



استفاده از لاین‌های جایگزین کروموزومی گندم برای مطالعه روابط بین عملکرد و اجزای آن در شرایط تنش خشکی و نرمال

مسعود گلستانی^{۱*} و شهرام محمدی^۲

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۵/۳

تاریخ بازنگری: ۱۳۹۵/۸/۲۲

تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۵/۲۳

چکیده

به منظور بررسی روابط بین عملکرد و اجزای آن، آزمایشی با استفاده از دو سری لاین جایگزین کروموزومی گندم شامل سری لاین‌های جایگزین رقم تایمستین در زمینه ژنتیکی رقم چاینیز اسپرینگ و رقم رد اجیپشن در زمینه ژنتیکی رقم چاینیز اسپرینگ به همراه والدینشان در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار در دو شرایط بدون تنش و تنش خشکی به صورت گلدانی در سال ۱۳۹۳ انجام شد. آنالیزهای رگرسیونی نشان دادند که مشارکت اجزای عملکرد دانه در ایجاد تغییرات عملکرد دانه در دو شرایط یکسان نیست. به طوری که، در شرایط بدون تنش عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت و در شرایط تنش تعداد دانه در سنبله و تعداد سنبله بیشترین تغییرات موجود در عملکرد دانه را تبیین نمودند. در سه حالت از چهار حالت مدل رگرسیون گام به گام (دو سری لاین جایگزین و دو شرایط آزمایش) دو صفت شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیک وارد مدل شدند و بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که این دو از پایدارترین صفات در توجیه تغییرات عملکرد دانه می‌باشند. در تجزیه علیت برای عملکرد دانه در شرایط بدون تنش و برای هر دو سری لاین، بیشترین اثرات مستقیم مربوط به عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت بود. در شرایط تنش، بیشترین اثرات مستقیم در سری تایمستین مربوط به عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت و در سری رد اجیپشن مربوط به تعداد سنبله و تعداد دانه در سنبله بود. تجزیه خوشه‌ای به روش وارد و با محاسبه فواصل اقلیدسی، لاین‌های جایگزین مربوط به هر دو سری لاین جایگزین و هر دو شرایط بدون تنش و تنش خشکی را در سه گروه قرار داد.

واژگان کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، تجزیه علیت، رگرسیون گام به گام، لاین جایگزین گندم.

مقدمه

گندم (*Triticum aestivum* L.) یکی از غلات و منابع غذایی مهم در ایران و بسیاری از کشورها است (Gohari *et al.*, 2007)، لذا افزایش عملکرد دانه و صفات زراعی وابسته به آن در گندم نقش مؤثری در تأمین غذای بشر خواهد داشت. عملکرد این گیاه به عوامل مختلفی از جمله شرایط آب و هوایی و مقاومت به تنش‌های زیستی و غیرزیستی به‌ویژه تنش خشکی بستگی دارد (Majer *et al.*, 2008). عملکرد دانه گندم ناشی از آثار تجمعی اجزای آن یعنی تعداد پنجه‌های بارور، تعداد دانه در سنبله و وزن دانه در سنبله می‌باشد. بررسی ضرایب همبستگی ساده، ایده دقیقی از اهمیت اثرات مستقیم و غیرمستقیم هر یک از اجزای عملکرد را فراهم نمی‌نماید. علاوه بر این، از آنجایی که بین برخی از صفات مرتبط با عملکرد، همبستگی‌های منفی وجود دارد و با توجه به روابط پیچیده صفات با همدیگر، قضاوت نهایی نمی‌تواند صرفاً بر مبنای ضرایب همبستگی ساده انجام گیرد (Tousi-Mojarad and Bihamta, 2007). لذا شناخت و بررسی روابط بین عملکرد و اجزای عملکرد و نحوه تأثیرگذاری آنها بر یکدیگر، مطلوب اصلاح نباتات می‌باشد (Hosseini, 2016). همچنین، غالباً یک صفت، علاوه بر اثر مستقیم بر صفت دیگر، از طریق سایر صفات نیز به‌طور غیرمستقیم بر آن اثر می‌گذارد. بنابراین، توجه همزمان به اثر اجزای عملکرد بر عملکرد دانه لازم است به‌طوری که در این راستا روش‌های آماری چند متغیره از جمله رگرسیون چند متغیره، تجزیه علیت و تجزیه خوشه‌ای از اهمیت ویژه‌ای برخوردار می‌باشند.

نادری و همکاران (Naderi *et al.*, 2000) با انجام تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام در ژنوتیپ‌های گندم نتیجه گرفتند که صفات عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت از صفات مؤثر بر عملکرد می‌باشند. محمودی و همکاران (Mahmoodi *et al.*, 2014) با استفاده از رگرسیون مرحله‌ای برای خصوصیات زراعی گندم نشان دادند که صفات بیوماس، وزن هزار دانه و روز تا رسیدگی بیشترین تغییرات موجود در عملکرد دانه را تبیین نمودند. تجزیه علیت روشی برای تفکیک ضرایب همبستگی به آثار مستقیم صفات و غیرمستقیم آنها از طریق صفات دیگر می‌باشد و اثرات مستقیم و غیرمستقیم متغیرهای علت بر روی متغیرهای معلول را مورد مطالعه قرار می‌دهد (Mehmet and Tetal, 2006). اثر مستقیم نشان‌دهنده تأثیر مستقیم آن صفت بر عملکرد و اثر غیرمستقیم نشان‌دهنده اثرات غیرمستقیم از طریق سایر صفات مورد نظر بر عملکرد هستند (Lauro *et al.*, 2004). محمودی و همکاران (Mahmoodi *et al.*, 2014) نشان دادند که بیشترین اثر مستقیم مثبت و معنی‌دار روی عملکرد دانه به ترتیب مربوط به صفات بیوماس و وزن هزار دانه بود. ملاصادقی و همکاران (Mollasadeghi *et al.*, 2011) نیز گزارش کردند که تحت شرایط تنش خشکی صفت بیوماس و وزن هزار دانه بیشترین اثر مستقیم مثبت را بر روی عملکرد دانه نشان داده‌اند. در تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها بر اساس شباهتشان از نظر تعدادی صفت، گروه‌بندی می‌شوند. در واقع در این روش با داشتن n فرد و اندازه‌گیری p متغیر در هر فرد، افراد طوری گروه‌بندی می‌شوند که افراد مشابه‌تر در یک گروه قرار بگیرند (Farshadafar, 2010). در مطالعه‌ای با استفاده از تعدادی لاین جایگزین در دو شرایط

صفات مؤثر بر عملکرد دانه با استفاده از رگرسیون گام‌به‌گام و تجزیه علیت و گروه‌بندی لاین‌های مورد بررسی با استفاده از تجزیه خوشه‌ای انجام شد.

مواد و روش‌ها

مواد ژنتیکی این مطالعه شامل سری کامل لاین‌های جایگزین کروموزومی گندم تایمستین (Timstein) در زمینه ژنتیکی رقم چاینیز اسپرینگ (Chinese Spring) (سری کروموزومی Tim/CS) و سری کامل لاین‌های جایگزین کروموزومی گندم رد اجیپشن (Red Egyptian) در زمینه ژنتیکی رقم چاینیز اسپرینگ (سری کروموزومی Red/CS) بودند. این لاین‌های جایگزین با استفاده از تلاقی‌های برگشتی مکرر با پایه مونوزومیک واریته چاینیز اسپرینگ تولید و تا نسل BC₁₀ خالص گردیده‌اند (Mohammady *et al.*, 2014; Mohammady *et al.*, 2012). در این تحقیق، تمامی مواد ژنتیکی فوق به علاوه والدینشان (تایمستین و CS) در دو قسمت جداگانه و تحت شرایط تنش خشکی و نرمال مورد بررسی قرار گرفتند. این آزمایش به صورت گلدانی در سال ۱۳۹۳ اجرا گردید. از هر ژنوتیپ سه عدد بذر در گلدان‌هایی به قطر ۲۰ و عمق ۲۵ سانتی‌متر به عنوان یک واحد آزمایشی کشت گردید. در هر یک از شرایط آزمایش، ۲۱ لاین جایگزین از سری تایمستین، ۲۱ لاین جایگزین از سری رداجیپشن به همراه دو والد تایمستین و CS (۱۷۶ واحد آزمایشی) در طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار مورد بررسی قرار گرفتند. بنابراین، در کل آزمایش و در مجموع دو شرایط تنش و بدون تنش ۳۵۲ واحد آزمایشی وجود داشت. در هر دو شرایط آزمایش، گلدان‌ها تا زمان استقرار کامل گیاهان (مرحله سه برگی)،

تنش خشکی و نرمال نشان داده شد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی بر مبنای صفات فیزیولوژیکی در سه گروه اصلی قرار می‌گیرند. دندروگرام حاصل از گروه‌بندی لاین‌ها بر اساس تمام صفات در دو شرایط محیطی، دارای چهار گروه متمایز بود (Heidari, 2012).

لاین‌های جایگزین کروموزومی منابع ژنتیکی مؤثر برای مطالعه نقش کروموزوم‌ها در کنترل صفات کمی مثل عملکرد و صفات مرتبط با تحمل تنش کمبود آب هستند (Mohammady *et al.*, 2014; *et al.*, 2012). تقریباً اغلب روش‌های آماری چندمتغیره در گندم با استفاده از ژنوتیپ‌های مختلف انجام شده که تنوع مشاهده‌شده با استفاده از آنها می‌تواند ناشی از نقش ژن‌ها، سیتوپلاسم و اثرات پایه مادری، محیط و یا اثر متقابل آنها باشد. به‌علت وجود زمینه سیتوپلاسمی کاملاً یکسان در لاین‌های جایگزین، تنوع مشاهده شده منحصراً مربوط به ژن‌ها و محیط بوده و سیتوپلاسم و اثرات پایه‌ی مادری در آن نقشی ندارند (Mohammady, 2009). بنابراین، می‌توان نتیجه گرفت که مدل‌های ترسیم شده با این لاین‌ها ساده‌تر بوده و با دقت بیشتری نقش صفات برآورد کننده را در تنوع ژنتیکی متغیر تابع منعکس کرده و احتمالاً تکرارپذیری بیشتری نیز خواهند داشت. با وجود استفاده از این روش‌های آماری در گندم توسط بسیاری از محققان، تاکنون تحقیقی در مورد استفاده از روش رگرسیون گام‌به‌گام و تجزیه مسیر با لاین‌های جایگزین کروموزومی گندم انجام نشده است و تحقیق حاضر یکی از اولین گزارش‌ها در این زمینه می‌باشد. با توجه به مطالب فوق این تحقیق با هدف بررسی روابط بین اجزای عملکرد با عملکرد دانه و مشخص نمودن

دندروگرام‌ها از تجزیه تابع تشخیص استفاده شد. برای انجام تجزیه‌های آماری از نرم‌افزارهای SPSS (نسخه ۲۳) و Minitab (نسخه ۱۷) استفاده شد.

نتایج و بحث

رگرسیون گام‌به‌گام

جهت حذف اثرات غیرمؤثر یا کم‌تأثیر در مدل رگرسیونی بر روی صفت عملکرد دانه در بوته به عنوان متغیر وابسته و همچنین به منظور دستیابی به بهترین و مناسب‌ترین معادله رگرسیونی چند متغیره از رگرسیون گام‌به‌گام استفاده گردید. بدین منظور صفات مربوط به اجزای عملکرد به عنوان متغیرهای مستقل و صفت عملکرد دانه در بوته به عنوان متغیر وابسته در نظر گرفته شدند. همچنین، به منظور سنجش تکرارپذیری ارتباطات رگرسیونی، آنالیز رگرسیون در هر دو شرایط آزمایش و برای هر دو سری لاین جایگزین مورد نظر انجام گرفت که نتایج حاصل از آن در ادامه تشریح می‌گردند.

نتایج رگرسیون گام‌به‌گام در سری Tim/CS و شرایط بدون تنش نشان داد که صفات عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت در معادله نهایی رگرسیون قرار گرفتند و ۹۶/۵ درصد از کل تغییرات عملکرد دانه را توجیه کردند (جدول ۱). صفت عملکرد بیولوژیک ۲۸/۲ درصد از کل تغییرات عملکرد را به خود اختصاص داد و صفت شاخص برداشت ۶۸/۳ درصد از تغییرات عملکرد را توجیه نمود. پس در شرایط بدون تنش و سری Tim/CS صفت شاخص برداشت از اهمیت بیشتری برخوردار است. نتایج این بخش با نتایج محققان دیگر (Khan et al., 2005; Golparvar et al., 2008; Nourkhalaj et al., 2010; Mohammadi et al., 2011) مطابقت داشت. در تحقیق انجام شده در ژنوتیپ‌های گندم در محیط

به صورت یکسان تا رسیدن به ظرفیت زراعی آبیاری شدند. در این مرحله تنش آبی اعمال شد. دوره اول تنش با عدم آبیاری گلدان‌ها تا ظهور علائم تنش مثل پژمردگی، لوله‌شدن برگ‌ها و بی‌رنگ شدن برگ اول در لاین‌های حساس اعمال شد. این دوره در حدود هشت روز طول کشید. میزان درجه روز رشد دریافتی گیاهان در این هشت روز محاسبه (Giunta et al., 2007)، و دور بعدی آبیاری در تیمار تنش با استفاده از این درجه روز رشد محاسباتی انجام پذیرفت. به این صورت که در پایان دوره اول تنش، گلدان‌ها تا رسیدن به ظرفیت زراعی آبیاری شدند. در دوره دوم تنش، آبیاری گلدان‌ها تا دریافت درجه روز رشد محاسبه شده به تأخیر افتاد. دوره‌های بعدی نیز به همین صورت اعمال گردید. این روش موجب یکسان‌سازی شرایط تنش برای همه لاین‌ها و مستقل شدن تنش از نوسانات دمایی در طی روزهای مختلف در مراحل رشد گیاه می‌شود. صفات مورد بررسی شامل عملکرد دانه در بوته (میانگین وزن دانه‌های بوته‌های هر گلدان)، عملکرد بیولوژیک (مجموع وزن دانه و کاه و کلش در بوته)، شاخص برداشت (تقسیم عملکرد دانه بر عملکرد بیولوژیک)، تعداد سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه بود. میانگین این صفات بر روی سه بوته در هر گلدان به دست آمد. از رگرسیون گام‌به‌گام برای تعیین صفاتی که بیشترین میزان تنوع عملکرد دانه را در شرایط تنش و بدون تنش توجیه می‌کنند، استفاده شد. برای تعیین اثرات مستقیم و غیرمستقیم صفات بر عملکرد از تجزیه علیت استفاده گردید. از تجزیه خوشه‌ای به روش وارد (Ward) و با محاسبه فواصل اقلیدسی، جهت گروه‌بندی لاین‌های جایگزین استفاده شد. برای تعیین محل برش

تأثیرگذاری بر تنوع متغیر تابع وارد مدل می‌کند، وارد مدل نشده‌اند و نقش مؤثری در تنوع موجود در عملکرد دانه در مقایسه با دو صفت دیگر نداشته‌اند.

پس از انجام رگرسیون گام‌به‌گام در سری Tim/CS در شرایط تنش مشخص گردید که صفات تعداد دانه در سنبله، شاخص برداشت، عملکرد بیولوژیک و وزن هزار دانه در مجموع ۹۸ درصد کل تغییرات عملکرد دانه را توجیه می‌کنند (جدول ۲). نتایج این تحقیق با نتایج تحقیق (Golparvar *et al.*, 2008) نسبتاً مشابه بود. نکته قابل توجه در هنگام مقایسه شرایط بدون تنش و تنش در سری کروموزومی Tim/CS این است که صفات عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت مشترک می‌باشند ولی در شرایط تنش علاوه بر این صفات، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه نیز وارد معادله رگرسیون شده‌اند و این موضوع اهمیت این صفت را در شرایط آبیاری محدود مشخص می‌کند. در سری Red/CS و شرایط تنش صفات تعداد سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه وارد معادله رگرسیون گام‌به‌گام شدند (جدول ۲) و این سه صفت در مجموع ۸۵/۹ درصد از کل تغییرات عملکرد دانه را در بر می‌گیرند.

در مطالعه انجام شده به‌وسیله مقدس‌زاده اهرابی و همکاران (Moghaddaszadeh Ahrabi *et al.*, 2012) نیز نشان داده شد که صفات تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبله و وزن هزار دانه وارد مدل رگرسیون شدند. سلیمانی‌فرد و ناصری (Soleymani Fard and Naseri 2014) نشان دادند که صفات تعداد سنبله، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته صفات مؤثر بر عملکرد دانه در شرایط دیم هستند.

بدون تنش صفات عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت و تعداد دانه وارد مدل رگرسیون گام‌به‌گام شدند (Dehghan *et al.*, 2012). با بررسی تنوع ژنتیکی ۴۷ رقم گندم بومی غرب کشور، دو صفت شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیک با ضریب تبیین ۹۵ درصد بخش عمده‌ای از تغییرات عملکرد دانه را در مدل رگرسیون مرحله‌ای توجیه نمودند (Taleei and Bahram-Nejad, 2003).

نتایج رگرسیون گام‌به‌گام برای سری Red/CS در شرایط بدون تنش نشان داد که صفات عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت ۹۸/۴ درصد از کل تغییرات عملکرد دانه را شامل می‌شوند و صفت شاخص برداشت به تنهایی ۶۷ درصد از این تغییرات را توجیه می‌کند (جدول ۱). نتایج این بخش با نتایج مطالعات دیگر (Taleei and Bahram-Nejad, 2003; Khan *et al.*, 2005; Golparvar *et al.*, 2008; Nourkhalaj *et al.*, 2010; Mohammadi *et al.*, 2011) مطابقت داشت. در تحقیق انجام شده در ژنوتیپ‌های گندم در محیط بدون تنش صفات عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت و تعداد دانه وارد مدل رگرسیون گام‌به‌گام شدند (Dehghan *et al.*, 2012). با توجه به نتایج این مطالعه می‌توان نتیجه گرفت که در شرایط بدون تنش شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیک دو صفت مهم تأثیرگذار بر عملکرد بوده و صفاتی مانند تعداد دانه، تعداد سنبله، وزن هزار دانه برآورد کننده مهمی برای عملکرد به حساب نمی‌آیند. این موضوع شاید به این خاطر باشد که در شرایط بدون تنش تغییرات موجود در ژنوتیپ‌ها برای تعداد دانه و تعداد سنبله نسبت به تغییرات برای شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیک کمتر بوده لذا در یک آنالیز رگرسیونی مانند گام‌به‌گام، که متغیرهای برآورد کننده را بر مبنای میزان

هستند (جدول ۳). همچنین، اثرات غیرمستقیم این دو صفت به صورت منفی و تقریباً مساوی می‌باشد. پس با توجه به موارد ذکر شده و همچنین یکسان بودن تقریبی ضرایب همبستگی این دو صفت بر عملکرد دانه می‌توان گفت که این دو صفت دارای تأثیر یکسان بر روی عملکرد دانه می‌باشند. در تحقیقات دیگر (Golparvar *et al.*, 2010; Nourkhalaj *et al.*, 2008) عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت دارای اثرات مستقیم مثبت و زیاد بر روی عملکرد دانه بودند.

با استفاده از تجزیه علیت در سری Red/CS و شرایط بدون تنش مشخص شد که اثر مستقیم و ضریب همبستگی شاخص برداشت تا حدودی بیشتر از عملکرد بیولوژیک می‌باشد (جدول ۳). چنین نتیجه‌ای در مطالعات سایر محققان نیز گزارش شده است (Golparvar *et al.*, 2008; Nourkhalaj *et al.*, 2010). اثر غیرمستقیم عملکرد بیولوژیک از طریق شاخص برداشت حدودی بیشتر از اثر غیرمستقیم شاخص برداشت از طریق عملکرد بیولوژیک بود. در مقایسه نتایج تجزیه علیت بین دو سری کروموزومی در شرایط بدون تنش مشخص شد که تفاوت عمده بین این دو سری کروموزومی در شرایط بدون تنش مربوط به تفاوت علامت اثرات غیرمستقیم بین این دو سری می‌باشد که در سری Tim/CS علامت منفی و در سری Red/CS علامت مثبت می‌باشد (جدول ۳). یا به عبارت دیگر در سری Tim/CS هر یک از صفات وارد شده به مدل از طریق کاهش صفت دیگر باعث افزایش عملکرد می‌شوند ولی در سری Red/CS هر یک از صفات وارد شده به مدل از طریق افزایش صفت دیگر باعث افزایش عملکرد دانه می‌شوند. نتایج تجزیه علیت در شرایط تنش و سری Tim/CS نشان داد که صفات

به‌طورکلی، با مقایسه نتایج رگرسیون گام‌به‌گام در دو شرایط بدون تنش و تنش مشخص شد که تعداد صفاتی که در هر دو سری کروموزومی در شرایط تنش وارد مدل رگرسیون می‌شوند بیشتر از شرایط بدون تنش است که می‌تواند به علت بروز بهتر صفات در شرایط تنش باشد (جداول ۱ و ۲). همچنین، می‌توان نتیجه گرفت که در شرایط تنش صفات تعداد سنبله، تعداد دانه و وزن هزار دانه اهمیت بیشتری در توجیه تغییرات عملکرد دانه داشته‌اند. در حالی که در شرایط بدون تنش نقش صفات پیچیده‌تری مانند شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیک بیشتر بوده است. این موضوع می‌تواند محققین را به این نکته رهنمون سازد که در شرایط تنش انتخاب بر مبنای صفاتی مانند تعداد سنبله و تعداد دانه اهمیت بیشتری دارد. بنابراین، ژنوتیپ‌هایی که تعداد دانه و قدرت پنجه‌دهی آنها در شرایط تنش به میزان کمتری تحت تأثیر قرار می‌گیرد، می‌توانند عملکرد بیشتری تولید کنند. از دیدگاه پایداری صفات در توجیه تغییرات عملکرد دانه و با دقت در جداول ۱ و ۲ مشخص گردید که در سه حالت از چهار حالت مدل رگرسیون گام‌به‌گام (دو سری لاین جایگزین و دو شرایط آزمایش) دو صفت شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیک وارد مدل شده‌اند. بنابراین، می‌توان نتیجه گرفت که این دو صفت پایدارترین صفات در توجیه تغییرات عملکرد دانه به حساب می‌آیند.

تجزیه علیت

برای تفسیر بهتر نتایج رگرسیون از تجزیه علیت استفاده شد. نتایج تجزیه علیت برای سری Tim/CS در شرایط بدون تنش نشان داد که صفات عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت دارای اثرات مستقیم تقریباً مشابهی بر عملکرد دانه

تجزیه علیت در سری Red/CS و شرایط تنش نشان داد که تعداد سنبله و تعداد دانه در سنبله دارای ضرایب همبستگی و اثرات مستقیم بالا و تقریباً مشابه بر عملکرد دانه می‌باشند (جدول ۴). اثر غیرمستقیم تعداد سنبله و تعداد دانه در سنبله از طریق وزن هزار دانه بر عملکرد دانه ناچیز ولی اثر غیرمستقیم این دو صفت از طریق تعداد دانه در سنبله و تعداد سنبله بر عملکرد دانه منفی و نسبتاً کم می‌باشد. بنابراین، تعداد سنبله علاوه بر اینکه بیشترین اثر مستقیم را بر عملکرد دانه دارد به صورت غیرمستقیم هم از طریق کاهش تعداد دانه در سنبله در افزایش عملکرد دانه مؤثر می‌باشد. تعداد دانه در سنبله هم علاوه بر اثر مستقیم و مثبت بر عملکرد دانه از طریق کاهش تعداد سنبله بر افزایش عملکرد دانه اثر می‌گذارد. صفت وزن هزار دانه دارای ضریب همبستگی و اثر مستقیم کم و تقریباً مشابه بر عملکرد دانه می‌باشد و اثر غیرمستقیم این صفت از طریق دو صفت دیگر بر عملکرد دانه ناچیز می‌باشد. به منظور انتخاب غیرمستقیم در شرایط تنش برای بهبود عملکرد دانه می‌توان از تعداد سنبله و تعداد دانه در سنبله به علت زیاد بودن اثرات مستقیم آنها استفاده کرد و همزمان اثرات غیرمستقیم وزن هزار دانه را در نظر گرفت.

در یک مطالعه صفت تعداد دانه در سنبله بیشترین اثر مستقیم مثبت را نشان داد (Moghaddaszadeh Ahrabi *et al.*, 2012). بیشترین اثر مستقیم و مثبت در تحقیقی دیگر توسط تعداد سنبله گزارش شد (Soleymani, Fard and Naseri, 2014).

تجزیه خوشه‌ای

دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای به روش وارد و با محاسبه فواصل اقلیدسی، جهت

عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت دارای اثرات مستقیم تقریباً مشابه و زیاد بر روی عملکرد دانه و صفات تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه دارای اثرات مستقیم تقریباً مشابه ولی کم بر روی عملکرد دانه می‌باشند (جدول ۴). این نتیجه را محققان دیگر نیز گزارش کرده‌اند (Golparvar *et al.*, 2008; Nourkhalaj *et al.*, 2010). صفات عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت دارای ضرایب همبستگی تقریباً یکسان با عملکرد دانه هستند و اثرات غیرمستقیم این دو صفت از طریق تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه ناچیز می‌باشد ولی اثرات غیرمستقیم شاخص برداشت از طریق عملکرد بیولوژیک بر عملکرد دانه و برعکس آن تقریباً مشابه و منفی می‌باشد. به دلیل اثرات مستقیم و مثبت زیادی که این دو صفت بر عملکرد دانه در بوته دارند می‌توان از آنها به عنوان یکی از شاخص‌های انتخاب استفاده نمود و به منظور انتخاب غیرمستقیم در این شرایط برای بهبود عملکرد دانه می‌توان صفات عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت را افزایش داد. تعداد دانه در سنبله علیرغم ضریب همبستگی بالا با عملکرد دانه اثر مستقیم کمی دارد ولی اثر غیرمستقیم آن از طریق شاخص برداشت و سپس از طریق عملکرد بیولوژیک در مقایسه با اثر مستقیم نسبتاً زیاد می‌باشد. بنابراین، می‌توان به‌طور همزمان اثرات غیرمستقیم این صفت را روی عملکرد دانه مورد توجه قرار داد. ضریب همبستگی و اثر مستقیم وزن هزار دانه بر عملکرد دانه کم است و اثرات غیرمستقیم این صفت نیز ناچیز می‌باشد. پس نمی‌توان از وزن هزار دانه به عنوان شاخص انتخاب استفاده کرد. نتایج این قسمت با تحقیقات دیگر (Hill *et al.*, 2002; Golparvar *et al.*, 2008) مطابقت داشت.

گروه سه قرار گرفتند. در این شرایط لاین‌های 1A و 2B دارای بیشترین فاصله ژنتیکی می‌باشند. لاین‌های 1B، 3B، 7B، 3D و 6D از نظر اکثر صفات مورد بررسی بیشترین مقدار را داشتند که این لاین‌ها در گروه یک قرار گرفتند.

گروه‌بندی ۲۱ لاین جایگزین و والدینشان در شرایط تنش و در سری Tim/CS با استفاده از تجزیه خوشه‌ای انجام شد (شکل ۳) و با استفاده از تجزیه تابع تشخیص، بیشترین تمایز بین گروه‌ها با سه گروه به‌دست آمد (جدول ۶). لاین‌های 1A، 7A، 1B، 3B، 4B، 7B، 3D و 7D در گروه یک، لاین‌های 2A، 5B، 2D، 5D، 6D و والد CS و تایمستین در گروه دو و لاین‌های 3A، 4A، 5A، 6A، 2B، 6B، 1D و 4D در گروه سه قرار گرفتند (شکل ۳). در شرایط تنش، لاین‌های 1A و 1D دارای بیشترین فاصله ژنتیکی می‌باشند. همچنین نتایج تجزیه خوشه‌ای نشان داد که لاین‌های 3B، 7B و 7D از لحاظ عملکرد دانه، شاخص برداشت و تعداد دانه در سنبله بالاترین میزان را به خود اختصاص دادند که این لاین‌ها در گروه یک قرار گرفته‌اند.

گروه‌بندی لاین‌های جایگزین سری Red/CS بر مبنای صفات مورد بررسی در شرایط تنش انجام شد (شکل ۴) و نتایج تجزیه تابع تشخیص برای تعیین بهترین محل برش، نشان‌دهنده تمایز بیشتر با سه گروه بود (جدول ۶). در این شرایط لاین‌های 1A، 2A، 3A، 4A، 5A، 1B، 4B، 5B، 6B، 1D، 2D، 4D و 5D و والد CS در گروه یک، لاین‌های 6A، 7A، 3B، 7B، 3D، 6D و 7D در گروه دو و لاین 2B در گروه سه قرار گرفتند. در این شرایط لاین‌های 1A و 2B دارای بیشترین فاصله ژنتیکی می‌باشند. لاین 3B از نظر اکثر صفات مورد بررسی بیشترین مقدار را

گروه‌بندی ۲۱ لاین جایگزین و والدینشان بر مبنای صفات مورد بررسی در اشکال (۱ تا ۴) آورده شده است. برای نشان دادن لاین‌ها در دندروگرام از عدد ۱ تا ۲۳ استفاده گردید که اعداد ۱ تا ۲۱ مربوط به لاین‌های جایگزین از لاین 1A تا 7D می‌باشد. عدد ۲۲ مربوط به والد CS و عدد ۲۳ مربوط به والد تایمستین می‌باشد. گروه‌بندی ۲۱ لاین جایگزین و والدینشان در شرایط بدون تنش و در سری Tim/CS صورت گرفت (شکل ۱) و نتایج تجزیه تابع تشخیص برای تعیین بهترین محل برش، نشان‌دهنده تمایز بیشتر با سه گروه بود (جدول ۵). با توجه به دندروگرام (شکل ۱) لاین‌های 1A، 5A، 4D و والد تایمستین در گروه یک، لاین‌های 2A، 6A، 5B، 7B و 6D در گروه دو و لاین‌های 3A، 4A، 7A، 1B، 2B، 3B، 4B، 6B، 1D، 2D، 3D، 5D، 7D و والد CS در گروه سه قرار گرفتند. در شرایط بدون تنش، لاین‌های 1A و 1D دارای بیشترین فاصله ژنتیکی می‌باشند. لاین‌های 2B، 3B، 4B و 6B از نظر صفات مورد بررسی بیشترین مقدار را داشتند و قرار گرفتن آنها در یک گروه دور از انتظار نبود.

دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای در شرایط بدون تنش در سری Red/CS در شکل ۲ ارائه شده است. بر اساس تجزیه تابع تشخیص، بیشترین تمایز بین گروه‌ها با سه خوشه حاصل گردید (جدول ۵)، به‌طوری‌که لاین‌های درون هر خوشه از لحاظ صفات مورد بررسی، با یکدیگر تشابه بیشتری داشتند. همان‌طور که از شکل مشخص می‌باشد، لاین‌های 1A، 2A، 7A، 1B، 3B، 4B، 6B، 7B، 1D، 3D، 4D، 5D و 6D در گروه یک، لاین‌های 3A، 5A، 6A، 5B، 2D و 7D در گروه دو و لاین‌های 4A، 2B و والد CS در

دانه هستند. مقایسه نتایج تجزیه علیت بین دو سری کروموزومی در شرایط بدون تنش مشخص کرد که تفاوت عمده بین این دو سری کروموزومی در شرایط بدون تنش مربوط به تفاوت علامت اثرات غیرمستقیم بین این دو سری می‌باشد که در سری Tim/CS علامت منفی و در سری Red/CS علامت مثبت می‌باشد. در شرایط تنش، بیشترین اثرات مستقیم در سری Tim/CS مربوط به عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت بود. به دلیل اثرات مستقیم و مثبت زیادی که این دو صفت بر عملکرد دانه دارند می‌توان از آنها به عنوان یکی از شاخص‌های انتخاب استفاده نمود و به منظور انتخاب غیرمستقیم در این شرایط و در این سری کروموزومی برای بهبود عملکرد دانه می‌توان صفات عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت را افزایش داد. بیشترین اثرات مستقیم در سری Red/CS در شرایط تنش مربوط به تعداد سنبله و تعداد دانه در سنبله بود. به‌منظور انتخاب غیرمستقیم در شرایط تنش و در این سری کروموزومی برای بهبود عملکرد دانه می‌توان از تعداد سنبله و تعداد دانه در سنبله به علت زیاد بودن اثرات مستقیم آنها استفاده کرد و همزمان اثرات غیرمستقیم وزن هزار دانه را در نظر گرفت. تجزیه خوشه‌ای بر اساس روش وارد با استفاده از فاصله اقلیدسی، لاین‌های جایگزین مربوط به هر دو سری لاین جایگزین و هر دو شرایط بدون تنش و تنش خشکی را در سه گروه قرار داد.

داشت و به صورت مجزا در یک گروه (گروه سه) قرار گرفت. در مطالعه تنوع ژنتیکی لاین‌های بومی گندم با کمک تجزیه خوشه‌ای با در نظر گرفتن ۶۵ درصد شباهت درون‌گروهی، لاین‌ها در شش گروه قرار گرفتند (Mohammadi *et al.*, 2002). در مطالعه‌ای با گروه‌بندی تعدادی لاین جایگزین منتخب در دو شرایط تنش خشکی و نرمال بر مبنای صفات فیزیولوژیکی نشان داده شد که در فاصله تشابه ۶۶/۹۸ سه گروه اصلی تشکیل شد و دندروگرام حاصل از گروه‌بندی لاین‌ها بر اساس تمام صفات در دو شرایط محیطی، در فاصله تشابه ۶۰/۴۴ دارای چهار گروه متمایز بود (Heidari, 2012). این گروه‌بندی ۶۳/۶۳ درصد از کل لاین‌ها را در یک دسته قرار داد که شامل لاین‌های والدینی نیز بود (Heidari, 2012).

نتیجه‌گیری کلی

به‌طور کلی نتایج رگرسیون گام‌به‌گام نشان داد که در شرایط بدون تنش و در هر دو سری لاین جایگزین، صفات شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیک وارد مدل رگرسیون شدند. درحالی‌که در شرایط تنش و در سری Tim/CS عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، وزن هزار دانه و تعداد دانه در سنبله و در سری Red/CS صفات تعداد سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه از صفات مهم بر روی عملکرد دانه بودند. نتایج تجزیه علیت نیز نشان داد که در شرایط بدون تنش صفات عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت دارای اثرات مستقیم تقریباً مشابهی بر عملکرد

جدول ۱- نتایج رگرسیون گام‌به‌گام برای عملکرد دانه در شرایط بدون تنش

Table 1- Results of stepwise regression analysis for grain yield under non-stress conditions

سری کروموزومی Tim/CS Tim/CS Chromosome series	مراحل رگرسیون Regression steps	عدد ثابت Constant	متغیرهای وارد شده به مدل Added variables to model		ضریب تبیین تصحیح شده Adjusted R ²	رگرسیون F Regression F
			عملکرد بیولوژیک Biological yield (g)	شاخص برداشت Harvest index		
	1	0.69*	0.18**	-	0.247	8.23**
	2	-1.63**	0.32**	0.05**	0.962	277.14**
سری کروموزومی Red/CS Red/CS Chromosome series	مراحل رگرسیون Regression steps	عدد ثابت Constant	متغیرهای وارد شده به مدل Added variables to model		ضریب تبیین تصحیح شده Adjusted R ²	رگرسیون F Regression F
			شاخص برداشت Harvest index	عملکرد بیولوژیک Biological yield (g)		
	1	-0.2 ^{ns}	0.067**	-	0.654	40.63**
	2	-1.77**	0.057**	0.31**	0.983	599.04**

ns, *, **: به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪

ns, *, **: non-significant and significant at 5% and 1% probability levels, respectively

جدول ۲- نتایج رگرسیون گام‌به‌گام برای عملکرد دانه در شرایط تنش

Table 2- Results of stepwise regression analysis for grain yield under stress conditions

سری کروموزومی Tim/CS Tim/CS Chromosome series	مراحل رگرسیون Regression steps	عدد ثابت Constant	متغیرهای وارد شده به مدل Added variables to model				ضریب تبیین تصحیح شده Adjusted R ²	رگرسیون F Regression F
			تعداد دانه در سنبله Grains per spike	تعداد سنبله Spike number	وزن هزار دانه 1000- seed weight (g)	عملکرد بیولوژیک Biological yield (g)		
	1	0.17 ^{ns}	0.045**	-	-	-	0.42	16.95**
	2	0.78**	0.054**	0.24**	-	-	0.735	31.57**
	3	-1.79**	0.056**	0.27**	0.51**	-	0.881	55.14**
	4	-1.77**	0.052**	0.24**	0.047**	0.052*	0.903	51.92**
	5	-1.23**	0.009 ^{ns}	0.012 ^{ns}	0.017*	0.22**	0.974	165.98**
	6	-1.2**	0.007*	-	0.015**	0.23**	0.033**	0.975
سری کروموزومی Red/CS Red/CS Chromosome series	مراحل رگرسیون Regression steps	عدد ثابت Constant	متغیرهای وارد شده به مدل Added variables to model				ضریب تبیین تصحیح شده Adjusted R ²	رگرسیون F Regression F
			شاخص برداشت Harvest index	تعداد سنبله Spike number	تعداد دانه در سنبله Grains per spike	وزن هزار دانه (گرم) 1000-seed weight (g)		
	1	0.13 ^{ns}	0.038**	-	-	-	0.568	28.6**
	2	-0.25 ^{ns}	0.032**	0.16*	-	-	0.635	19.29**
	3	-1.25**	0.012 ^{ns}	0.29**	0.055**	-	0.781	25.9**
	4	-1.46**	-	0.35**	0.071**	-	0.768	35.7**
	5	-2.37**	-	0.34**	0.069**	0.055**	0.835	36.47**

ns, *, **: به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪

ns, *, **: non-significant and significant at 5% and 1% probability levels, respectively

جدول ۳- تجزیه علیت عملکرد دانه در شرایط بدون تنش

Table 3- Path analysis of grain yield under non-stress conditions

سری کروموزومی Tim/CS Tim/CS Chromosome series	صفات Traits	اثر مستقیم Direct effect	اثر غیرمستقیم از طریق Indirect effect via		ضریب همبستگی با عملکرد دانه Correlation with grain yield
			عملکرد بیولوژیک Biological yield (g)	شاخص برداشت Harvest index	
سری کروموزومی Red/CS Red/CS Chromosome series	عملکرد بیولوژیک (گرم) Biological yield (g)	0.929	-	-0.398	0.531
	شاخص برداشت Harvest index	0.918	-0.403	-	0.515
سری کروموزومی Red/CS Red/CS Chromosome series	صفات Traits	اثر مستقیم Direct effect	اثر غیرمستقیم از طریق Indirect effect via		ضریب همبستگی با عملکرد دانه Correlation with grain yield
			عملکرد بیولوژیک (گرم) Biological yield (g)	شاخص برداشت Harvest index	
سری کروموزومی Tim/CS Tim/CS Chromosome series	عملکرد بیولوژیک (گرم) Biological yield (g)	0.574	-	0.148	0.722
	شاخص برداشت Harvest index	0.697	0.122	-	0.819

جدول ۴- تجزیه علیت عملکرد دانه در شرایط تنش

Table 4- Path analysis of grain yield under stress conditions

سری کروموزومی Tim/CS Tim/CS Chromosome series	صفات Traits	اثر مستقیم Direct effect	اثر غیرمستقیم از طریق Indirect effect via			ضریب همبستگی با عملکرد دانه Correlation with grain yield			
			شاخص برداشت Harvest index	عملکرد بیولوژیک (گرم) Biological yield (g)	وزن هزار دانه (گرم) 1000-seed weight (g)		تعداد دانه در سنبله Grains per spike		
سری کروموزومی Red/CS Red/CS Chromosome series	شاخص برداشت Harvest index	0.759	-	-0.252	-0.012	0.055	0.574		
	عملکرد بیولوژیک (گرم) Biological yield (g)	0.782	-0.245	-	0.006	0.024	0.568		
	وزن هزار دانه (گرم) 1000-seed weight (g)	0.114	0.079	0.044	-	-0.023	0.236		
	تعداد دانه در سنبله Grains per spike	0.109	0.386	0.175	-0.024	-	0.668		
سری کروموزومی Red/CS Red/CS Chromosome series	صفات Traits	اثر مستقیم Direct effect	اثر غیرمستقیم از طریق Indirect effect via			ضریب همبستگی با عملکرد دانه Correlation with grain yield			
			تعداد سنبله Spike number	تعداد دانه در سنبله Grains per spike	وزن هزار دانه (گرم) 1000-seed weight (gr)				
			تعداد سنبله Spike number	0.692	-		-0.146	0.016	0.562
			تعداد دانه در سنبله Grains per spike	0.691	-0.146		-	0.086	0.554
وزن هزار دانه (گرم) 1000-seed weight (g)	0.263	0.041	0.023	-	-	0.328			

جدول ۵- تجزیه تابع تشخیص برای تعیین محل برش دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای در شرایط بدون تنش

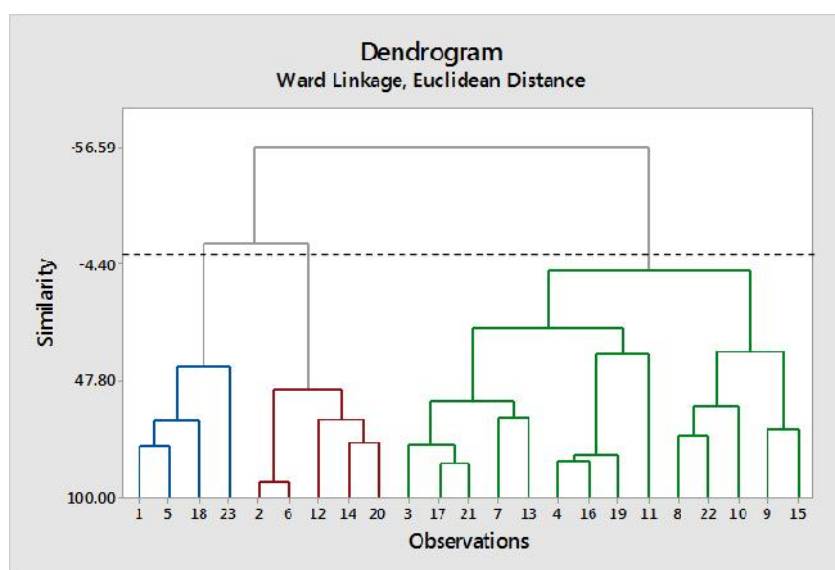
Table 5- Discriminant analysis to determine the cut-off point dendrogram of cluster analysis under non-stress condition

سری کروموزومی	تعداد گروه‌ها Number of groups	ویلکس لامبدا Wilks' lambda	کای دو Chi-square	سطح معنی‌داری Significance level
Tim/CS	2	0.011	76.1	0.000
Tim/CS Chromosome series	3	0.14	33.1	0.000
سری کروموزومی	2	0.035	53.5	0.000
Red/CS	3	0.26	21.6	0.017
Red/CS Chromosome series				

جدول ۶- تجزیه تابع تشخیص برای تعیین محل برش دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای در شرایط تنش

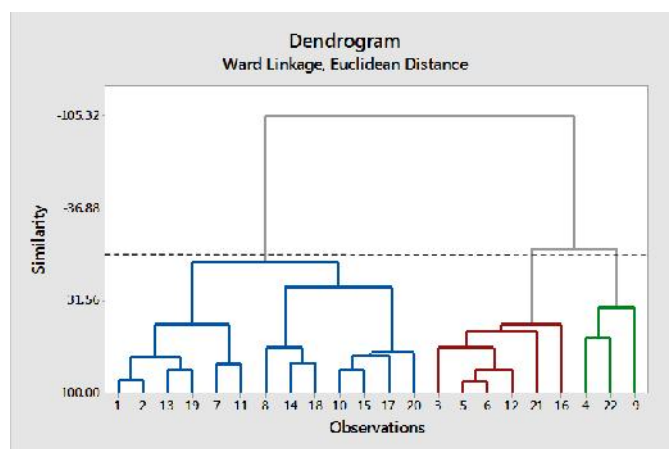
Table 6- Discriminant analysis to determine the cut-off point dendrogram of cluster analysis under stress condition

سری کروموزومی	تعداد گروه‌ها Number of groups	ویلکس لامبدا Wilks' lambda	کای دو Chi-square	سطح معنی‌داری Significance level
Tim/CS	2	0.023	64.4	0.000
Tim/CS Chromosome series	3	0.132	34.4	0.000
سری کروموزومی	2	0.012	70.71	0.000
Red/CS	3	0.097	37.26	0.000
Red/CS Chromosome series				



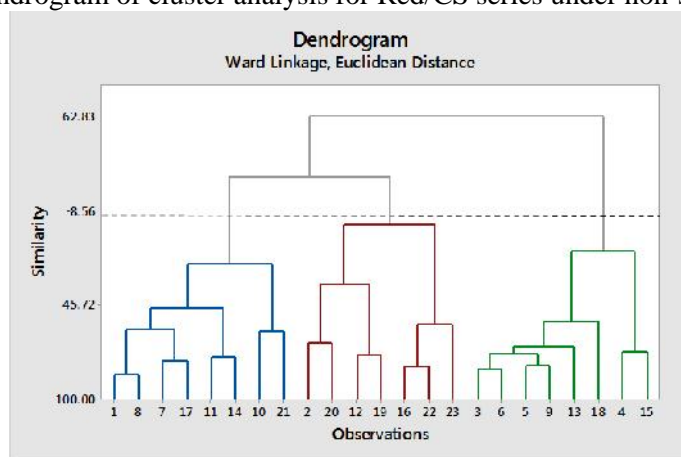
شکل ۱- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای سری Tim/CS در شرایط بدون تنش

Figure 1- Dendrogram of cluster analysis for Tim/CS series under non-stress condition



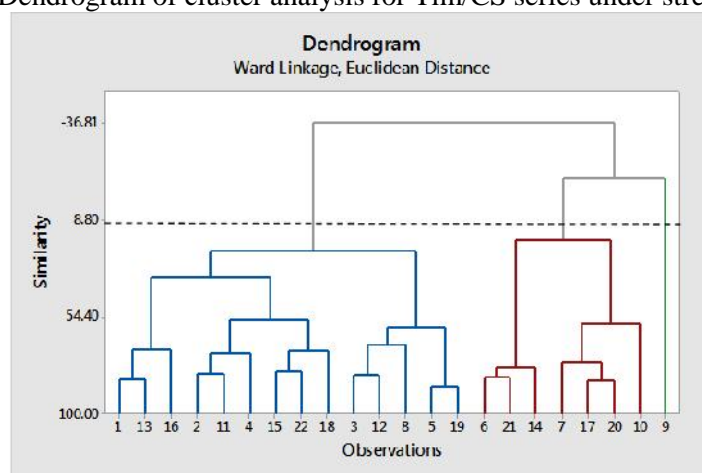
شکل ۲- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای سری Red/CS در شرایط بدون تنش

Figure 2- Dendrogram of cluster analysis for Red/CS series under non-stress condition



شکل ۳- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای سری Tim/CS در شرایط تنش

Figure 3- Dendrogram of cluster analysis for Tim/CS series under stress condition



شکل ۴- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای سری Red/CS در شرایط تنش

Figure 4- Dendrogram of cluster analysis for Red/CS series under stress condition

References

منابع مورد استفاده

- Dehghan, A., M. Khodarahmi, E. Majidi Harvan, and F. Paknezhad. 2012. Genetic variation of morphological and physiological traits in durum wheat lines. *Seed and Plant Improvement Journal*. 27: 103-120. (In Persian).
- Farshadafar, E. 2010. Principles and multivariate statistical methods (third edition). Kermanshah, Taghbostan Publication. 754 pp. (In Persian).
- Giunta, F., R. Motzo, and G. Pruneddu. 2007. Trends since 1900 in the yield potential of Italian-bred durum wheat cultivars. *European Journal of Agronomy*. 27: 12-24.
- Gohari, A.M., N. Sedaghat, M. Javan-nikkhah, and R. Saberi-Riseh. 2007. Mycoflora of wheat grains in the main production area in Kerman province, Iran. *International Journal of Agriculture and Biology*. 9(4): 635-637.
- Golparvar, A., H. Madani, and M. Rasouli. 2008. Relationship between yield and its components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes in drought and non-drought stress conditions. *New Findings in Agriculture*. 2(6): 149-157. (In Persian).
- Heidari, Z. 2012. Chromosomal location of bread wheat genes for some physiological traits related to drought resistance and relation of these traits with root traits using selected substitution lines. M.Sc Thesis. Shahrekord University. 96 pp. (In Persian).
- Hill, J., W. Ortis, W. Wagoir, and O. Stolen. 2002. Effectiveness of indirect selection for wheat yield in a stress environment. *Plant Breeding Abstracts*. 98(2): 305-309.
- Hosseini, S.Z. 2016. Correlation and path analysis of yield and yield components of safflower genotypes under late season drought stress conditions. *Journal of Crop Ecophysiology*. 10(3): 697-716. (In Persian).
- Khan, A.S., M.K.R. Khan, and T.M. Khan. 2005. Genetic analysis of plant height, grain yield and other traits in wheat (*Triticum aestivum* L.). *International Journal of Agriculture and Biology*. 2: 129-132.
- Lauro, A.O., C.F. Luiz, and F.B.N. Jose. 2004. Correlation and path analysis of yield and its components and plant traits in wheat. *Ciência Rural Santa Maria*. 34(6): 1701-1708.
- Mahmoodi, E., S. Mohammadi, J. Saba, H. Hamze, and M. Rezaei. 2014. Evaluation of relationship among traits in wheat genotypes under terminal water stress conditions. *Cereal Research*. 4(1): 1-11. (In Persian).
- Majer, P., L. Sass, T. Lelley, L. Cseuz, I. Vass, D. Dudits, and J. Pauk. 2008. Testing drought tolerance of wheat by a complex stress diagnostic system installed in greenhouse. *Acta Biologica Szegediensis*. 52(1): 97-100.
- Mehmet, A., and Y. Tetel. 2006. Path coefficient analysis of yield and yield components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. *Pakistan Journal of Botany*. 38(2): 417-424.

- Moghaddaszadeh-Ahrabi, M., M. Moghadam-Vahed, S. Aharizad, and S.A. Mohammadi. 2012. Evaluation of spring wheat recombinant inbred lines under drought stress. *Journal of Crop Ecophysiology*. 21: 37-56. (In Persian).
- Mohammadi, H., A. Ahmadi, F. Moradi, A.R. Abbasi, K. Poustini, M. Joudi, and F. Fatehi. 2011. Evaluation of critical traits for improving wheat yield under drought stress. *Iranian Journal of Field Crop Science*. 42: 373-385. (In Persian).
- Mohammadi, M., M. Ghanadha, and A. Taleei. 2002. Study of the genetic variation within Iranian local bread wheat lines using multivariate techniques. *Seed and Plant Improvement Journal*. 18 (3): 328-347. (In Persian).
- Mohammady, S. 2009. Chromosomal analysis for physiological traits related to drought resistance in bread wheat using monosomic lines. Shahrekord University Press. 104 pp. (In Persian)
- Mohammady, S., R. Aminian, S. Hoshmand, and M. Khodombashi. 2012. Genomic analysis of carbon isotope discrimination, photosynthesis rate, stomatal conductance, and grain yield in wheat (*Triticum aestivum L.*) under water-stressed conditions. *Crop and Pasture Science*. 63(6): 513-519
- Mohammady, S., Z. Heidari, and S. Hooshmand. 2014. The determination of chromosomes involved in controlling epicuticular wax, water status and stomatal characteristics using selected wheat substitution lines under water-stress conditions. *Acta Physiologiae Plantarum*. 36(6): 1325-1333.
- Mollasadeghi, V., A.A. Imani, R. Shahryari, and M. Khayatnezhad. 2011. Classifying bread wheat genotypes by multivariable statistical analysis to achieve high yield under after anthesis drought. *Middle-East Journal of Scientific Research*. 7: 217-220.
- Naderi, A., E. Majidi, A. Hashemi-Dezfuli, G. Nourmohamadi, and A. Rezaie. 2000. Genetic variation for dry matter and nitrogen accumulation of grain in spring wheat genotypes under optimum and post- anthesis drought stress conditions. I. Grain yield and its related traits. *Iranian Journal of Crop Sciences*. 2: 58- 66. (In Persian).
- Nourkhalaj, K., M. Khodarahmi, A. Amini, M. Esmaeilzade, and R. Sadeghghol-Moghaddam. 2010. Study on correlation and causation relations of morphological traits in synthetic wheat lines. *Iranian Journal of Agronomy and Plant Breeding*. 6: 7-17. (In Persian).
- Soleymani Fard, A., and R. Naseri. 2014. Study of genetic variation in durum wheat genotypes for agronomic traits under rainfed conditions. *Journal of Crop Ecophysiology*. 7: 469-478. (In Persian).
- Taleei, A., and B. Bahram-Nejad. 2003. A study of relationship between yield and its components in landrace populations of wheat from western parts of Iran using multivariate analysis. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*. 34: 949-959. (In Persian).
- Tousi-Mojarad, M., and M.R. Bihamta. 2007. Investigating grain yield and related quantitative characters of wheat using factor analysis. *Journal of Agricultural Sciences*. 17: 97-107.

Using Wheat Chromosomal Substitution Lines to Study Relationship between Yield and its Components under Water-Stress and Non-Stress Conditions

Masoud Golestani^{1*} and Shahram Mohammady²

Received: August 2016, Revised: 13 November 2016, Accepted: 23 April 2017

Abstract

To evaluate relationship between grain yield and its components, two series of wheat's substitution lines including substitution lines of 'Timstein' into genetic background of 'Chinese Spring' and 'Red Egyptian' into genetic background of 'Chinese Spring' and their parents were tested in a randomized complete block design with four replications under water-stress and non-stress conditions in a greenhouse in 2014. Stepwise regression analyses showed that yield components contributions for seed yield variation were not similar under water-stress and non-stress conditions. So that, under non-stress condition biological yield and harvest index and under water-stress condition the number of seeds per spike and number of spikes explained a higher percentage of variations for grain yield. Biological yield and harvest index were entered into model in three cases out of four regression analyses (two substitution lines series and two conditions) and thus it was deduced that these two traits are the most stable traits in explaining the variations observed for seed yield. Path coefficient analysis showed that biological yield and harvest index had direct and equal effects on seed yield at non-stress condition for two substitution line series. The highest direct effects on seed yield under stress condition for 'Timstein' substitution line series belonged to biological yield and harvest index and for 'Red Egyptian' substitution lines belonged to the number of seeds per spike and number of spikes. Cluster analysis, based on Ward method and by using Euclidian distance, classified two substitution line series under water-stress and non-stress conditions in three groups.

Key words: Cluster analysis, Path analysis, Stepwise Regression, Wheat Substitution Line.

1- Assistant Professor, Department of Agriculture, Payame Noor University, Tehran, Iran.

2- Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, Shahrekord University, Shahrekord, Iran.

* *Corresponding Author:* ma_golestani@yahoo.com