایی منابع ژنتیکی متحمل به تنش گرما در گندم نان، ٢٢٤ نمونه ژنتیکی از کلکسیون بانک ژن گیاهی ملی ایران در مزرعه پژوهشی مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان در اهواز در دو شرایط نرمال و تنش گرما (از طریق دیرکاشت) مورد ارزیابی قرار گرفتند. آزمایش در قالب طرح آگمنت با سه رقم شاهد (چمران، چمران٢ و افلاک) اجرا شد و ده صفت مورفولوژیک و فنولوژیک شامل طول سنبله، وزن صد دانه، ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد گلچه در سنبلچه، روز تا ظهور سنبله، روز تا رسیدگی کامل، طول دوره پر شدن دانه و وزن دانه پنج سنبله اندازه‌گیری گردید. نتایج نشان داد میانگین کلیه صفات در شرایط تنش نسبت به شرایط نرمال کاهش یافت و بیشترین کاهش (٣٤/٦٨ درصد) به صفت وزن دانه پنج سنبله مربوط بود. همبستگی مثبت و معنی‌دار بین وزن دانه پنج سنبله با وزن صد دانه و تعداد دانه در سنبله در هر دو شرایط مشاهده شد. تعداد زیادی از نمونه‌های ژنتیکی برتر از ارقام شاهد از لحاظ صفات مختلف شناسایی شد. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، چهار مؤلفه اصلی را در هر شرایط شناسایی کرد که در مجموع بیش از ٧١ درصد (تنش) و ٧٧ درصد (نرمال) تغییرات را تبیین کردند. بر اساس ویژگی‌های استخراج‌شده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، نمونه‌های ژنتیکی KC13318، KC13320، KC13642 و KC13620 در هر دو شرایط نرمال و تنش گرما دارای ویژگی‌های مطلوب مرتبط با پتانسیل عملکرد، زودرسی و کارایی زایشی بودند. همچنین، نمونه ژنتیکی KC13645 در شرایط نرمال و نمونه KC13643 در شرایط تنش گرما نیز از این ویژگی‌ها برخوردار بودند. این نمونه‌ها می‌توانند به‌عنوان منابع ارزشمند در برنامه‌های اصلاحی برای توسعه ارقام گندم نان مقاوم به گرما مورد استفاده قرار گیرند.

واژه‌های کلیدی

گندم نان
تنش گرما
طرح آگمنت
تجزیه به مؤلفه‌های اصلی
ژرم‌پلاسم

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-22]

مقدمه

گندم نان (*Triticum aestivum* L.) به‌عنوان یکی از مهم‌ترین غلات پایه و منابع کالری در جهان شناخته می‌شود (Ullah et al. 2022) و با سهمی نزدیک به ۳۰ درصد از تولید جهانی غلات و ۵۰ درصد از تجارت جهانی، نقش قابل توجهی در تأمین غذای جمعیت جهانی ایفا می‌کند (Akter and Rafiqul 2017; Poudel and Poudel 2020). این محصول در بیش از ٤٠ کشور به‌عنوان غذای اصلی مصرف می‌شود و به‌ترتیب ۸۵ درصد کالری و ۸۲ درصد پروتئین مورد نیاز جمعیت جهان را فراهم می‌آورد (Chaves et al. 2013; Sharma et al. 2019). با توجه به پیش‌بینی افزایش جمعیت جهان تا ۹/۸ میلیارد نفر در سال ۲۰۵۰، برآورد شده است که نیاز به حدود ۱۹۸ میلیون تن دانه گندم اضافی وجود دارد (Akter and Rafiqul 2017; Yadav et al. 2022). سازمان خواربار و کشاورزی (FAO) نیز اعلام کرده است که تولید سالانه غلات باید حدود یک میلیارد تن افزایش یابد تا بتوان نیاز غذایی این جمعیت فزاینده را برآورده کرد. از این رو، افزایش تولید و بهره‌وری محصولات کشاورزی به یکی از الزامات اساسی قرن بیست‌ویکم تبدیل شده است (Iqbal et al. 2017; Poudel and Poudel 2020).

با توجه به تداوم تغییرات شرایط اقلیمی جهانی، انتظار می‌رود دما افزایش یابد. پیش‌بینی‌های اقلیمی برآورد می‌کنند که تا پایان قرن بیست و یکم، میانگین دمای محیط بین ۱ تا ٦ درجه سانتی‌گراد افزایش خواهد یافت (De Costa 2011; Akter and Rafiqul 2017) که این موضوع می‌تواند تأثیر قابل توجهی بر تولید محصولات کشاورزی داشته باشد. گندم که در مناطق گرمسیری و نیمه‌گرمسیری کشت می‌شود، با انواع تنش‌های غیرزیستی مواجه است و تنش‌های محیطی نامطلوب به‌طور چشمگیری می‌توانند تولید آن را کاهش دهند (Rahaie and Xue 2013; Poudel and Poudel 2020). همچنین پیش‌بینی شده است که این افزایش دما باعث کاهش عملکرد گندم بین ۱/٤ تا ٤/٦ درصد خواهد شد (Lamba et al. 2023).

دمای بالا یکی از مهم‌ترین عوامل محدودکننده رشد و نمو گیاه، عملکردهای فیزیولوژیکی، تشکیل دانه و در نهایت عملکرد محصول است. این تنش، با تأثیر منفی بر فرآیندهای متابولیکی از جمله سنتز پروتئین، غیرفعال شدن آنزیم‌ها و تخریب غشای سلولی، همچنین با اختلال در تقسیم سلولی، رشد گندم را مختل می‌کند (Lamba et al. 2023). مطالعات متعددی کاهش عملکرد گندم بین ٦/٤ تا ۲۷ درصد را با افزایش هر یک درجه سانتی‌گراد دما گزارش کرده‌اند (Liu et al. 2016; Bergkamp et al. 2018). حساسیت گندم به دمای بالا در مرحله زایشی بیشتر از مرحله رویشی است؛ در گندم، بازه دمایی ۲۲ تا ۲۵ درجه سانتی‌گراد در مرحله گرده‌افشانی تا رسیدگی دانه به‌عنوان دمای بهینه شناخته می‌شود و افزایش دما فراتر از این محدوده منجر به آسیب‌های برگشت‌ناپذیر می‌شود. در کشت دیرهنگام، دمای بالای ۲۵ تا ۳۲ درجه سانتی‌گراد در مراحل گرده‌افشانی و پر شدن دانه سبب رسیدگی زودرس و کاهش چشمگیر عملکرد دانه می‌گردد (Lamba et al. 2023).

شناسایی ژنوتیپ‌های مقاوم به گرما برای برنامه‌های اصلاحی امری حیاتی به شمار می‌رود (Lamba et al. 2023). توسعه ارقام گندم مقاوم به گرما روشی کارآمد و عملی برای مقابله با افزایش دما در اکوسیستم‌های تولید گندم است که گام نخست آن شامل غربال‌گری در محیط‌های آزمایشی و انتخاب ارقام نسبتاً مقاوم می‌باشد (Liu et al. 2018; Yadav et al. 2022). این ارقام منتخب می‌توانند در برنامه‌های اصلاحی برای تحمل به گرما مورد استفاده قرار گیرند. ژنوتیپ‌های مقاوم به تنش را می‌توان با کشت لاین‌های پیشرفته گندم در شرایط نرمال و تنش شناسایی کرد (Khan and Kabir 2014; Kamrani et al. 2018). بهره‌برداری از تنوع ژنتیکی موجود در ژنوتیپ‌های مختلف گندم، اصلاحگران گیاهی را در ایجاد ژنوتیپ‌های مقاوم به گرما یاری می‌کند؛ با این حال، انتخاب رویکرد مناسب برای گزینش ارقام مقاوم به گرما از مهم‌ترین و چالش برانگیزترین مراحل کار اصلاحگران به شمار می‌رود (Lamba et al. 2023). اگرچه در گذشته تمرکز اصلاحگران بیشتر بر بهبود عملکرد بود و تلاش کافی برای شناسایی الل‌های مطلوب در ژرم‌پلاسم گندم به منظور تحمل گرما انجام نشده بود (Akter and Rafiqul 2017; Ni et al. 2018)، اما با درک پیامدهای تغییرات اقلیمی، پژوهش‌ها اکنون به توسعه ژنوتیپ‌های مقاوم به گرما معطوف شده است. رویکردهای اصلاحی متداول شامل غربالگری و انتخاب ژرم‌پلاسم به‌علاوه

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-22]

اصلاح مولکولی، راهبردهای ژنتیکی امیدبخشی برای توسعه ژنوتیپ‌های مقاوم به گرما به شمار می‌روند (Akter and Rafiqul 2017; Liu et al. 2018). با این حال، غربالگری ژنوتیپ‌های گندم در شرایط طبیعی تنش گرمایی و محیط‌های مکانی مختلف دشوار است و تاکنون معیار انتخاب ثابتی برای ارزیابی مواد ژنتیکی متنوع از نظر تحمل به گرما تدوین نشده است. معیارها و روش‌های انتخاب معمولاً بر اساس ویژگی‌هایی تعیین می‌شوند که همبستگی مثبتی با عملکرد بالاتر دانه در شرایط نامساعد گرمایی دارند (Akter and Rafiqul 2017).

نژادهای بومی (Landraces) به‌عنوان منبع مهمی از تنوع ژنتیکی شناخته می‌شوند، زیرا دارای سازگاری بالایی با شرایط سخت محیطی هستند و به‌دلیل مقادیر بالای کلروفیل برگ و هدایت روزنه‌ای بیشتر، تحمل قابل توجهی نسبت به تنش گرمایی دارند. از این رو، انتقال صفات تحمل گرما از این نژادهای بومی به گونه‌های گندم زراعی از طریق برنامه‌های اصلاحی می‌تواند در تولید ژنوتیپ‌های مقاوم به گرما مؤثر باشد (Lopes et al. 2015). تاکنون چندین ژنوتیپ گندم که در سراسر جهان کشت شده و مقاومت نسبی به تنش‌های غیرزیستی دارند، از نژادهای بومی اصلاح و تولید شده‌اند (Ullah et al. 2022). در سال‌های اخیر، تمرکز اصلاح‌گران گندم بر بهره‌گیری از اکوتیپ‌های بومی برای توسعه ارقام مقاوم به تنش گرمایی معطوف شده است (Ortiz-Monasterio et al. 2007). سوابق تحقیقات انجام شده در گذشته نیز نشان‌دهنده ظرفیت بالای ذخایر ژنتیکی گندم بدین منظور بوده است (Arshad et al. 2013; Amirbakhtiar et al. 2023). در این راستا مطالعه حاضر نیز در ادامه تحقیقات گذشته با هدف ارزیابی نمونه‌های ژنتیکی کلکسیون گندم نان و شناسایی منابع متحمل به تنش گرما انجام شد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی این تحقیق شامل ۲۲٤ نمونه ژنتیکی گندم نان از کلکسیون گندم نان بانک ژن گیاهی ملی ایران بود. نمونه‌های ژنتیکی مذکور در سال زراعی ۹۶-۹۵، در مزرعه پژوهشی مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان در اهواز در شرایط نرمال و تنش گرما مورد بررسی قرار گرفتند.

بدین منظور کشت در دو تاریخ انجام شد که عبارت بود از اوایل آذر ماه به‌عنوان تاریخ کاشت مناسب (شرایط نرمال) با دمای متوسط حداکثر ۲۵/۳ در زمان گرده افشانی و دمای متوسط حداکثر ۲۷/۵ در طول دوره پر شدن دانه و نیمه دوم دی ماه (دیرکاشت به منظور ایجاد تنش گرما در مراحل مختلف رشد و نمو، بالاخص مراحل ظهور سنبله، گرده افشانی و طول دوره پر شدن دانه با دمای متوسط حداکثر ۳۲/٤ در مرحله گرده افشانی و دمای متوسط حداکثر ۳۳/۵ در دوره پر شدن دانه).

نمونه‌های ژنتیکی در هر دو شرایط نرمال و تنش در قالب طرح آزمایشی طرح آگمنت کشت شدند. طرح آگمنت در قالب ۸ بلوک پیاده شد و در هر بلوک، ۲۸ نمونه ژنتیکی به همراه سه رقم شاهد چمران، چمران۲ و افلاک در نظر گرفته شد. هر نمونه ژنتیکی در یک خط ۲/۵ متری (۱۰۰ بوته بر روی یک خط) به فاصله ۵۰ سانتی‌متر نسبت به خط مجاور کشت گردید. آبیاری به روش کرتی انجام شد. صفات طول سنبله، وزن صد دانه، ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد گلچه در سنبلچه، روز تا ظهور سنبله، روز تا رسیدگی کامل و طول دوره پر شدن دانه و وزن دانه پنج سنبله طبق دستورالعمل مؤسسه بین المللی ذخایر توارثی گیاهی (IBPGR 1978) مورد ارزیابی قرار گرفت. برداشت نمونه‌های ژنتیکی مربوط به شرایط نرمال (تاریخ کاشت مطلوب)، در اواخر دهه دوم فروردین و برداشت نمونه‌های ژنتیکی مربوط به شرایط تنش گرما (تاریخ کاشت دیرهنگام) در اوایل دهه دوم اردیبهشت انجام شد. آماره‌های توصیفی برای صفات مورد ارزیابی محاسبه شد. برای پی بردن به ارتباط صفات، ضرایب همبستگی بین آن‌ها برآورد شد. برای کاهش ابعاد داده‌ها و بررسی الگوی تغییرات میان نمونه‌های ژنتیکی، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (Principal Component Analysis; PCA) بر اساس ماتریس همبستگی صفات استاندارد شده انجام شد. پیش از انجام تجزیه، به دلیل تفاوت واحد اندازه‌گیری صفات، داده‌ها استانداردسازی (میانگین صفر و واریانس یک) شدند. تعداد مؤلفه‌های اصلی بر اساس مقدار ویژه (Eigen value) بزرگ‌تر از یک و همچنین درصد واریانس تبیین‌شده توسط مؤلفه‌ها تعیین

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-22]

شد. سپس نمودار دوطرفه (Biplot) با استفاده از دو مؤلفه اصلی اول که بیشترین سهم را در تبیین تغییرات داده‌ها داشتند، ترسیم شد و بر اساس موقعیت نمونه‌های ژنتیکی در چهار ربع نمودار، الگوی پراکنش و روابط میان ژنوتیپ‌ها و صفات مورد بررسی قرار گرفت. از تجزیه خوشه‌ای به روش K means برای گروه‌بندی نمونه‌های ژنتیکی استفاده شد. برای تعیین تعداد گروه‌ها (K)، بیشترین تعداد صفات معنی‌دار بین گروه ها به‌عنوان معیار قرار گرفت. تفکیک و تمایز نمونه‌های ژنتیکی مبتنی بر گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای با استفاده از تجزیه مقیاس بندی چند بعدی و رسم نمودار مورد بررسی قرار گرفت. محاسبات آماری و رسم نمودارها توسط نرم‌افزار R، نسخه ٤,٣,٢ تحت محیط R studio، نسخه ٢٠٢٣,٩,١,٤٩٤ انجام شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس طرح آگمنت نشان داد که در شرایط نرمال تفاوت بین بلوک‌ها برای صفات مختلف به جز ارتفاع بوته و در شرایط تنش به جز ارتفاع بوته و وزن دانه پنج سنبله معنی‌دار نبود (نتایج ارائه نشده است) و لذا مقادیر این صفات جهت رفع اثر بلوک تصحیح شد. پیروی داده‌ها از توزیع نرمال توسط آزمون نرمالیتی، قبل و بعد از انجام تصحیحات بررسی شد و نتایج حاکی از انطباق مشاهدات با توزیع نرمال بود. آماره‌های توصیفی صفات ارزیابی شده در دو شرایط نرمال و تنش گرما در جدول ١ ارائه شده است. در مقایسه بین دو شرایط، میانگین تمام صفات در شرایط تنش گرما نسبت به شرایط نرمال، کاهش نشان داد. بیشترین کاهش میانگین (٣٤/٦٨ درصد) مربوط به صفت وزن دانه پنج سنبله بود و بعد از آن صفت ارتفاع بوته با ٢٣/٦٠ درصد، بیشترین کاهش میانگین را نشان داد. صفات تعداد دانه در سنبله، وزن صد دانه، روز تا ظهور سنبله، روز تا رسیدگی کامل و طول دوره پرشدن دانه حدود ١٨ کاهش در میانگین نشان دادند و کمترین کاهش میانگین (٠/٦٥ درصد) مربوط به صفت تعداد گلچه در سنبلچه بود. دامنه تمام صفات به جز تعداد دانه در سنبله و تعداد سنبلچه در سنبله، کاهش نشان داد. بیشترین ضریب تغییرات در شرایط نرمال مربوط به صفت وزن دانه پنج سنبله (٣١/٩٢ درصد)، و بعد از آن مربوط به صفت طول دوره پرشدن دانه (٢٦/٢٧ درصد) بود. در شرایط تنش گرما صفات وزن دانه پنج سنبله و تعداد دانه در سنبله بیشترین ضریب تغییرات (به‌ترتیب ٣١/٧٦ و ٢٤/٩٨ درصد) را داشتند. در هر دو شرایط نرمال و تنش صفات روز تا رسیدگی کامل و تعداد گلچه در سنبلچه از کمترین ضریب تغییرات برخوردار بودند.

تعداد زیادی از نمونه‌های ژنتیکی در هر دو شرایط از لحاظ صفات مورد بررسی نسبت به ارقام شاهد برتری نشان دادند (شکل ١). این برتری بسته به اینکه نسبت به یک، دو یا سه رقم شاهد باشد در شکل ٢ با طیف رنگی نشان داده شده است. همان‌طور که مشاهده می‌شود تنوع زیادی بین نمونه‌های ژنتیکی از این لحاظ وجود داشت. در شرایط نرمال تعداد ٣١ نمونه ژنتیکی وزن دانه پنج سنبله بیشتری نسبت به ارقام شاهد داشتند. همچنین تعداد ٤٩ و ٢٨ نمونه ژنتیکی به‌ترتیب دارای وزن صد دانه و تعداد دانه سنبله بیشتری نسبت به ارقام شاهد بودند. بیشترین وزن دانه پنج سنبله به نمونه‌های ژنتیکی KC13273، KC13318 و KC13580 (به‌ترتیب ١٢/٨٠، ١٢/٤٤ و ١١/٧٨ گرم)، بیشترین وزن صد دانه به نمونه‌های ژنتیکی KC13580، KC13557 و KC13273 (به‌ترتیب ٥/٤٨، ٥/٤٣ و ٥/٣٨ گرم) و بیشترین تعداد دانه در سنبله به نمونه‌های ژنتیکی KC13408 و KC13318 (به‌ترتیب ٥٨ و ٥٦ عدد) تعلق داشت (جدول ٢). همچنین نمونه‌های ژنتیکی KC13320 و KC13620 از لحاظ هفت صفت نسبت به ارقام شاهد برتر بودند. نمونه ژنتیکی KC13320، ارتفاع بوته، طول دوره پرشدن دانه، تعداد دانه در سنبله، وزن صد دانه و وزن دانه پنج سنبله بیشتر و روز تا ظهور سنبله و روز تا رسیدگی کامل کمتری نست به ارقام شاهد داشت. نمونه ژنتیکی KC13620، دارای ارتفاع بوته، طول دوره پرشدن دانه، طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن صد دانه و وزن دانه پنج سنبله بیشتر و روز تا ظهور سنبله کمتری نسبت به ارقام شاهد بودند.

در شرایط تنش، تعداد ١٨ نمونه ژنتیکی دارای وزن دانه پنج سنبله بیشتری نسبت به ارقام شاهد بودند. همچنین تعداد ٧٠ و ١٥ نمونه ژنتیکی به‌ترتیب وزن صد دانه و تعداد دانه سنبله بیشتری نسبت به ارقام شاهد داشتند.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-22]

جدول ۱- آماره‌های توصیفی نمونه‌های ژنتیکی گندم نان در ارزیابی برای تحمل به تنش گرمای انتهای فصل در اهواز

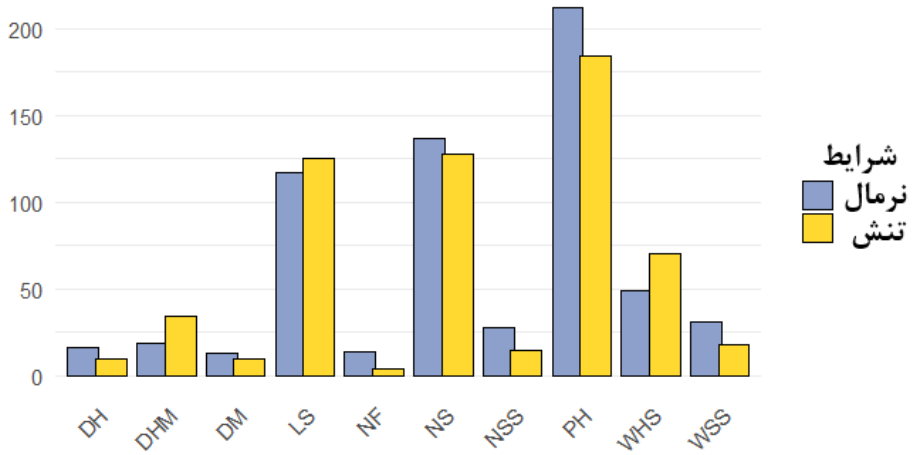
صفت	دامنه	حداقل	حداکثر	میانگین	انحراف معیار	ضریب تغییرات (درصد)
شرایط نرمال						
ارتفاع بوته	۸٤/۰	۵۸/۰	۱٤۲/۰	۱۱۷/۷۰	۱۵/۹۲	۱۳/۵۲
روز تا ظهور سنبله	۵۱/۰	۸۳/۰	۱۳٤/۰	۱۱۵/۰	۱۱/۲۷	۹/۸۰
روز تا رسیدگی کامل	٤۸/۰	۱۲۸/۰	۱۷٦/۰	۱٤۳/۱۰	٦/٦٤	٤/٦٤
طول دوره پرشدن دانه	٤۳/۰	۱٤/۰	۵۷/۰	۲۸/۰۹	۷/۳۸	۲٦/۲۷
طول سنبله	۱۲/۰	۷/۰	۱۹/۰	۹/۸۹	۱/۵٤	۱۵/۵٤
تعداد سنبلچه در سنبله	۱۵/۱۰	۸/۷۰	۲۳/۸۰	۱۸/۳۱	۲/٤۸	۱۳/۵۳
تعداد گلچه در سنبلچه	۱/٦۰	۲/٤۰	٤/۰	۳/۰٤	۰/۱۹	٦/۱٤
تعداد دانه در سنبله	٤۲/۰	۱٦/۰	۵۸/۰	۳۵/۷۳	۷/٦۸	۲۱/٤۸
وزن صد دانه	۳/۵٦	۱/۹۲	۵/٤۸	۳/۵۵	۰/۷۷	۲۱/٦۰
وزن دانه پنج سنبله	۹/۸٦	۲/۹٤	۱۲/۸۰	٦/۳۹	۲/۰٤	۳۱/۹۲
شرایط تنش						
ارتفاع بوته	٦٦/۰	۵۲/۲۵	۱۱۸/۲۵	۸۹/۹۲	۱۳/۱۸	۱٤/٦٦
روز تا ظهور سنبله	۳۰/۰	۸۰/۰	۱۱۰/۰	۹۳/۸۸	٦/۹۸	۷/٤٤
روز تا رسیدگی کامل	۲۸/۰	۱۰۷/۰	۱۳۵/۰	۱۱٦/۹٦	٦/۷۵	۵/۷۸
طول دوره پرشدن دانه	٤۲/۰	۹/۰	۵۱/۰	۲۳/۰۸	٤/۳۳	۱۸/۷۷
طول سنبله	۸/۲۰	٦/۰	۱٤/۲۰	۹/۳۵	۱/۲۸	۱۳/۷۲
تعداد سنبلچه در سنبله	۲۷/۹۰	۷/۹۰	۳۵/۸۰	۱٦/۸۱	۳/۰۱	۱۷/۹۲
تعداد گلچه در سنبلچه	۱/٤۰	۲/٦۰	٤/۰	۳/۰۳	۰/۱۳	٤/۲٦
تعداد دانه در سنبله	٤۷/٦۰	۸/۰	۵۵/٦۰	۲۹/۰٤	۷/۲۵	۲٤/۹۸
وزن صد دانه	۲/۳۵	۱/٦۰	۳/۹۵	۲/۸۹	۰/٤۵	۱۵/٦۷
وزن دانه پنج سنبله	۷/۱۳	۱/۲٤	۸/۳۷	٤/۱۸	۱/۳۳	۳۱/۷٦

بیشترین وزن دانه پنج سنبله به نمونه‌های ژنتیکی KC13320، KC13319 و KC13408 (به‌ترتیب با ۸/۳۷، ۸/۱۵ و ۸/۰ گرم) تعلق داشت (جدول ۲).

همچنین بیشترین وزن صد دانه به نمونه‌های ژنتیکی KC13558، KC13636 و KC13633 (به‌ترتیب ۳/۹۵، ۳/۸۹ و ۳/۸۰ گرم) و بیشترین تعداد دانه در سنبله به نمونه‌های ژنتیکی KC13642، KC13618 و KC13408 (به‌ترتیب ۵۵/٦۰، ٤۹/٤۰ و ٤۹/۰ عدد) متعلق بود. نمونه ژنتیکی KC13620 از لحاظ نه صفت نسبت به ارقام شاهد برتر بود. این نمونه ژنتیکی، ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد گلچه در سنبلچه، تعداد دانه در سنبله، وزن صد دانه و وزن دانه پنج سنبله بیشتر و روز تا ظهور سنبله و روز تا رسیدگی کمتری نسبت به ارقام شاهد داشت. همچنین نمونه‌های ژنتیکی KC13315 و KC13320 از لحاظ هشت صفت نسبت به ارقام شاهد برتری داشتند. نمونه ژنتیکی KC13315، دارای ارتفاع بوته، طول دوره پرشدن دانه، طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن صد دانه و وزن دانه پنج سنبله بیشتر و روز تا ظهور سنبله کمتری نست به ارقام شاهد بود. نمونه ژنتیکی KC13320، ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن صد دانه و وزن دانه پنج سنبله بیشتر و روز تا ظهور سنبله و روز تا رسیدگی کمتری نسبت به ارقام شاهد داشت.

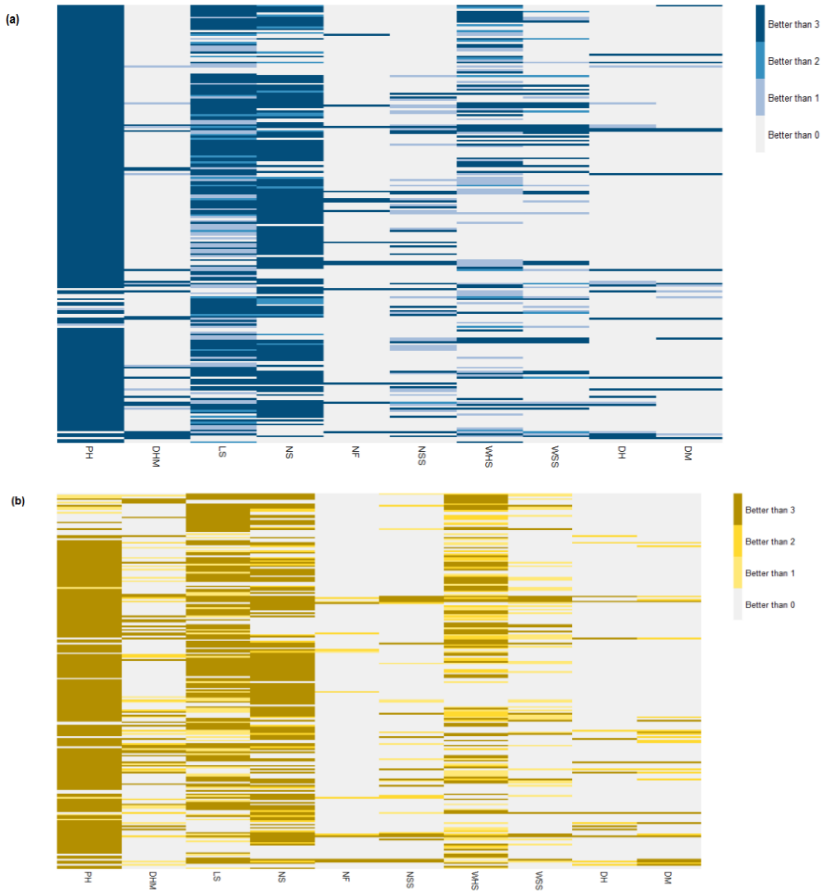
نتایج تجزیه همبستگی در شرایط نرمال نشان داد که بزرگ‌ترین ضریب همبستگی بین صفات روز تا سنبله‌دهی و روز تا رسیدگی کامل ($r=۰/۷۸^{**}$)، وزن دانه پنج سنبله و وزن صد دانه ($r=۰/۷٤^{**}$)، و وزن دانه پنج سنبله و تعداد دانه در سنبله ($r=۰/۷۲^{**}$) وجود داشت (شکل ۳a). بدین ترتیب صفت وزن دانه پنج سنبله بزرگ‌ترین همبستگی را با صفات وزن صد دانه و تعداد دانه داشت.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-22]



شکل ۱- نمودار میله‌ای تعداد نمونه‌های ژنتیکی گندم نان برتر از ارقام شاهد مورد ارزیابی در دو شرایط نرمال و تنش گرمای انتهای فصل در اهواز (نمونه‌های ژنتیکی با مقادیر بیشتر از بهترین رقم شاهد به‌عنوان نمونه‌های برتر در نظر گرفته شدند. در مقابل، برای صفات DH و DM که مقادیر کمتر آن‌ها مطلوب‌تر است، نمونه‌های ژنتیکی دارای مقادیر کمتر از بهترین رقم شاهد به‌عنوان نمونه‌های برتر محسوب شدند)

PH: ارتفاع بوته، DH: روز تا ظهور سنبله، DM: روز تا رسیدگی کامل، DHM: طول دوره پرشدن دانه، LS: طول سنبله، NS: تعداد سنبلچه در سنبله، NF: تعداد گلچه در سنبلچه، NSS: تعداد دانه در سنبله، WHS: وزن صد دانه، WSS: وزن دانه پنج سنبله



شکل ۲- نقشه دمایی برتری نمونه‌های ژنتیکی نسبت به یک، دو یا هر سه رقم شاهد از لحاظ صفات مورد ارزیابی در نمونه‌های ژنتیکی گندم نان تحت شرایط نرمال (a) و تنش گرمای انتهای فصل (b) در اهواز

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-22]

جدول ۲- برخی از نمونه‌های ژنتیکی گندم نان برتر از ارقام شاهد از لحاظ تعدادی از صفات مورد ارزیابی برای تحمل به تنش گرمای انتهای فصل در اهواز

صفت	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	طول سنبله (سانتی‌متر)	روز تا رسیدگی کامل (روز)	تعداد دانه در سنبله (عدد)	وزن صد دانه (گرم)	وزن دانه پنج سنبله (گرم)
شرایط نرمال						
KC13273	۱۲۲/۰	۱۱/۴۰	۱۳۶/۰	۴۷/۶۰	۵/۳۸	۱۲/۸۰
KC13292	۱۱۷/۰	۱۰/۵۰	۱۳۶/۰	۴۲/۶۰	۵/۰	۱۰/۶۶
KC13318	۹۸/۰	۹/۵۰	۱۳۵/۰	۵۶/۰	۴/۴۴	۱۲/۴۴
KC13320	۹۳/۰	۹/۰	۱۳۰/۰	۴۶/۶۰	۴/۳۳	۱۰/۱۰
KC13335	۱۳۳/۰	۱۰/۸۰	۱۳۹/۰	۴۲/۶۰	۵/۰۸	۱۰/۸۱
KC13408	۱۳۹/۰	۸/۰	۱۴۹/۰	۵۸/۰	۳/۸۰	۱۱/۰۲
KC13557	۱۲۸/۰	۱۱/۰	۱۳۶/۰	۴۳/۰	۵/۴۳	۱۱/۶۸
KC13558	۱۳۳/۰	۱۰/۱۰	۱۴۴/۰	۴۸/۰	۴/۴۰	۱۰/۵۵
KC13580	۱۲۶/۰	۱۱/۷۰	۱۳۶/۰	۴۳/۰	۵/۴۸	۱۱/۷۸
KC13620	۱۱۶/۰	۱۲/۲۰	۱۴۰/۰	۴۴/۰	۴/۷۴	۱۰/۴۳
KC13624	۱۲۲/۰	۱۰/۴۰	۱۴۲/۰	۵۳/۰	۴/۱۹	۱۱/۱۱
KC13645	۱۱۷/۰	۷/۹۰	۱۳۵/۰	۴۸/۰	۳/۷۶	۹/۰۳
Aflak	**۸۷/۸۸**	**۹/۹۳**	**۱۳۳/۸۸**	**۴۴/۱۰**	**۳/۵۶**	**۷/۸۳**
Chamran	**۹۲/۵۳**	**۸/۳۶**	**۱۳۳/۳۸**	**۴۰/۳۳**	**۴/۰۶**	**۸/۲۱**
Chamran2	**۸۹/۲۵**	**۹/۴۴**	**۱۳۴/۱۳**	**۴۴/۸۳**	**۳/۹۱**	**۸/۷۵**
شرایط تنش						
KC13225	۹۶/۲۵	۱۰/۷۰	۱۱۰/۰	۳۹/۴۰	۳/۷۳	۷/۳۴
KC13315	۱۰۴/۹۰	۹/۲۰	۱۰۸/۰	۴۱/۶۰	۳/۲۴	۷/۴۱
KC13318	۱۰۴/۹۰	۹/۹۰	۱۰۹/۰	۴۶/۴۰	۳/۰۹	۷/۸۴
KC13319	۱۰۵/۹۰	۱۱/۰	۱۰۸/۰	۴۲/۰	۳/۵۶	۸/۱۵
KC13320	۸۴/۹۰	۹/۶۰	۱۰۷/۰	۴۴/۶۰	۳/۴۵	۸/۳۷
KC13361	۶۶/۵۸	۱۰/۴۰	۱۱۷/۰	۴۳/۴۰	۳/۱۶	۶/۸۲
KC13408	۱۰۳/۹۱	۸/۴۰	۱۱۰/۰	۴۹/۰	۲/۹۷	۸/۰
KC13553	۹۶/۵۸	۹/۲۰	۱۰۸/۰	۴۷/۰	۳/۰۹	۶/۹۰
KC13618	۷۸/۲۵	۹/۰	۱۰۸/۰	۴۹/۴۰	۳/۰۷	۷/۲۷
KC13620	۱۰۳/۲۵	۱۱/۲۰	۱۰۷/۰	۴۲/۰	۳/۳۷	۶/۷۶
KC13642	۷۳/۲۵	۱۰/۰	۱۰۷/۰	۵۵/۶۰	۲/۶۸	۷/۱۲
KC13643	۷۸/۲۵	۹/۵۰	۱۰۷/۰	۴۴/۰	۲/۸۲	۵/۸۹
Aflak	**۷۸/۰**	**۹/۱۶**	**۱۰۸/۵۰**	**۳۵/۹۵**	**۲/۷۷**	**۴/۹۸**
Chamran	**۷۷/۳۷**	**۸/۴۱**	**۱۰۸/۳۸**	**۳۸/۴۸**	**۳/۱۱**	**۵/۹۸**
Chamran2	**۷۴/۳۷**	**۹/۱۳**	**۱۰۷/۲۵**	**۴۱/۲۸**	**۲/۹۴**	**۶/۰۵**

وزن دانه پنج سنبله همچنین با صفات روز تا رسیدگی کامل و روز تا ظهور سنبله (به‌ترتیب با $r=-۰/۴۱^{**}$ و $r=-۰/۴۸^{**}$) دارای همبستگی منفی بود. صفت وزن صد دانه بزرگ‌ترین همبستگی مثبت را با وزن دانه پنج سنبله داشت و با صفات روز تا رسیدگی کامل و روز تا ظهور سنبله (به‌ترتیب با $r=-۰/۴۱^{**}$ و $r=-۰/۴۴^{**}$) دارای همبستگی منفی بود. تعداد دانه در سنبله نیز بزرگ‌ترین همبستگی مثبت را با وزن دانه پنج سنبله داشت و با صفات روز تا رسیدگی کامل و روز تا ظهور سنبله (به‌ترتیب با $r=-۰/۲۰^{*}$ و $r=-۰/۲۵^{**}$) دارای همبستگی منفی بود.

در شرایط تنش، بزرگ‌ترین ضریب همبستگی بین صفات روز تا سنبله‌دهی و روز تا رسیدگی کامل ($r=۰/۸۰^{**}$) و وزن دانه پنج سنبله و تعداد دانه در سنبله ($r=۰/۷۹^{**}$) مشاهده شد (شکل ۳b). لذا بزرگ‌ترین همبستگی با وزن دانه پنج سنبله برای صفت تعداد دانه در سنبله وجود داشت. وزن دانه پنج سنبله همچنین با صفات روز تا رسیدگی کامل و روز تا ظهور سنبله (به‌ترتیب با $r=-۰/۳۲^{**}$ و $r=-۰/۴۵^{**}$) دارای همبستگی منفی بود. بزرگ‌ترین همبستگی صفت وزن صد دانه با صفت وزن دانه پنج سنبله ($r=۰/۴۳^{**}$) مشاهده شد. تعداد دانه در سنبله با صفات روز تا

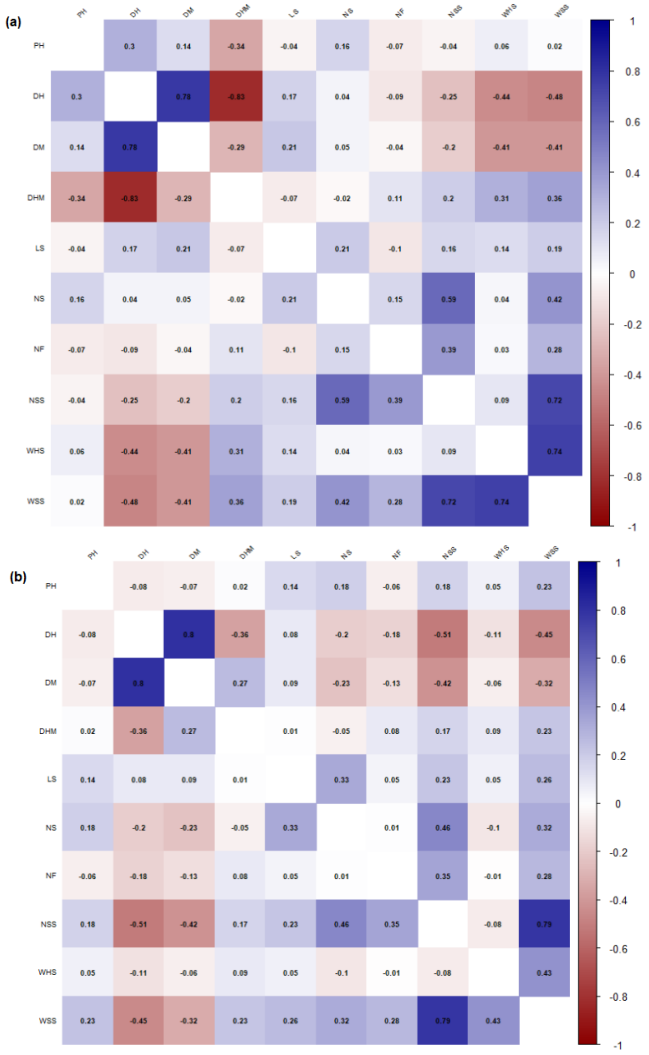
[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-22]

رسیدگی کامل و روز تا ظهور سنبله (به‌ترتیب با r=-۰/۴۲** و r=۰/-۵۱**) دارای همبستگی منفی بود.

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در شرایط نرمال نشان داد که چهار مؤلفه اصلی ۷۷/۹۵ درصد از کل تغییرات را شامل شدند (جدول ۳). در مؤلفه اصلی اول صفات وزن دانه پنج سنبله، طول دوره پرشدن دانه، وزن صد دانه و تعداد دانه در سنبله دارای بزرگ‌ترین ضریب مثبت بودند و صفات ارتفاع بوته، روز تا رسیدگی کامل و روز تا ظهور سنبله، ضریب منفی داشتند. بنابراین مؤلفه اصلی اول را می‌توان به‌عنوان شاخص عملکرد بالا همراه با رشد کوتاه‌تر و زودرس‌تر تفسیر کرد. نمونه‌های ژنتیکی KC13318، KC13320، KC13645، KC13642 و KC13620 دارای بیشترین مقدار عددی برای این مؤلفه اصلی بودند.

در مؤلفه اصلی دوم صفات تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد دانه در سنبله دارای بزرگ‌ترین ضریب مثبت بودند و صفت طول دوره پرشدن دانه ضریب منفی داشتند.

این مؤلفه را می‌توان شاخص پتانسیل باروری سنبله علیرغم طول دوره پرشدن دانه کوتاه‌تر دانست. نمونه‌های ژنتیکی KC13408، KC13376، KC13409، KC13558 و KC13371 دارای بیشترین مقدار عددی برای این مؤلفه اصلی بودند.



شکل ۳- نقشه دمایی ضرایب همبستگی بین صفات ارزیابی شده در نمونه‌های ژنتیکی گندم نان تحت شرایط نرمال (a) و تنش گرمای انتهای فصل (b) در اهواز

PH: ارتفاع بوته، DH: روز تا ظهور سنبله، DM: روز تا رسیدگی کامل، DHM: طول دوره پرشدن دانه، LS: طول سنبله، NS: تعداد سنبلچه در سنبله، NF: تعداد گلچه در سنبلچه، NSS: تعداد دانه در سنبله، WHS: وزن صد دانه، WSS: وزن دانه پنج سنبله

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-22]

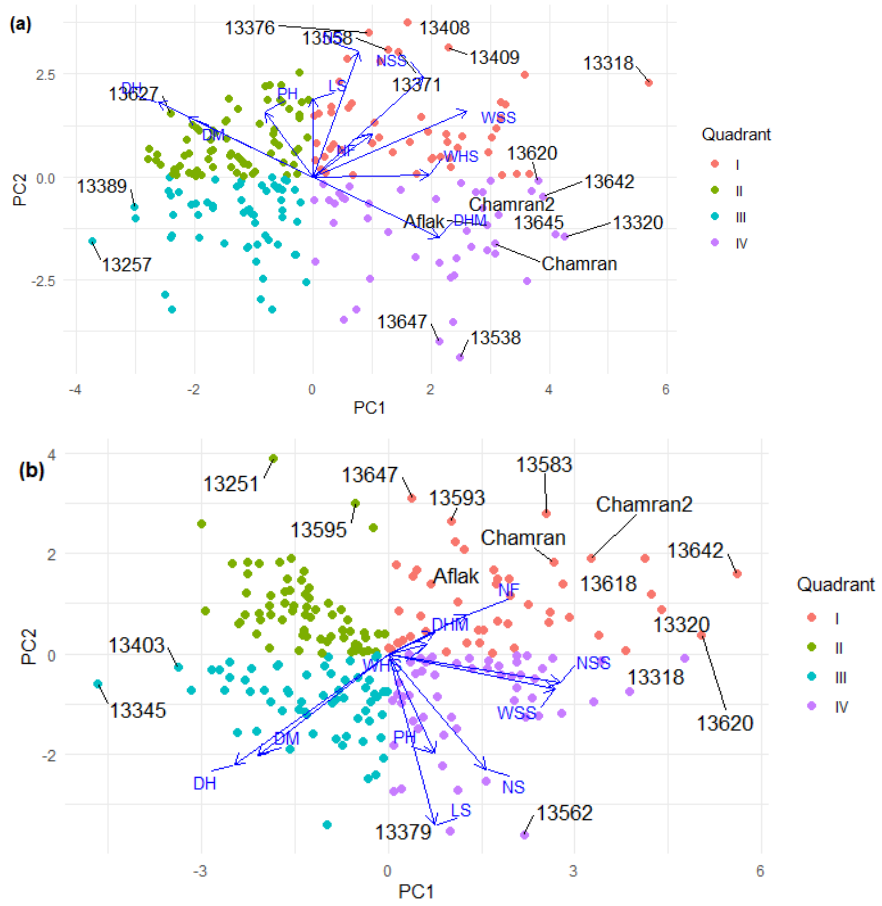
جدول ۳- بردارهای ویژه در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی صفات ارزیابی شده در نمونه‌های ژنتیکی گندم تحت تنش گرمای انتهای فصل در اهواز

صفت	مؤلفه اصلی			
	اول	دوم	سوم	چهارم
شرایط نرمال				
ارتفاع بوته	-۰/۱۴	۰/۲۷	۰/۴۱	-۰/۵۷
روز تا ظهور سنبله	-۰/۴۶	۰/۳۲	۰/۰۲	۰/۰
روز تا رسیدگی کامل	-۰/۳۷	۰/۲۵	-۰/۱۲	۰/۲۶
طول دوره پرشدن دانه	۰/۳۷	-۰/۲۶	-۰/۱۴	۰/۲۴
طول سنبله	۰/۰	۰/۳۳	۰/۲۷	۰/۷۰
تعداد سنبلچه در سنبله	۰/۱۴	۰/۵۳	-۰/۰۹	-۰/۰۳
تعداد گلچه در سنبلچه	۰/۱۸	۰/۱۸	-۰/۵۴	-۰/۲۴
تعداد دانه در سنبله	۰/۳۳	۰/۴۲	-۰/۲۹	-۰/۰۱
وزن صد دانه	۰/۳۵	۰/۰۱	۰/۵۵	-۰/۰۳
وزن دانه پنج سنبله	۰/۴۶	۰/۲۸	۰/۱۸	-۰/۰۳
مقدار ویژه	**۳/۴۴**	**۲/۰۱**	**۱/۲۶**	**۱/۰۹**
واریانس توجیه شده (درصد)	**۳۴/۳۸**	**۲۰/۰۹**	**۱۲/۶۱**	**۱۰/۸۷**
واریانس توجیه شده تجمعی (درصد)	**۳۴/۳۸**	**۵۴/۴۷**	**۶۷/۰۸**	**۷۷/۹۵**
شرایط تنش				
ارتفاع بوته	۰/۱۳	-۰/۳۵	۰/۰۲	۰/۳۶
روز تا ظهور سنبله	-۰/۴۴	-۰/۳۹	-۰/۰۳	-۰/۰۷
روز تا رسیدگی کامل	-۰/۳۷	-۰/۳۶	-۰/۴۳	-۰/۲۶
طول دوره پرشدن دانه	۰/۱۳	۰/۰۸	-۰/۶۲	-۰/۲۹
طول سنبله	۰/۱۳	-۰/۶۱	-۰/۰۵	-۰/۰۷
تعداد سنبلچه در سنبله	۰/۲۸	-۰/۴۱	۰/۳۲	-۰/۰۶
تعداد گلچه در سنبلچه	۰/۲۲	۰/۱۴	-۰/۱۲	-۰/۴۹
تعداد دانه در سنبله	۰/۴۹	-۰/۱۰	۰/۰۵	-۰/۲۴
وزن صد دانه	۰/۱۱	۰/۰۳	-۰/۴۹	۰/۶۳
وزن دانه پنج سنبله	۰/۴۸	-۰/۱۳	-۰/۲۶	۰/۱۱
مقدار ویژه	**۳/۱۳**	**۱/۵۰**	**۱/۳۵**	**۱/۱۴**
واریانس توجیه شده (درصد)	**۳۱/۲۵**	**۱۴/۹۵**	**۱۳/۴۹**	**۱۱/۳۷**
واریانس توجیه شده تجمعی (درصد)	**۳۱/۲۵**	**۴۶/۲۰**	**۵۹/۶۹**	**۷۱/۰۶**

در مؤلفه اصلی سوم صفات وزن صد دانه و ارتفاع بوته دارای بزرگترین ضریب مثبت بودند و صفات طول دوره پرشدن دانه، تعداد دانه در سنبله و تعداد گلچه در سنبلچه ضریب منفی داشتند. براین اساس مؤلفه اصلی سوم را می‌توان به عنوان شاخص درشتی دانه و ارتفاع گیاه در برابر تراکم بذر تعبیر کرد. نمونه‌های ژنتیکی KC13580، KC13222، KC13557، KC13602 و KC13325 دارای بیشترین مقدار عددی برای این مؤلفه اصلی بودند.

در مؤلفه اصلی چهارم صفت طول سنبله دارای بزرگترین ضریب مثبت بود و صفت ارتفاع بوته ضریب منفی داشت. بنابراین مؤلفه اصلی چهارم را می‌توان به عنوان شاخص طول سنبله مستقل از ارتفاع بوته معرفی کرد. نمونه‌های ژنتیکی KC13542، KC13536، KC13302، KC13526 و KC13528 دارای بیشترین مقدار عددی برای این مؤلفه اصلی بودند.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-22]



شکل ٤- نمودار دو طرفه مؤلفه‌های اصلی مبتنی بر صفات ارزیابی شده در نمونه‌های ژنتیکی گندم نان تحت شرایط نرمال (a) و تنش گرمای انتهای فصل (b) در اهواز
PH: ارتفاع بوته، DH: روز تا ظهور سنبله، DM: روز تا رسیدگی کامل، DHM: طول دوره پرشدن دانه، LS: طول سنبله، NS: تعداد سنبلچه در سنبله، NF: تعداد گلچه در سنبلچه، NSS: تعداد دانه در سنبله، WHS: وزن صد دانه، WSS: وزن دانه پنج سنبله

بررسی پراکنش نمونه‌های ژنتیکی بر اساس دو مؤلفه اصلی اول در شرایط نرمال (شکل ٤a) نشان داد که برخی نمونه‌ها با مقادیر مثبت در هر دو مؤلفه (واقع در ربع سمت راست بالا یا ناحیه اول)، از ترکیبی از عملکرد بالای سنبله (به‌واسطه وزن بالای دانه پنج سنبله، طول دوره پرشدن دانه مناسب، وزن صد دانه بیشتر و تعداد دانه در سنبله زیاد) در کنار قامت کوتاه‌تر و زودرسی برخوردار بودند و همزمان پتانسیل باروری بالایی در سطح سنبله داشتند. تعداد ٥٢ نمونه ژنتیکی در این ناحیه واقع شدند. بردار صفات LS (طول سنبله)، NS (تعداد سنبلچه در سنبله)، NF (تعداد گلچه در سنبلچه)، NSS (تعداد دانه در سنبله)، WHS (وزن صد دانه) و WSS (وزن دانه پنج سنبله) در ناحیه اول واقع شدند که نشان‌دهنده همبستگی مثبت آنها با هر دو مؤلفه اصلی می‌باشد.

در مقابل، گروهی از نمونه‌های ژنتیکی که در هر دو مؤلفه مقادیر منفی داشتند (واقع در ربع سمت چپ پائین یا ناحیه سوم)، هم از نظر شاخص‌های عملکرد و هم از نظر پتانسیل باروری سنبله در سطح پایین‌تری قرار گرفتند. تعداد ٦٠ نمونه ژنتیکی در این ناحیه قرار گرفتند.

برخی نمونه‌ها (واقع در ربع سمت راست پائین یا ناحیه چهارم) علی‌رغم داشتن ظرفیت عملکرد بالا و زودرسی (مقادیر مثبت در مؤلفه اول)، از نظر پتانسیل باروری سنبله پایین‌تر بودند (مقادیر منفی در مؤلفه دوم). تعداد ٤١ نمونه ژنتیکی به همراه ارقام شاهد در این ناحیه واقع شدند. بردار DHM (طول دور پرشدن دانه)، در ناحیه چهارم واقع شد که نشان‌دهنده همبستگی مثبت و منفی آن به ترتیب با مؤلفه اصلی اول و دوم می‌باشد.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-22]

در حالی که گروه دیگری (واقع در ربع چپ بالا یا ناحیه دوم) با وجود عملکرد پایین‌تر و دیررسی نسبی (مقادیر منفی در مؤلفه اول)، در شاخص‌های باروری سنبله برتری داشتند (مقادیر مثبت در مؤلفه دوم). این الگو نشان می‌دهد که ترکیب مطلوب هر دو مؤلفه می‌تواند در شناسایی ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد و کارایی زایشی نقش کلیدی ایفا کند. تعداد ۷۱ نمونه ژنتیکی در این ناحیه قرار گرفتند. بردار صفات PH (ارتفاع بوته)، DH (روز تا ظهور سنبله) و DM (روز تا رسیدگی کامل) در ناحیه دوم واقع شدند، که نشان‌دهنده همبستگی منفی و مثبت به ترتیب با مؤلفه اصلی اول دوم می‌باشد.

در شرایط تنش، چهار مؤلفه اصلی ۷۱/۰٦ درصد از کل تغییرات را در بر گرفتند (جدول ۳). در مؤلفه اصلی اول صفات تعداد دانه در سنبله و وزن دانه پنج سنبله بزرگترین ضریب مثبت را داشتند و صفات روز تا رسیدگی کامل و روز تا ظهور سنبله دارای ضریب منفی بودند. بنابراین مؤلفه اصلی اول شاخصی از ظرفیت دانه‌دهی سنبله همراه با زودرس بودن گیاه می‌باشد. نمونه‌های ژنتیکی KC13642، KC13620، KC13318، KC13320 و KC13618 دارای بزرگ‌ترین مقدار عددی برای این مؤلفه اصلی بودند.

در مؤلفه اصلی دوم صفت تعداد گلچه در سنبلچه دارای بزرگترین ضریب مثبت بود و صفات ارتفاع بوته، روز تا رسیدگی کامل، روز تا ظهور سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله و طول سنبله ضریب منفی داشتند. لذا این مؤلفه اصلی نمایانگر پتانسیل زایشی در سطح گلچه در برابر کاهش قامت و کوتاه‌تر بودن چرخه رشدی می‌باشد. نمونه‌های ژنتیکی KC13251، KC13647، KC13595، KC13583 و KC13593 دارای بزرگترین مقدار عددی برای این مؤلفه اصلی بودند.

در مؤلفه اصلی سوم صفت تعداد سنبلچه در سنبله دارای بزرگترین ضریب مثبت بود و صفات روز تا رسیدگی کامل، وزن صد دانه و طول دوره پرشدن دانه ضریب منفی داشتند. براین اساس مؤلفه اصلی سوم شاخصی از افزایش تعداد سنبلچه در سنبله در مقابل کاهش اندازه دانه و کوتاه‌تر بودن دوره پرشدن می‌باشد. نمونه‌های ژنتیکی KC13588، KC13515، KC13589، KC13246 و KC13592 دارای بزرگ‌ترین مقدار عددی برای این مؤلفه اصلی بودند.

در مؤلفه اصلی چهارم صفات وزن صد دانه و ارتفاع بوته دارای بزرگ‌ترین ضریب مثبت بود و صفات تعداد دانه در سنبله، روز تا رسیدگی کامل، طول دوره پر شدن دانه ضریب منفی داشت. بنابراین مؤلفه اصلی چهارم نمایانگر اندازه و وزن دانه همراه با قامت بلندتر گیاه می‌باشد. نمونه‌های ژنتیکی KC13633، KC13342، KC13588، KC13513 و KC13262 دارای بزرگ‌ترین مقدار عددی برای این مؤلفه اصلی بودند.

بر اساس پراکنش نمونه‌های ژنتیکی در بای‌پلات دو مؤلفه اصلی اول در شرایط تنش (شکل ٤b)، مشخص شد که گروهی از نمونه‌ها در بخش مثبت هر دو مؤلفه قرار گرفته (ربع سمت راست بالا یا ناحیه اول) و ترکیبی از ظرفیت بالای دانه‌دهی سنبله همراه با زودرسی، و نیز پتانسیل زایشی بالا در سطح سنبله همراه با قامت کوتاه‌تر و چرخه رشدی کوتاه‌تر را دارا بودند که می‌تواند آنان را به‌عنوان نمونه‌های برتر از نظر عملکرد و کارایی زایشی معرفی کند. تعداد ٤٤ نمونه ژنتیکی به‌همراه ارقام شاهد در این ناحیه واقع شدند. بردار صفات DHM (طول دوره پرشدن دانه)، NF (تعداد گلچه در سنبلچه) و WHS (وزن صد دانه) در این ناحیه قرار گرفتند که بیانگر همبستگی مثبت با هر دو مؤلفه اصلی می‌باشد.

در مقابل، گروهی از نمونه‌ها که در بخش منفی هر دو مؤلفه قرار داشتند (ربع سمت چپ پائین یا ناحیه سوم)، از نظر هر دو شاخص یادشده در سطح پایین‌تری قرار گرفتند و کمترین مزیت را نشان دادند. تعداد ٦۰ نمونه ژنتیکی در این ناحیه قرار گرفتند. بردار صفات DH (روز تا ظهور سنبله) و DM (روز تا رسیدگی کامل) در این ناحیه واقع شد که بیانگر همبستگی منفی این صفات با هر دو مؤلفه اصلی می‌باشد.

برخی نمونه‌ها با وجود قرارگیری در بخش مثبت مؤلفه اول و برخورداری از ظرفیت بالای دانه‌دهی و زودرسی، در مؤلفه دوم مقادیر منفی داشتند (ربع سمت راست پائین یا ناحیه چهارم) که بیانگر ضعف نسبی در پتانسیل زایشی در سطح گلچه و برخی صفات ساختاری مرتبط است. تعداد ۵۵ نمونه ژنتیکی در این ناحیه واقع شدند. بردار صفات PH (ارتفاع بوته)، LS (طول

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-22]

سنبله)، NS (تعداد سنبلچه در سنبله)، NSS (تعداد دانه در سنبله) و WSS (وزن دانه پنج سنبله) در این ناحیه قرار گرفت که بیانگر همبستگی مثبت و منفی این صفات به‌ترتیب با مؤلفه اصلی اول و دوم می‌باشد.

برعکس، نمونه‌هایی که در مؤلفه اول مقادیر منفی اما در مؤلفه دوم مقادیر مثبت داشتند (ربع سمت چپ بالا یا ناحیه دوم)، علی‌رغم ظرفیت پایین‌تر دانه‌دهی و دیررسی، از نظر ویژگی‌های زایشی در سطح گلچه و برخی صفات مورفولوژیک مطلوب‌تر بودند. تعداد ٦٥ نمونه ژنتیکی در این ناحیه قرار گرفتند.

نمونه‌های ژنتیکی با انجام تجزیه خوشه‌ای (K means) در ٦ گروه قرار گرفتند (جدول ٤). گروه اول شامل چهار عضو بود و ویژگی آن، دارا بودن بیشترین میانگین روز تا رسیدگی کامل، طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد گلچه در سنبلچه و تعداد دانه در سنبله در شرایط نرمال، بیشترین میانگین طول سنبله و تعداد سنبلچه در سنبله در شرایط تنش، کمترین میانگین ارتفاع بوته در شرایط نرمال و کمترین میانگین وزن صد دانه در شرایط تنش بود. گروه دوم، ۳۳ عضو را شامل شد. این گروه دارای بیشترین میانگین وزن صد دانه و وزن دانه پنج سنبله در شرایط نرمال و بیشترین میانگین ارتفاع بوته و وزن صد دانه در شرایط تنش بود. گروه سوم، ۱۵ نمونه ژنتیکی را به همراه سه رقم شاهد در برگرفت. این گروه دارای بیشترین میانگین طول دوره پرشدن دانه در شرایط نرمال، بیشترین میانگین طول دوره پرشدن دانه، تعداد گلچه در سنبلچه، تعداد دانه در سنبله و وزن دانه پنج سنبله در شرایط تنش، کمترین میانگین روز تا ظهور سنبله، روز تا رسیدگی کامل، طول سنبله و تعداد سنبلچه در سنبله در شرایط نرمال، و کمترین میانگین روز تا ظهور سنبله و روز تا رسیدگی کامل در شرایط تنش بود. گروه چهارم مشتمل بر ۵۰ نمونه ژنتیکی بود. این گروه دارای کمترین میانگین تعداد دانه در سنبله در شرایط نرمال، و کمترین میانگین ارتفاع بوته و طول دوره پرشدن دانه در شرایط تنش بود. تعداد ٤٠ نمونه ژنتیکی در گروه پنجم قرار گرفتند. این گروه با ویژگی کمترین میانگین وزن دانه پنج سنبله در شرایط نرمال، و کمترین میانگین تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن دانه پنج سنبله در شرایط تنش شناخته شد. گروه ششم، با تعداد ۸۲ نمونه ژنتیکی تشکیل شد و دارای بیشترین میانگین ارتفاع بوته و روز تا ظهور سنبله و کمترین میانگین طول دوره پرشدن دانه و وزن صد دانه در شرایط نرمال، و بیشترین میانگین روز تا ظهور سنبله و روز تا رسیدگی کامل در شرایط تنش بود.

نمونه‌های ژنتیکی براساس تقسیم‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای در نمودار مقیاس‌بندی چندبعدی تفکیک شدند (شکل ۵). همانطور که مشاهده می‌شود گروه‌ها تمایز مناسبی از یکدیگر نشان دادند که دقت تجزیه خوشه‌ای را تأیید می‌نماید.

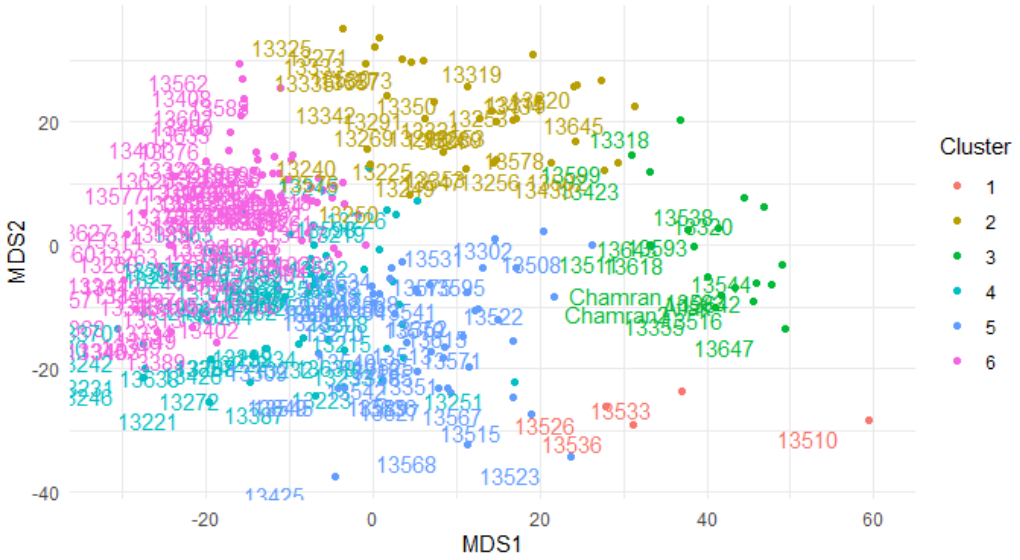
نتایج این پژوهش نشان دهنده‌ی پتانسیل بسیار بالای ژرم‌پلاسم گندم در تحمل به تنش گرمای انتهای فصل بود. براین اساس تعداد قابل توجهی از نمونه‌های مورد مورد بررسی در چندین صفت مهم عملکردی و فنولوژیک، عملکردی بهتر از ارقام شاهد داشتند. این امر، اهمیت این ذخایر ژنتیکی به‌عنوان منبعی ارزشمند از ژن‌های مرتبط با تحمل به گرما را به‌خوبی نشان می‌دهد. در پژوهش‌های پیشین نیز به نقش حیاتی ذخایر ژنتیکی گندم در افزایش تنوع ژنتیکی و به‌ویژه در مواجهه با تنش‌های غیرزنده، به‌ویژه گرما، اشاره شده است (Zahravi et al. 2021; Amirbakhtiar et al. 2023; Torabi et al. 2023).

جدول ٤- میانگین صفات در گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای نمونه‌های ژنتیکی گندم نان به روش K means در ارزیابی برای تحمل به تنش گرمای انتهای فصل در اهواز

صفت	خوشه					
	اول	دوم	سوم	چهارم	پنجم	ششم
شرایط نرمال						
ارتفاع بوته (سانتیمتر)	۶۰/۵۰	۱۲۱/۱۴	۹۳/۵۴	۱۲۵/۵۴	۱۰۱/۰۲	۱۲۶/۷۴
روز تا ظهور سنبله (روز)	۱۱۵/۵۰	۱۰۱/۴۲	۹۱/۶۹	۱۱۸/۵۲	۱۱۵/۸۵	۱۲۲/۲۸

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-22]

روز تا رسیدگی کامل (روز)	۱۵۱/۰	۱۳۵/۸۵	۱۳۳/۰۸	۱۴۴/۱۶	۱۴۳/۹۸	۱۴۶/۴۱
طول دوره پرشدن دانه (روز)	۳۵/۵۰	۳۴/۴۲	۴۱/۳۸	۲۵/۶۴	۲۸/۱۳	۲۴/۱۳
طول سنبله (سانتیمتر)	۱۰/۸۵	۹/۹۴	۸/۹۷	۹/۹۳	۱۰/۴۴	۹/۷۲
تعداد سنبلچه در سنبله	۱۹/۶۰	۱۹/۲۲	۱۷/۳۰	۱۷/۸۲	۱۷/۴۸	۱۸/۷۶
تعداد گلچه در سنبلچه	۳/۲۵	۳/۰۱	۳/۲۱	۳/۰۲	۳/۰۱	۳/۰۵
تعداد دانه در سنبله	۴۵/۲۵	۳۹/۸۳	۴۰/۴۴	۳۲/۲۲	۳۳/۱۱	۳۶/۲۸
وزن صد دانه (گرم)	۳/۲۰	۴/۵۱	۳/۸۵	۳/۶۶	۳/۳۲	۳/۱۷
وزن دانه پنج سنبله (گرم)	۷/۱۹	۹/۰۲	۷/۸۴	۵/۸۸	۵/۵۴	۵/۷۸
شرایط تنش						
ارتفاع بوته (سانتیمتر)	۹۰/۷۵	۱۰۳/۱۵	۸۲/۵۱	۷۴/۸۰	۸۵/۴۴	۹۷/۱۱
روز تا ظهور سنبله (روز)	۹۴/۵۰	۸۴/۷۳	۸۲/۰	۹۶/۰۴	۹۴/۶۳	۹۸/۰۵
روز تا رسیدگی کامل (روز)	۱۱۶/۵۰	۱۰۹/۶۷	۱۰۸/۳۴	۱۱۷/۶۲	۱۱۷/۹۸	۱۲۰/۵۹
طول دوره پرشدن دانه (روز)	۲۲/۰	۲۴/۹۴	۲۶/۳۴	۲۱/۵۸	۲۳/۳۵	۲۲/۵۴
طول سنبله (سانتیمتر)	۱۰/۱۰	۹/۷۱	۸/۷۶	۹/۲۸	۹/۰۵	۹/۴۶
تعداد سنبلچه در سنبله	۱۸/۷۰	۱۷/۹۲	۱۶/۸۲	۱۶/۲۱	۱۵/۸۳	۱۷/۰۹
تعداد گلچه در سنبلچه	۳/۰	۳/۰۴	۳/۱۹	۳/۰	۳/۰۲	۳/۰
تعداد دانه در سنبله	۳۵/۰	۳۴/۱۵	۳۹/۰۱	۲۶/۳۲	۲۵/۶۶	۲۸/۱۵
وزن صد دانه (گرم)	۲/۷۲	۳/۰۳	۲/۹۰	۲/۹۹	۲/۷۹	۲/۸۳
وزن دانه پنج سنبله (گرم)	۴/۳۱	۵/۲۶	۵/۵۹	۳/۸۶	۳/۳۲	۴/۰۹



شکل ۵- تفکیک نمونه‌های ژنتیکی گندم نان در نمودار دو طرفه مبتنی بر تجزیه مقیاس‌بندی چند بعدی در ارزیابی تحت تنش گرمای انتهای فصل در اهواز

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-22]

چنین ژنوتیپ‌هایی به‌دلیل سازگاری طولانی‌مدت با شرایط اقلیمی محلی، اغلب دارای مکانیسم‌های پیچیده و مؤثری برای مقابله با تنش گرما هستند که می‌توانند به‌عنوان منبع ژرم‌پلاسم در برنامه‌های به‌نژادی استفاده شوند.

در تحقیق حاضر، اعمال تنش گرمایی انتهای فصل منجر به کاهش معنی‌دار میانگین تمام صفات مورد بررسی شد که بیشترین کاهش مربوط به وزن دانه پنج سنبله و ارتفاع بوته بود. این یافته با گزارش امیدی و همکاران (Omidi et al. 2015) و رضایی‌زاده و همکاران (Rezaeizadeh et al. 2020) همخوانی دارد که بیان کردند عملکرد و اجزای آن به شدت تحت تأثیر تنش گرما قرار می‌گیرند و صفاتی مانند وزن هزار دانه و ارتفاع بوته از جمله صفات حساس به این تنش هستند. کاهش شدید وزن دانه پنج سنبله در تحقیق حاضر می‌تواند ناشی از اختلال در فرایند پر شدن دانه تحت اثر دمای بالا باشد که منجر به کوتاه‌تر شدن طول دوره پر شدن دانه و کاهش تجمع مواد فتوسنتزی در بذر می‌شود (Aasadalahzadeh et al. 2019).

کاهش دامنه تغییرات صفات در شرایط تنش (به جز در موارد معدود مانند تعداد دانه در سنبله) بیانگر اثر محدودکننده تنش گرما بر بروز تنوع ژنتیکی قابل مشاهده است. با این حال، وجود تعداد قابل توجهی نمونه برتر نسبت به ارقام شاهد، به‌ویژه در صفاتی چون وزن صد دانه و تعداد دانه در سنبله، نشان می‌دهد که می‌توان با انتخاب ژرم‌پلاسم دارای این ویژگی‌ها، تحمل به گرما را در برنامه‌های به‌نژادی افزایش داد (Arshad et al. 2013; Torabi et al. 2023).

تحلیل همبستگی نشان داد که وزن دانه پنج سنبله در هر دو شرایط نرمال و تنش، همبستگی مثبت و معنی‌داری با وزن صد دانه و تعداد دانه در سنبله داشت و با صفات فنولوژیک دیررسی (روز تا ظهور سنبله و روز تا رسیدگی کامل) همبستگی منفی نشان داد. این یافته مشابه گزارش امیربختیار و همکاران (Amirbakhtiar et al. 2023) است که نشان دادند زودرسی می‌تواند یکی از مکانیزم‌های فرار از تنش گرما باشد و ژنوتیپ‌های زودرس اغلب عملکرد بالاتری در شرایط تنش دارند. همبستگی منفی بین وزن دانه و صفات دیررسی بیانگر این است که کوتاه‌تر بودن چرخه رشدی به گیاه اجازه می‌دهد قبل از وقوع دماهای بحرانی، بخش عمده‌ای از فرایند پر شدن دانه را تکمیل کند.

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که ترکیب صفات مرتبط با عملکرد (وزن دانه پنج سنبله، وزن صد دانه، تعداد دانه) همراه با زودرسی و قامت کوتاه‌تر، شاخص مناسبی برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در شرایط نرمال و تنش است. این موضوع با نتایج گزارش‌شده توسط زهراوی و همکاران (Zahravi et al. 2021) و امیربختیار و همکاران (Amirbakhtiar et al. 2023) هم‌راستا است که در آن‌ها مؤلفه‌های اصلی به خوبی توانستند تنوع ژنتیکی را بر اساس صفات کلیدی عملکردی و فنولوژیک تفکیک کنند.

تحلیل بای‌پلات در هر دو شرایط نشان داد که ژنوتیپ‌های واقع در ربع اول (مقادیر مثبت در هر دو مؤلفه اصلی) بهترین ترکیب عملکرد بالا و پتانسیل باروری سنبله را داشتند. این الگو تأکید می‌کند که گزینش همزمان بر اساس هر دو مؤلفه می‌تواند منجر به شناسایی ژنوتیپ‌هایی شود که هم از لحاظ پایداری عملکرد و هم از لحاظ توان تولید بذر در شرایط تنش برتر هستند.

نتایج تجزیه خوشه‌ای نیز ژنوتیپ‌ها را به گروه‌های متمایزی تقسیم کرد که برخی از آن‌ها ویژگی‌های بارزی مانند بیشترین میانگین وزن دانه پنج سنبله یا بیشترین تعداد دانه در سنبله در شرایط تنش داشتند. گروه‌بندی حاصل با گزارش رضایی‌زاده و همکاران (Rezaeizadeh et al. 2020) و امیربختیار و همکاران (Amirbakhtiar et al. 2023) مطابقت دارد که نشان دادند تجزیه خوشه‌ای می‌تواند ابزار موثری در شناسایی گروه‌های ژرم‌پلاسم با الگوهای پاسخ مشابه به تنش باشد.

به‌طور کلی، یافته محوری این پژوهش آن است که ژرم‌پلاسم گندم، دارای توان بالقوه بالایی برای تحمل گرما و بهبود عملکرد در شرایط تنش است. شناسایی این نمونه‌ها، نه‌تنها ارزش علمی در شناخت مکانیسم‌های مقاومت به گرما دارد، بلکه از دیدگاه عملی، ذخیره ژنتیکی بسیار ارزشمندی را برای آینده اصلاح گندم در شرایط تغییرات اقلیمی فراهم می‌کند. همچنین نشان داد که صفاتی مانند وزن صد دانه، تعداد دانه در سنبله و زودرسی می‌توانند به‌عنوان شاخص‌های کلیدی در گزینش ژنوتیپ‌های متحمل به تنش گرما مورد استفاده قرار گیرند. علاوه بر این،

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-22]

استفاده همزمان از تحلیل‌های همبستگی، مؤلفه‌های اصلی و خوشه‌ای، قدرت تفکیک بالایی در شناسایی ژرم‌پلاسم برتر ایجاد می‌کند. نتایج حاضر ضمن تأیید یافته‌های پیشین، اطلاعات ارزشمندی برای برنامه‌های به‌نژادی گندم در مناطق گرم و خشک فراهم می‌سازد.

منابع

Aasadalahzadeh R, Hatami A, Naderi A (2019) Effect of drought and heat stress on grain yield and components yield of wheat genotypes. Crop Physiology Journal 11:119-138. (In Farsi).

Akter N, Rafiqul Islam M (2017) Heat stress effects and management in wheat. A review. Agronomy for Sustainable Development 37:37.

Amirbakhtiar N, Zahravi M, Arshad Y, Mahdavimajd J, Afraz MH (2023) Identification of bread wheat accessions tolerant to terminal heat stress. Cereal Research 13:231-247 (In Farsi).

Arshad Y., Zahravi M., Abadouz Gh. (2013) Identification of heat stress-tolerant sources in wheat relatives. Journal of Crop Production Research 4:97-108. (In Farsi).

Bergkamp B, Impa SM, Asebedo AR, Fritz AK, Jagadish SK (2018) Prominent winter wheat varieties response to post-flowering heat stress under controlled chambers and field based heat tents. Field Crops Research 222:143-152.

Chaves MS, Martinelli JA, Wesp-Guterres C, Graichen FAS, Brammer SP, Scagliusi SM, da Silva PR, Wiethölter P, Torres GAM, Lau EY, Consoli L (2013) The importance for food security of maintaining rust resistance in wheat. *Food Security* 5:157–176.

De Costa WAJM (2011) A review of the possible impacts of climate change on forests in the humid tropics. Journal of the National Science Foundation of Sri Lanka 39:281-302.

International Board for Plant Genetic Resources (IBPGR) (1978). Descriptors for wheat and Aegilops. International Board for Plant Genetic Resources. Rome, Italy.

Iqbal M, Raja NI, Yasmeen F, Hussain M, Ejaz M, Shah MA (2017) Impacts of heat stress on wheat: A critical review. Advances in Crop Science and Technology 5:1-9.

Kamrani M, Hoseini Y, Ebadollahi A (2018) Evaluation for heat stress tolerance in durum wheat genotypes using stress tolerance indices. Archives of Agronomy and Soil Science 64:38-45.

Khan AA, Kabir MR (2014) Evaluation of spring wheat genotypes (Triticum aestivum L.) for heat stress tolerance using different stress tolerance indices. Cercetări Agronomice în Moldova 47:49-63.

Lamba K, Kumar M, Singh V, Chaudhary L, Sharma R, Yashveer S, Dalal MS (2023) Heat stress tolerance indices for identification of the heat tolerant wheat genotypes. Scientific Reports 13:10842.

Liu B, Asseng S, Liu L, Tang L, Cao W, Zhu Y (2016) Testing the responses of four wheat crop models to heat stress at anthesis and grain filling. Global Change Biology 22:1890-1903.

Liu Z, Qin J, Tian X, Xu S, Wang Y, Li H, Wang X, Peng H, Yao Y, Hu Z, Ni Z (2018) Global profiling of alternative splicing landscape responsive to drought, heat and their combination in wheat (Triticum aestivum L.). Plant Biotechnology Journal 16:714-726.

Lopes MS, El-Basyoni I, Baenziger PS, Singh S, Royo C, Ozbek K, Aktas H, Ozer E, Ozdemir F, Manickavelu A, Ban T (2015) Exploiting genetic diversity from landraces in wheat breeding for adaptation to climate change. Journal of Experimental Botany 66:3477-3486.

Ni Z, Li H, Zhao Y, Peng H, Hu Z, Xin M, Sun Q (2018) Genetic improvement of heat tolerance in wheat: Recent progress in understanding the underlying molecular mechanisms. Crop Journal 6:32-41.

Omidi M, Siahpoosh MR, Mamghani R, Modarresi M (2015) Heat tolerance evaluating of wheat cultivars using physiological characteristics and stress tolerance indices in Ahvaz climatic conditions. Plant Production 38:103-113. (In Farsi).

Ortiz-Monasterio JI, Palacios-Rojas N, Meng E, Pixley K, Trethowan R, Peña RJ (2007) Enhancing the mineral and vitamin content of wheat and maize through plant breeding. Journal of Cereal Science 46:293-307. (In Farsi).

Poudel PB, Poudel MR (2020) Heat stress effects and tolerance in wheat: A review. Journal of Biology Today's World 9:1-6. (In Farsi).

Rahaie M, Xue GP, Schenk PM (2013) The role of transcription factors in wheat under different abiotic stresses. In: Vahdati K, Leslie C (eds) Abiotic Stress-Plant Responses and Applications in Agriculture. IntechOpen, pp 367-385. (In Farsi).

Rezaeizadeh A, Mohammadi V, siahpoosh M, Ahmadi A (2020) The response of Iranian spring wheat cultivars to heat stress at anthesis and grain filling stages. Journal of Crop Breeding. 12:102-109. (In Farsi).

Sharma D, Singh R, Tiwari R, Kumar R, Gupta V (2019) Wheat responses and tolerance to terminal heat stress: A review. In: Hasanuzzaman M, Nahar K, Hossain MA (eds) Wheat Production in Changing Environments: Responses, Adaptation and Tolerance, pp 149-173. (In Farsi).

Torabi M, Navabpour S, Yarahmadi S (2023) Evaluation of wheat genotype tolerance to late-season heat stress. Journal of Plant Production Research 29:25-43. (In Farsi).

Ullah A, Nadeem F, Nawaz A, Siddique KH, Farooq M (2022) Heat stress effects on the reproductive physiology

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-22]

climates. International Journal of Molecular Sciences 23:2838.
Zahravi M, Amirbakhtiar N, Arshad Y, Mosharraf Ghahfarrokhi G, Ahmadi M. (2021) Identification of heat tolerant genetic sources in bread wheat germplasm. Journal of Crop Breeding. 13:228-238. (In Farsi).

and yield of wheat. Journal of Agronomy and Crop Science 208:1-17.
Yadav MR, Choudhary M, Singh J, Lal MK, Jha PK, Udawat P, Gupta NK, Rajput VD, Garg NK, Maheshwari C, Hasan M (2022) Impacts, tolerance, adaptation, and mitigation of heat stress on wheat under changing

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-22]