ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم دوروم (*Triticum durum* L.) بر اساس صفات فیزیولوژیک و بیوشیمیایی در شرایط بدون تنش

آنیتا یاقوتی‌پور[1] و عزت‌اله فرشادفر*[2]

۱ و ۲) گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران.

*** نویسنده مسئول: e_farshadfar@yahoo.com**

تاریخ دریافت: ۹۶/۰۷/۰۴ **تاریخ پذیرش: ۹۶/۱۰/۰۳**

چکیده

به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی، ۲۰ ژنوتیپ گندم دوروم در قالب طرح آماری بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار، در مزرعه تحقیقاتی پردیس کشاورزی دانشگاه رازی کرمانشاه در سال زراعی ۹۳-۱۳۹۲ از نظر عملکرد دانه، صفات فیزیولوژیک و فعالیت آنزیم‌های آنتی اکسیدانی ارزیابی شدند. نتایج نشان داد بین ارقام برای همه صفات به‌جز محتوای آب برگ در سطح احتمال یک درصد تفاوت معنی‌دار وجود داشت. وراثت‌پذیری، پیشرفت ژنتیکی و واریانس ژنتیکی بالا برای صفت عملکرد دانه و صفت کمبود آب اشباع مشاهده شد، بنابراین انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس این صفات دارای کارایی بالایی می‌باشد. میزان فعالیت آنزیم سوپراکسید دیسموتاز و فعالیت آنزیم کاتالاز با آب نگهداری شده در برگ‌های بریده شده همبستگی مثبت و معنی‌داری نشان دادند. به‌طورکلی در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر تمام صفات مورد بررسی تفاوت قابل ملاحظه‌ای وجود داشت که این خود نشان از کارایی مطلوب ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای اهداف اصلاحی می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: آنتی اکسیدان، تنوع، عملکرد و وراثت پذیری عمومی.

مقدمه

گندم دوروم از گروه گندم‌های تتراپلوئید با نام علمی (*Triticum durum* L.) یکی ازمنابع تامین‌کننده‌ی انرژی و پروتئین، پس ازگندم نان ازبیش‌ترین اهمیت برخورداراست (Oleson, 1996). خصوصیاتی از جمله گلوتن سنگین و خمیر غیر چسبنده، باعث شده که این نوع گندم برای تهیه محصولات خمیری ازجمله ماکارونی واسپاگتی ایده‌آل باشد (Abaye *et al*., 1997). در بین گونه‌ها ی جنس تریتیکوم، گندم دوروم در مناطق کم باران وخشک و هم‌چنین اراضی کم بازده که مستعد و دارای تنش‌های محیطی هستند، در مقایسه با گندم نان سازگاری بهتری داشته و عملکرد آن نیز بالاتر است (Renu and Devarshi, 2007). کنترل ژنتیکی اکثر صفات مهم اقتصادی، تحت اثر محیط و برهم‌کنش ژنوتیپ و محیط می باشد، لذا باید این صفات را از نظر ژنتیکی تجزیه و تحلیل کرد. (Sharma *et al*., 2003) تنوع ژنتیکی اساس بیشتر برنامه‌های اصلاحی بوده و انجام گزینش وابسته به وجود تنوع ژنتیکی مطلوب از نظر ویژگی های مورد بررسی است (Ashrafi Parchin *et al*., 2011). اهمیت ارزیابی تنوع ژنتیکی، بدان دلیل است که یکی از پیامدهای اجتناب ناپذیر کشاورزی نوین که مبتنی بر استفاده از واریته‌های اصلاح شده با حداکثر عملکرد و کیفیت قابل قبول می‌باشد، باعث کاهش تنوع ذخایر ژنتیکی شده است. یکنواختی ژنتیکی در گیاهان زراعی نامطلوب بوده و این پدیده باعث آسیب‌پذیری گیاهان نسبت به اپیدمی‌ها و متغیرهای محیطی می‌شود (Garner *et al*., 1994). تنوع و انتخاب دو رکن اصلی هر برنامه اصلاحی بوده و انجام انتخاب منوط به وجود تنوع مطلوب از حیث هدف مورد بررسی می باشد. برای بهره‌مندی از تنوع موجود و ایجاد تغییرات جدید، ارزیابی ذخایر ژرم‌پلاسم ضروری به‌نظر می‌رسد (Salgeren, 1994; Walton, 1971). برای به‌نژادی و تولید ارقام پر محصول، دسترسی به منابع ژنتیکی، اطلاع از ساختار ژنتیکی ژنوتیپ و نحوه توارث صفات ضروری است. منابع ژنتیکی تأمین کننده ژن‌های مطلوب هستند که در صورت بهره‌برداری صحیح از آن‌ها می‌توان ارقام جدید و مطلوب را تولید نمود. تنوع ژنتیکی مبنای همه گزینش‌ها است (Clegg, 1997). نقوی و همکاران (۲۰۰۳) در بررسی تنوع ژنتیکی، ۱۰۸ژنوتیپ گندم دوروم مربوط به کشورهای مکزیک، ایتالیا و ترکیه صفات مختلفی را مورد مطالعه قرار دادند و بیان کردند ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر اکثر صفات مورد بررسی اختلاف معنی‌داری با یک‌دیگر نشان دادند. از آن‌جا که برآورد تنوع ژنتیکی در ارقام زراعی از جنبه کاربرد در برنامه‌های به نژادی و محافظت از منابع ژنتیکی حائز اهمیت است، لذا این تحقیق با هدف ارزیابی تنوع ژنتیکی ارقام با استفاده از صفات فیزیولوژیک و بیوشیمیایی انجام شد.

مواد و روش‌ها

این پژوهش در سال زراعی ۹۳-۱۳۹۲ در مزرعه تحقیقاتی پردیس کشاورزی دانشگاه رازی کرمانشاه با طول جغرافیایی ۴۷درجه و ۹ دقیقه شرقی و عرض جغرافیایی ۳۴ درجه و ۲۱ دقیقه شمالی انجام شد. ارتفاع این منطقه از سطح دریا ۱۳۱۹متر، متوسط بارندگی سالانه ۴۸۰-۴۵۰ میلی‌متر، میانگین دمای سالانه ۲۲/۶ و ۵/۹ درجه سانتی‌گراد، اقلیم سرد معتدل، بافت خاک سیلتی رسی و ۵۰۹/۵ میلی‌متر بارندگی در سال اجرای آزمایش می‌باشد. آزمایش بر روی ۲۰ ژنوتیپ گندم دوروم در قالب طرح آزمایشی بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار انجام شد. ژنوتیپ‌ها از موسسه تحقیقاتی سرارود تهیه و برای سهولت کار این ژنوتیپ‌ها از ۲۰-۱ کدگذاری شدند (جدول ۱).

جدول ۱: اسامی و کد ۲۰ ژنوتیپ مورد مطالعه

ردیف	نام ژنوتیپ	ردیف	نام ژنوتیپ
۱	N141979	۱۱	N142025
۲	N141982	۱۲	N142035
۳	N141987	۱۳	N142038
۴	N141994	۱۴	N142039
۵	N141995	۱۵	N142045
۶	N141997	۱۶	N142056
۷	N141999	۱۷	N142060
۸	N142004	۱۸	N142069
۹	N142005	۱۹	N142070
۱۰	N142017	۲۰	Saji

هر کرت شامل ۴ خط ۲ متری با فاصله خطوط ۲۵ سانتی‌متر و تراکم بوته ۴۰۰ بوته در متر مربع بود. کاشت در تاریخ ۹۲/۰۸/۱۶ صورت گرفت و اولین بارندگی پس از کاشت (۹۲/۰۸/۱۷) به عنوان تاریخ کشت در نظر گرفته شد. کرت‌ها به-طور معمول آبیاری شدند و عملیات وجین به‌صورت دستی و برداشت در اوایل تیر ۹۳ صورت گرفت. ۵ نمونه به تصادف از هر کرت و با در نظر گرفتن اثر حاشیه‌ای انتخاب و یادداشت‌برداری انجام شد. صفات مورد مطالعه شامل عملکرد (GY)، صفات فیزیولوژیک و فعالیت آنتی‌اکسیدان‌ها بود. فهرست صفات مورد بررسی و علامت اختصاری آن‌ها در جدول ۲ آمده است.

اندازه گیری عملکرد دانه در متر مربع (GY): سنبله‌های دو ردیف از هر کرت برداشت و خرمنکوبی شد و دانه‌های به دست آمده توزین و عدد به دست آمده ثبت شد.

اندازه گیری صفات فیزیولوژیک: صفات فیزیولوژیک در مرحلهٔ گل‌دهی و با استفاده از برگ پرچم محاسبه شدند. ابتدا ۰/۵ گرم از برگ پرچم توسعه یافته هر گیاه (WF) جدا شده و سپس نمونه‌ها به مدت ۴ ساعت در آب مقطر شناور شدند. بعد از طی مدت زمان آب‌گیری، قطعات برگ با دستمال کاغذی به آرامی خشک گردیدند و بلافاصله وزن شدند، تا وزن در هنگام تورژسانس (WT) به دست آید.

جدول ۲: فهرست صفات مورد بررسی ژنوتیپ‌ها

ردیف	علامت اختصاری		صفت
۱	GY	Grain Yield	عملکرد دانه
۲	WSD	Water Saturation Deficit	کمبود آب اشباع
۳	RWC	Relative Water Content	محتوی آب نسبی برگ
۴	LWC	Leaf Water Content	محتوای آب برگ
۵	ELWR	Excised Leaf Water Retention	آب نگهداری شده در برگ‌های بریده شده
۶	ELWL	Excised Leaf Water Loss	آب از دست رفته در برگ‌های بریده شده
۷	POD	Peroxidase Activity (U gr^{-1} dry matter)	فعالیت آنزیم پراکسیداز
۸	SOD	Superoxide Dismutase Activity (U gr^{-1} dry matter)	فعالیت آنزیم سوپراکسیددیسموتاز
۹	CAT	Catalase Activity (U gr^{-1} dry matter)	فعالیت آنزیم کاتالاز

پس از آن قطعات برگ در آون ۷۰ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۸ ساعت خشک شدند تا وزن خشک (WD) به‌دست آید. W3 وزن برگ جدا شده از گیاه بعد از شش ساعت (در دمای ۲۵ درجه و در داخل آنکوباتور) می‌باشد. سپس از طریق رابطه‌های زیر RWC و دیگر صفات محاسبه شد (Barrs, 1968; Clarke and McCaig, 1982; Manette and Mornhinweg, 1988).

رابطه ۱:
$$WSD = \frac{WT-WF}{WT-WD}$$

رابطه ۲:
$$RWC = \frac{WF-WD}{WT-WD}$$

رابطه ۳:
$$LWC = \frac{WF-WD}{WF}$$

رابطه ۴:
$$ELWR = 1 - \frac{WF-W3}{WF}$$

رابطه ۵:
$$ELWL = \frac{WF-W3}{WF-WD}$$

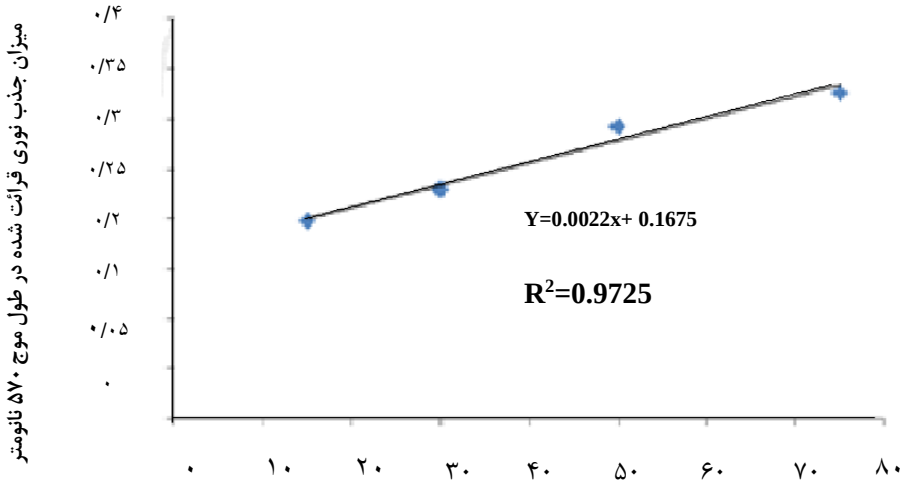
اندازه‌گیری میزان آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی: برای اندازه گیری فعالیت آنتی اکسیدان ها ابتدا به روش Ramachandra Reddy و همکاران (۲۰۰۴) عصاره‌گیری صورت گرفت. ابتدا برای تهیه ۲۰۰ میلی‌لیتر بافر استخراج، مقدار ۰/۴۲۸ گرم تریس را با مقدار ۰/۲ گرم پلی‌وینیل‌پرولیدون در۴۰ میلی‌لیتر آب مقطر حل کرده و سپس به‌وسیله اسید کلریدریک، pH محلول را به ۸ و بعد از آن به حجم نهایی ۲۰۰ میلی‌لیتر رسانده و محلول حاصل به یخچال منتقل

شد. برای عصاره‌گیری، مقدار ۰/۲۵ گرم از نمونه های برگی کاملاً خرد شده در ازت مایع را داخل میکروتیوب ریخته و به آن به مقدار یک میلی‌لیتر بافر استخراج اضافه شد. سپس نمونه‌ها به یخچال منتقل و دو بار در فاصله‌های ۲ ساعتی به مدت ۳۰ ثانیه ورتکس شدند. پس از ۱۲ ساعت مجدداً هر نمونه به مدت ۳۰ ثانیه ورتکس شد. مخلوط حاصل در میکروتیوب در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد، به‌مدت ۱۵ دقیقه و با سرعت ۱۳۰۰۰ دور در دقیقه سانتریفیوژ شد و فاز رویی جهت قرائت فعالیت آنزیم‌ها جدا شد.

آنزیم پراکسیداز (POD): به‌منظور تهیه ۱۰۰ میلی‌لیتر بافر فسفات پتاسیم (pH =۷) ابتدا ۳۹ میلی‌لیتر فسفات پتاسیم مونوبازیک ۵۰ میلی‌مولار، با ۶۱ میلی‌لیتر فسفات پتاسیم دی‌بازیک ۵۰ میلی‌مولار ترکیب شد. سرعت فعالیت این آنزیم بر اساس میزان اکسید شدن گوایکول توسط این آنزیم اندازه‌گیری شد (Chance and Maehly,1995). در این روش مقدار ۶/۶ میکرولیتر از عصاره آنزیمی رقیق شده (به نسبت ۱:۴) را با ۲۰۰ میکرولیتر از سوبسترای پراکسیداز که شامل ۱۳ میلی‌مولار گوایکول، ۵ میلی‌مولار پراکسید هیدروژن (H_2O_2) و ۵۰ میلی‌مولار بافر فسفات پتاسیم (۷ = pH)مخلوط نموده و طی مدت بیست دقیقه با فواصل ۳۰ ثانیه در طول موج ۴۷۰ نانومتر توسط دستگاه الیزا (Bio Tek Powerwave XS2) مقدار جذب آن خوانده شد.

آنزیم سوپراکسیددیسموتاز (SOD): محلول اندازه‌گیری سوپراکسید دیسموتاز شامل ۵۰ میلی‌مول بافر فسفات پتاسیم (pH=۷/۸)، 75 میکرومولار نیترو بلو تترازولیوم NBT) ، ۱۳ میلی مولار ال- متیونین، ۰/۱ میلی‌مولارEDAT و ۲ میکرومولار ریبوفلاوین بود که به‌صورت جداگانه و در ظرف تیره نگهداری شد. سرعت فعالیت این آنزیم بر اساس توانایی آنزیم SOD در متوقف کردن احیاء فتوشیمیایی نیترو بلو تترازولیوم (NBT) توسط رادیکال‌های سوپر اکسید در حضور ریبوفلاوین در نور اندازه‌گیری شد (Beauchamp and Fridovich, 1971). بر اساس این روش مقادیر ۱۸۵، ۱۹۰ و ۱۹۵ میکرولیتر از محلول استخراج به‌ترتیب با مقادیر ۲۰، ۱۵، ۱۰ و ۵ میکرولیتر از عصاره استخراج شده (رقیق شده با نسبت ۱:۴) مخلوط شد تا حجم کل به ۲۰۰ میکرولیتر برسد. دو نمونه حاوی ۲۰۰ میکرولیتر بافر استخراج و بدون عصاره به-عنوان بلانک مورد استفاده قرار گرفت. پس از اضافه کردن عصاره استخراج و بافر اندازه‌گیری سوپراکسید دیسموتاز به پلیت ۹۶ خانه‌ای، محلول ریبوفلاوین در عدم حضور نور اضافه شد. به‌منظور انجام واکنش این مخلوط به‌مدت ۲۰ دقیقه در اتاقک نور قرار داده شد. سپس محلول حاصل را در دستگاه الیزا (Bio Tek Powerwave XS2) قرار داده و میزان جذب نوری آن درطول موج nm560 قرائت شد. یک واحد آنزیمی معادل ۵۰ درصد بازدارندگی است.

آنزیم کاتالاز (CAT): برای اندازه‌گیری فعالیت آنزیم کاتالاز از واکنش کاهشی دی‌کرومات پتاسیم محلول در اسیداستیک به کرومیک‌استات و تشکیل پرکرومیک‌اسید سبز رنگ در حضور هیدروژن پراکسید و حرارت استفاده شد (Sinha, 1972) . مقدار ۵۰۰ میکرولیتر عصارهٔ آنزیمی رقیق شده (نسبت ۱:۴) با ۱ میلی‌لیتر بافر فسفات ۱۰۰ میلی‌مولار (pH=7) مخلوط و با اضافه کردن ۵۰۰ میکرولیتر محلول هیدروژن پراکسید ۶۰ میلی‌مولار واکنش آغاز شد. پس از گذشت زمان‌های معین (۲، ۴، ۶ و ۸ دقیقه از شروع واکنش) با استفاده از ۲ میلی‌متر معرف دی‌کرومات (۵ درصد) لوله‌های آزمایش به سرعت داخل حمام آب جوش به مدت ۱۰ دقیقه قرار داده شد و پس از تشکیل رنگ سبز در نمونه‌ها، از فاز بالایی محلول‌ها نمونه‌گیری و با دستگاه الیزا (Bio Tek Powerwave XS2) در طول موج جذبی ۵۷۰ نانومتر قرائت شد. به‌منظور تعیین میزان پراکسید هیدروژن مصرفی توسط آنزیم کاتالاز، منحنی استاندارد به کمک غلظت‌های متفاوت پراکسید هیدروژن رسم شد. محلول‌های ۱۵، ۳۰، ۵۰ و ۷۵ میلی‌مولار از پراکسید هیدروژن تهیّه و طبق دستورالعمل تیتر شدند (شکل ۱). مقدار کمی آنزیم بر حسب واحد U gr-1 dry matter بیان شد.



شکل۱: مقادیر مختلف پراکسید هیدروژن(میلی مولار):

تجزیه‌های آماری: تجزیه واریانس، آزمون یکنواختی واریانس خطاهای آزمایشی (Hartley's Fmax test) و مقایسهٔ میانگین‌ها با آزمون LSD در سطح پنج درصد برای صفات اندازه‌گیری شده با نرم‌افزار SAS استفاده شد. همبستگی بین صفات با نرم افزار SPSS به‌دست آمد. برای ارزیابی تنوع از روش تجزیه اجزاء واریانس شامل برآورد واریانس محیطی، ژنوتیپی و فنوتیپی و ضرائب تنوع استفاده شد. برای انجام این عمل از نرم افزار SAS و برنامه GLM آنالیز MANOVA استفاده شد. وراثت پذیری عمومی نیز از رابطه زیر برآورد شد (Kearsey and Pooni, 1996).

رابطه ۶ : $h^2bs = \delta^2G/\delta^2Ph$

که در این فرمول δ^2G واریانس‌های ژنتیکی است. واریانس فنوتیپی بر مبنای میانگین ژنوتیپ ها عبارت بود از:

رابطه ۷: $\delta^2Ph = \delta^2G + (\delta^2E/n)$

نتایج و بحث

تجزیه واریانس و مقایسه میانگین

نتایج حاصل از جدول تجزیه واریانس نشان داد برای همه صفات به‌جز محتوای آب برگ LWC تفاوت معنی‌داری وجود داشت (جدول ۳). انتخاب بر اساس این صفات که دارای تنوع ژنتیکی بالایی هستند می‌تواند مؤثر باشد. مقایسه میانگین بین صفات جدول ۴ بیان می‌کند که حداکثر و حداقل مقدار برای صفات عملکرد دانه (gr/m^2) به‌ترتیب مربوط به ژنوتیپ شماره ۹ (۷۴۹/۷۱gr/m۲) و ژنوتیپ شماره ۱۷(۳۵۲/۴۶gr/m2)، کمبود آب اشباع ژنوتیپ شماره ۱۳(۰/۲۴۳) و ژنوتیپ شماره ۱۴(۰/۰۵۳)، محتوی نسبی آب برگ ژنوتیپ شماره ۹(۰/۹۶۳) و ژنوتیپ شماره ۱۳ (۰/۷۳۰)، محتوای آب برگ ژنوتیپ شماره ۱۳ (۰/۷۴۳) و ژنوتیپ شماره ۷ (۰/۶۶۴)، آب نگهداری شده در برگ‌های بریده شده ژنوتیپ شماره ۴ (۰/۶۸۸) و ژنوتیپ شماره ۱۳ (۰/۵۱۹)، آب از دست‌رفته در برگ‌های بریده شده ژنوتیپ شماره ۱۳ (۰/۶۷۲) و ژنوتیپ شماره ۴ (۰/۵۰۷)، فعالیت آنزیم پراکسیداز ژنوتیپ شماره ۴ (۱۳۴/۵۷میلی‌گرم در ثانیه بر گرم پروتئین) و ژنوتیپ شماره ۶ (۸۷/۷۹ میلی‌گرم در ثانیه بر گرم پروتئین)، فعالیت آنزیم سوپراکسید دیسموتاز ژنوتیپ شماره ۱ (۱/۹۲۲ میلی‌گرم در ثانیه بر گرم پروتئین) و ژنوتیپ شماره ۳ (۰/۴۶۹میلی‌گرم در ثانیه بر گرم پروتئین) و فعالیت آنزیم کاتالاز ژنوتیپ شماره ۱۶ (۴۹۳۶/۶ میلی‌گرم در ثانیه بر گرم پروتئین) و ژنوتیپ شماره ۱۹ (۱۱۹/۱ میلی‌گرم در ثانیه بر گرم پروتئین) بود. صفات مرتبط با آب گیاه را می‌توان در اصلاح برای مقاومت به خشکی استفاده نمود، زیرا میزان نگهداری آب و زنده ماندن گیاه را در شرایط تنش نشان می‌دهند. محتوای آب نسبی به‌عنوان مارکر بالقوه فیزیولوژیکی تحمل به خشکی در بسیاری از گیاهان زراعی شناسایی شدند. به‌طورکلی تنوع ژنوتیپی در RWC را ممکن است به تفاوت تنوع در توانایی جذب آب بیش‌تر از خاک و یا توانایی برای کنترل و از دست دادن آب از طریق روزنه نسبت ،داد. یکی از مکانیسم‌های اصلی مقاومت به خشکی در گیاهان کاهش تعرق از طریق بستن روزنه‌ها است که باعث می شود میزان آب حفظ شده در برگ افزایش یابد و ارقامی که ELWR بالاتری داشته باشند، نسبت به خشکی مقاوم‌تراند (Mohammadi *et al*., 2011). Manette (۱۹۹۸) شاخص RWC را مطمئن‌ترین شاخص برای مطالعه میزان آب برگ عنوان کرد. Shamsi (۲۰۱۰) اظهار داشت با کاهش محتوای آب نسبی برگ روزنه‌ها بسته می‌شوند و با بسته شدن روزنه

ها سرعت فتوسنتز و تولید ماده خشک کاهش می‌یابد. Renu و Devarshi (۲۰۰۷) نشان دادند که تنش خشکی باعث بالا رفتن فعالیت آنزیم کاتالاز در ارقام مختلف گندم می‌شود.

جدول ۳: تجزیه واریانس بر اساس عملکرد دانه، صفات فیزیولوژیک و فعالیت آنزیم های آنتی اکسیدانی

میانگین مربعات								
کاتالاز	سوپراکسید دیسموتاز	پراکسیداز	آب از دست رفته در برگ‌های بریده شده	آب نگهداری شده در برگ‌های بریده شده	محتوای آب برگ	محتوی نسبی آب برگ	کمبود آب اشباع	عملکرد دانه
۳۶۰۴۴۲/۲	۰/۰۰۲۶	۶۳۷۶/۱**	۰/۰۰۰۰۰۰۳	۰/۰۰۳۳	۰/۰۰۵۷۲*	۰/۰۰۰۸۵۴	۰/۰۰۰۰۰۳	۷۴۶۸۰/۱**
۴۶۶۵۹/۳**	۰/۴۵**	۴۸۴/۰۷*	۰/۰۰۷**	۰/۰۰۴**	۰/۰۰۱	۰/۰۰۷**	۰/۰۰۴۶**	۳۶۷۶۲/۹**
۴۸۰۳۰/۴	۰/۰۱	۲۱۸/۵	۰/۰۰۲	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۰۰۲	۰/۰۰۰۰۷	۱۲۶۹/۲
۱۱/۵	۱۱/۳	۱۳/۹	۷/۳	۵/۳	۴/۸	۵/۹	۹/۶	۶/۵۱

*،** و ns به‌ترتیب، معنی‌داری در سطح احتمال پنج درصد، یک درصد و غیر معنی‌دار.

آن‌ها هم‌چنین دریافتند که ارقام مقاوم گندم دارای میزان کاتالاز بیش‌تری نسبت به ارقام حساس هستند و میزان افزایش آن در ارقام حساس معنی‌دار نبوده است.

پارامترهای ژنتیکی

کنترل ژنتیکی اکثر صفات مهم اقتصادی و به نژادی، پیچیده بوده چون تحت اثر محیط و برهمکنش ژنوتیپ و محیط قرار می‌گیرند. می‌باشد، لذا باید صفات را از نظر ژنتیکی تجزیه و تحلیل کرد. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات نشان داد که صفت عملکرد دانه (GY) از نظر واریانس ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی بیش‌ترین مقدار را داشت (جدول ۵). بیش‌ترین میزان کوواریانس فنوتیپی و ژنوتیپی به‌ترتیب در صفت محتوای آب برگ (LWC) و آب از دست رفته در برگ‌های بریده شده (ELWL) و کم‌ترین میزان این پارامترها در صفت کمبود آب اشباع (WSD) مشاهده شد. وراثت پذیری عمومی در صفت کمبود آب اشباع (WSD) از سایر صفات بیش‌تر بوده و در صفت محتوی آب نسبی برگ (RWC) این پارامتر میزان کم‌تری داشت. ضریب تغییرات نیز معیار نسبی از واریانس میان صفات مختلف فراهم می‌کند. بیش‌ترین ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی در صفت کمبود آب اشباع (WSD) و کم‌ترین آن‌ها در صفت محتوای آب برگ (LWC) مشاهده شد. نتایج مشابه توسط Selvaraj و همکاران (۲۰۱۱) گزارش شده است. بیش‌ترین ضریب تغییرات محیطی در صفت کمبود آب اشباع (WSD) و کم‌ترین آن در صفت محتوای آب برگ (LWC) مشاهده شد. وراثت‌پذیری در تصمیم‌گیری برای گزینش یک صفت خاص نقش حیاتی ایفا می‌کند.

جدول ۴: مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها براساس عملکرد دانه، صفات فیزیولوژیک و فعالیت آنزیم‌های آنتی اکسیدانی

ردیف	عملکرد دانه	کمبود آب اشباع	محتوی نسبی آب برگ	محتوای آب برگ	آب نگهداری شده در برگ‌های بریده شده	آب از دست رفته در برگ‌های بریده شده	پراکسیداز (میلی‌گرم در ثانیه بر گرم پروتئین)	سوپراکسید دیسموتاز (میلی‌گرم در ثانیه بر گرم پروتئین)	کاتالاز (میلی-گرم در ثانیه بر گرم پروتئین)
	(گرم در متر مربع)								
۱	۴۸۹/۵۷	۰/۰۸۴	۰/۹۱	۰/۷۰۴	۰/۶۴۷	۰/۵۶۹	۹۶/۸	۱/۹	۲۳۸۹/۵
۲	۵۵۴/۵۸	۰/۰۵۷	۰/۸۹	۰/۷۰۱	۰/۵۶۲	۰/۶۳۲	۹۷/۸	۰/۶	۱۷۳۳/۴
۳	۵۶۸/۲۴	۰/۱۰۳	۰/۸۶	۰/۷۳	۰/۵۷۶	۰/۶۳۶	۱۲۴/۲	۰/۴	۱۱۱۶/۸
۴	۶۸۶/۳	۰/۰۹۵	۰/۹	۰/۶۹	۰/۶۸۸	۰/۵۰۷	۱۳۴/۵	۱/۳	۲۷۶۲/۸
۵	۵۱۶/۸۱	۰/۰۸۳	۰/۹۶	۰/۶۸	۰/۶۳	۰/۶۴۱	۱۱۱/۶	۱/۲	۱۹۰۴/۵
۶	۶۴۰	۰/۰۶۵	۰/۹۲	۰/۶۹	۰/۶۳۱	۰/۵۱۷	۸۷/۷	۰/۵	۱۳۶۴/۱
۷	۳۷۹/۲۷	۰/۰۸	۰/۹	۰/۶۶	۰/۶۲۱	۰/۶۱۶	۱۰۳/۱	۱/۲	۲۴۸۷/۷
۸	۶۴۴/۹۶	۰/۰۷۵	۰/۹۲	۰/۶۹	۰/۶۴۴	۰/۵۶۷	۱۱۳/۱	۱/۳	۱۳۶۳/۳
۹	۷۴۹/۷۱	۰/۰۶۵	۰/۹۶	۰/۷۰۸	۰/۵۴۱	۰/۶۵۷	۱۱۵/۰۹	۰/۷	۱۲۴۶/۴
۱۰	۴۶۰/۲۷	۰/۰۹	۰/۹۴	۰/۶۷۸	۰/۶۰۷	۰/۶۲۹	۱۲۱/۲	۰/۸	۹۶۸/۵
۱۱	۶۸۸/۵۸	۰/۱	۰/۹۲	۰/۶۸۵	۰/۶۰۳	۰/۶۲۷	۹۶/۳	۰/۸	۱۱۱۶/۷
۱۲	۶۲۸/۶۸	۰/۰۹	۰/۸۹	۰/۷۰۱	۰/۶۱۲	۰/۶۱۹	۱۲۲/۹	۱/۲	۱۸۶۶/۹
۱۳	۵۷۵/۷۹	۰/۲۴	۰/۷۳	۰/۷۴۴	۰/۵۱۹	۰/۶۷۲	۱۰۵/۹	۱/۰۸	۱۰۷۱/۱
۱۴	۶۲۰/۷۵	۰/۰۵۳	۰/۹۶	۰/۶۸	۰/۶۲۳	۰/۶۵۲	۹۶/۳۹	۱/۵۸	۲۷۸۸/۲
۱۵	۴۹۳/۲۸	۰/۰۹۵	۰/۹	۰/۷	۰/۶۱۴	۰/۵۵	۹۴/۱۷	۱/۲۱	۲۷۸۳/۲
۱۶	۴۷۵/۵۸	۰/۰۸	۰/۹۵	۰/۶۷	۰/۶۶۵	۰/۵۵	۱۹۴/۰۲	۱/۳۲	۴۹۳۶/۶
۱۷	۳۵۲/۴۶	۰/۰۸۸	۰/۹۱	۰/۶۸	۰/۵۹۳	۰/۰/۵۵	۹۵/۷۸	۰/۵	۲۹۸۴/۴
۱۸	۵۱۰/۰۵	۰/۰۹۶	۰/۹	۰/۶۹	۰/۶۱	۰/۶۴	۱۱۵/۴۸	۱/۰۰۸	۱۸۹۱/۲
۱۹	۳۶۳/۸۷	۰/۰۸۷	۰/۹۱	۰/۶۷	۰/۶	۰/۶۳	۹۶/۰۴	۱/۵۶۶	۱۱۹/۱
۲۰	۵۶۴/۰۲	۰/۰۵۶	۰/۹۴	۰/۶۳	۰/۶	۰/۶۶	۹۴/۰۱	۰/۹۹۱	۱۶۸۸/۹
حداقل تفاوت معنی دار۵٪	۵۸/۸۸	۰/۰۱۴	۰/۰۸۹	۰/۰۵۵	۰/۰۵۳	۰/۰۷۴	۲۴/۴۳	۰/۲۰۳	۳۶۲/۲۵
میانگین	۵۴۷/۲۳	۰/۰۸۹	۰/۹۱۲	۰/۶۹۵	۰/۶۱	۰/۶۱۲	۱۰۶/۲۳	۱/۰۸	۱۸۹۴/۱

اگرچه وجود وراثت پذیری بالا، موثر بودن گزینش را بر اساس کارایی فنوتیپی نشان می دهد ولی هیچ‌گونه شاخصی از مقدار پیشرفت ژنتیکی برای گزینش بهترین افراد نشان نمی‌دهد که این مورد با استفاده از پیشرفت ژنتیکی امکان‌پذیر است. وراثت‌پذیری، پیشرفت ژنتیکی و واریانس ژنتیکی بالا برای صفت عملکرد دانه مشاهده شد. مقدار وراثت‌پذیری عمومی در اکثر صفات پایین بود و اختلاف بین ضرایب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی در بیش‌تر صفات می‌تواند نشان‌دهنده اثر زیاد محیط بر آن‌ها باشد. Selvaraj و همکاران (۲۰۱۱) گزارش کردند که ضریب تغییرات ژنتیکی بالا در کنار وراثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی بالا دیدگاه روشن‌تری برای گزینش ژنوتیپ‌ها ارائه می‌کند. این نتایج توسط Anbanandan و همکاران (۲۰۰۹) نیز گزارش شده است. در بررسی ۱۴ ژنوتیپ گندم دوروم و جمعیت گندم شامل ۹ رقم و ۳۶ نتاج حاصل از تلاقی آن‌ها بیش‌ترین ضریب تنوع فنوتیپی را برای عملکرد دانه گزارش کردند(Boggini *et al.*, 1995; Heidari, 2010).

جدول ۵: پارامترهای ژنتیکی محاسبه شده صفات مورد بررسی

صفات	میانگین	واریانس ژنتیکی	واریانس فنوتیپی	واریانس محیطی	کوواریانس ژنتیکی	کوواریانس فنوتیپی	وراثت پذیری	ضریب تغییرات فنوتیپی	ضریب تغییرات ژنوتیپی	ضریب تغییرات محیطی	پیشرفت ژنتیکی
عملکرد دانه	۵۴۷/۲۴	۱۱۸۳۱/۱	۱۳۱۰۰/۴	۱۲۶۹/۳	---	---	۰/۹	۲۰/۹۲	۱۹/۸۸	۶/۵۱	۳۸/۹۱
کمبود آب اشباع	۰/۰۹	۰	۰	۰	-۰/۲۱	-۰/۰۳	۰/۹۲	۴۴/۶	۴۲/۷۱	۱۲/۸۴	۸۴/۲۶
محتوی نسبی آب برگ	۰/۹۱	۰	۰	۰	۰/۲۷	۰/۰۳	۰/۳۲	۷/۷	۴/۳۷	۶/۳۴	۵/۱۲
محتوای آب برگ	۰/۷	۰	۰	۰	۰/۹۷	۰/۷۱	۰/۳۳	۴/۰۸	۰	۳/۳۵	۲/۷۳
آب نگهداری شده در برگ‌های بریده شده	۰/۶۱	۰	۰	۰	-۰/۲۸	-۰/۳۷	۰/۵۱	۷/۸۳	۵/۶۱	۵/۴۶	۸/۲۸
آب از دست رفته در برگ‌های بریده شده	۰/۶۱	۰	۰	۰	-۱/۱۴	-۰/۴	۰/۳۵	۱۰/۸۱	۴/۶	۸/۷۱	۷/۸۱

جدول ۶: ضرایب همبستگی میان عملکرد دانه، صفات فیزیولوژیک و فعالیت آنزیم‌های آنتی اکسیدانی

	عملکرد دانه	کمبود آب اشباع	محتوی نسبی آب برگ	محتوای آب برگ	آب نگهداری شده در برگ‌های بریده شده	آب از دست رفته در برگ‌های بریده شده	پراکسیداز	سوپراکسید دیسموتاز	کاتالاز
عملکرد دانه	۱								
کمبود آب اشباع	-۰/۰۱۷	۱							
محتوی نسبی آب برگ	۰/۰۳	-۰/۸۷۶**	۱						
محتوای آب برگ	۰/۴۱۶	۰/۶۲۵**	-۰/۷۲۶**	۱					
آب نگهداری شده در برگ‌های بریده شده	-۰/۰۶۹	-۰/۴۳۸	۰/۵۱۳*	-۰/۵۵۴*	۱				
آب از دست رفته در برگ‌های بریده شده	-۰/۱۶	۰/۱۹۶	-۰/۱۶۷	۰/۱۲۵	-۰/۷۲۶**	۱			
پراکسیداز	۰/۳	۰/۱۶۹	-۰/۱۰۶	۰/۲۲۸	۰/۱۰۷	-۰/۰۴۵	۱		
سوپراکسید دیسموتاز	-۰/۱۲۷	-۰/۰۱۳	۰/۱۳۶	-۰/۲۳۲	۰/۴۹۸*	-۰/۲۲۹	-۰/۰۳۴	۱	
کاتالاز	-۰/۱۲۴	-۰/۲۰۴	۰/۲۸۴	-۰/۲۹۶	۰/۵۴۴*	-۰/۴۲۲	-۰/۰۳۸	۰/۳۱۱	۱

نتایج حاصل از همبستگی بین صفات زراعی

آگاهی کامل از ارتباط درونی صفتی مانند عملکرد با سایر صفات از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است چراکه گزینش مستقیم برای صفت کمی و پیچیده مانند عملکرد امکان‌پذیر نیست. از این رو تجزیه همبستگی برای یافتن صفات مرتبط با عملکرد دانه انجام شد. نتایج به‌دست آمده در ماتریس ضرایب همبستگی صفات مورد مطالعه نشان داد که بین عملکرد دانه با هیچ کدام همبستگی معنی‌داری وجود ندارد. کمبود آب اشباع (WSD) با محتوی آب نسبی برگ (RWC) همبستگی منفی و بسیار معنی¬دار و با محتوای آب برگ (LWC) همبستگی مثبت و بسیار معنی‌دار مشاهده شد. محتوی آب نسبی برگ (RWC) نیز با محتوای آب برگ (LWC) همبستگی منفی و بسیار معنی‌دار و با آب نگهداری شده در برگ‌های بریده شده (ELWR) همبستگی مثبت و معنی‌داری نشان داد. بین آب نگهداری شده در برگ‌های بریده شده (ELWR) و آب از دست رفته در برگ‌های بریده شده (ELWL) نیز همبستگی منفی و بسیار معنی‌داری وجود داشت. میزان فعالیت آنزیم سوپراکسید دیسموتاز (SOD) و فعالیت آنزیم کاتالاز (CAT) با آب نگهداری شده در برگ‌های بریده شده (ELWR) همبستگی مثبت و معنی داری داشتند (جدول ۶). به‌طورکلی در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر تمام صفات مورد بررسی تفاوت قابل ملاحظه‌ای وجود داشت که این خود نشان از کارایی مطلوب ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر اهداف اصلاحی می‌باشد. وراثت‌پذیری، پیشرفت ژنتیکی و واریانس ژنتیکی بالا برای صفت عملکرد دانه مشاهده شد. وراثت‌پذیری بالا به همراه پیشرفت ژنتیکی بالا نشان‌دهنده این است که این صفات توسط ژن‌های افزایشی کنترل می‌شوند و می توان آن‌ها را در برنامه‌های اصلاحی از طریق گزینش بهبود داد.

منابع

Abaye, A. O., Brann, D. E., Alley, M. M., Griffey, C. A. 1997. Winter durum wheat: Do we have all the answer. Crop Soil Environment Science. 424-802.

Amiri, R., Bahraminejad, B. and Sasani, S. 2013. Evaluation of genetic diversity of bread wheat genotypes based on physiological traits in non-stress and terminal drought stress conditions. Cereal Research 2 (4): 289-305. (In Persian with English Abstract).

Ashrafi Parchin, R. 2011. Evaluation of genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes using agronomic and morphological characters and molecular markers. M. Sc. Thesis, University of Razi, Kermanshah, Iran (in Persian).

Anbanandan, V., Saravanan, K. and Sabesan, T. 2009. Variability, heritability and genetic advance in rice (Oryza sativa L.). Int. J. Plant Sci. 3(2):61-63.

Barrs, H. D. 1968. Determination of water deficits in plant tissues. In: T.T. Kozolvski (Ed.),Water Deficits and Plant Growth. Academic Press. 1, 235–368.

Babaie, M. J., Fotokian, M. H. and Mahmoodi, S. 2013. Evaluation of Genetic Diversity of Wheat (*Triticum aestivum* L.) Genotypes for Morphological Traits using Multivarite Analysis Methods Journal of Crop Breeding Vol. 5, No. 12, Autumn and Winter .

Beauchamp, C. and Fridovich, I. 1971. Superoxide dismutases: improved assays and an assay predictable to acryl amide gels. Analytical Biochemistry. 44, 276–287.

Bergmann, H., Lippmann, B., Leinhos, V., Tiroke S. and Machelett., B. 1999. Activation of stress resistance in plants and consequences for product quality. Journal of Applied Botany and Food Quality. 73, 153–161.

Boggini, G., Tusa, P. and Pugna, E. 1995. Bread making quality of durum wheat genotypes with some novel glutenin subunit compositions. Journal of Cereal Science. 22, 103-133.

Bowler, C., Montagu, M. V. and Inze, D. 1992. Superoxide dismutase and stress tolerance. Annual Reviews Plant Physiology Plant Molecular Biology. 43, 83-116.

Chance, B. and Maehly, A. C. 1995. Assay of catalase and peroxidase. PP. 764-765 In: S. P. Culowic, and N. O. Kaplan (eds). Methods in enzymology Vol. 2.Academic Press. Inc. New York.

Clarke, J. M. and Mc Caig, T. N. 1982. Excised- leaf water retention capability as an indicator of drought resistance of Triticum genotypes. Canadian Journal Plant Science. 62, 571-578.

Clegg, M. T. 1997. Plant genetic diversity and the struggle to measure selection Journal Heredity, 88: 1-7.

Fayaz, N. and Arzani, A. 2011. Moisture stress tolerance in reproductive growth stage in triticale (*Triticosecale Wittmack X*) cultivars under field conditions. Crop Breeding Journal. 1(1), 1-12.

Foyer, C. H., Descourvieres P. and Kunert, K. J. 1994. Protection against oxygen radicals: an important defense mechanism studied in transgenic plants. Plant Cell Environ. 17, 507–523.

Garg, N. and Manchanda, G. 2009. ROS generation in plants: boon or bane. Plant Biosystem.14,38-96.

Garner, A., Ludwing, W. F. and Melchinger, A. E. 1994. Relationship among European barley germplasm II: Comparison of RFLP and pedigree data. Crop science, 34: 1199-1205.

Heidari, B. 2010. Genetic variation and genetic gain from selection in bread wheat. Electronic Journal of Crop Production. 3 (3), 239-246.

Hodges, D. M., Andrews, C. J., Johnson, D. A. and Hamilton, R. I. 1997. Antioxidant enzym responses to chilling stress in differentially sensitive inbreed maize lines. Journal of Experimental Botany. 48, 1105–1113.

Jalal kamaly, d. F. 2008. A review of the wheat situation in the world, past, present and future. Collection of the Tenth Congress of Crop Sciences. 23-45. (In Persian(

Kearsey, M. J. and Pooni, H. S. 1996. The genetical analysis of quantitative traits. 1st edition. Chapman & Hall, London, 381p.

Manette, A. S., Richard, C. J., Carver, B. F. and Mornhinweg, D. W. 1988. Water relations in winter wheat as drought reistance indicators. Crop Science. 28, 526-531.

Milone, M. T., Sgherri, C., Clijters, H. and Navari-Izzo, F. 2003. Antioxidative responses of wheat treated with realistic concentrations of cadmium. Environment and Experimental Botany. 50, 265-273.

Naghavi, M., Poorshahbazi, S. H., and Taleie, A. 2003. Variation among stocks of durum wheat for Agronomic and morphological characteristics. Iranian Journal of Crop Sciences 4 (2): 81-88 (inPersian).

Oleson, B. T. 1996. World wheat production utilization and trade. In:Bushuk , W. and Rasper. V.F (eds). Wheat production, properties and quality. Chapman and Hall, 1-11.

Ramachandra Reddy, A., Chaitanya, K. V., Jutur, P. P. and Sumithra, K. 2004. Differential anti oxidative responses to water stress among five mulberry (*Morus alba* L.) cultivars. Environmental and experimental botany. 52(1), 33-42.

Renu, K. C. and Devarshi, S. 2007. Acclimation to drought stress generates oxidative stress tolerance in drought-resistant than susceptible wheat cultivar under field conditions. Environmental and Experimental Botany. 60, 276–283.

Salgeren, M. V. Van. 1994. Wild wheats: A monograph of Aegilops L. and Amblypyrum (jaub and spach) eig. (poaceae) Wageningen Agr. Univ. ICARDA.

Sarvajeet, S. G. and Narendra, T. 2010. Reactive oxygen species and antioxidant machinery in a biotic stress tolerance in crop plants. Plant Physiology and Biochemistry. 3, 1-22.

Selvaraj, C., I., Nagarajan, P. Thiyagarajan, K. Bharathi, M. and Rabindran, R. 2011. Genetic Parameters of Variability, Correlation and Path coefcient sudies for grain yield and other yield Attributes among rice blas disease resisant genotypes of rice (Oryza Sativa L.). African Journal of Biotechnology Vol. 10 (17), pp. 3322-3334.

Shamsi, S. and Aghazadeh-Meshgi, M. 2011. Morphological and genetic characterization of selected Contracaecum (Nematode: Anisakidae) larvae in Iran. Iranian Journal of Fisheries Science.
10 (2), 356-361.

Shao, H. B., Liang, Z. S. and Shao, M. A. 2005. Changes of some anti-oxidative enzymes under soil water deficits among 10 wheat genotypes at maturation stage. Colloids and Surfaces B: Biointerfaces. 45, 7–13.

Sharma, S. N., Sain, R. S. and Sharma, R. K. 2003. The genetic control of flag leaf length in normal and late sown durum wheat. Agriculture Science. 141, 323–331.

Singh, S., Khan, N. A., Nazar, R. and Anjum, N. A. 2008. Photosynthetic traits and activities of antioxidant enzymes in blackgram Vigna mungo L. Hepper under cadmium stress. American Journal Plant Physiology. 3, 25-32.

Sinha, A. K. 1972. Colorimetric assay of catalase. Analytical Biochemistry. 47 (2), 389-394.

Tuteja, N. 2007. Mechanisms of high salinity tolerance in plants. Meth. Enzyme: Osmosens. Osmosignal. 428, 419-438.

Walton, P. D. 1971. Use of factor analysis in determining characters for yield selection. Euphytica, 20: 416-421.