

غربالگری ژرم پلاسما گندم نان بومی ایران برای صفات و شاخص‌های رشد ریشه با استفاده از تابع تشخیص

سارا صفری^۱ و علی اشرف مهرابی^{۲*}

۱- دانش‌آموخته دکتری و دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ایلام.

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۱۰/۱۲ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۲/۲۱)

چکیده

با توجه به کشت گندم در مناطق نیمه خشک جهان، امروزه توجه زیادی به تولید و معرفی ارقامی می‌شود که در مواجهه با خشکی، عملکرد آن‌ها با افت چشمگیری روبه‌رو نشود. ریشه‌های سالم و توسعه یافته، باعث افزایش راندمان جذب آب و مواد غذایی و در باعث افزایش عملکرد می‌شوند. در تحقیق حاضر، صفات طول و تعداد ریشه‌چه، مجموع طول ریشه‌ها و طول گیاهچه در مرحله جنینی، وزن تر و خشک ریشه، حجم و طول ریشه، طول و وزن تر گیاهچه، تعداد برگ و پنجه، همچنین شاخص‌های ریشه شامل شادابی، قطر، محتوای آب، طول مخصوص، چگالی طول، حجم مخصوص، تراکم بافت، تراکم حجم، چگالی سطحی و چگالی در مرحله گیاهچه در ۱۰۲ ژنوتیپ گندم نان برای اندازه‌گیری شد. آماره‌های توصیفی صفات برآورد شدند و ژنوتیپ‌ها بر اساس عمق و تراکم بافت ریشه به نه گروه تقسیم شدند. همچنین تجزیه واریانس گروه‌های مختلف برآورد شد. بر اساس نتایج، ۲۰ ژنوتیپ از ریشه‌های مترکم و عمیق که بهترین شاخصه برای تحمل خشکی بود، برخوردار بودند در نظر رفته شدند. غیر از صفات مربوط به مرحله جنینی، تنوع اکثر صفات بین ارقام معنی‌دار بود. تجزیه تابع تشخیص اجرا شد و مقدار توابع برای هر گروه محاسبه شد.

واژه‌های کلیدی: تابع تشخیص، تنوع، ژرم پلاسما، ریشه، گندم.

Screening of Iran bread wheat germplasm for root traits and indices using discriminant function

Sara Safari¹ and Ali-Ashraf Mehrabi^{2*}

1. Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Ilam, Iran.
(Received: January 2, 2019- Accepted: May 11, 2019)

ABSTRACT

Due to wheat cultivation in semi-arid regions of the world, much attention is paid to the production these days and introduction of cultivars that do not have a significant yield reduction during drought condition. The healthy and developed roots increase the efficiency of water and nutrients absorption that increase the yield. In this research, root length and number, total length of roots and shoot in embryo stage, root fresh and dry weights, volume, length, shoot length and weight, number of leaves and tillers and also root traits like fineness, diameter, water content, root length, length density, specific mass, texture density, mass density, surface area and density indices in seedling were measured. Descriptive statistics of traits estimated and genotypes were classified into nine groups based on the root depth and texture density. Also, analysis of variance of different groups was estimated. Based on the results, 20 genotypes had dense and deep roots, the best indices for drought tolerance. Most traits, except embryonic stage traits, showed significant differences among genotypes. Discriminant function was performed and the amounts of functions were calculated for each group.

Keywords: Discriminant function, germplasm, diversity, root, wheat.

مقدمه

خاص در طی ادوار گذشته از یک سو و جنبه‌های مختلف تغذیه‌ای آن از سوی دیگر باعث شده است که زراعت این گیاه، محور اصلی سیستم‌های زراعی در دنیا شود، به طوری که بیشترین اراضی زیر کشت در

گندم (*Triticum. aestivom*) یکی از مهم‌ترین محصولات زراعی است که بیشترین سطح زیر کشت را در جهان دارد. کشت گندم با سابقه دیرینه هزاران ساله و انتخاب ژنوتیپ‌های سازگار به شرایط محیطی

* Corresponding author E-mail: a.mehrabi@ilam.ac.ir

است، بسیار اهمیت دارد (Gregory *et al.*, 1991). در بررسی نقش ساختار ریشه و صفات فیزیولوژیک جو در پاسخ به تنش خشکی، این تنش موجب کاهش وزن خشک و حجم ریشه نسبت به شرایط کنترل شد. عمق ریشه در تمام ارقام متحمل و نیمه متحمل در اثر تنش افزایش یافت درحالی‌که در رقم حساس کاهش نشان داد (Keshavarznia *et al.*, 2014). نتایج بررسی نقش سیستم ریشه‌ای و کارایی مصرف آب در میزان تحمل به خشکی و عملکرد ژنوتیپ‌های گندم نان نشان داد که صفات طول ریشه اصلی و میزان مصرف آب، همبستگی مثبت و معنی‌داری با عملکرد دانه در شرایط تنش داشتند. ژنوتیپ‌های دارای ریشه طویل‌تر، وزن خشک ریشه و اندام هوایی بیشتری تولید کردند و کارایی مصرف آب بالاتری داشتند (Abdeshahi *et al.*, 2010). با وجود نقش ضروری سیستم ریشه در رشد و سازگاری گیاه و تنوع بالای آن، به دلیل این‌که تکنیک‌های ارزیابی ریشه مشکل، زمان‌بر و در شرایط مزرعه با خطای زیادی همراه هستند، نسبت به اندام‌های هوایی توجه کمتری به آن شده است (Zhou *et al.*, 2011). در این تحقیق سعی شد تا با توجه به نقش مهم گندم و تغییرات اقلیمی بوجود آمده، ژنوتیپ‌های گندم نان بومی برای صفات و شاخص‌های مهم ریشه ارزیابی شوند تا ژنوتیپ‌های دارای سیستم ریشه‌ای بهتر، شناسایی و غربال شوند تا بتوان از این ارقام برای برنامه‌های اصلاحی بعدی، به منظور افزایش عملکرد و تولید ارقام قویتر در برابر تغییرات جوی و خشکسالی استفاده نمود.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق، ۱۰۲ ژنوتیپ مختلف گندم نان (جدول ۱) تهیه شده از بانک بذر دانشگاه ایلام، در دو مرحله جنینی و گیاهچه، در محل گلخانه دانشگاه ایلام کشت شدند و مورد بررسی قرار گرفتند. ابتدا ژنوتیپ‌های مورد نظر برای بررسی صفات ریشه‌ای در مرحله جنینی در لیوان‌های یک‌بار مصرف کشت شدند و پس از ده روز، صفات مورد نظر شامل طول ریشه (cm) (SemRL)، تعداد ریشه‌چه (SemRN)، مجموع

جهان، متعلق به گندم است چراکه غذای اصلی انسان است و به‌طور مستقیم مورد مصرف قرار می‌گیرد. باتوجه به اینکه گندم به‌طور عمده در مناطق نیمه خشک جهان کشت می‌شود، امروزه توجه زیادی به تولید و معرفی ارقامی می‌شود که متحمل به خشکی باشند و در مواجهه با دوره‌های خشکی، افت عملکرد چشمگیری نداشته باشند (Ataei *et al.*, 2013). دما و خشکسالی‌ها به علت تغییرات آب و هوایی، به‌طور بالقوه تنوع گیاه را تهدید می‌کنند. استراتژی که گیاهان برای بهبود وضعیت بقا در طول خشکسالی فصلی استفاده می‌کنند، ایجاد ریشه‌های عمیق است؛ با این حال، در مورد نقش ریشه‌های عمیق در حفظ تنوع گیاه کمتر تحقیق شده است (Magnus *et al.*, 2014). سیستم ریشه گیاه و صفات مرتبط با آن، در سازگاری به مناطقی که با محدودیت منابع آب و مواد غذایی روبه‌رو هستند، از اهمیت بالایی برخوردار است (Keshavarznia *et al.*, 2014). عمق ریشه، صفت مهمی برای به دست آوردن آب از قسمت‌های پایین‌تر از منطقه ریشه است. گسترش ریشه در مراحل ابتدایی رشد، بسیار مهم‌تر از گسترش آن در مراحل انتهایی است ولی انتخاب مستقیم برای خصوصیات ریشه با مشکلاتی همراه است (Hosseini Salekdeh *et al.*, 2009). مطالعات متعدد نشان می‌دهند که خصوصیات ریشه مانند عمق، حجم، قطر آوندهای چوبی و وزن خشک، از تنوع ژنتیکی بالایی برخوردارند و به راحتی به‌گزینه‌ها پاسخ می‌دهند (Hoad *et al.*, 2001; Manschadi *et al.*, 2006; Cativelli *et al.*, 2008). در صورت مواجهه گیاه با تنش خشکی، انتخاب ارقام پرمعمکرد را می‌توان بر اساس قابلیت افزایش عمق ریشه به اعماق خاک و جذب آب انجام داد (Tuberosa, 2011). باتوجه به این‌که یکی از راهکارهای اصلی گیاه برای مقابله با تنش خشکی، افزایش توسعه ریشه است، دو صفت وزن و حجم ریشه می‌توانند معیارهای مناسبی برای شناسایی ارقام متحمل از حساس باشند. عمق ریشه به واسطه قدرت جذب آب از قسمت‌های پایین خاک که در تنش خشکی نسبت به سطح خاک دارای رطوبت بیشتری

طول ریشه‌ها (AllSemRL) و همچنین طول گیاهچه (SemShL) برای مقایسه بهتر ارزیابی شد. در مرحله بعدی، دوباره ژنوتیپ‌ها برای ارزیابی صفات در مرحله گیاهچه در در لوله‌های PVC با طول یک متر و قطر دهانه دوازده سانتی‌متر کشت شدند و در مرحله پنجم

هفتگی (چهار تا پنج برگ)، صفات وزن تر ریشه (gr) (RFW)، وزن خشک ریشه (gr) (RDW)، حجم ریشه (cm³) (RV)، طول ریشه (cm) (RL)، طول گیاهچه (cm) (ShL)، وزن تر گیاهچه (gr) (ShW)، تعداد برگ (LN) و تعداد پنجه (TN) اندازه‌گیری شدند.

جدول ۱- ژنوتیپ‌های مورد استفاده در تحقیق

Table 1. Genotypes used in the research

Number	Code	Origin (place of collection)	Number	Code	Origin (place of collection)
1	IUGB-00027	Cite ceros	52	IUGB-00462	Baneh
2	IUGB-00540	Boroojerd	53	IUGB-00463	Sanandaj-Shwesheh
3	IUGB-00037	Pavon	54	IUGB-00464	Sanandaj
4	IUGB-00040	ragham, Chenab	55	IUGB-00465	Kermanshah
5	IUGB-00042	ragham Bezostaya	56	IUGB-00466	Sagez
6	IUGB-00045	Iran-sefid boomi, risbak dar, moshabeh Sardari	57	IUGB-00467	Qorveh
7	IUGB-00061	ragham Gohar	58	IUGB-00468	Qorveh
8	IUGB-00085	Fardin, Graecum	59	IUGB-00469	Kurdistan (Unknown place)
9	IUGB-00130	Yazd, Graceum	60	IUGB-00470	Qorveh
10	IUGB-00131	Nahavand, Erythroleucum	61	IUGB-00471	Mahabad
11	IUGB-00133	Gonbad, Ferugineum	62	IUGB-00472	Kermanshah (Unknown place)
12	IUGB-00541	Lorestan	63	IUGB-00473	Sanandaj
13	IUGB-00136	Kermanshah, Subhostionum	64	IUGB-00474	Dehgolan
14	IUGB-00138	Khoramabad, Graceum	65	IUGB-00475	Kermanshah (Unknown place)
15	IUGB-00264	40Km jadeh Esfahan-Shahr-Reza	66	IUGB-00548	Hamadan
16	IUGB-00266	40Km jadeh Esfahan-Shahr-Reza	67	IUGB-00477	Kurdistan (Unknown place)
17	IUGB-00282	Havali Esfahan	68	IUGB-00478	Mahabad
18	IUGB-00327	Shoosh, Indicum	69	IUGB-00479	Divandareh
19	IUGB-00341	ragham Azadi	70	IUGB-00480	Mahabad
20	IUGB-00342	Songhor be Asadabad, roostay Zolfas	71	IUGB-00481	Sarvabad
21	IUGB-00351	ragham Sardari	72	IUGB-00482	Kamyaran
22	IUGB-00352	Razi Sorkheh	73	IUGB-00483	Divandareh
23	IUGB-00356	Back cross roushan	74	IUGB-00484	Kurdistan (Unknown place)
24	IUGB-00397	Selfchegan	75	IUGB-00485	Urmiyeh
25	IUGB-00422	Kermanshah	76	IUGB-00486	Marivan
26	IUGB-00542	Maian	77	IUGB-00487	Kurdistan (Unknown place)
27	IUGB-00431	ragham Varamin	78	IUGB-00488	Qorveh
28	IUGB-00544	Saghez	79	IUGB-00489	Dehgolan
29	IUGB-00434	ragham Aria	80	IUGB-00490	Sagez
30	IUGB-00436	Shiraz	81	IUGB-00491	Kermanshah (Unknown place)
31	IUGB-00437	Bijar	82	IUGB-00492	Ilam
32	IUGB-00438	Sanandaj	83	IUGB-00493	Bokan
33	IUGB-00441	Mahabad	84	IUGB-00494	Kamyaran
34	IUGB-00442	Kurdistan (Unknown place)	85	IUGB-00495	Sanandaj
35	IUGB-00443	Sanandaj	86	IUGB-00496	Kurdistan (Unknown place)
36	IUGB-00444	Divandareh	87	IUGB-00497	Kurdistan (Unknown place)
37	IUGB-00547	Behbahan	88	IUGB-00498	Kurdistan (Unknown place)
38	IUGB-00446	Kermanshah (Unknown place)	89	IUGB-00550	Shoosh
39	IUGB-00447	Sagez	90	IUGB-00500	Kurdistan (Unknown place)
40	IUGB-00448	Sagez	91	IUGB-00501	Kurdistan (Unknown place)
41	IUGB-00449	Bijar	92	IUGB-00502	Kurdistan (Unknown place)
42	IUGB00451	Ilam	93	IUGB-00552	Ilam
43	IUGB-00452	Kurdistan (Unknown place)	94	IUGB-00513	Hamadan
44	IUGB-00453	Khoy	95	IUGB-00515	Shoosh
45	IUGB-00454	Sanandaj	96	IUGB-00516	Izeh
46	IUGB-00455	Ravansar	97	IUGB-00518	Kermanshah
47	IUGB-00456	Kurdistan (Unknown place)	98	IUGB-00532	ragham Saison
48	IUGB-00458	Sanandaj	99	IUGB-00533	unknown place (Iran)
49	IUGB-00459	Bokan	100	IUGB-00534	Ghorveh
50	IUGB-00460	Zanjan	101	IUGB-00535	Bijar
51	IUGB-00461	Dehgolan	102	IUGB-00553	Kurdistan

محتوای آب ریشه (RWC)، طول مخصوص ریشه (cm/gr) (SRL)، چگالی طول ریشه

همچنین به منظور بررسی‌های بهتر، شاخص‌های شادابی ریشه (cm/gr) (RF)، قطر ریشه (RDM)،

نتایج و بحث

محاسبه آماره‌های توصیفی صفات و گروه‌بندی

ژنوتیپ‌ها

بر اساس میانگین مشاهدات ارزیابی شده، آماره‌های توصیفی تمایل به مرکز و پراکندگی، ابتدا برای صفات و شاخص‌های مختلف و سپس برای گروه‌های نه‌گانه ژنوتیپ‌ها تنظیم و محاسبه شد. همان‌طور که در جدول ۲ دیده می‌شود، اکثر صفات دارای دامنه تغییرات و انحراف معیار مناسب و بالایی در میان ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بودند. کمترین و بیشترین تغییرات به ترتیب به صفات RSM (۰/۰۰۰۰۰۰۷) و RTD (۱۵۱۴۷/۳۶) بود؛ بنابراین این اطلاعات نشان می‌دهد که صفات مورد نظر دارای تنوع بالایی بودند. تنوع بالا در بین ارقام از نظر یک صفت خاص، موقعیت مناسبی برای انتخاب به منظور اصلاح یک ژنوتیپ خاص فراهم می‌کند. این تنوع می‌تواند در مطالعات تکمیلی در بررسی‌های مولکولی و ارزیابی ارقام، کمک شایانی به شناخت پتانسیل بالقوه موجود در این ارقام نماید. از طرف دیگر، وجود تنوع بالا به‌عنوان یک سپر دفاعی در برابر شرایط نامطلوب محیطی عمل می‌کند. چنین تفاوت‌های مورفولوژیکی سبب استراتژی‌های بیرونی برای بقا در شرایط خشک می‌شود (Rundel and Nobel, 1991). با این حال در شرایط خشکسالی، ارتباط مکانیکی بین رشد ریشه و بقا هنوز مشخص نیست؛ به‌عنوان مثال Padilla و Pugnaire (2007) رابطه منفی بین نسبت وزن خشک ریشه به ساقه و بقای گیاه در خشکسالی را نشان دادند درحالی‌که ارتباط مثبتی بین عمق ریشه و بقا گیاه در مطالعات دیگر مشاهده شد (Fensham and Fairfax, 2007).

ارزیابی آماره‌های توصیفی صفات و شاخص‌های مختلف ارزیابی شده روی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، نشان داد که تنوع بسیار زیادی برای صفت طول ریشه (۳۰/۵ تا ۱۳۵ سانتی‌متر) و شاخص تراکم بافت ریشه (۴۵۲/۱۶ تا ۱۵۵۹۹/۵۲) وجود دارد. Singh *et al.* (2005) بیان داشتند گیاهانی که طول ریشه اصلی، تعداد ریشه‌های جانبی، تراکم طول ریشه و نسبت

(RLD)(cm/cm³)، حجم مخصوص ریشه (gr/cm³) (RSM)، تراکم بافت ریشه (gr/cm³) (RTD)، تراکم حجم ریشه (gr/cm³) (RMD)، چگالی سطحی ریشه (RSD) و چگالی ریشه (gr/cm³) (RD) با روش‌های زیر محاسبه شدند:

شادابی ریشه = طول ریشه تقسیم بر وزن تر ریشه (Hajabbasi, 2001)

قطر ریشه = { (۴ ضرب در وزن تر ریشه) تقسیم بر } طول ریشه ضربدر { (۳/۱۴) } به توان نیم (Mandal, *et al.*, 2003)

محتوای آب ریشه = (وزن تر ریشه منهای وزن خشک ریشه) تقسیم بر وزن تر ریشه (Hasanabadi, *et al.*, 2010; Lovelli, *et al.*, 2012)

طول مخصوص ریشه = طول ریشه تقسیم بر وزن خشک ریشه (بیوس ریشه) (Hasanabadi, *et al.*, 2010)

چگالی طول ریشه = طول ریشه تقسیم بر حجم خاک (Hajabbasi, 2001)

حجم مخصوص ریشه = وزن خشک ریشه تقسیم بر حجم خاک (Hajabbasi, 2001)

تراکم بافت ریشه = وزن خشک ریشه ضربدر حجم خاک (Paula & Pausas, 2011).

تراکم حجم ریشه = وزن تر ریشه تقسیم بر حجم خاک (Mandal, *et al.*, 2003)

چگالی سطحی ریشه = طول ریشه ضربدر قطر ریشه ضربدر { (۳/۱۴) } (Hajabbasi, 2001)

چگالی ریشه = وزن خشک ریشه تقسیم بر حجم ریشه (Mandal, *et al.*, 2003)

پس از جمع‌آوری و ثبت داده‌ها و به‌منظور بررسی روند تغییرات داده‌های آزمایشی، برخی از آماره‌های توصیفی برآورد شد و سپس گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس این اطلاعات و بر مبنای دو صفت طول و تراکم بافت ریشه انجام شد. تجزیه واریانس برای گروه‌های ژنوتیپی انجام شد و در نهایت، تابع تشخیص برای گروه‌های مختلف ژنوتیپی به روش گام به گام صورت گرفت و مقدار توابع تشخیص استخراج شده برای هر گروه محاسبه شد.

دسته با ریشه‌های سطحی، نیمه عمیق و عمیق تقسیم شدند. بطوریکه ارقامی که طول ریشه آنها در دامنه اطمینان میانگین صفت طول ریشه قرار گرفت به عنوان ژنوتیپ‌های دارای ریشه نیمه عمیق نام‌گذاری شد.

ریشه به اندام هوایی بالاتری دارند، نسبت به گیاهانی که این ویژگی را ندارند، مقاومت و تحمل بیشتری به کم آبی و تنش خشکی نشان می‌دهند. بنابراین از آنجا که این دو صفت، صفات مناسبی برای بررسی معماری ریشه هستند، گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر مبنای این دو صفت بود به طوریکه از نظر عمق ریشه ارقام به سه

جدول ۲- آماره‌های توصیفی محاسبه شده برای صفات ارزیابی شده روی ۱۰۲ ژنوتیپ گندم نان

Table 2. Descriptive statistics calculated for evaluated traits of 102 bread wheat genotypes

Variable	Minimum	Maximum	Mean	Se	Range	CV%
SemRN	3.00	7.00	4.50	0.08	4	18.03
SemRL	8.17	22.17	13.45	0.22	13.99	16.23
SemShL	6.33	15.67	10.84	0.17	9.33	15.97
AllSemRL	37.50	97.33	59.51	1.19	59.83	20.12
RFW	0.08	1.91	0.75	0.03	1.83	36.88
ShW	0.15	2.08	0.89	0.04	1.93	39.92
RDW	0.01	0.45	0.08	0.01	0.435	64.53
RV	0.10	3.00	0.99	0.04	2.9	45.07
RL	30.50	135.00	84.81	1.88	104.5	22.37
ShL	19.50	37.50	27.01	0.37	18	13.87
TN	1.00	4.00	1.95	0.08	3	40.89
LN	3.00	12.00	6.26	0.19	9	30.05
RF	35.33	753.50	154.49	10.39	718.17	67.94
RDM	0.047	0.197	0.105	0.002	0.151	20.71
SRL	380.56	7800.00	2018.60	159.57	7419.44	79.83
RLD	0.0007	0.003	0.0019	0.00004	0.0023	22.51
RSM	0.0000002	0.000008	0.000002	0.0000001	0.0000007	57.57
RTD	452.16	15599.52	3670.48	209.26	15147.36	57.58
RMD	0.000002	0.00004	0.000017	0.000001	0.00004	36.94
RSD	6.87	50.00	27.594	0.723	43.13	26.44
RD	0.02	0.38	0.09	0.006	0.36	61.20

SemRN: طول ریشه‌چه، SemRL: تعداد ریشه‌چه، AllSemRL: مجموع طول ریشه‌چه‌ها، SemShL: طول گیاهچه، RFW: وزن تر ریشه، RDW: وزن خشک ریشه، RV: حجم ریشه، RL: طول ریشه، ShL: طول گیاهچه، ShW: وزن تر گیاهچه، LN: تعداد برگ، TN: تعداد پنجه، RF: شادابی ریشه، RDM: قطر ریشه، RWC: محتوای آب ریشه، SRL: طول مخصوص ریشه، RLD: چگالی طول ریشه، RSM: حجم مخصوص ریشه، RTD: تراکم بافت ریشه، RMD: تراکم حجم ریشه، RSD: چگالی سطحی ریشه و RD: چگالی ریشه.

shoot traits, including seminal root length (SemRL), seminal root number (SemRN), seminal shoot length (SemShL), root fresh weight (RFW), root dry weight (RDW), root volume (RV), root length (RL), shoot length (ShL), shoot weight (ShW), leaf number (LN), tiller number (TN), root fineness (RF), root diameter (RDM), root water content (RWC), specific root length (SRL), root length density (RLD), root specific mass (RSM), root texture density (RTD), root mass density (RMD), root surface density (RSD), root density (RD).

سطحی متراکم، سطحی نیمه متراکم و سطحی غیر متراکم) نام گرفتند (جدول ۳). این گروه‌بندی پیش‌نیاز انجام تجزیه تابع ژنوتیپ‌ها برای سامانه ریشه‌ای است. ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه اول (ریشه عمیق و متراکم) را می‌توان دارای بهترین ساختار و معماری ریشه برای جذب بهتر آب از سطح و لایه‌های عمیق خاک دانست.

محاسبه آماره‌های توصیفی گروه‌ها

در مرحله بعدی آماره‌های توصیفی صفات و شاخص‌های ارزیابی شده بر مبنای هر کدام از گروه‌های ایجاد شده، محاسبه شد (جداول ۴ تا ۱۲).

ژنوتیپ‌های دارای مقادیر کمتر از کرانه پایین دامنه اطمینان، به‌عنوان ژنوتیپ دارای ریشه سطحی و ژنوتیپ‌های دارای طول بیشتر از کرانه بالای دامنه اطمینان میانگین، به‌عنوان ژنوتیپ با ریشه عمیق در نظر گرفته شدند. برای تراکم ریشه نیز همین رویه اعمال شد و ژنوتیپ‌ها از لحاظ تراکم به سه دسته متراکم، نیمه متراکم و غیر متراکم تقسیم شدند. با این معیار ۱۰۲ ژنوتیپ مورد بررسی، از نظر دو عامل طول و تراکم ریشه در نه گروه (عمیق متراکم، عمیق نیمه متراکم، عمیق غیر متراکم، نیمه سطحی متراکم، نیمه سطحی غیر متراکم، نیمه سطحی غیر متراکم،

جدول ۳- لیست ژنوتیپ‌های گندم در هر یک از گروه‌های نه گانه از نظر سامانه ریشه

Table 3. List of wheat genotypes for each of the nine groups

number and name of group	Genotype code	number and name of group	Genotype code	number and name of group	Genotype code
1.deep dense	79	3.deep non-dense	50	8. superficial semi-dense	9
1.deep dense	42	3.deep non-dense	10	8. superficial semi-dense	44
1.deep dense	17	3.deep non-dense	8	8. superficial semi-dense	18
1.deep dense	63	3.deep non-dense	91	8. superficial semi-dense	88
1.deep dense	74	3.deep non-dense	14	8. superficial semi-dense	68
1.deep dense	37	3.deep non-dense	12	8. superficial semi-dense	35
1.deep dense	55	3.deep non-dense	99	8. superficial semi-dense	65
1.deep dense	71	3.deep non-dense	75	8. superficial semi-dense	40
1.deep dense	33	3.deep non-dense	100	8. superficial semi-dense	81
1.deep dense	45	4.semi-superficial dense	47	8. superficial semi-dense	80
1.deep dense	32	4.semi-superficial dense	84	9. superficial non-dense	24
1.deep dense	15	4.semi-superficial dense	83	9. superficial non-dense	3
1.deep dense	20	4.semi-superficial dense	64	9. superficial non-dense	93
1.deep dense	85	4.semi-superficial dense	70	9. superficial non-dense	57
1.deep dense	73	4.semi-superficial dense	67	9. superficial non-dense	82
1.deep dense	77	5. semi-superficial semi-dense	31	9. superficial non-dense	96
1.deep dense	61	5. semi-superficial semi-dense	46	9. superficial non-dense	72
1.deep dense	51	5. semi-superficial semi-dense	69	9. superficial non-dense	27
1.deep dense	38	6. semi-superficial non-dense	36	9. superficial non-dense	7
1.deep dense	62	6. semi-superficial non-dense	43	9. superficial non-dense	97
2.deep semi-dense	54	6. semi-superficial non-dense	26	9. superficial non-dense	2
2.deep semi-dense	89	6. semi-superficial non-dense	34	9. superficial non-dense	6
2.deep semi-dense	25	6. semi-superficial non-dense	52	9. superficial non-dense	66
2.deep semi-dense	94	6. semi-superficial non-dense	92	9. superficial non-dense	102
2.deep semi-dense	48	6. semi-superficial non-dense	98	9. superficial non-dense	76
2.deep semi-dense	22	6. semi-superficial non-dense	11	9. superficial non-dense	4
2.deep semi-dense	59	7. superficial dense	60	9. superficial non-dense	19
2.deep semi-dense	53	7. superficial dense	90	9. superficial non-dense	41
2.deep semi-dense	58	7. superficial dense	78	9. superficial non-dense	86
2.deep semi-dense	56	7. superficial dense	21	9. superficial non-dense	1
2.deep semi-dense	30	7. superficial dense	39	9. superficial non-dense	13
3.deep non-dense	87	7. superficial dense	16	9. superficial non-dense	5
3.deep non-dense	101	7. superficial dense	95	9. superficial non-dense	28
3.deep non-dense	23	7. superficial dense	49	9. superficial non-dense	29

deep dense: عمیق متراکم، deep semi-dense: عمیق نیمه متراکم، deep non-dense: عمیق غیر متراکم، semi-superficial dense: نیمه سطحی متراکم، semi-superficial semi-dense: نیمه سطحی نیمه متراکم، semi-superficial non-dense: نیمه سطحی غیر متراکم، superficial dense: سطحی متراکم، superficial semi-dense: سطحی نیمه متراکم و superficial non-dense: سطحی غیر متراکم.

جدول ۴- آماره‌های توصیفی صفات ارزیابی شده در ژنوتیپ‌های دارای سیستم ریشه عمیق و متراکم (گروه ۱)

Table 4. Descriptive statistics of evaluated traits in genotypes with deep and dense root system (group1)

Variable	Minimum	Maximum	Mean	Sd	Se	Range	Coeff of Variation
SemRN	3.00	7.00	4.82	0.85	0.19	4.00	17.75
SemRL	8.17	16.26	12.55	1.82	0.41	8.09	14.52
SemShL	6.67	14.00	10.68	1.71	0.38	7.33	15.97
AllSemRL	39.00	78.67	59.69	10.57	2.36	39.67	17.71
RFW	0.69	1.91	1.05	0.29	0.06	1.23	27.55
ShW	0.59	2.08	1.17	0.32	0.07	1.50	27.48
RDW	0.09	0.21	0.12	0.03	0.01	0.13	23.07
RV	0.90	3.00	1.41	0.49	0.11	2.10	34.66
RL	91.50	135.00	105.53	11.65	2.61	43.50	11.04
ShL	22.00	37.50	28.23	3.43	0.77	15.50	12.14
TN	1.00	3.00	2.43	0.71	0.16	2.00	29.37
LN	5.00	12.00	7.65	1.97	0.44	7.00	25.81
RF	56.19	198.63	120.05	38.03	8.50	142.44	31.68
RDM	0.09	0.15	0.11	0.02	0.00	0.06	13.71
RWC	65.68	93.15	87.03	5.69	1.27	27.47	6.54
SRL	502.27	3600.00	1058.07	641.79	143.51	3097.73	60.66
RLD	0.002024	0.002986	0.002350	0.000256	0.000057	0.000962	10.897574
RSM	0.0000021	0.0000046	0.0000028	0.0000006	0.0000001	0.0000025	22.4660653
RTD	4295.52	9495.36	5640.70	1267.23	283.36	5199.84	22.47
RMD	0.000015	0.000042	0.000023	0.000006	0.000001	0.000027	26.695540
RSD	27.15	50.00	36.87	5.56	1.24	22.85	15.07
RD	0.035	0.191	0.097	0.034	0.008	0.156	35.162

جدول ۵- آماره‌های توصیفی صفات ارزیابی شده در ژنوتیپ‌های دارای سیستم ریشه عمیق و نیمه متراکم (گروه ۲)

Table5. Descriptive statistics of evaluated traits in genotypes with deep and semi-dense root system (group2)

Variable	Minimum	Maximum	Mean	Sd	Se	Range	Coeff of Variation
SemRN	3.00	5.00	4.30	0.62	0.19	2.00	14.47
SemRL	10.13	17.11	13.73	1.91	0.58	6.98	13.94
SemShL	8.83	12.00	10.15	0.89	0.27	3.17	8.76
AllSemRL	43.00	79.33	58.48	10.40	3.14	36.33	17.79
RFW	0.62	1.12	0.84	0.15	0.05	0.51	17.91
ShW	0.49	1.55	0.94	0.29	0.09	1.06	31.46
RDW	0.08	0.09	0.08	0.00	0.00	0.02	5.84
RV	0.60	1.50	1.16	0.31	0.09	0.90	26.56
RL	90.00	110.00	100.59	5.53	1.67	20.00	5.49
ShL	21.50	32.50	26.41	3.46	1.04	11.00	13.11
TN	1.00	3.00	2.18	0.75	0.23	2.00	34.41
LN	4.50	8.50	6.18	1.37	0.41	4.00	22.08
RF	98.83	201.07	148.50	35.78	10.79	102.24	24.09
RDM	0.08	0.12	0.10	0.01	0.00	0.03	8.90
RWC	85.47	92.75	89.94	2.33	0.70	7.28	2.59
SRL	1156.25	4529.41	1770.37	965.34	291.06	3373.16	54.53
RLD	0.00199	0.00243	0.00222	0.00012	0.00004	0.00044	5.49392
RSM	0.0000017	0.0000020	0.0000019	0.0000001	0.0000000	0.0000003	5.8359221
RTD	3391.20	4069.44	3802.25	221.93	66.91	678.24	5.84
RMD	0.000014	0.000025	0.000019	0.000003	0.000001	0.000011	17.905821
RSD	27.33	38.12	31.78	3.27	0.98	10.80	10.28
RD	0.050	0.179	0.084	0.042	0.013	0.129	49.390

جدول ۶- آماره‌های توصیفی صفات ارزیابی شده در ژنوتیپ‌های دارای سیستم ریشه عمیق و غیر متراکم (گروه ۳)

Table6. Descriptive statistics of evaluated traits in genotypes with deep and non-dense root system (grpou3)

Variable	Minimum	Maximum	Mean	Sd	Se	Range	Coeff of Variation
SemRN	3.00	5.33	4.53	0.67	0.19	2.33	14.88
SemRL	12.27	16.42	14.22	1.21	0.35	4.15	8.50
SemShL	9.33	15.33	11.38	1.60	0.46	6.00	14.08
AllSemRL	42.83	78.67	64.25	10.83	3.13	35.83	16.86
RFW	0.34	0.79	0.58	0.16	0.05	0.46	27.94
ShW	0.45	0.98	0.60	0.16	0.05	0.54	26.83
RDW	0.02	0.07	0.04	0.02	0.01	0.06	43.95
RV	0.35	1.25	0.82	0.28	0.08	0.90	33.51
RL	90.00	118.50	100.04	7.20	2.08	28.50	7.20
ShL	20.00	30.00	25.88	3.22	0.93	10.00	12.44
TN	1.00	3.00	1.71	0.62	0.18	2.00	36.30
LN	4.00	10.00	5.33	1.60	0.46	6.00	30.00
RF	127.30	753.50	254.16	181.02	52.26	626.19	71.22
RDM	0.06	0.10	0.09	0.01	0.00	0.05	15.51
RWC	72.46	97.88	91.36	6.33	1.83	25.42	6.93
SRL	1687.50	7100.00	3769.18	1737.19	501.48	5412.50	46.09
RLD	0.001990	0.002621	0.002213	0.000159	0.000046	0.000630	7.196931
RSM	0.0000003	0.0000015	0.0000009	0.0000004	0.0000001	0.0000012	43.9514309
RTD	678.24	3165.12	1808.64	794.94	229.48	2486.88	43.95
RMD	0.000007	0.000017	0.000013	0.000004	0.000001	0.000010	27.942747
RSD	18.80	32.94	27.38	4.32	1.25	14.15	15.79
RD	0.015	0.135	0.065	0.035	0.010	0.120	53.589

جدول ۷- آماره‌های توصیفی صفات ارزیابی شده در ژنوتیپ‌های دارای سیستم ریشه نیمه سطحی و متراکم (گروه ۴)

Table 7. Descriptive statistics of evaluated traits in genotypes with semi-surface and dense root system (group4)

Variable	Minimum	Maximum	Mean	Sd	Se	Range	Coeff of Variation
SemRN	5.00	6.00	5.22	0.40	0.16	1.00	7.73
SemRL	10.78	15.33	12.99	1.53	0.63	4.56	11.81
SemShL	8.00	12.00	10.06	1.45	0.59	4.00	14.44
AllSemRL	61.50	76.67	67.42	5.65	2.31	15.17	8.39
RFW	0.44	1.00	0.86	0.21	0.09	0.56	24.38
ShW	0.99	1.35	1.08	0.14	0.06	0.36	12.93
RDW	0.11	0.14	0.12	0.01	0.01	0.04	10.63
RV	0.75	1.75	1.07	0.38	0.16	1.00	35.90
RL	82.50	85.00	84.33	0.98	0.40	2.50	1.17
ShL	25.00	30.50	26.83	2.11	0.86	5.50	7.88
TN	1.00	3.00	2.17	0.75	0.31	2.00	34.74
LN	5.50	10.00	7.08	1.56	0.64	4.50	22.06
RF	86.02	217.86	113.23	51.63	21.08	131.83	45.60
RDM	0.08	0.12	0.11	0.02	0.01	0.04	14.70
RWC	81.55	87.58	85.51	2.09	0.85	6.03	2.45
SRL	616.67	4225.00	1269.02	1449.23	591.65	3608.33	114.20
RLD	0.00182	0.00188	0.00187	0.00002	0.00001	0.00006	1.16584
RSM	0.0000023	0.0000031	0.0000027	0.0000003	0.0000001	0.0000008	10.6288778
RTD	4747.68	6330.24	5614.32	596.73	243.61	1582.56	10.63
RMD	0.0000097	0.0000220	0.0000190	0.0000046	0.0000019	0.0000123	24.3822474
RSD	21.41	32.28	29.78	4.16	1.70	10.87	13.96
RD	0.076	0.195	0.127	0.039	0.016	0.119	30.733

جدول ۸- آماره‌های توصیفی صفات ارزیابی شده در ژنوتیپ‌های دارای سیستم ریشه نیمه سطحی و نیمه متراکم (گروه ۵)

Table 8. Descriptive statistics of evaluated traits in genotypes with semi-surface and semi-dense root system (grpoup5)

Variable	Minimum	Maximum	Mean	Sd	Se	Range	Coeff of Variation
SemRN	4.00	4.33	4.11	0.19	0.11	0.33	4.68
SemRL	12.75	14.75	13.64	1.02	0.59	2.00	7.45
SemShL	10.00	11.83	10.78	0.95	0.55	1.83	8.79
AllSemRL	48.67	59.00	55.17	5.66	3.27	10.33	10.26
RFW	0.80	0.92	0.85	0.06	0.04	0.12	7.16
ShW	0.89	1.13	1.00	0.12	0.07	0.24	11.96
RDW	0.08	0.09	0.08	0.01	0.00	0.02	9.35
RV	1.00	1.50	1.25	0.25	0.14	0.50	20.00
RL	81.50	83.50	82.33	1.04	0.60	2.00	1.26
ShL	22.50	29.00	26.67	3.62	2.09	6.50	13.56
TN	2.00	3.00	2.33	0.58	0.33	1.00	24.74
LN	5.50	7.50	6.83	1.15	0.67	2.00	16.90
RF	92.92	104.34	99.52	5.91	3.41	11.41	5.94
RDM	0.111	0.118	0.114	0.004	0.002	0.008	3.457
RWC	89.99	90.60	90.22	0.33	0.19	0.61	0.37
SRL	922.73	1169.44	1038.13	124.13	71.66	246.72	11.96
RLD	0.00180	0.00185	0.00182	0.00002	0.00001	0.00004	1.26417
RSM	0.0000017	0.0000020	0.0000018	0.0000002	0.0000001	0.0000003	9.3509008
RTD	3391.20	4069.44	3692.64	345.34	199.38	678.24	9.35
RMD	0.000018	0.000020	0.000019	0.000001	0.000001	0.000003	7.160210
RSD	28.96	30.59	29.64	0.85	0.49	1.63	2.88
RD	0.050	0.107	0.083	0.029	0.017	0.057	35.507

جدول ۹- آماره‌های توصیفی صفات ارزیابی شده در ژنوتیپ‌های دارای سیستم نیمه سطحی و غیر متراکم (گروه ۶)

Table9. Descriptive statistics of evaluated traits in genotypes with semi-surface and non-dense system (group6)

Variable	Minimum	Maximum	Mean	Sd	Se	Range	Coeff of Variation
SemRN	3.00	5.33	4.38	0.86	0.30	2.33	19.72
SemRL	9.13	15.82	13.71	2.13	0.75	6.69	15.54
SShL	9.00	15.67	11.77	2.08	0.73	6.67	17.65
AllSemRL	41.33	78.00	58.96	13.06	4.62	36.67	22.15
RFW	0.37	0.70	0.56	0.12	0.04	0.33	21.50
ShW	0.27	1.02	0.72	0.26	0.09	0.75	35.71
RDW	0.02	0.07	0.05	0.02	0.01	0.05	39.79
RV	0.50	1.25	0.83	0.27	0.10	0.75	32.46
RL	82.00	87.50	84.75	2.28	0.81	5.50	2.69
ShL	22.50	32.00	27.06	3.09	1.09	9.50	11.41
TN	1.00	3.00	1.56	0.73	0.26	2.00	46.65
LN	3.50	6.50	5.06	0.94	0.33	3.00	18.62
RF	132.81	493.49	219.77	122.97	43.48	360.68	55.95
RDM	0.08	0.10	0.09	0.01	0.00	0.03	9.38
RWC	83.33	96.46	91.37	3.98	1.41	13.13	4.36
SRL	1486.11	5950.00	3376.90	1494.30	528.32	4463.89	44.25
RLD	0.00181	0.00194	0.00187	0.00005	0.00002	0.00012	2.69437
RSM	0.0000003	0.0000014	0.0000011	0.0000004	0.0000001	0.0000011	39.7853933
RTD	678.24	2939.04	2147.76	854.50	302.11	2260.80	39.79
RMD	0.0000008	0.0000015	0.0000012	0.0000003	0.0000001	0.0000007	21.495830
RSD	21.35	27.41	24.90	2.13	0.75	6.06	8.57
RD	0.020	0.120	0.064	0.036	0.013	0.100	56.743

جدول ۱۰- آماره‌های توصیفی صفات ارزیابی شده در ژنوتیپ‌های دارای سیستم ریشه سطحی و متراکم (گروه ۷)

Table10. Descriptive statistics of evaluated traits in genotypes with superficial and dense root system (group7)

Variable	Minimum	Maximum	Mean	Sd	Se	Range	Coeff of Variation
SemRN	4.33	5.00	4.75	0.30	0.10	0.67	6.22
SemRL	9.53	22.17	13.07	4.11	1.45	12.63	31.43
SemShL	7.00	11.67	9.96	1.73	0.61	4.67	17.36
AllSemRL	42.50	97.33	60.60	18.37	6.49	54.83	30.30
RFW	0.67	1.19	0.92	0.17	0.06	0.52	18.85
ShW	0.73	1.49	1.10	0.25	0.09	0.76	22.38
RDW	0.10	0.45	0.16	0.12	0.04	0.35	76.45
RV	0.75	1.50	1.10	0.24	0.08	0.75	21.46
RL	30.50	77.00	62.75	15.65	5.53	46.50	24.94
ShL	26.00	31.50	29.00	1.85	0.65	5.50	6.38
TN	1.00	3.00	2.06	0.86	0.31	2.00	41.86
LN	5.00	11.00	6.88	2.10	0.74	6.00	30.55
RF	35.33	98.21	73.52	22.51	7.96	62.88	30.61
RDM	0.12	0.20	0.14	0.03	0.01	0.08	20.18
RWC	52.41	90.17	83.00	12.49	4.41	37.77	15.04
SRL	380.56	858.33	579.54	176.90	62.54	477.78	30.52
RLD	0.00067	0.00170	0.00139	0.00035	0.00012	0.00103	24.94055
RSM	0.000002	0.000008	0.000003	0.000002	0.000001	0.000005	58.742438
RTD	4521.60	15599.52	6443.28	3784.97	1338.19	11077.92	58.74
RMD	0.000015	0.000026	0.000020	0.000004	0.000001	0.000011	18.849706
RSD	18.84	32.24	26.48	4.43	1.57	13.40	16.73
RD	0.080	0.345	0.137	0.086	0.030	0.265	62.946

جدول ۱۱- آماره‌های توصیفی صفات ارزیابی شده در ژنوتیپ‌های دارای سیستم ریشه سطحی و نیمه متراکم (گروه ۸)
Table 11. Descriptive statistics of traits evaluated in genotypes with superficial and semi-dense root system (group8)

Variable	Minimum	Maximum	Mean	Sd	Se	Range	Coeff of Variation
SemRN	3.00	6.00	4.27	0.93	0.29	3.00	21.73
SemRL	12.27	14.67	13.36	0.84	0.27	2.40	6.31
SemShL	7.50	14.00	11.38	2.20	0.70	6.50	19.33
AllSemRL	37.50	78.00	56.85	12.04	3.81	40.50	21.18
RFW	0.52	1.08	0.73	0.17	0.05	0.56	23.52
ShW	0.44	1.90	1.06	0.41	0.13	1.47	38.34
RDW	0.08	0.09	0.08	0.00	0.00	0.02	5.82
RV	0.35	1.75	0.94	0.39	0.12	1.40	41.88
RL	55.00	80.00	68.40	9.01	2.85	25.00	13.18
ShL	21.50	37.50	29.40	5.52	1.75	16.00	18.78
TN	1.00	4.00	2.15	0.82	0.26	3.00	38.06
LN	4.50	10.50	6.85	2.01	0.64	6.00	29.41
RF	68.29	180.89	114.67	36.89	11.67	112.60	32.17
RDM	0.09	0.14	0.12	0.01	0.00	0.05	12.66
RWC	84.32	92.10	88.76	2.37	0.75	7.78	2.67
SRL	810.61	1821.88	1114.09	349.21	110.43	1011.27	31.34
RLD	0.00122	0.00177	0.00151	0.00020	0.00006	0.00055	13.17953
RSM	0.00000166	0.00000199	0.00000180	0.00000010	0.00000003	0.00000033	5.82003940
RTD	3391.20	4069.44	3685.10	214.48	67.82	678.24	5.82
RMD	0.00001139	0.00002378	0.00001613	0.00000380	0.00000120	0.00001239	23.52306690
RSD	20.29	30.69	24.45	3.97	1.25	10.40	16.23
RD	0.039	0.250	0.112	0.063	0.020	0.211	56.213

جدول ۱۲- آماره‌های توصیفی صفات ارزیابی شده در ژنوتیپ‌های دارای سیستم ریشه سطحی و غیر متراکم (گروه ۹)
Table 12. Descriptive statistics of evaluated traits in genotypes with superficial and non-dense root system (group9)

Variable	Minimum	Maximum	Mean	Sd	Se	Range	Coeff of Variation
SemRN	3.00	6.00	4.22	0.94	0.19	3.00	22.17
SemRL	10.27	17.44	13.86	2.67	0.54	7.18	19.26
SemShL	6.33	14.67	11.01	1.81	0.37	8.33	16.41
AllSemRL	37.50	83.67	56.96	13.09	2.67	46.17	22.98
RFW	0.08	0.88	0.54	0.21	0.04	0.80	38.27
ShW	0.15	1.12	0.62	0.25	0.05	0.97	41.06
RDW	0.01	0.07	0.04	0.02	0.00	0.06	40.94
RV	0.10	1.75	0.64	0.36	0.07	1.65	56.09
RL	47.00	81.00	67.35	10.21	2.09	34.00	15.17
ShL	19.50	31.50	25.25	3.81	0.78	12.00	15.10
TN	1.00	3.00	1.46	0.72	0.15	2.00	49.44
LN	3.00	9.00	5.27	1.51	0.31	6.00	28.66
RF	73.05	587.50	175.11	114.54	23.38	514.45	65.41
RDM	0.05	0.14	0.09	0.02	0.00	0.10	23.32
RWC	62.50	98.21	90.71	6.76	1.38	35.71	7.45
RWC	52.41	98.21	88.92	0.63	87.68	90.15	6.35
SRL	862.50	7800.00	2771.28	1734.80	354.11	6937.50	62.60
RLD	0.00104	0.00179	0.00149	0.00023	0.00005	0.00075	15.16540
RSM	0.0000002	0.0000015	0.0000010	0.0000004	0.0000001	0.0000013	40.9389326
RTD	452.16	3165.12	1987.62	813.72	166.10	2712.96	40.94
RMD	0.000002	0.000019	0.000012	0.000005	0.000001	0.000018	38.272479
RSD	6.87	27.67	19.83	4.71	0.96	20.80	23.75
RD	0.020	0.375	0.091	0.075	0.015	0.355	82.699

ریشه (۰/۶۹۵) مربوط به گروه شش، کمترین مقدار طول گیاهچه جنینی (۱۱/۶۶)، طول ریشه (۷۷)، RF (۹۸/۲۱)، RWC (۵۲/۴۱)، SRL (۸۵۸/۳) و RLD (۰/۰۰۱) مربوط به گروه هفت، کمترین مقدار صفات وزن تر گیاهچه (۰/۹۸)، وزن خشک ریشه (۰/۰۶۵)، حجم ریشه (۱/۲۵) و قطر ریشه (۰/۱۰۴) مربوط به

با توجه به نتایج بدست آمده کمترین مقدار صفات تعداد ریشه جنینی (۴/۳۳)، مجموع طول ریشه جنینی (۵۹)، طول گیاهچه (۲۹) و RD (۰/۱۰۶) مربوط به گروه پنج، کمترین میزان صفات RSD (۲۷/۴۱)، RMD (۰/۰۰۰۰۱۵)، RTD (۲۹۳۹/۰۴)، RSM (۰/۰۰۰۰۰۱۴)، تعداد برگ (۶/۵) و وزن تر

افزایش یافته و این موجب افزایش دوام و رشد گیاه می گردد. گیاهانی که طول ریشه اصلی، تعداد ریشه‌های بذری، مجموع تراکم طول ریشه بالاتری دارند در مقابل تنش‌های محیطی تحمل بالاتری دارند. این نشان می‌دهد که عمق ریشه، به عنوان مثال، وجود ریشه عمودی اصلی، برای بقا تحت خشکسالی مهم است، در حالی که اثر کل رشد ریشه ممکن است تحت تاثیر عوامل دیگر قرار گیرد (Robin and et al., 2014).

تجزیه واریانس

نتایج تجزیه واریانس برای نه گروه ژنوتیپی ایجاد شده نشان داد که بین گروه‌های مختلف از نظر صفات وزن تر ریشه (RFW)، وزن خشک ریشه (RDW)، حجم ریشه (RV)، طول ریشه (RL)، وزن تر گیاهچه (ShW)، قطر ریشه (RDM)، طول مخصوص ریشه (SRL)، چگالی طول ریشه (RLD)، حجم مخصوص ریشه (RSM)، تراکم بافت ریشه (RTD)، تراکم حجم ریشه (RMD) و چگالی سطحی ریشه (RSD)، در سطح ۰/۱ درصد و برای صفات تعداد پنجه (TN)، تعداد برگ (LN) و شادابی ریشه (RF)، در سطح یک درصد و برای صفت طول گیاهچه (ShL) و محتوای آب ریشه (RWC) در سطح پنج درصد اختلاف معنی‌دار وجود داشت که بیانگر تنوع در سایر صفات ریشه برای گروه‌های ژنوتیپی می‌باشد (جدول ۱۳).

گروه سه بوده و بیشترین تعداد ریشه جنینی (۷)، وزن تر ریشه (۱/۹۱)، وزن تر گیاهچه (۲/۰۸)، حجم ریشه (سه)، طول ریشه (۱۳۵)، طول گیاهچه (۳۷/۵)، تعداد برگ (۱۲)، چگالی طول ریشه (۰/۰۰۲۹)، تراکم حجم ریشه (۰/۰۰۰۰۴۲) و چگالی حجم ریشه (۴۹/۹۲) برای ژنوتیپ‌های گروه یک، بیشترین طول ریشه جنینی (۸۲۲/۱۶)، مجموع طول ریشه جنینی (۹۷/۳۳)، وزن خشک ریشه (۰/۴۵۵)، تراکم حجم ریشه (۰/۱۹۷)، حجم مخصوص ریشه (۰/۰۰۰۰۰۸) و تراکم بافت ریشه (۱۵۵۹۲/۵۲) برای گروه هفت، بیشترین مقدار طول مخصوص ریشه (۷۸۰۰)، چگالی ریشه (۰/۳۷۵) و محتوای آب ریشه (۹۸/۲۱) برای گروه نه، بیشترین طول گیاهچه جنینی (۱۵/۶۶) مربوط به گروه شش و بیشترین مقدار شادابی ریشه (۷۵۳/۴۹) برای گروه سه بود. در مورد صفت تعداد پنجه، بیشترین مقدار (چهار) مربوط به گروه هشت و برای سایر گروه‌ها سه بود. اختلاف بین کمترین و بیشترین مقدار هر یک از صفات نشان دهنده تنوع موجود در ژنوتیپ‌ها از نظر این صفات می‌باشد. بیشترین مقدار اغلب صفات، مربوط به گروه یک یعنی ژنوتیپ‌های دارای ساختار ریشه متراکم و عمیق بود. گروه نه که دارای ریشه‌های سطحی و غیر متراکم هستند کمترین محتوای آب ریشه، چگالی ریشه و طول مخصوص ریشه را داشتند. طبق مطالعات در ژنوتیپ‌های دارای حجم بیشتر ریشه، دسترسی به آب

جدول ۱۳- تجزیه واریانس صفات ارزیابی شده برای گروه‌های مختلف گندم از لحاظ عمق و تراکم بافت ریشه

Table 13. Analysis of variance of evaluated traits for different groups of wheat in terms of depth and density of root tissue.

ms							
Source	df	SemRN	SemRL	SemShL	AllSemRL	RFW	RLD
group	8	1.131 ^{ns}	3.911 ^{ns}	3.708 ^{ns}	119.058 ^{ns}	0.493 ^{***}	0.000001 ^{***}
error	93	0.617	4.839	2.940	145.386	0.042	0.00000004
CV%		17.462	16.353	15.812	20.261	27.073	11.128
Source	df	RDW	RV	RL	ShL	TN	RSM
group	8	0.019 ^{***}	0.97 ^{***}	3503.056 ^{***}	26.583 [*]	1.754 ^{**}	0.000000000008 ^{***}
error	93	0.001	0.134	89.731	12.961	0.537	0.00000004
CV%		45.333	36.863	11.169	13.329	37.649	35.848
Source	df	ShW	LN	RF	RDM	SRL	RMD
group	8	0.691 ^{***}	11.941 ^{**}	34398.999 ^{**}	0.002 ^{***}	14408103.5 ^{***}	0.0000000002 ^{***}
error	93	0.076	2.815	9005.194	0.0002	1581069.300	0.00000000002
CV%		31.200	26.805	61.425	16.535	62.291	26.767
Source	df	RD	RSD	RTD	RWC		
group	8	0.006 ^{ns}	446.226 ^{***}	36265412.5 ^{***}	79.35 [*]		
error	93	0.003	19.443	1731298.100	36.94		
CV%		59.400	15.980	35.848	6.83		

ns: نشان دهنده غیر معنی‌داری و *، ** و *** به ترتیب نشان دهنده معنی‌داری در سطح پنج، یک و ۰/۱ درصد می‌باشند. ns: indicates non-significance and *, **, and ***, respectively, represent the significance at the level of 5%, 1% and 0.1%, respectively.

وجود اختلاف معنی‌دار در مرحله گیاهچه معتبرتر است.

تابع تشخیص

هدف تابع تشخیص بررسی نحوه تفکیک دو یا چند گروه از افراد بر اساس صفات ارزیابی شده بر روی چند متغیر می‌باشد. تابع تشخیص به روش گام به گام برای تفکیک نه گروه ژنوتیپی ایجاد شده، انجام شد (جدول ۱۴).

در مورد سایر صفات ارزیابی شده اختلاف معنی‌داری بین گروه‌های ژنوتیپی مشاهده نشد. اکثر این صفات معنی‌دار نشده، مربوط به مرحله جنینی بودند و با توجه به اینکه طبق مطالعات صورت گرفته (Hosseini et al., 2009) در مرحله جنینی ریشه‌ها هنوز به مرحله نهایی رشد خود نرسیده‌اند و حداکثر رشد ریشه‌ها تا مرحله پنج هفتگی اتفاق افتاده و پس از آن انرژی گیاه صرف رشد و توسعه اندام‌های رویشی و زایشی می‌شود، بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که

جدول ۱۴- مقادیر ویژه و درصد تبیین واریانس سه تابع تشخیص برای تفکیک گروه‌ها

Table 14. Specific values and explanation rate of the three differential discriminant functions for grouping

Function	Eigenvalue	% of Variance	Cumulative %	Canonical Correlation
1	5.340 ^a	69.5	69.5	.918
2	2.262 ^a	29.4	98.9	.833
3	.082 ^a	1.1	100.0	.275
Test of Function(s)	Wilks' Lambda	Chi-square	df	Sig.
1 through 3	.045	295.240	24	.000
2 through 3	.283	119.789	14	.000

تابع اول را چگالی سطحی ریشه (RSD)، تابع دوم را چگالی طول ریشه (RLD) و طول ریشه (RL) و تابع سوم را وزن خشک ریشه (RDW) نامید. چرا که این صفات بیشترین ضرایب را در تعیین توابع داشته‌اند (جدول ۱۵).

بر اساس نتایج بدست آمده سه تابع تشخیص اصلی ۱۰۰ درصد واریانس کل را توضیح دادند. از این رو می‌توان افراد جدید را به این گروه‌ها منتسب کرد. ضرایب استاندارد شده صفات در توابع تشخیص اول و دوم و سوم در جدول ۱۵ آمده است. با توجه به مقادیر توابع تشخیص استخراج شده برای هر گروه، می‌توان

جدول ۱۵- ضرایب استاندارد شده صفات مهم در توابع تشخیص اول و دوم و سوم برای تفکیک گروه‌ها

Table 15. Standardized coefficients of important traits in the first, second and third detection functions for group separation

Variable	Function		
	1	2	3
RSD	.646*	.120	.018
RMD	.520*	-.266	-.087
RFW	.514*	-.275	-.076
ShW	.405*	-.324	-.103
LN	.289*	-.208	-.073
RV	.251*	-.010	-.024
TN	.170*	-.091	-.091
ShL	.116*	-.073	.078
RLD	.635	.756*	.161
RL	.631	.740*	.174
SRL	-.184	.493*	.057
RDM	.131	-.468*	-.159
SemRN	.042	-.220*	.018
RF	-.151	.195*	.037
RDW	.354	-.460	.815*
RTD	.456	-.537	.710*
RSM	.456	-.537	.710*
SemRL	-.087	.092	.456*
RD	.111	-.287	.381*
AllSemRL	-.009	-.111	.322*
SemShL	.050	-.051	.097*

ترتیب برابر با ۱/۷۳۲، ۰/۰۵۸ و ۱/۵۵۶- و برای ارقام دارای ریشه متراکم نیمه متراکم و غیر متراکم این مقدار به ترتیب برابر با ۱/۴۱۸، ۰/۱۴۶ و ۱/۳۳۰- بود. (جدول ۱۷).

برای گروه‌های ایجاد شده بر مبنای هر دو صفت طول ریشه و تراکم بافت ریشه تابع اول اختلاف بالاتری بین مقادیر بدست آمده نشان داد. متوسط مقدار تابع اول برای ارقام دارای ریشه عمیق، نیمه عمیق و سطحی به

جدول ۱۶- مقادیر توابع کانونی استخراج شده برای گروه‌های مختلف ژنوتیپی

Table16. The values of the centric functions extracted for different genotypic groups.

Group	Function		
	1	2	3
1	3.504	.059	-.096
2	1.865	-1.586	-.315
3	-.173	-3.116	.724
4	1.328	1.054	.085
5	-.076	-.274	-.135
6	-1.077	-1.346	-.311
7	-.577	2.533	.292
8	-1.350	1.091	.062
9	-2.741	-.132	-.142

جدول ۱۷- میانگین مقادیر توابع کانونی برای گروه‌های مختلف

Table17. Average values of centric functions for different groups

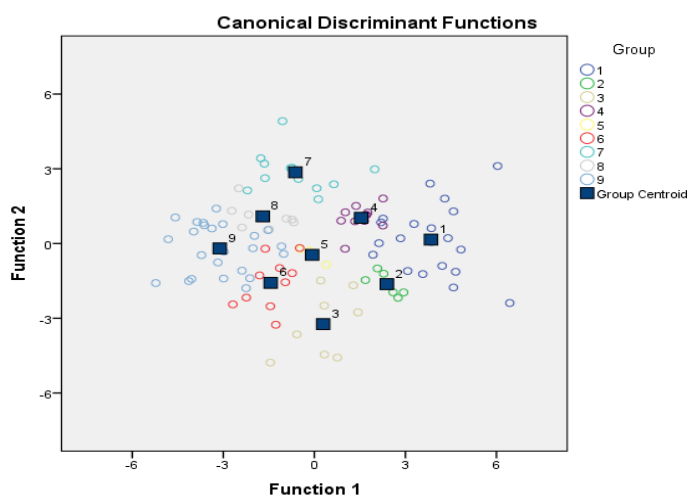
	Root length		
	Function1	Function2	Function3
deep	1.732	-1.548	0.104
semi- superficial	0.058	-0.189	-0.120
superficial	-1.556	1.164	0.071
	Root texture density		
dense	1.418	1.215	0.094
semi-dense	0.146	-0.256	-0.129
non-dense	-1.330	-1.531	0.090

شکل دیده می‌شود گروه‌های مختلف تقریباً به خوبی از هم تفکیک شده‌اند که این می‌تواند تایید کننده گروه‌های تعیین شده بر اساس دو صفت مهم عمق و تراکم ریشه باشد.

نتیجه‌گیری کلی

ژنوتیپ‌های بومی گندم مورد استفاده در این تحقیق تنوع بالایی را از نظر آماره‌های توصیفی محاسبه شده در مرحله گیاهچه نشان دادند. اکثر صفات دارای دامنه تغییرات و انحراف معیار مناسب و بالایی در میان ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بودند. این به نوبه خود نشان دهنده تنوع مناسب بین آنها است. در بین ۱۰۲ ژنوتیپ گندم مورد مطالعه، کدهای ۷۹، ۴۲، ۱۷، ۶۳، ۷۴، ۳۷، ۵۵، ۷۱، ۳۳، ۴۵، ۳۲، ۱۵، ۲۰، ۸۵، ۷۳، ۷۷، ۶۱، ۵۱ و ۳۸ و ۶۲ با قرار گرفتن در گروه دارای ریشه‌های متراکم و عمیق، می‌توانند به عنوان بهترین

همان‌طور که نتایج نشان داد در تابع اول ضرایب تشخیص برای صفات چگالی سطحی ریشه، تراکم حجم ریشه، وزن تر ریشه، وزن تر گیاهچه، حجم ریشه، تعداد پنجه، تعداد برگ و طول گیاهچه معنی‌دار بود. برای تابع دوم ضرایب تشخیص صفات چگالی طول ریشه، طول ریشه، طول مخصوص ریشه، تراکم حجم ریشه، تعداد ریشه‌چه جنینی و شادابی ریشه معنی‌دار بود. در مورد تابع سوم نیز این ضرایب برای صفات وزن خشک ریشه، تراکم بافت ریشه، حجم مخصوص ریشه، طول ریشه جنینی، چگالی ریشه، مجموع طول ریشه جنینی و طول گیاهچه معنی‌دار شد. با توجه به سهم بالای دو تابع اول و دوم در تعیین واریانس بین گروه‌ها، نمودار بای‌پلات ۹ گروه ایجاد شده بر اساس این دو تابع بدست آمد (شکل ۱). در این بای پلات موقعیت گروه‌ها نسبت به هم و موقعیت فواصل آنها دیده می‌شود. همان‌طور که در



شکل ۱- نمودار بای پلات حاصل از تابع تشخیص بر اساس توابع اول و دوم.

Figure 1. Bi-plot diagram derived from the discriminant function based on the first and second functions.

ریشه‌ها تا مرحله پنج هفتگی اتفاق می‌افتد، بنابراین وجود اختلاف معنی‌دار در مرحله گیاهچه معتبرتر است. بر اساس نتایج تابع تشخیص و بر مبنای توابع تعریف شده، برای گروه‌های ایجاد شده تابع اول اختلاف بالاتری بین مقادیر بدست آمده نشان داد. این اطلاعات می‌تواند مبنای تحقیقات بعدی جهت انتخاب و اصلاح و تولید گندم‌های بومی ایران برای مقاومت به تنش خشکی و تغییرات جوی قرار گیرد.

ژنوتیپ‌ها در نظر گرفته شوند. معنی‌دار شدن تجزیه واریانس این گروه‌ها برای بسیاری از صفات ارزیابی شده، می‌تواند اطلاعات بسیار کاربردی و مفیدی را در جهت انتخاب ژنوتیپ‌های دارای سیستم ریشه عمیق‌تر و متراکم‌تر ایجاد کند. با توجه به گروه‌بندی ایجاد شده این ژنوتیپ‌ها بر اساس گروه‌های نه گانه اکثر صفات معنی‌دار نشده، مربوط به مرحله جنینی بودند و با توجه به اینکه در مرحله جنینی ریشه‌ها هنوز به مرحله نهایی رشد خود نرسیده‌اند و حداکثر رشد

REFERENCES:

1. Abdshahi, R. A., Talei, A., Omid, A. & Yazdi Samadi, B. (2010). Study of physiological and morphological characteristics of drought tolerance in bread wheat, *Iranian Journal of Field Crop Science*, 2, 258-247. (In Persian).
2. Ataei, R., Mohammadi, A., Talei, A. & Naghavi, M. R. (2013). Associating mapping of root traits in balely, *Iranian Journal of Field Crop Science*, 347-357. (In Persian).
3. Cattivelli, L., Rizza, F., Badeck, F. W., Mazzucotelli, E., Mastrangelo, A.M., Francia, E., Mare, C., Tondelli, A. & Santaca, A. M. (2008), Drought tolerance improvement in crop plants: an integrated view from breeding to genomics, *Field Crops Research*, 105: 1-14.
4. Dehghani Sanj, H., Nakhjavani Moghaddam, M., H. & Akbari, M. (1387). Study of water use efficiency based on relative advantages of areas and low irrigation. *Irrigation and Drainage Journal of Iran*, 1, 91-77. (In Persian).
5. Fensham, R. J. & Fairfax, R. J. (2007). Drought-related tree death of savanna eucalypts: Species susceptibility, soil conditions and root architecture. *Journal of Vegetation Science*, 18, 71-80.
6. Garnett, T., Conn, V. and Kaiser, B. N. (2009). Root based approaches to improving nitrogen use efficiency in plants. *Plant, Cell and Environment*. 32:1272-1283.
7. Gregory, P., Baum, A. & Yambao, J. (1991). The fate of carbon in pulse-labelled crops of barley and wheat. *Plant & Soil Science*, 136, 205-213.
8. Hoad, S. P., Russell, G., Lucas, M. E. & Bingham, I. J. (2001). The management of wheat, barley, and oat root systems, *Advances in Agronomy*, 74, 193-249.
9. Hajabbasi, M. A. (2001). Tillage effects on soil compactness and wheat root morphology. *Journal of*

- Agricultural Science and Technology*, 3, 67-77.
10. Hasanabadi, T., Ardakani, M. R., Rejali, F., Paknejad, F., Eftekhari, S. A. & Zargari, K. (2010). Response of barley root characters to co-inoculation with *Azospirillum lipoferum* and *Pseudomonas fluorescens* under different levels of nitrogen, *American-Eurasian Journal of Agriculture and Environmental Science*, 9 (2), 156-162.
 11. Hosseini Salekdeh, G. R., John, R., Boyer, E. & John, M. (2009). Conceptual framework for drought phenotyping during molecular breeding, *Trends in Plant Science*, 14, 1360-1385.
 12. Keshavzania, R., Shahbazi, M., Mohammadi, V. A., Hosseini Salekadeh, G., Ahmadi, A. & Mohseni Fard, A. (2014). The role of root structure and physiological traits of barley in response to drought stress, *Iranian Journal of Field Crop Science*, 5, 461-441. (In Persian).
 13. Lindh, M., Zhang, L., Flaster, D., Franklin, O. & Brannstrom, A. (2014). Plant diversity and drought: the role of deep roots, *Ecological Modelling*, 290, 85-93
 14. Lovelli, S., Pernio, M., Di Tommaso, T., Biochicchio, R. & Amato, M. (2012). Specific root length and diameter of hydroponically-grown tomato plants under salinity, *Journal of Agronomy*, 11 (4), 101-106
 15. Manschadi, A. M., Christopher, J., Devoil, P. & Hammer, G. L. (2006). The role of root architectural traits in adaptation of wheat to water-limited environments, *Functional Plant Biology*, 33, 823-837.
 16. Mandal, K. G., Hati, K. M., Misra, A. K., Ghosh, P. K. & Bandyopadhyay, K. K. (2003). Root density and water use efficiency of wheat as affected by irrigation and nutrient management, *Journal of Agricultural Physics*, 3(1 & 2), 49-55.
 17. Padilla, F. I. & Pugnaire, F. I. (2007). Rooting depth and soil moisture control Mediterranean woody seedling survival during drought. *Functional Ecology*, 21, 489-495.
 18. Paula, P. & Pausas, J. G. (2011). Root traits explain different foraging strategies between resprouting life histories, *Oecologia*, 165, 321-331.
 19. Robin, A. H. K., Uddin, M. J., Afrin, S. & Paul, P. R. (2014). Genotypic variations in root traits of wheat varieties at phytomer level. *Journal of Bangladesh Agricultural University*, 12(1), 45-54.
 20. Rundel, P. W. & Nobel, P. S. (1991). Structure and function in desert root systems. In: Atkinson, D. (Ed.), *Plant Root Growth: An Ecological Perspective*, Special Publication No. 10 of the British Ecological Society. *Blackwell Scientific Publications, Oxford, UK*, 349-378.
 21. Santaca, A. M. (2008). Drought tolerance improvement in crop plants: an integrated view from breeding to genomics, *Field Crops Research*, 10, 1-14.
 22. Singh, G., Sekhon, H. S. and Kolar, J. S. (2005). Pulses. Agrotech Publishing Academy, *Udaipur, India*. 329-341.
 23. Tuberosa, R. (2011). Phenotyping for drought tolerance of crop in the genomics era: Key concepts, issues and approaches. University of Bologna, Italy, *Frontiers in Physiology Journal*, 3, 1-26.
 24. Zhou, X. A., Zhou, R., Hai-Feng, C., Xian-Zhi, W., Bao-Duo, W., Shui-Lian, C., Xiao-Juan, Z., Xue-Jun, W., Zhong-Lu, Y., De-Zhen, Q. & Mu-Lan, J. (2011). Analysis of QTL for root traits at seedling stage in soybean, *Acta Agronomica Sinica*, 37(7), 1151-1158.