



## Genetic evaluation of bread wheat spike length in diverse population derived from Roshan-D-01 line × Roshan cultivar

Maryam Dorrani-Nejad<sup>1</sup> | Ali Kazemi Pour<sup>2</sup> | Mohammad Ghader Ghaderi<sup>3</sup> | Ali Akbar Maghsoudi Moud<sup>4</sup> | Roohollah Abdoshahi<sup>5</sup>

1. Department of Plant Genetics and Production Engineering, Faculty of Agriculture, Shahid-Bahonar University, Kerman, Iran. E-mail: [m.dorraninejad@agr.uk.ac.ir](mailto:m.dorraninejad@agr.uk.ac.ir)
2. Department of Plant Genetics and Production Engineering, Faculty of Agriculture, Shahid-Bahonar University, Kerman, Iran. E-mail: [ali.kazemi@uk.ac.ir](mailto:ali.kazemi@uk.ac.ir)
3. Department of Plant Genetics and Production Engineering, Faculty of Agriculture, Birjand University, Birjand, Iran. E-mail: [mghaderi@birjand.ac.ir](mailto:mghaderi@birjand.ac.ir)
4. Department of Plant Genetics and Production Engineering, Faculty of Agriculture, Shahid-Bahonar University, Kerman, Iran. E-mail: [maghsoudi.aa@uk.ac.ir](mailto:maghsoudi.aa@uk.ac.ir)
5. Corresponding Author, Department of Plant Genetics and Production Engineering, Faculty of Agriculture, Shahid-Bahonar University, Kerman, Iran. E-mail: [abdoshahi@uk.ac.ir](mailto:abdoshahi@uk.ac.ir)

### Article Info

**Article type:**  
Research Article

### Article history:

Received 22 December 2022  
Received in revised form  
14 August 2023  
Accepted 27 August 2023  
Published online  
20 September 2023

### Keywords:

Diversity  
Grains number per spike  
Large spike  
Spikelet number

### ABSTRACT

**Objective:** World food security depends on two major cereal crops, wheat and rice. Where wheat is more important for its market value and production amount. Grain yield is determined by the achievement and distribution of assimilates in sink organs. Sink size in wheat depends on the number of spikelets per spike, grains number per spikelet as well as the grain weight. Hence, increasing spikelet number and sink size is one of the most important breeding targets of wheat. The object of the present study was investigation of the genetic of spikes and spikelets in a diverse bread wheat population for number of spikelets per spike.

**Methods:** In a bread wheat breeding program for transferring the awn character from Mahdavi to Roshan cultivar, in the second generation of the third backcross (BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub>), a single plant with large spikes was observed. The mentioned genotype was purified after several selfing. The pure line was named as Roshan-D-01. After the fourth backcross of Roshan-D-01 with the recurrent parent (Roshan) and a selfing generation, a near isogenic population (BC<sub>4</sub>F<sub>2</sub>) was developed to study spike length. Spike length along with its related traits was studied in the current population at the research field of Shahid-Bahonar University of Kerman, during growing seasons of 2020-2021.

**Results:** The spike length with the heritability of 0.61 and the response to selection of 14.03% showed a negative significant correlation with days to heading ( $r=-0.44^{**}$ ) and a positive significant correlation with other traits. Days to heading had a negative significant correlation with all studied traits at this research. This result showed the positive effect of early heading on spike related traits. Among studied traits, flag leaf area with general heritability of 0.53, positive significant correlation with spike length ( $r=0.60^{**}$ ), the highest Phenotypic and genotypic diversity (PCV=28.5 and GCV=20.69), showed the most response to selection (%R=25.45). The positive correlation between flag leaf area and spike related traits indicate the importance of flag leaf area in improving wheat grain yield. Distribution frequency graph of progenies for spike length, spikelet number per spike and grains number per spike showed that these traits have quantitative inheritance and follow the normal distribution. Transgressive segregation observed for studied traits and the presence of elite lines, in comparison with parents, in the current population allows the introduction of large spikes genotypes with high grains number per spike to develop high-yielding cultivars.

**Conclusion:** Due to high diversity and transgressive segregation observed in the present study, the current population can represent a rich source of spike morphology for use in wheat breeding programs aimed for increasing grain yield potential via increasing grain number. Negative correlation of days to heading with spike related traits indicates the positive effect of early heading on grain yield of bread wheat, especially under end season drought and heat stress conditions. Due to the high, positive and significant correlation between the spike length and flag leaf area, selection for larger flag leaf area could improve grain yield.

**Cite this article:** Dorrani-Nejad, M., Kazemi Pour, A., Ghaderi, M. Gh., Maghsoudi Moud, A. A., & Abdoshahi, R. (2023). Genetic evaluation of bread wheat spike length in diverse population derived from Roshan-D-01 line × Roshan cultivar. *Journal of Crops Improvement*, 25 (3), 575-585. DOI: <https://doi.org/10.22059/jci.2023.352803.2773>



## بررسی ژنتیکی طول سنبله گندم نان در جمعیت متنوع حاصل از لاین Roshan-D-01 × رقم روشن

مریم درانی نژاد<sup>۱</sup> | علی کاظمی پور<sup>۲</sup> | محمد قادر قادری<sup>۳</sup> | علی اکبر مقصودی مود<sup>۴</sup> | روح اله عبدالشاهی<sup>۵</sup> ✉

۱. گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، ایران. رایانامه: [m.dorraninejad@agr.uk.ac.ir](mailto:m.dorraninejad@agr.uk.ac.ir)
۲. گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، ایران. رایانامه: [ali.kazemi@uk.ac.ir](mailto:ali.kazemi@uk.ac.ir)
۳. گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند، ایران. رایانامه: [mghaderi@birjand.ac.ir](mailto:mghaderi@birjand.ac.ir)
۴. گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، ایران. رایانامه: [maghsoudi.aa@uk.ac.ir](mailto:maghsoudi.aa@uk.ac.ir)
۵. نویسنده مسئول، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، ایران. رایانامه: [abdoshahi@uk.ac.ir](mailto:abdoshahi@uk.ac.ir)

اطلاعات مقاله	چکیده
<b>نوع مقاله:</b> مقاله پژوهشی	<b>هدف:</b> هدف این پژوهش بررسی ژنتیک اندازه سنبله در یک جمعیت ایزوژن نزدیک برای صفات اندازه سنبله و تعداد سنبله در سنبله بود.
<b>تاریخ دریافت:</b> ۱۴۰۱/۱۰/۰۱	<b>روش پژوهش:</b> در برنامه به نژادی گندم نان با هدف انتقال صفت ریشکداری از رقم مهدوی به روشن، در نسل دوم تلاقی برگشتی سوم (BC <sub>3</sub> F <sub>2</sub> ) یک بوته با سنبله بزرگ مشاهده شد. این بوته پس از چندین نسل خودکشتی و گزینش برای طول سنبله خالص سازی شد و لاین Roshan-D-01 نام گرفت.
<b>تاریخ بازنگری:</b> ۱۴۰۲/۰۵/۲۳	پس از تلاقی برگشتی چهارم لاین Roshan-D-01 با والد تکراری (رقم روشن) و یک نسل خودکشتی، یک جمعیت ایزوژن نزدیک (BC <sub>4</sub> F <sub>2</sub> ) برای طول سنبله ایجاد شد. طول سنبله و صفات مرتبط با آن در این جمعیت در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه شهید باهنر کرمان در سال زراعی ۱۳۹۹-۱۴۰۰ مطالعه شد.
<b>تاریخ پذیرش:</b> ۱۴۰۲/۰۶/۰۵	<b>یافته‌ها:</b> طول سنبله با وراثت پذیری ۰/۶۱ و پاسخ به گزینش ۱۴/۰۳ درصد، همبستگی منفی و معنی داری با تعداد روز تا سنبله دهی ( $r = -0.43^{**}$ ) داشت. در صورتی که با بقیه صفات همبستگی مثبت و معنی دار نشان داد. بین صفات بررسی شده در این مطالعه سطح برگ پرچم با وراثت پذیری عمومی ۰/۵۳ و همبستگی مثبت و معنی دار با طول سنبله ( $r = 0.60^{**}$ ) بیشترین تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی و پاسخ به گزینش را نشان داد.
<b>تاریخ انتشار:</b> ۱۴۰۲/۰۶/۲۹	<b>نتیجه گیری:</b> همبستگی مثبت سطح برگ پرچم با صفات مرتبط با سنبله بیانگر اهمیت این صفت در بهبود عملکرد دانه گندم بود. جمعیت حاضر به دلیل تنوع ژنتیکی بالا و تفکیک متجاوز مشاهده شده، می تواند به عنوان منبع ژنتیکی قابل اطمینانی در برنامه های به نژادی گندم با هدف افزایش تعداد دانه در سنبله و بهبود پتانسیل عملکرد دانه مطرح باشد.
<b>کلیدواژه‌ها:</b> تعداد دانه در سنبله تعداد سنبله تنوع سنبله بزرگ	

**استناد:** درانی نژاد، مریم؛ کاظمی پور، علی؛ قادری، محمد قادر؛ مقصودی مود، علی اکبر؛ و عبدالشاهی، روح اله (۱۴۰۲). بررسی ژنتیکی طول سنبله گندم نان در جمعیت متنوع حاصل از لاین Roshan-D-01 × رقم روشن. *بزرگای کشاورزی*، ۲۵ (۳)، ۵۷۵-۵۸۵.

DOI: <https://doi.org/10.22059/jci.2023.352803.2773>



## ۱. مقدمه

گندم یکی از محصولات اصلی برای امنیت غذایی در جهان است که تقریباً ۲۰ درصد کالری و پروتئین رژیم غذایی انسان را تأمین می‌کند (Shiferaw *et al.*, 2013). هرچند که نرخ رشد جمعیت جهان به‌طور کلی در حال کاهش است، همچنان در سال ۲۰۳۰ به ۸/۶ میلیارد نفر و تا سال ۲۰۵۰ به ۹/۸ میلیارد نفر خواهد رسید (Van Bavel & Reher, 2013). بنابراین، پاسخگویی به تقاضای جهانی برای گندم مستلزم افزایش قابل‌توجهی در تولید دانه در واحد سطح است. مورفولوژی سنبله در غلات دانه‌ریز در تعیین عملکرد دانه بسیار مهم می‌باشد (Guo *et al.*, 2018). سنبله گندم دارای طول ۵ تا ۱۷ سانتی‌متر و گاهی بلندتر است که از یک محور سنبله و تعدادی سنبلچه تشکیل شده است، هر سنبلچه شامل دو تا پنج گلچه است و تنها یک تا سه گلچه از آن‌ها به دانه تبدیل می‌شود (Genaev *et al.*, 2019). سنبلچه‌ها از اجزای اصلی سنبله هستند. تعداد سنبلچه در سنبله، تراکم سنبلچه، طول و وزن سنبله، تعداد و وزن دانه در سنبله در عملکرد نهایی دانه در سنبله تأثیر به‌سزایی دارند (Borner *et al.*, 2005; Guo *et al.*, 2018).

## ۲. پیشینه پژوهش

بررسی تاریخچه به‌نژادی نشان می‌دهد که بهبود عملکرد دانه در گندم در قرن گذشته ارتباط زیادی با افزایش تعداد دانه در واحد سطح داشته و به‌میزان زیادی تحت تأثیر تعداد دانه در سنبله می‌باشد (Hawkesford *et al.*, 2013). دستاوردهای ژنتیکی در گندم عموماً با بهبود تعداد دانه در واحد سطح با تغییر کمی در وزن دانه به‌دست آمده است (Gaju *et al.*, 2009). در گندم برخلاف سایر غلاتی نظیر برنج و جو هر سنبلچه بیش از یک دانه دارد این امر باعث می‌شود سنبلچه گندم یکی از اصلی‌ترین اجزای عملکرد دانه باشد (Wolde *et al.*, 2019).

اصلاح مورفولوژی سنبله در گندم می‌تواند باعث افزایش تعداد و اندازه دانه و در نتیجه بهبود عملکرد دانه شود (Guo *et al.*, 2018). اصلاح مورفولوژی سنبله ایده جدیدی نیست، Atsmon & Jacobs (1977) در تلاقی‌هایی با استفاده از سنبله بزرگ، نتایجی که حداکثر ۳۰ سنبلچه، وزن تک دانه ۶۳ میلی‌گرم و نه دانه در هر سنبلچه داشتند به‌دست آوردند. در بررسی چهار لاین ایزوژن نزدیک مشخص شد ژن مغلوب مهارکننده پنجه‌زایی (ژن *tin*) باعث افزایش تعداد دانه در سنبله و شاخص برداشت به‌ترتیب به میزان ۹ درصد و ۲ درصد و کاهش تعداد سنبله در مترمربع و وزن دانه به‌ترتیب به میزان ۱۱ درصد و ۲ درصد شد، این ژن همچنین زیست‌توده را ۷ درصد کاهش داد (Duggan *et al.*, 2005).

آگاهی از میزان تنوع ژنتیکی و شناسایی صفات مؤثر بر ایجاد تنوع در طول سنبله در پیش‌بینی و بهبود ساختار گیاه و در نتیجه افزایش عملکرد کمک بزرگی می‌نماید. این پژوهش با هدف بررسی ژنتیکی طول سنبله گندم و صفات مرتبط با آن انجام شد، امید است یافته‌های حاصل از این بررسی برای به‌نژادگران گندم به‌منظور افزایش عملکرد دانه مفید باشد.

## ۳. روش‌شناسی پژوهش

در برنامه به‌نژادی گندم نان با هدف انتقال صفت ریشکداری از رقم مهدوی به رقم روشن، در نسل دوم تلاقی برگشتی سوم (BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub>) یک بوته با سنبله بزرگ مشاهده شد. این بوته پس از پنج نسل خودگشتی خالص و لاین حاصل Roshan-D-01 نامیده شد. تلاقی برگشتی چهارم لاین Roshan-D-01 با والد تکراری (رقم روشن) انجام شد. پس از یک نسل خودگشتی و ایجاد جمعیت ایزوژن نزدیک، در نسل دوم تلاقی برگشتی چهارم (BC<sub>4</sub>F<sub>2</sub>) طول سنبله و صفات مرتبط با آن در این جمعیت (۳۶۴ لاین) و والدین تلاقی (لاین Roshan-D-01 و رقم روشن) مطالعه شد. این پژوهش در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه شهید باهنر کرمان در سال زراعی ۱۳۹۹-۱۴۰۰ انجام گردید. مزرعه تحقیقاتی موردنظر در

طول جغرافیایی ۵۷ درجه، عرض جغرافیایی ۳۰ درجه و ارتفاع از سطح دریا ۱۷۵۶ متر با اقلیم معتدل و خشک قرار دارد. بافت خاک آن از نوع لومی شنی با اسیدیته ۷/۹ و هدایت الکتریکی ۲/۱۱ دسی‌زیمنس بر متر است. پس از انجام عملیات آماده‌سازی زمین (شخم، دیسک و عملیات تسطیح)، کاشت به‌صورت دستی انجام شد. کشت بذور در اواخر آذرماه و برداشت در اواسط تیرماه صورت گرفت. در این پژوهش صفات طول سنبله (سانتی‌متر)، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، تعداد دانه در سنبلچه، وزن دانه در سنبله (گرم)، وزن هزاردانه (گرم)، تعداد روز تا سنبله‌دهی، ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، طول و عرض برگ پرچم (سانتی‌متر) و مساحت برگ پرچم (سانتی‌مترمربع) مورد ارزیابی قرار گرفت. وراثت‌پذیری عمومی با استفاده از اجزای واریانس به روش زیر (رابطه ۱) برآورد گردید (Fehr, 1987):

$$h^2_{bs} = \sigma^2_g / (\sigma^2_g + \sigma^2_e) \quad \text{رابطه ۱}$$

در این رابطه  $\sigma^2_g$ ،  $h^2_{bs}$  و  $\sigma^2_e$  به‌ترتیب وراثت‌پذیری عمومی، واریانس ژنتیکی و واریانس محیطی می‌باشند. از آنجایی که واریانس ژنتیکی در والدین برابر با صفر می‌باشد، بنابراین واریانس مشاهده‌شده در والدین همان واریانس محیطی است. لذا میانگین واریانس محیطی دو والد به‌عنوان واریانس محیطی در نظر گرفته شد. ضرایب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی با استفاده از رابطه‌های (۲) و (۳) محاسبه شد (Singh & Chaudhary, 1985):

$$h^2_{bs} = \sigma^2_g / (\sigma^2_g + \sigma^2_e) \quad \text{رابطه ۲}$$

$$PCV = (\sigma_p / \mu) \times 100 \quad \text{رابطه ۳}$$

$$GCV = (\sigma_g / \mu) \times 100$$

در این روابط،  $\mu$ ، GCV، PCV،  $\sigma_p$  و  $\sigma_g$  به‌ترتیب عبارتند از ضریب تغییرات فنوتیپی، ضریب تغییرات ژنوتیپی، میانگین، انحراف معیار فنوتیپی و انحراف معیار ژنوتیپی. میزان پاسخ به‌گزینش با استفاده از رابطه (۴) برآورد گردید (Falconer & Mackay, 1996):

$$R = i h^2_{bs} \sigma_p \quad \text{رابطه ۴}$$

در رابطه (۴)،  $R$ ،  $h^2_{bs}$  و  $i$  به‌ترتیب پاسخ به‌گزینش، شدت گزینش، وراثت‌پذیری عمومی و انحراف معیار فنوتیپی می‌باشد.  $i$  با در نظر گرفتن گزینش ۱۰ درصد افراد برتر برای هر صفت برابر با ۱/۶۹۴ است.

لاین‌های مورد مطالعه براساس تعداد سنبلچه در سنبله گروه‌بندی شدند (۱۳ گروه). در هر گروه میانگین دو صفت طول سنبله (سانتی‌متر) و سطح برگ پرچم (سانتی‌مترمربع) محاسبه و سپس یک معادله رگرسیونی براساس میانگین داده‌های مربوط به این دو صفت برازش داده شد. محاسبه ضرایب همبستگی بین صفات مورد بررسی، با استفاده از نرم‌افزار SAS (SAS Institute Inc, 2004) و رسم نمودار توزیع فراوانی نتاج و نمودار رگرسیونی در نرم‌افزار Excel 2016 انجام شد.

#### ۴. یافته‌های پژوهش

لاین سنبله بزرگ حاصل‌شده در این برنامه به‌نژادی مشابه رقم معروف سوپرهد بود. رقم سوپرهد پاکوتاه، پرمحصول و بسیار حساس به شوری است که به‌دلیل داشتن سنبله بزرگ به سوپرهد معروف شده است (Jahani et al., 2019). شکل (۱) لاین Roshan-D-01 را در مقایسه با رقم سوپرهد نشان می‌دهد.

نتایج همبستگی بین صفات مورد مطالعه نشان داد بیش‌ترین همبستگی مثبت و معنی‌دار در این بررسی بین صفات تعداد دانه در سنبله و تعداد دانه در سنبلچه ( $r=0/94^{**}$ ) مشاهده گردید. تعداد دانه در سنبله با صفات وزن دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله و سطح برگ پرچم ارتباط مثبت و معنی‌دار (به‌ترتیب  $r=0/84^{**}$ ،  $r=0/73^{**}$  و  $r=0/59^{**}$ ) نشان داد. طول سنبله بیش‌ترین همبستگی مثبت و معنی‌دار را به‌ترتیب با صفات تعداد دانه در سنبله ( $r=0/74^{**}$ )، وزن دانه در

سنبله ( $r=0/73^{**}$ )، تعداد سنبلچه در سنبله ( $r=0/72^{**}$ )، تعداد دانه در سنبلچه ( $r=0/62^{**}$ ) و سطح برگ پرچم ( $r=0/60^{**}$ ) داشت و با تعداد روز تا سنبله‌دهی همبستگی منفی و معنی‌دار ( $r=-0/44^{**}$ ) نشان داد. همبستگی مثبت و معنی‌داری بین تعداد سنبلچه در سنبله و صفات تعداد دانه در سنبله ( $r=0/73^{**}$ )، طول سنبله ( $r=0/72^{**}$ )، وزن دانه در سنبله ( $r=0/63^{**}$ ) و سطح برگ پرچم ( $r=0/54^{**}$ ) مشاهده شد (جدول ۱).



شکل ۱. لاین Roshan-D-01 (سمت چپ) و رقم سوپرهد (سمت راست)

جدول ۱. ضرایب همبستگی ساده بین صفات مورد مطالعه در جمعیت حاصل از تلاقی لاین Roshan-D-01 و رقم روشن

صفات	طول سنبله	تعداد سنبلچه در سنبله	تعداد دانه در سنبله	تعداد دانه در سنبلچه	وزن دانه در سنبله	وزن هزار دانه	تعداد روز تا سنبله‌دهی	ارتفاع بوته	طول برگ پرچم	عرض برگ پرچم	سطح برگ پرچم
طول سنبله	۱										
تعداد سنبلچه در سنبله	۰/۷۲ <sup>**</sup>	۱									
تعداد دانه در سنبله	۰/۷۴ <sup>**</sup>	۰/۷۳ <sup>**</sup>	۱								
تعداد دانه در سنبلچه	۰/۶۲ <sup>**</sup>	۰/۴۷ <sup>**</sup>	۰/۹۴ <sup>**</sup>	۱							
وزن دانه در سنبله	۰/۰۷	۰/۶۳ <sup>**</sup>	۰/۸۳ <sup>**</sup>	۰/۷۹ <sup>**</sup>	۱						
وزن هزار دانه	۰/۰۷	-۰/۰۹	-۰/۱۶ <sup>**</sup>	-۰/۱۵ <sup>**</sup>	۰/۳۸ <sup>**</sup>	۱					
تعداد روز تا سنبله‌دهی	-۰/۴۴ <sup>**</sup>	-۰/۳۳ <sup>**</sup>	-۰/۳۰ <sup>**</sup>	-۰/۲۳ <sup>**</sup>	-۰/۳۹ <sup>**</sup>	-۰/۱۹ <sup>**</sup>	۱				
ارتفاع بوته	۰/۲۶ <sup>**</sup>	۰/۰۶	۰/۰۲	۰/۰۱	۰/۵۰ <sup>**</sup>	۰/۱۹ <sup>**</sup>	۰/۱۹ <sup>**</sup>	۱			
طول برگ پرچم	۰/۵۴ <sup>**</sup>	۰/۴۴ <sup>**</sup>	۰/۵۳ <sup>**</sup>	۰/۴۷ <sup>**</sup>	۰/۵۱ <sup>**</sup>	۰/۰۴	۰/۱۹ <sup>**</sup>	۰/۰۹	۱		
عرض برگ پرچم	۰/۵۶ <sup>**</sup>	۰/۵۶ <sup>**</sup>	۰/۵۵ <sup>**</sup>	۰/۴۴ <sup>**</sup>	۰/۴۸ <sup>**</sup>	۰/۰۵	۰/۳۰ <sup>**</sup>	۰/۰۰	۰/۶۴ <sup>**</sup>	۱	
سطح برگ پرچم	۰/۶۰ <sup>**</sup>	۰/۵۴ <sup>**</sup>	۰/۵۹ <sup>**</sup>	۰/۵۰ <sup>**</sup>	۰/۵۴ <sup>**</sup>	۰/۰۰	۰/۲۵ <sup>**</sup>	۰/۰۶	۰/۹۳ <sup>**</sup>	۰/۸۷ <sup>**</sup>	۱

\*\*، \* بسیار معنی‌دار  $P < 0/01$  و معنی‌دار  $P < 0/05$ .

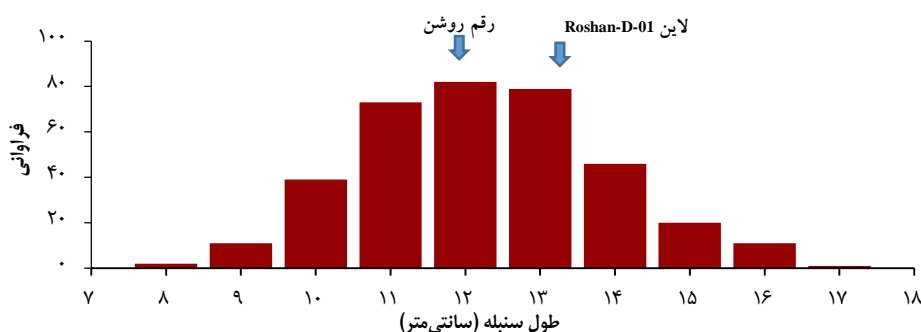
میانگین، بیشینه، کمینه و پارامترهای ژنتیکی صفات موردبررسی در جدول (۲) ارایه شده است. ضرایب تنوع ژنتیکی و فنوتیپی نشان داد لاین‌های مورد مطالعه از لحاظ صفت سطح برگ پرچم دارای تنوع بیش‌تری هستند. سطح برگ پرچم بیش‌ترین تنوع ژنتیکی ( $GCV=20/69$ ) و فنوتیپی ( $PCV=28/50$ ) را در این بررسی نشان داد. از بین صفات بررسی‌شده در این پژوهش سطح برگ پرچم با وراثت‌پذیری عمومی ( $0/53$ ) بیش‌ترین درصد پاسخ به گزینش (۲۵/۴۵ درصد) را نشان داد.

جدول ۲. میانگین، بیشینه، کمینه و پارامترهای ژنتیکی صفات موردبررسی در جمعیت حاصل از تلاقی لاین Roshan-D-01 و رقم روشن

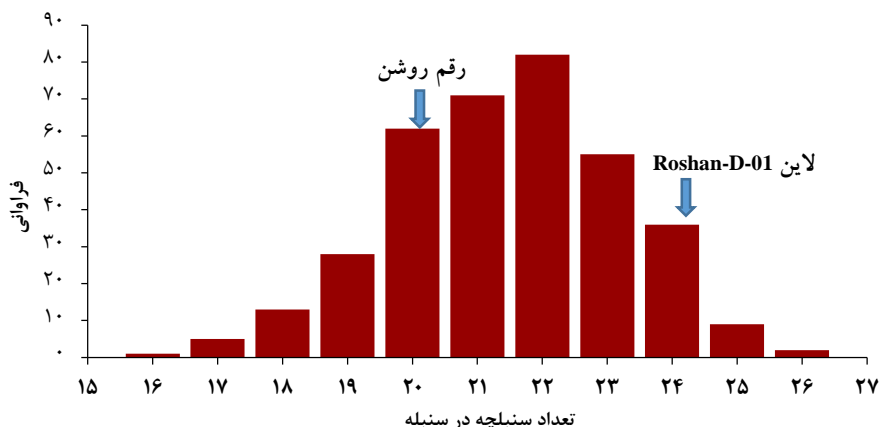
صفات	میانگین	بیشینه	کمینه	GCV%	PCV%	$\sigma_g^2$	$\sigma_e^2$	$h^2_{bs}$	R%
طول سنبله (سانتی‌متر)	۱۲/۱۳	۱۷	۸	۱۰/۵۹	۱۳/۵۴	۱/۶۵	۱/۰۵	-۰/۶۱	۱۴/۰۳
تعداد سنبلچه در سنبله	۲۱/۴۰	۲۶	۱۴	۶/۰۵	۸/۶۱	۱/۶۸	۱/۷۲	-۰/۴۹	۷/۲۰
تعداد دانه در سنبله	۶۳/۰۹	۱۱۵	۲۹	۱۳/۸۴	۲۲/۴۰	۷۶/۱۹	۱۲۳/۵۶	-۰/۳۸	۱۴/۴۷
تعداد دانه در سنبلچه	۲/۹۳	۵	۱/۷۲	۸/۷۶	۱۷/۳۴	-۰/۰۷	-۰/۱۹	-۰/۲۵	۷/۴۹
وزن دانه در سنبله (گرم)	۲/۸۸	۵/۸	-۰/۸۵	۱۶/۱۲	۲۳/۸۷	-۰/۲۲	-۰/۲۶	-۰/۴۶	۱۸/۴۴
وزن هزاردانه (گرم)	۴۵/۸۴	۶۰	۲۳/۴	۷/۳۳	۱۲/۶۶	۱۱/۳۰	۲۲/۳۷	-۰/۳۴	۷/۲۰
تعداد روز تا سنبله‌دهی	۱۳۶/۷۴	۱۴۷	۱۲۴	۳/۱۸	۳/۳۱	۱۸/۸۷	۱/۶۷	-۰/۹۲	۵/۱۶
ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	۹۱/۲	۱۱۵	۶۱	۹/۲۷	۱۰/۷۶	۷۱/۵۴	۲۴/۷۵	-۰/۷۴	۱۳/۵۴
طول برگ پرچم (سانتی‌متر)	۲۰/۷۹	۳۳	۱۱/۵	۱۰/۹۵	۱۸/۴۸	۵/۱۹	۹/۵۷	-۰/۳۵	۱۱
عرض برگ پرچم (سانتی‌متر)	۱/۷۶	۲/۴	۱/۱	۱۱/۶۹	۱۳/۵۷	-۰/۰۴	-۰/۰۱	-۰/۷۴	۱۷/۰۵
سطح برگ پرچم (سانتی‌مترمربع)	۲۷/۸۸	۵۰/۳۳	۱۱/۲۱	۲۰/۶۹	۲۸/۵۰	۳۳/۲۸	۲۹/۸۵	-۰/۵۳	۲۵/۴۵

GCV% و PCV%: ضریب تنوع ژنوتیپی و فنوتیپی،  $\sigma_g^2$  و  $\sigma_e^2$ : واریانس ژنتیکی و خطای آزمایشی،  $h^2_{bs}$ : وراثت‌پذیری عمومی، R%: پاسخ مورد انتظار به گزینش (درصدی از میانگین).

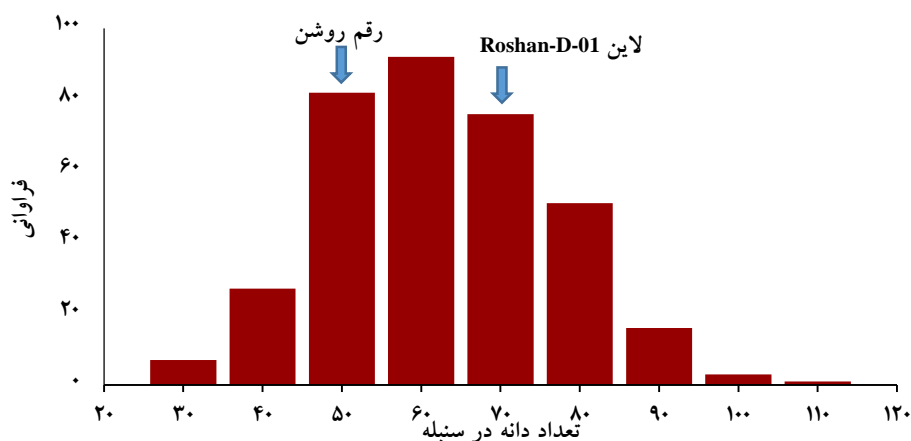
نمودار توزیع فراوانی نتاج برای صفات طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد دانه در سنبله، در نسل BC<sub>4</sub>F<sub>2</sub> در شکل‌های (۲) تا (۴) نشان داده شده است. طول سنبله در جمعیت موردبررسی بین ۸ تا ۱۷ سانتی‌متر متغیر بود، درحالی‌که میانگین طول سنبله در رقم روشن و لاین Roshan-D-01 به ترتیب ۱۱/۸ و ۱۳/۴۵ سانتی‌متر بود. این نتیجه مبین وجود تنوع و تفکیک متجاوز در جمعیت مورد مطالعه نسبت به والد برتر (لاین Roshan-D-01) برای این صفت می‌باشد. نمودار توزیع فراوانی طول سنبله (شکل ۲) نشان می‌دهد این صفت دارای توزیع نرمال بوده و دارای توارث کمی است. دامنه تغییرات تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد دانه در سنبله در جمعیت مورد مطالعه به ترتیب ۱۶ تا ۲۶ و ۲۹ تا ۱۱۵ بود. میانگین تعداد سنبلچه در سنبله در رقم روشن و لاین Roshan-D-01 به ترتیب ۱۹/۹ و ۲۴/۷ بود و میانگین تعداد دانه در سنبله در رقم روشن و لاین Roshan-D-01 به ترتیب ۵۴/۷ و ۷۵ بود. توزیع فراوانی این دو صفت نشان می‌دهد تغییرات این صفات دارای توزیع پیوسته بوده که بیانگر پلی‌ژنیک بودن این صفات می‌باشد. هم‌چنین تفکیک متجاوز در این دو صفت نیز مشاهده گردید (شکل‌های ۳ و ۴).



شکل ۲. نمودار توزیع فراوانی نتاج در نسل BC<sub>4</sub>F<sub>2</sub> برای صفت طول سنبله

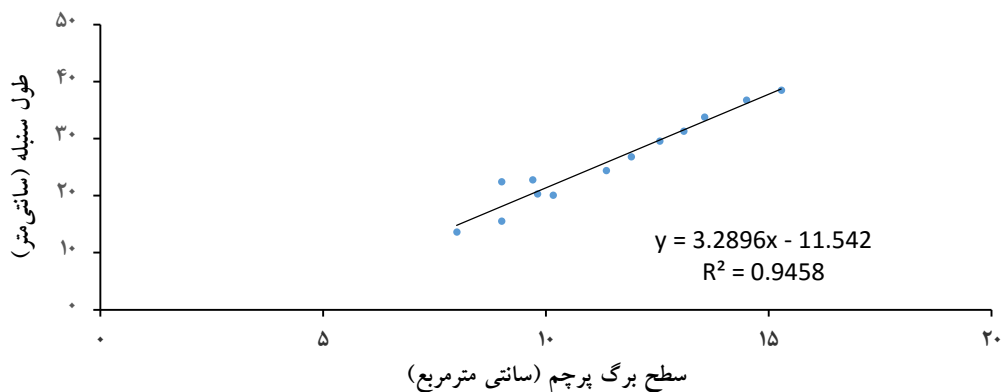


شکل ۳. نمودار توزیع فراوانی نتاج در نسل BC<sub>4</sub>F<sub>2</sub> برای صفت تعداد سنبلچه در سنبله



شکل ۴. نمودار توزیع فراوانی نتاج در نسل BC<sub>4</sub>F<sub>2</sub> برای صفت تعداد دانه در سنبله

ارتباط طول سنبله و سطح برگ پرچم در شکل (۵) نشان داده شده است. شیب خط رگرسیونی نشان داد به ازای افزایش یک سانتی متر مربع در سطح برگ پرچم، طول سنبله حدود ۳/۳ سانتی متر افزایش می یابد. نمودار رگرسیونی نشان می دهد بین طول سنبله و سطح برگ پرچم همبستگی مثبت وجود دارد.



شکل ۵. ارتباط طول سنبله و سطح برگ پرچم در جمعیت حاصل از تلاقی لاین Roshan-D-01 و رقم روشن در نسل BC<sub>4</sub>F<sub>2</sub>

## ۵. بحث

تعداد دانه در سنبله توسط دو جزء تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد دانه در سنبلچه تعیین می‌شود (Zhou *et al.*, 2021). در پژوهشی که به‌منظور بررسی روابط بین سنبله بزرگ، تعداد دانه و پتانسیل عملکرد در گندم بهاره اجرا شد، در شرایط تک‌بوته که در محیط کنترل‌شده (اتاق رشد) انجام شد طول محور سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد دانه در سنبله به‌ترتیب ۱۴-۳۹ درصد، ۱۲-۳۱ درصد و ۱۸-۱۹ درصد در لاین‌های سنبله بزرگ در مقایسه با رقم شاهد افزایش داشت و در آزمایش‌های مزرعه‌ای (تراکم معمولی گیاه) افزایش تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد دانه در سنبله در لاین‌های سنبله بزرگ در مقایسه با رقم شاهد به‌ترتیب ۴-۶ درصد و ۴-۵ درصد بود (Gaju *et al.*, 2009). صفات جدید فنوتیپ سنبله بزرگ به‌عنوان مثال، محور سنبله بلند، تعداد سنبلچه بالا در هر سنبله می‌تواند زمینه را برای افزایش تعداد دانه در واحد سطح و در نتیجه شاخص برداشت در سال‌های آینده فراهم کند (Gaju *et al.*, 2009). فتوسنتز به‌وسیله سنبله‌ها ممکن است سهم بیش‌تری در عملکرد نهایی دانه نسبت به برگ پرچم در زمانی که خشکسالی در طی پرشدن دانه ایجاد می‌شود، داشته باشد (Johnson & Moss, 1976; Guo & Schnurbusch, 2016; Rebetzke *et al.*, 2016). تعداد روز تا سنبله‌دهی با همه صفات مطالعه‌شده در این پژوهش همبستگی منفی و معنی‌دار نشان داد، این نتیجه بیانگر آن است لاین‌های با سنبله بزرگ‌تر و مقدار بیش‌تر صفات مرتبط با سنبله، زودرس‌تر بوده‌اند. تأثیر مثبت زودرسی بر عملکرد و اجزای عملکرد دانه گندم در مطالعات زیادی گزارش شده است (Nagarajan *et al.*, 2008; Joudi *et al.*, 2014; Shavrukov *et al.*, 2017). بین طول دوره رشد رویشی در گندم با تعداد سنبلچه در سنبله همبستگی مثبت وجود دارد، اما تعداد واقعی سنبلچه در سنبله در مرحله زایشی گیاه مشخص می‌گردد (Rahman *et al.*, 1977). بنابراین چنانچه فاز زایشی با تنش گرمایی و یا خشکی مواجه شود تعداد سنبلچه در سنبله کاهش می‌یابد. در شرایط کرمان به‌دلیل هم‌زمانی مرحله سنبله‌دهی با تنش گرمایی، زودسنبله‌دهی در این آزمایش تعداد سنبلچه در دانه و هم‌چنین تعداد دانه در سنبله را افزایش داد. در یک پژوهش اثر تاریخ کاشت و تنش گرمای انتهای فصل بر صفات فنولوژیک و اجزای عملکرد در گندم نان بررسی شد نتایج نشان داد کشت دیر هنگام و مواجه‌شدن مرحله زایشی گیاه با تنش گرمایی تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد دانه در سنبله را کاهش می‌دهد (موسوی و همکاران، ۱۴۰۰). نتایج یک بررسی که با هدف ارزیابی حساسیت برخی از مراحل فنولوژیکی گندم به تنش خشکی انجام شد نشان داد کم‌ترین تعداد دانه در سنبله به تیمار عدم آبیاری در مرحله ظهور سنبله تعلق داشت، لذا علت این کاهش شدید را به اثر تنش بر تشکیل گلچه‌ها نسبت دادند (نادری و اصلاحی، ۱۳۹۸).

در بررسی نقش فتوسنتزی برگ در عملکرد گندم سنبله بزرگ مشاهده شد در شرایط دیم لاین‌های سنبله بزرگ در مقایسه با رقم شاهد، متوسط عملکرد دانه بیش‌تری داشتند. بر این اساس مشخص شد لاین‌های سنبله بزرگ ظرفیت نگهداری آب بیش‌تری در طول دوران شکل‌گیری عملکرد دانه دارند (Wang *et al.*, 2018). رشد برگ برای تعیین عملکرد دانه حیاتی است، زیرا برگ‌ها بخش اصلی فتوسنتزی هستند (Heckmann *et al.*, 2017; Huang *et al.*, 2017).

## ۶. نتیجه‌گیری و پیشنهادها

جمعیت حاضر از نظر صفات مرتبط با مورفولوژی سنبله دارای تنوع نسبتاً بالایی بوده هم‌چنین برای تمام صفات موردبررسی تفرق خارج از محدوده مشاهده گردید. وجود تنوع و لاین‌های برتر از والد برتر (لاین Roshan-D-01) در صفات طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد دانه در سنبله، نویددهنده امکان تولید ژنوتیپ‌هایی با سنبله بزرگ و تعداد دانه در سنبله بالا به‌منظور تولید ارقام پرمحصول را فراهم می‌نماید. در شرایطی که در انتهای دوره رشد زایشی با گرمای شدید مواجه شویم، ارتباط منفی تعداد روز تا سنبله‌دهی با صفات مرتبط با مورفولوژی سنبله در این بررسی بیانگر



تأثیر مثبت زودرسی در برنامه‌های به‌نژادی پتانسیل عملکرد دانه در گندم می‌باشد. با توجه به همبستگی بالا، مثبت و معنی‌دار طول سنبله با سطح برگ پرچم، انتخاب لاین‌های با برگ پرچم بزرگ اقدام مثبت و مؤثری در جهت گزینش صحیح لاین‌های برتر خواهد بود. نتایج این پژوهش نشان داد افزایش طول سنبله باعث افزایش تعداد دانه در سنبله ( $r=0/74^{***}$ ) و عملکرد دانه ( $r=0/73^{***}$ ) می‌شود. درحالی‌که تأثیر منفی بر وزن هزار دانه ( $r=0/07^{ns}$ ) ندارد. تمام پارامترهای مربوط به اندازه برگ پرچم همبستگی مثبت و معنی‌داری با عملکرد و اجزای عملکرد داشتند. در مرحله بعدی پژوهش لاین‌های سنبله بزرگ حاصل شده از این برنامه به‌نژادی با ارقام تجاری موجود در مناطق معتدل کشور مقایسه می‌شود و در صورت برتری نسبت به این ارقام، به‌عنوان رقم جدید معرفی خواهد شد. در صورتی‌که سایر پژوهش‌گران برای اهداف مطالعاتی و یا به‌نژادی به این لاین نیاز داشته باشند، لاین مذکور در اختیار آن‌ها قرار خواهد گرفت. پیشنهادهای پژوهش حاضر به شرح زیر می‌باشد:

- نقش اندازه سنبله بر عملکرد و اجزای عملکرد در نسل‌های آینده نیز بررسی گردد.
- پس از تهیه جمعیت خالص، نقشه‌یابی ژنتیکی برای یافتن ژن‌های کنترل‌کننده اندازه سنبله انجام شود.
- نقش اندازه سنبله بر عملکرد و اجزای عملکرد در شرایط کشت متراکم بررسی گردد.

## ۷. تشکر و قدردانی

از دانشگاه شهید باهنر کرمان به‌دلیل تهیه امکانات لازم برای اجرای این پژوهش در قالب رساله دکتری نگارنده اول مقاله، تشکر و قدردانی می‌گردد.

## ۸. تعارض منافع

هیچ‌گونه تعارض منافع توسط نویسندگان وجود ندارد.

## ۹. منابع

موسوی، سیده فاطمه؛ سیاهپوش، محمدرضا و سرخه، کریم (۱۴۰۰). اثر تاریخ کشت و تنش گرمای انتهایی فصل بر صفات فنولوژیک و اجزای عملکرد ژنوتیپ‌های گندم نان. *تولیدات گیاهی*، ۴۴ (۲)، ۱۷۰-۱۵۷.

نادری، احمد و اصلاحی، محمدرضا (۱۳۹۸). ارزیابی حساسیت برخی مراحل فنولوژیکی ژنوتیپ‌های گندم در پاسخ به تنش خشکی. *تولیدات گیاهی*، ۴۲ (۱)، ۱۴۸-۱۳۳.

## Reference

- Atsmon, D., & Jacobs, E. (1977). A Newly Bred 'Gigas' Form of Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.): Morphological Features and Thermo-Photoperiodic Responses 1. *Crop Science*, 17(1), 31-35.
- Borner, A., Schafer, M., Schmidt, A., Grau, M., & Vorwald, J. (2005). Associations between geographical origin and morphological characters in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Genetic Resources*, 3(3), 360-372.
- Duggan, B. L., Richards, R. A., Van Herwaarden, A. F., & Fettel, N. A. (2005). Agronomic evaluation of a tiller inhibition gene (*tin*) in wheat. I. Effect on yield, yield components, and grain protein. *Australian Journal of Agricultural Research*, 56(2), 169-178.
- Falconer, D.S., & Mackay, T.F.C. (1996). *Introduction to Quantitative Genetics*. London: Longman.
- Fehr, W. R. (1987). *Principles of Cultivar Development: Theory and Technique*, volume 1. New

- York: Macmillan.
- Gaju, O., Reynolds, M. P., Sparkes, D. L., & Foulkes, M. J. (2009). Relationships between large-spike phenotype, grain number, and yield potential in spring wheat. *Crop Science*, 49(3), 961-973.
- Genaev, M. A., Komyshev, E. G., Smirnov, N. V., Kruchinina, Y. V., Goncharov, N. P., & Afonnikov, D. A. (2019). Morphometry of the wheat spike by analyzing 2D images. *Agronomy*, 9(7), 390.
- Guo, Z., & Schnurbusch, T. (2016). Costs and benefits of awns. *Journal of Experimental Botany*, 67(9), 2533-2535.
- Guo, Z., Zhao, Y., Röder, M. S., Reif, J. C., Ganal, M. W., Chen, D., & Schnurbusch, T. (2018). Manipulation and prediction of spike morphology traits for the improvement of grain yield in wheat. *Scientific reports*, 8(1), 1-10.
- Hawkesford, M. J., Araus, J. L., Park, R., Calderini, D., Miralles, D., Shen, T., Zhang, J., & Parry, M. A. (2013). Prospects of doubling global wheat yields. *Food and Energy Security*, 2(1), 34-48.
- Heckmann, D., Schlüter, U., & Weber, A. P. (2017). Machine learning techniques for predicting crop photosynthetic capacity from leaf reflectance spectra. *Molecular plant*, 10(6), 878-890.
- Huang, C. F., Yu, C. P., Wu, Y. H., Lu, M. Y. J., Tu, S. L., Wu, S. H., Shiu, S.H., Ku, M.S., & Li, W. H. (2017). Elevated auxin biosynthesis and transport underlie high vein density in C4 leaves. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 114(33), E6884-E6891.
- Jahani, M., Mohammadi-Nejad, G., Nakhoda, B., & Rieseberg L. H. (2019). Genetic dissection of epistatic and QTL by environment interaction effects in three bread wheat genetic backgrounds for yield-related traits under saline conditions. *Euphytica*, 215(6), 1-25.
- Johnson, R. R., & Moss, D. N. (1976). Effect of Water Stress on  $^{14}\text{CO}_2$  Fixation and Translocation in Wheat during Grain Filling I. *Crop Science*, 16(5), 697-701.
- Joudi, M., Ahmadi, A., Mohammadi, V., Abbasi, A., & Mohammadi, H. (2014). Genetic changes in agronomic and phenologic traits of Iranian wheat cultivars grown in different environmental conditions. *Euphytica*, 196(2), 237-249.
- Mousavi, F., Siahpoosh, M. R., & Sorkheh, K. (2021). Influence of sowing date and terminal heat stress on phenological features and yield components of bread wheat genotypes. *Journal of Plant Productions*, 44(2), 157-170. (In Persian).
- Naderi, A., & Eslahi, M. R. (2019). Evaluation of Susceptibility of Some Phenological Stages of Wheat Genotypes in Response to Drought Stress. *Journal of Plant Productions (Agronomy, Breeding and Horticulture)*, 42(1), 133-148. (In Persian).
- Nagarajan, S., Anand, A., & Chaudhary, H. B. (2008). Response of spring wheat (*Triticum aestivum*) genotypes under changing environment during grain filling period. *Indian Journal of Agricultural Sciences*. 78(2), 117-119.
- Rahman, M. S., Wilson, J. H., & Aitken, V. (1977). Determination of spikelet number in wheat. II. Effect of varying light level on ear development. *Australian Journal of Agricultural Research*, 28(4), 575-581.
- Rebetzke, G. J., Bonnett, D. G., & Reynolds, M. P. (2016). Awns reduce grain number to increase grain size and harvestable yield in irrigated and rainfed spring wheat. *Journal of Experimental Botany*, 67(9), 2573-2586.
- SAS Institute. (2004). SAS System for Windows, Release 9.1. Cary, NC: Statistical Analysis System Institute.
- Shavrukov, Y., Kurishbayev, A., Jatayev, S., Shvidchenko, V., Zotova, L., Koekemoer, F., De Groot, S., Soole, K., & Langridge, P. (2017). Early flowering as a drought escape mechanism in plants: How can it aid wheat production? *Frontiers in plant science*, 17(8), 1950.
- Shiferaw, B., Smale, M., Braun, H. J., Duveiller, E., Reynolds, M., & Muricho, G. (2013).

- Crops that feed the world 10. Past successes and future challenges to the role played by wheat in global food security. *Food Security*, 5(3), 291-317.
- Singh, R. K., & Chaudhary, B. D. (1985). *Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis*. New Delhi: Kayani Publisher.
- Van Bavel, J., & Reher, D. S. (2013). The baby boom and its causes: What we know and what we need to know. *Population and development review*, 39(2), 257-288.
- Wang, L., Sun, J., Wang, C., & Shangguan, Z. (2018). Leaf photosynthetic function duration during yield formation of large-spike wheat in rainfed cropping systems. *PeerJ*, 6, e5532.
- Wolde, G. M., Mascher, M., & Schnurbusch, T. (2019). Genetic modification of spikelet arrangement in wheat increases grain number without significantly affecting grain weight. *Molecular Genetics and Genomics*, 294(2), 457-468.
- Zhou, H., Riche, A. B., Hawkesford, M. J., Whalley, W. R., Atkinson, B. S., Sturrock, C. J., & Mooney, S. J. (2021). Determination of wheat spike and spikelet architecture and grain traits using X-ray Computed Tomography imaging. *Plant methods*, 17(1), 1-9.