

Screening of barley elite genotypes using different selection indices based on multi-traits

Hassan Zali^{1*}, Ali Barati², Alireza Pour-Aboughadareh³

¹ Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran, Email: hzasli90@yahoo.com

² Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran, Email: barati32@yahoo.com

³ Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran, Email: a.poraboghadareh@gmail.com

Article Info

Article type:
Research Full Paper

Article history:
Received: 2022/04/06
Revised: 2022/06/03
Accepted: 2022/06/27

Keywords:
FAI-BLUP index
Genetic parameters
MGIDI index
REML / BLUP method
SIIG index

ABSTRACT

Background and objectives: Multivariate data are common in biological experiments and using the information on multiple traits is crucial to make better decisions for superior genotypes selection. However, identifying genotypes that combine high performance across many traits has been a challenger task. Classical linear multi-trait selection indexes are available, but the presence of multicollinearity and the arbitrary choosing of weighting coefficients may erode the genetic gains. Therefore it is necessary use novel approach for elite genotype selection based on multiple traits that overcome the fragility of classical linear indexes. The aim of this study was initially to select superior genotypes based on grain yield and a number of morpho-phenological traits and finally to compare different indicators for selecting ideal genotypes.

Materials and methods: In order to evaluate a number of pure barley lines using multi-trait selection indicators in the Darab Agricultural Research Station, one-year experiment in 2017-19 and two-year experiment (2019-2021) were done. The first year experiment consisted of 108 pure barley lines which were executed as an Augment design and in the second year 34 lines were selected for Darab region. The selected lines were performed using two separate 1 and 2 experiments in a randomized complete block design with three replications. Then, 11 promising lines were selected and along with 6 other lines that were top in Zabul and Moghan regions, were examined in a two-year experiment. The two-year experiment was performed using a randomized complete block design with three replications. For selection the best genotypes in the first year SIIG, in the second year MGIDI, the third and fourth year FAI-BLUP, MGIDI, SIIG and Smith Hazel was used. Statistical methods was analysis of variance of first and second year, Combined analysis (third and fourth year), Genetic parameters calculation by REML method (third and fourth year) and calculation of SIIG, FAI-BLUP, MGIDI and Smith-Hazel methods.

Results: The results of variance analysis of two-year experiments

showed that the effect of year was significant for all traits except plant height. The effect of genotype was significant for all traits except grain yield and on the other hand, the genotype \times year interaction was significant only for grain yield at 5% probability level. The estimation of general heritability based on the average of genotypes was high for all traits except for grain yield and varied from 0.491 to 0.917 for the length of the grain filling period and thousand seed weight, respectively. The accuracy of genotypes selection was high in all investigated traits except grain yield. The Smith-Hazel index selected three genotypes, G7, G2 and G15, as the superior genotypes. In the multi-trait genotype-ideotype distance index (MGIDI), genotypes G15, G2, G16 and G20 were selected as the best genotypes. G14, G8 and G18 genotypes were among the top genotypes using factor analysis and ideotype design via best linear unbiased prediction index (FAI-BLUP). According to the results of selection index of ideal genotype (SIIG), G20, G17, G19 and G15 genotypes were the top genotypes with the highest SIIG values, respectively. The results of correlation between the studied traits and MGIDI, FAI-BLUP and SIIG indices showed that all indices except FAI-BLUP had a significant correlation with grain yield. Among the indicators, FAI-BLUP did not show a significant correlation with any of the indicators.

Conclusion: In general, the results of different indices showed that in the conditions of this study, none of the indices showed superiority over each other, and therefore finally the G15 genotype, which was the ideal genotype based on most indices, and the genotype G14 (selected genotype by FAI-BLUP index) due to its earlier maturity and high grain yield as the best genotypes in this study for cultivation and introduction in the southern regions of the country that have a similar climate to Darab, is recommended.

Cite this article: Zali, H., Barati, A., Pour-Aboughadareh, A.R. 2022. Screening of barley elite genotypes using different selection indices based on multi-traits. *Crop Production Journal*, 15 (4), 159-182.



© The Author(s).

DOI: 10.22069/ejcp.2023.20071.2498

Publisher: Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources



تولید گیاهان زراعی

شاپا چاپی: ۲۰۰۸-۷۳۹۸
شاپا الکترونیکی: ۲۰۰۸-۷۴۰۳



غربال ژنوتیپ‌های برتر جو با استفاده از شاخص‌های مختلف انتخاب مبتنی بر چند صفت

حسن زالی^{۱*}، علی براتی^۲، علیرضا پورابوقداره^۳

^۱ استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران، رایانامه: hzasli90@yahoo.com

^۲ استادیار، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران، رایانامه: barati32@yahoo.com

^۳ استادیار، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران، رایانامه: a.poraboghdashereh@gmail.com

اطلاعات مقاله	چکیده
<p>نوع مقاله:</p> <p>مقاله کامل علمی - پژوهشی</p> <p>تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۱/۱۷</p> <p>تاریخ ویرایش: ۱۴۰۱/۰۳/۱۳</p> <p>تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۴/۰۶</p>	<p>سابقه و هدف: شناسایی ژنوتیپ‌های پر بازده و برخوردار از صفات زراعی مطلوب، یک کار چالش برانگیز بوده است. با توجه به اینکه شاخص‌های انتخاب چند صفتی مبتنی بر مدل‌های خطی بوده و وجود چند خطی و دادن ضریب‌های وزنی دلخواه، ممکن است دستاوردهای ژنتیکی را از بین ببرد، از این رو، به‌کارگیری روش‌های جدید گزینشی جهت انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بر اساس صفات مختلف می‌تواند بر معایب شاخص‌های خطی کلاسیک غلبه کند. هدف از این تحقیق در ابتدا انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بر اساس عملکرد دانه و تعدادی از صفات مورفو- فنولوژیک و در نهایت مقایسه شاخص‌های مختلف انتخاب ژنوتیپ‌های ایده‌آل بود.</p>
<p>واژه‌های کلیدی:</p> <p>پارامترهای ژنتیکی</p> <p>روش REML/BLUP</p> <p>شاخص FAI-BLUP</p> <p>شاخص MGIDI</p> <p>شاخص SIIG</p>	<p>مواد و روش‌ها: به‌منظور ارزیابی تعدادی از لاین‌های خالص جو با استفاده از شاخص‌های گزینش چند صفتی دو آزمایش یک ساله در سال‌های زراعی (۱۳۹۸-۱۳۹۶) و یک آزمایش دو ساله (۱۴۰۰-۱۳۹۸) در ایستگاه تحقیقات کشاورزی داراب، انجام شد. آزمایش سال اول شامل ۱۰۸ لاین خالص جو بود که به‌صورت طرح حجیم شده آگمنت اجرا و از بین این لاین‌ها در سال دوم ۳۴ لاین برای منطقه داراب انتخاب شدند که لاین‌های انتخابی به‌صورت دو آزمایش مجزای ۱ و ۲ در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار اجرا شد. سپس ۱۱ لاین برتر انتخاب شدند و به‌همراه ۶ لاین دیگر که در مناطق زابل و مغان برتر بودند انتخاب و در یک آزمایش دو ساله مورد بررسی قرار گرفتند. آزمایش دو ساله به‌صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی و در سه تکرار اجرا شد. برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در سال اول از شاخص SIIG، در سال دوم از شاخص MGIDI و در سال‌های سوم و چهارم از شاخص‌های FAI-BLUP، MGIDI، SIIG و اسمیت - هیزل استفاده شد.</p>
<p>یافته‌ها: نتایج تجزیه واریانس آزمایشات دوساله (۱۳۹۸-۱۴۰۰) نشان داد اثر سال برای همه صفات به‌جز ارتفاع بوته معنی‌دار بود. اثر ژنوتیپ برای همه صفات به‌جز عملکرد دانه معنی‌دار شد و از طرفی برهم‌کنش ژنوتیپ × سال تنها برای عملکرد دانه در سطح احتمال ۵ درصد معنی‌دار شد. وراثت‌پذیری عمومی برآورد شده بر اساس میانگین ژنوتیپ‌ها برای همه صفات به‌جز عملکرد دانه بالا بود و به‌ترتیب از ۰/۴۹۱ تا ۰/۹۱۷ برای طول دوره پر شدن دانه و وزن</p>	

هزاردانه متغیر بود. شاخص اسمیت - هیزل، سه ژنوتیپ شماره‌ی G7، G2 و G15 را به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها انتخاب کرد. در شاخص فاصله ژنوتیپ - ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI) ژنوتیپ‌های شماره‌ی G15، G2، G16 و G20 به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند. ژنوتیپ‌های G14، G8 و G18 با استفاده از شاخص تحلیل عاملی و طراحی ایدئوتیپ از طریق پیش‌بینی نااریب بهترین خط (FAI-BLUP) جزو ژنوتیپ‌های برتر بودند. بر اساس نتایج شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)، ژنوتیپ‌های شماره‌ی G20، G17، G19 و G15 به‌ترتیب با بیش‌ترین مقدار SIIG جزو ژنوتیپ‌های برتر بودند. نتایج همبستگی بین صفات مورد بررسی و شاخص‌های MGIDI، FAI-BLUP، SIIG نشان داد که به‌جز FAI-BLUP دو شاخص دیگر همبستگی معنی‌داری با عملکرد دانه دارند. در بین شاخص‌ها، FAI-BLUP با هیچ‌کدام از شاخص‌ها همبستگی معنی‌داری نداشت.

نتیجه‌گیری: در مجموع نتایج بررسی شاخص‌های مختلف نشان داد که در شرایط این تحقیق هیچ‌کدام از شاخص‌ها برتری چندانی نسبت به یک‌دیگر نشان ندادند و بنابراین، در نهایت ژنوتیپ G15 که براساس بیش‌تر شاخص‌ها (به‌جز FAI-BLUP) ژنوتیپ ایده‌آل بود و ژنوتیپ G14 (ژنوتیپ انتخابی توسط شاخص FAI-BLUP) به‌علت زودرس‌تر بودن و عملکرد دانه بالا، به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر در این تحقیق برای کشت و معرفی در داراب و مناطق جنوبی کشور که آب و هوای مشابهی با داراب دارند، پیشنهاد شدند.

استناد: زالی، ح، براتی، ع، پورابوقداره، ع.ر. (۱۴۰۱). غربال ژنوتیپ‌های برتر جو با استفاده از شاخص‌های مختلف انتخاب مبتنی بر چند صفت. مجله تولید گیاهان زراعی، ۱۵ (۴)، ۱۸۲-۱۵۹.

DOI: 10.22069/ejcp.2023.20071.2498

ناشر: دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان



© نویسندگان.

مقدمه

غلات از نظر تأمین غذای مورد نیاز بشر در مقایسه با سایر گیاهان زراعی دارای اهمیت ویژه‌ای می‌باشند. در ایران حدود ۱۲ میلیون هکتار سطح برداشت محصولات زراعی می‌باشد که تقریباً ۸/۵۰ میلیون هکتار (معادل ۷۱/۲۰ درصد از کل سطح برداشت محصولات زراعی) آن به غلات اختصاص داشته که در بین آن‌ها گندم و جو به ترتیب با ۵/۸۶ و ۱/۵ میلیون هکتار دارای بیش‌ترین سطح برداشت می‌باشند (۱). جو (*Hordeum vulgare* L.) پس از گندم، برنج و ذرت یکی از مهم‌ترین گیاهان خانواده غلات است و از نظر اهمیت اقتصادی در مقام چهارم جهان قرار گرفته است. بر اساس آمار منتشره در سال ۲۰۱۹، در جهان میزان تولید جو حدود ۱۵۸/۹ میلیون تن و در ایران ۳/۶ میلیون تن بود (۲).

برای انتخاب ژنوتیپ‌های پرمحصول در برنامه‌های اصلاحی، ژنوتیپ‌های برتر باید با دقت بالایی انتخاب شوند. از آنجا که عملکرد تحت تأثیر محیط و برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط قرار می‌گیرد، از نظر بسیاری از محققین برای چنین صفاتی، انتخاب غیرمستقیم از طریق سایر صفات که همبستگی بالایی با عملکرد دارند، از کارایی مطلوبی برخوردار است (۳). به نظر می‌رسد یکی از بهترین روش‌ها برای انتخاب صحیح ژنوتیپ‌ها برای صفاتی مانند عملکرد، گزینش هم‌زمان بر مبنای شاخص انتخاب برای چند صفت مهم گیاه می‌باشد. در روش انتخاب بر اساس این شاخص، گزینش هم‌زمان برای همه خصوصیات مهم، همراه با در نظر گرفتن ارزش‌های فنوتیپی و اقتصادی و وراثت‌پذیری آن‌ها و همبستگی بین صفات مختلف انجام می‌شود. در ابتدا اسمیت (۴) از شاخص‌های انتخاب استفاده نمود. این محقق بیان کرد چون ارزش ژنتیکی نمی‌تواند به صورت مستقیم تعیین شود، باید به وسیله تابع خطی از ارزش‌های فنوتیپی

قابل مشاهده، تخمین زده شود. بنابراین، استفاده از تابع فیشر را پیشنهاد داد. هیزل این تابع را بر مبنای ارزش‌های اقتصادی صفات، میزان بهبود مورد نیاز بر حسب انحراف معیارها و همبستگی‌ها و وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات گسترش داد (۵). در سال‌های اخیر شاخص‌های انتخاب جدیدی، که بر پایه انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عملکرد و صفات مختلف به‌طور هم‌زمان هستند، معرفی شده‌اند که از آن جمله می‌توان به شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)^۱ (۶)، شاخص پایداری چند صفتی (MTSI)^۲ (۷)، شاخص فاصله ژنوتیپ - ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI)^۳ (۸) و شاخص تحلیل عاملی و طراحی ایدئوتیپ از طریق پیش‌بینی نااریب بهترین خط (FAI-BLUP)^۴ (۹) اشاره کرد.

بهره ژنتیکی^۵ جزو مهمی در اصلاح نباتات است و از این‌رو، نقش کلیدی در توسعه برنامه‌های اصلاحی ایفا می‌کند. در عین حال انتخاب بر اساس یک صفت مناسب‌ترین استراتژی نیست، زیرا هیچ اطمینانی از دستاوردهای ژنتیکی در سایر صفات مهم وجود ندارد (۱۰). از این‌رو، اصلاح‌کنندگان اغلب سعی می‌کنند صفات مطلوب مختلف را در یک ژنوتیپ جدید جمع‌آوری کنند که منجر به عملکرد بالا شود (۸). برای این منظور، چندین شاخص برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر پیشنهاد شده است. در این رویکردها، بیان ارزش اقتصادی این گونه صفات و تبدیل آن‌ها به وزن‌دهی اقتصادی واقعی، چالش‌های اصلی است که اغلب اصلاح‌کنندگان را در انتخاب

۱. Selection index of ideal genotype
۲. Multi-trait stability index
۳. The multi-trait genotype-ideotype distance index
۴. Factor analysis and ideotype design via best linear unbiased prediction
۵. Genetic gain

ارزیابی ژنوتیپ‌ها ارائه داد (۶). استفاده از شاخص SIIG در جو (۲۱، ۲۲)، آفتابگردان (۲۳)، گندم دوروم (۲۴، ۲۵) و کلزا (۲۶) گزارش شده است.

یکی از روش‌های مهمی که برای تجزیه داده‌ها معرفی شده، روش تجزیه با استفاده از حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML)^۷ است. در این روش محدودیت تجزیه واریانس به روش کم‌ترین مربعات برای داده‌های نامتعادل و همچنین نامتجانس برطرف می‌شود (۲۷). مدل‌های مخلوط مانند REML برای به‌دست آوردن اجزای واریانس و بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP)^۸ برای پیش‌بینی مقادیر ژنتیکی و اجزای واریانس استفاده می‌شوند (۱۷).

هدف از این تحقیق در ابتدا انتخاب ژنوتیپ‌های جدید برتر جو بر اساس عملکرد دانه و تعدادی از صفات مورفو - فنولوژیک در شهرستان داراب و در نهایت مقایسه شاخص‌های مختلف انتخاب ژنوتیپ‌های ایده‌آل بود.

مواد و روش‌ها

به‌منظور ارزیابی تعدادی از لاین‌های خالص جو و معرفی لاین‌های برتر جدید در شهرستان داراب، دو آزمایش مجزای یکساله (۱۳۹۸-۱۳۹۶) و یک آزمایش دوساله (۱۴۰۰-۱۳۹۸) انجام شد. آزمایش سال اول شامل ۱۰۸ لاین خالص جو بود. سال اول آزمایش به‌صورت طرح حجیم شده آگمنت به‌همراه چهار شاهد اجرا شد و از بین آن‌ها تعداد ۳۴ لاین جو برتر انتخاب شد (جدول ۱). لاین‌های انتخابی در سال دوم به‌صورت دو آزمایش مجزای ۱ و ۲ در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار اجرا شد و از بین این لاین‌ها، ۱۱ لاین برتر انتخاب و به‌همراه ۶

بهترین ژنوتیپ‌ها محدود می‌کند (۱۱). برای غلبه بر این محدودیت، اولیوتو و ناردینو (۲۰۲۰) یک شاخص چند صفتی جدید بر اساس تجزیه و تحلیل عاملی و فاصله ژنوتیپ - ایدئوتیپ (MGIDI) معرفی کردند (۱۲). این شاخص بر انتخاب ژنوتیپ‌های برتر که در آن صفات متعدد اندازه‌گیری شده است، تمرکز دارد (۸). اولیوتو و ناردینو (۲۰۲۱)، پورابوقداره و پوکزای (۲۰۲۱b) و پورابوقداره و همکاران (۲۰۲۱) از شاخص MGIDI برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر به‌ترتیب، در توت فرنگی، گندم‌های وحشی و جو زراعی استفاده کردند. آن‌ها همچنین نشان دادند که این شاخص می‌تواند به‌طور هم‌زمان بسیاری از صفات و یا شاخص‌ها را در نظر بگیرد و همچنین نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های مورد آزمایش را ارزیابی کند (۱۳، ۱۴، ۱۵).

FAI-BLUP یک شاخص چند صفتی است که بر اساس تحلیل عاملی توسط روچا و همکاران (۲۰۱۸) پیشنهاد شده است (۱۶). این شاخص بر اساس تجزیه و تحلیل عاملی است که بر اساس فاصله هر کدام از ژنوتیپ‌ها از ژنوتیپ ایده‌آل برآورد می‌شود. محاسبه چنین شاخص چند صفتی اثرات ژنتیکی را با مدل‌های ترکیبی پیش‌بینی می‌کند و محاسبه مقادیر ژنتیکی با استفاده از REML/BLUP (۱۷) استراتژی مناسبی برای انتخاب ژنوتیپ‌ها است. گزارش کارایی شاخص FAI-BLUP در سورگوم (۱۸، ۱۹)، لوییا (۱۶) و سویا (۲۰) گزارش شده است.

شاخص SIIG^۶ یک شاخص چند صفتی است که توسط زالی و همکاران (۲۰۱۵) برای اولین بار به‌منظور ادغام شاخص‌های مختلف تحمل به خشکی معرفی شد. در این شاخص صفات مختلف یا شاخص‌های مختلف در قالب یک آماره جدید ترکیب می‌شوند و می‌توان بر اساس آن روند بهتری برای

۷. Restricted maximum likelihood

۸. Best linear unbiased prediction

۶. Selection index of ideal genotype

جدید حداقل و حداکثر برای صفت Z پس از تغییر مقیاس^۹ هستند و θ_{ij} مقدار اصلی برای صفت Z از ژنوتیپ i ام است. برای تغییر مقیاس، مقادیر η_{nj} و φ_{nj} به صورت زیر محاسبه شدند: برای صفاتی که در آن‌ها مقدار بالا مورد نظر است، φ_{nj} برابر با صفر و η_{nj} برابر با ۱۰۰ در نظر گرفته شد، در حالی که برای صفاتی که در آن‌ها مقدار پایین مورد نظر بود، φ_{nj} برابر با ۱۰۰ و η_{nj} برابر با صفر در نظر گرفته شد. در جدول دو طرفه تغییر مقیاس یافته (rX_{ij})، هر ستون دارای محدوده ۱۰۰-۰ است که مفهوم انتخاب مورد نظر (افزایش یا کاهش) را در نظر می‌گیرد و ساختار همبستگی مجموعه اصلی متغیرها را حفظ می‌کند.

۲- تجزیه به عامل‌ها: در مرحله بعد، تحلیل عاملی (FA) برای محاسبه کاهش ابعاد داده‌ها و ساختار روابط انجام شد. این تحلیل بر اساس رابطه ۲ انجام شد:

$$F = Z(A^T R^{-1})^T \quad \text{رابطه ۲:}$$

که در آن F یک ماتریس $g \times f$ با مقادیر عامل‌ها است، Z یک ماتریس $g \times p$ با میانگین استاندارد شده (تغییر مقیاس یافته) است، A یک ماتریس $p \times f$ از بارگذاری متعارف^{۱۰} است و R یک ماتریس همبستگی $p \times p$ بین صفات است. علاوه بر این g ، f و p به ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها، عامل‌های باقی‌مانده (عامل‌هایی که مقدار ویژه آن‌ها از یک بیش‌تر است) و شاخص‌های محاسبه‌شده را نشان می‌دهند.

۳- تعریف ژنوتیپ ایده‌آل (ایدئوتیپ): طبق تعریف معادله ۱، ایدئوتیپ دارای بالاترین مقدار تغییر مقیاس (۱۰۰) برای همه صفات مورد بررسی است. بنابراین، ایدئوتیپ را می‌توان با یک بردار $I [1 \times p]$ تعریف کرد به طوری که I برابر ۱۰۰، ۱۰۰، ...، ۱۰۰ باشد. نمرات I نیز بر اساس رابطه ۲ تخمین زده شدند.

لین برتر مناطق زابل و مغان و ژنوتیپ‌های شاهد (نوروز، اکسین و WB-96-10) در یک آزمایش دو ساله (سال‌های سوم و چهارم) مورد بررسی قرار گرفتند (جدول ۲). آزمایش دو ساله به صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی و در سه تکرار اجرا شد.

آمار هواشناسی داراب طی سال‌های زراعی ۱۳۹۶-۱۴۰۰ در جدول ۳ نشان داده شده است. ژنوتیپ‌های مورد بررسی در همه آزمایشات چهار ساله تقریباً در اواسط آذر ماه در شش خط به طول شش متر به فاصله ۱۵ سانتی‌متر از یکدیگر کشت و به صورت نشتی آبیاری شدند. میزان بذر مصرفی بر مبنای ۳۰۰ دانه در متر مربع و با در نظر گرفتن وزن هزاردانه برای هر ژنوتیپ تعیین گردید. یادداشت‌برداری‌های لازم شامل صفات تعداد روز تا گل‌دهی، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، طول دوره پر شدن دانه، وزن هزاردانه و ارتفاع بوته انجام شد. در زمان برداشت نیز عملکرد دانه هر یک از ژنوتیپ‌های مورد بررسی در واحد سطح محاسبه شد. به منظور انتخاب برترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه و سایر صفات از شاخص‌های FAI، MGIDI، SHI و BLUP و اسمیت - هیزل استفاده شد.

شاخص MGIDI: برای رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها از شاخص فاصله ژنوتیپ - ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI) استفاده شد. این شاخص بر اساس اطلاعات صفات مورد بررسی محاسبه گردید (۸). مراحل محاسبه آن به صورت زیر بود:

۱- تغییر مقیاس صفات: X_{ij} یک جدول دو طرفه با i ردیف یا ژنوتیپ و j ستون یا صفت می‌باشد. مقدار تغییر مقیاس یافته برای ردیف i و ستون j (rX_{ij}) به صورت رابطه ۱ محاسبه گردید:

$$rX_{ij} = \frac{\eta_{nj} - \varphi_{nj}}{\eta_{oj} - \varphi_{oj}} \times (\theta_{ij} - \eta_{oj}) + \eta_{nj} \quad \text{رابطه ۱}$$

η_{oj} و φ_{oj} به ترتیب مقادیر اصلی حداقل و حداکثر برای صفت j هستند. η_{nj} و φ_{nj} به ترتیب مقادیر

۹. Rescaling

۱۰. Canonical loadings

$$D = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & \dots & x_{1m} \\ x_{21} & x_{22} & \dots & x_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{n1} & x_{n2} & \dots & x_{nm} \end{bmatrix} \quad \text{رابطه ۵:}$$

در این ماتریس x_{ij} مقدار ژنوتیپ i ام ($i = 1, 2, \dots, n$) در رابطه با صفت j ام ($j = 1, 2, \dots, m$) بود. به عبارت دیگر ردیف‌ها را ژنوتیپ‌ها و ستون‌ها را صفات تشکیل دادند.

۲- تبدیل ماتریس داده‌های اولیه (ماتریس D) به یک ماتریس استاندارد (ماتریس R): از رابطه ۶ برای استاندارد کردن داده‌ها (بدون واحد کردن داده‌ها) استفاده شد:

$$r_{ij} = \frac{x_{ij}}{\sqrt{\sum_{i=1}^n x_{ij}^2}} \quad \text{رابطه ۶:}$$

در رابطه ۶، بعد از استاندارد نمودن داده‌های اولیه (ماتریس D)، ماتریس R به صورت رابطه ۷ تعریف گردید:

$$R = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & \dots & r_{1m} \\ r_{21} & r_{22} & \dots & r_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{n1} & r_{n2} & \dots & r_{nm} \end{bmatrix} \quad \text{رابطه ۷:}$$

۳- پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ غیرایده‌آل (ضعیف) برای هر صفت: در این مرحله با توجه به نوع صفت و نظر محقق مشخص شد مقدار بالای یک صفت ایده‌آل است یا مقادیر پایین آن. به عنوان مثال در مورد عملکرد، حداکثر مقدار عملکرد یک ژنوتیپ مقدار ایده‌آل و پایین‌ترین مقدار عملکرد به عنوان غیر-ایده‌آل (ضعیف) در نظر گرفته شد.

۴- محاسبه فاصله از ژنوتیپ‌های ایده‌آل (d_i^+) و ژنوتیپ‌های ضعیف (d_i^-): در این مرحله برای هر ژنوتیپ، فاصله از ژنوتیپ‌های ایده‌آل (d_i^+) و ژنوتیپ‌های ضعیف (d_i^-) به ترتیب با استفاده از روابط ۸ و ۹ محاسبه شد.

$$d_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^+)^2} \quad i = 1, 2, \dots, n \quad \text{رابطه ۸:}$$

$$d_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^-)^2} \quad i = 1, 2, \dots, n \quad \text{رابطه ۹:}$$

در روابط ۹ و ۱۰، r_{ij} مقدار استاندارد شده ژنوتیپ i ام ($i = 1, 2, \dots, n$) در رابطه با شاخص (صفت) j ام ($j =$

۴- محاسبه شاخص MGIDI: در مرحله آخر، فاصله اقلیدسی بین نمرات ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های ایده‌آل به عنوان شاخص MGIDI با استفاده از رابطه ۳ محاسبه شد:

$$\text{MGIDI} = \sum_{i=1}^f [(Y_{ij} - \gamma_j)^2]^{0.5} \quad \text{رابطه ۳:}$$

γ_j امتیاز i امین ژنوتیپ در فاکتور j ام است ($i = 1, 2, \dots, f$) که t و f به ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها و عامل‌ها است، γ_j نمره j ام ایدئوتیپ است. ژنوتیپ‌هایی با کم‌ترین مقدار MGIDI به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر هستند. دیفرانسیل انتخاب برای همه صفات با در نظر گرفتن شدت انتخاب ۱۵ درصد انجام شد.

شاخص FAI-BLUP: شاخص FAI-BLUP یک شاخص چندصفتی مبتنی بر تحلیل عاملی است و بر اساس فاصله هر کدام از ژنوتیپ‌ها از ژنوتیپ ایده‌آل (ایدئوتیپ) برآورد گردید. پس از تعیین ایدئوتیپ، فواصل هر ژنوتیپ بر اساس ایدئوتیپ (فاصله ژنوتیپ - ایدئوتیپ) برآورد و به احتمال خاصی^{۱۱} تبدیل شده و رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها را امکان‌پذیر می‌کند. از رابطه ۴ استفاده شد:

$$P_{ij} = \frac{\frac{1}{d_{ij}}}{\sum_{i=1, j=1}^{i=n, j=m} \frac{1}{d_{ij}}} \quad \text{رابطه ۴:}$$

که در آن P_{ij} احتمال مشابه بودن ژنوتیپ i ام ($i=1, 2, \dots, n$) با ایدئوتیپ j ام ($j=1, 2, \dots, m$) فاصله d_{ij} ژنوتیپ - ایدئوتیپ از ژنوتیپ i ام تا ایدئوتیپ j ام بر اساس میانگین استاندارد فاصله اقلیدسی است (۹).

شاخص SIIG: به منظور بررسی تنوع ژنتیکی و ادغام صفات مورفو- فنولوژیک از روش SIIG استفاده شد که نحوه محاسبه این شاخص به شرح ذیل بود (۶):

۱- تشکیل ماتریس داده‌ها: ماتریس داده‌ها به صورت رابطه ۵ تشکیل شد (ماتریس D).

^{۱۱} spatial probability

پارامترهای ژنتیکی شامل واریانس ژنتیکی، واریانس ژنوتیپ در محیط، واریانس باقی‌مانده، واریانس فنوتیپی، وراثت‌پذیری عمومی، وراثت‌پذیری میانگین ژنوتیپی، دقت انتخاب، ضریب تغییرات ژنوتیپی و ضریب تغییرات مقادیر باقی‌مانده با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (۸) برای هر یک از صفات اندازه‌گیری شد.

برای برآورد شاخص‌های FAI-BLUP، MGIDI و اسمیت-هیزل و پارامترهای ژنتیکی از بسته تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی (metan) در نرم‌افزار R استفاده شد (۱۲). به منظور انجام تجزیه واریانس از نرم‌افزار SAS استفاده شد و در نهایت تمام مراحل محاسبه شاخص SIIG با استفاده از پرده‌نگار Excel انجام شد (۶).

است. r_j^+ و r_j^- به ترتیب مقادیر استاندارد شده ژنوتیپ‌های ایده‌آل و ژنوتیپ‌های ضعیف برای هر شاخص (صفت) j (1, 2, ... m) است.

۵- محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG): در آخرین مرحله برای محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل برای هر لاین یا ژنوتیپ از رابطه ۱۰ استفاده شد:

$$SIIG_i = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \quad i = 1, 2, \dots, n, \quad 0 \leq SIIG_i \leq 1$$

مقدار $SIIG_i$ بین صفر تا یک تغییر می‌کند و هر چه گزینه مورد نظر به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر باشد مقدار $SIIG_i$ آن به یک نزدیک‌تر خواهد بود. بر اساس این روش، بهترین ژنوتیپ، نزدیک‌ترین ژنوتیپ به ژنوتیپ‌های ایده‌آل و دورترین از ژنوتیپ‌های ضعیف است (۶).

جدول ۱- شجره لاین‌های جو انتخابی و ژنوتیپ‌های شاهد در سال زراعی ۱۳۹۷-۱۳۹۸.

Table 1- Pedigree of selected barley lines and check genotypes in the cropping years 2018-2019.

ژنوتیپ‌ها	شجره ژنوتیپ‌ها در آزمایش اول سال دوم
Genotypes	Pedigree of genotypes in the first experiment of the second year
1	Nimrooz (check)
2	Auxin (check)
3	(Salt-12)ROHO/MAZORKA/TROMPILO/3/Kavir
4	(D-13)Bgs/Dajia//L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/3/Alm/Una80//....)/4/Yousef
5	Morocco-90 75/3/(D10)Rhn-03//L.527/NK1272
6	VIOLETA/MJA/7/Alanda//Lignee527/Arar/6/Multan/M23/4/HopRo/3/...
7	Cr115/Por//Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Alanda-01/6/Sahra/7/(D10)Rhn-03//L.527/NK1272
8	Comp.Cr229//As46/Pro/3/Srs/4/Express/5/D10*2
9	Alanda-01/5/CI01021/4/CM67/U.Sask.1800//Pro/CM67/3/DL70
10	Mari/Aths*2//Avt/Attiki/3/Aths/Lignee686/4/Arar//Hr/Nopal
11	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA 1/6/M9846//CCXX14.ARZ3/PACO/3/PALTON
12	Comp.Cr229//As46/Pro/3/Srs/4/Express/5/Yousef
13	Yousef//Trompilo/L.Moghan
14	Yousef/4/LB.Iran/Una 8271//Gloria"S"/Come"s"-11M/3/Kavir
15	Cr115/Por//Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Alanda-01/6/Sahra
16	Cr115/Por//Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Alanda-01/6/Sahra
17	Cr115/Por//Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Alanda-01/6/Sahra
18	Yousef/3/Lignee 527/NK1272//JLB 70-63
19	Sahra*2/Torsh
20	WB95-9 (check)

جدول ۱- ادامه.

Table 1- Continued.

ژنوتیپ‌ها	شجره ژنوتیپ‌ها در آزمایش دوم سال دوم
Genotypes	Pedigree of genotypes in the second experiment of the second year
1	Nimrooz (check)
2	Auxin (check)
3	(D-13)Bgs/Dajia//L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/3/Alm/Una80//....)/4/Yousef
4	Eneldo"S"/3/(D10)Rhn-03//L.527/NK1272
5	zahak/Deir Alla 106
6	VIOLETA/MJA//Rihane
7	CANELA/3/HEGE GS679.82//SHYRI//LAUREL/4/CERISE//SHYRI//... /5/MALOUH//Aths /Lignee686
8	AHOR1489.58//GLORIA-BAR/COPAL/3/...
9	RECLA 79//SHYRI//GRIT/3/SVANHALS-BAR...
10	Alanda-01/3/Alanda//Lignee527//Arar
11	Alanda/Hamra//Alanda-01
12	Comp.Cr229//As46/Pro/3/Srs/4/Express/5/Yousef
13	Yousef/3/Rhn-03//L.527/NK1272
14	Yousef//Trompilo/L.Moghan
15	Beecher/5/ MELUSINE/ALELI/3/MATICO/JET//SHYRI/4/...ARUPO/K8755//MORA/3/CANELA
16	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Rhn-03//Lignee527//As45
17	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Rhn-03//Lignee527//As45
18	Cr115/Por//Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Alanda-01/6/Sahra
19	Cr115/Por//Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Alanda-01/6/Sahra
20	WB95-9 (check)

جدول ۲- شجره لاین‌های جو انتخابی و ژنوتیپ‌های شاهد در سال‌های زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۸.

Table 2- Pedigree of selected barley lines and check genotypes in the cropping years 2019-2021.

ژنوتیپ‌ها	شجره
Genotypes	Pedigree
G1	Norooze (check)
G2	Auxin (check)
G3	(D-13)Bgs/Dajia//L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/3/Alm/Una80//....)/4/Yousef
G4	Comp.Cr229//As46/Pro/3/Srs/4/Express/5/Yousef
G5	Yousef//Trompilo/L.Moghan
G6	Cr115/Por//Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Alanda-01/6/Sahra
G7	Cr115/Por//Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Alanda-01/6/Sahra
G8	Cr115/Por//Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Alanda-01/6/Sahra
G9	Sahra*2/Torsh
G10	Yousef/3/Rhn-03//L.527/NK1272
G11	Yousef//Trompilo/L.Moghan
G12	Beecher/5/ MELUSINE/ALELI/3/MATICO/JET//SHYRI/4/...ARUPO/K8755//MORA/3/CANELA
G13	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Rhn-03//Lignee527//As45
G14	Cr115/Por//Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Alanda-01/6/Sahra
G15	CLN-B/80.5138//GLORIA-BAR/COPAL/3/ALISO/4/CABUYA/5/Yousef
G16	CAPUL/CIRU
G17	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Rhn-03//Lignee527//As45
G18	Cr115/Por//Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Alanda-01/6/Sahra
G19	Fajr30/Yousef
G20	WB-96-10 (check)

غریبال ژنوتیپ‌های برتر جو با استفاده از شاخص‌های مختلف... / حسن زالی و همکاران

جدول ۳- داده‌های هواشناسی ماهیانه در فصل‌های زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۶ در داراب.

Table 3- Monthly meteorological data in cropping seasons of 2017-2021 at Darab.

		سال زراعی ۱۳۹۶-۱۳۹۷				سال زراعی ۱۳۹۷-۱۳۹۸			
		Cropping year 2017-2018			Cropping year 2018-2019				
ماه	Month	بارندگی (میلی‌متر) Rainfall (mm)	دما (درجه سلسیوس) Temperature (°C)			بارندگی (میلی‌متر) Rainfall (mm)	دما (درجه سلسیوس) Temperature (°C)		
			کمینه Min	بیشینه Max	میانگین Mean		کمینه Min	بیشینه Max	میانگین Mean
مهر	Oct.	0	15.3	33.6	24.5	50.2	11.8	35.6	23.9
آبان	Nov.	0.1	9.5	24.4	18.4	32.9	6.6	26.8	17
آذر	Dec.	0.9	4.7	19.5	12.1	7.5	0.4	23.4	13.3
دی	Jan.	0	3.3	20.1	11.7	7.2	-0.6	22.2	13
بهمن	Feb.	0	4.5	21.4	12.9	97.3	0	24.4	12.9
اسفند	Mar.	2.2	8.6	22.5	15.6	98.4	2.8	24.2	15.6
فروردین	Apr.	47.8	10.6	25.0	17.8	57	8	30.9	21.8
اردیبهشت	May	0	17.9	34.5	26.2	2.9	13.2	39.2	29.4
خرداد	June	0	20.8	39.0	29.9	2	22.1	39.6	30.1
مجموع	Sum	51				355.4			
		سال زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۹				سال زراعی ۱۳۹۹-۱۴۰۰			
		Cropping year 2020-2021			Cropping year 2019-2020				
ماه	Month	بارندگی (میلی‌متر) Rainfall (mm)	دما (درجه سلسیوس) Temperature (°C)			بارندگی (میلی‌متر) Rainfall (mm)	دما (درجه سلسیوس) Temperature (°C)		
			کمینه Min	بیشینه Max	میانگین Mean		کمینه Min	بیشینه Max	میانگین Mean
مهر	Oct.	0.2	18.4	35.4	26.9	0	16	33.4	24.7
آبان	Nov.	26.1	10.8	26.2	18.6	7	16.2	27.3	18.7
آذر	Dec.	117	6.3	19.8	13.0	40.6	7.6	20.9	14.2
دی	Jan.	122.8	3.9	17.6	10.7	2	2.2	19.4	10.8
بهمن	Feb.	24.6	3.8	18.3	11.0	4.1	4.5	22.8	13.7
اسفند	Mar.	9.4	7.9	23.1	15.5	17.2	9.9	24.6	17.2
فروردین	Apr.	158.7	10.8	23.5	17.1	0.9	13.6	31.5	22.6
اردیبهشت	May	24.5	15.8	31.9	23.9	1.9	18.4	34.8	22.6
خرداد	June	2.6	21.3	40.5	30.9	0	23.3	42	32.7
مجموع	Sum	485.9				73.7			

نتایج و بحث

به لاین شماره ۷۵ با عملکرد دانه ۳۰۰۳ کیلوگرم در هکتار و لاین شماره ۵۴ با عملکرد دانه ۶۹۹۰ کیلوگرم در هکتار بود (نتایج نشان داده نشده است). بیش‌ترین میانگین عملکرد ژنوتیپ‌های شاهد به ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های گلچین (۶۴۱۰) کیلوگرم در هکتار، نیمروز (۵۰۴۹) کیلوگرم در هکتار، اکسین (۴۸۹۲) کیلوگرم در هکتار و WB-94-4 (۴۷۹۴) کیلوگرم در هکتار بود. حداقل مقدار صفات تعداد

آزمایش سال اول: مقادیر میانگین، حداقل، حداکثر، انحراف معیار و ضریب تغییرات در ۱۰۸ لاین جو مورد مطالعه در جدول ۴ نشان داده شده است. میانگین عملکرد دانه لاین‌های مورد بررسی ۴۵۸۰ کیلوگرم در هکتار بود که این مقدار از متوسط عملکرد دانه هر چهار ژنوتیپ شاهد پایین‌تر بود. اما حداقل و حداکثر عملکرد دانه لاین‌ها به ترتیب مربوط

پوشیدن دانه، وزن هزاردانه و عملکرد دانه تفاوت معنی داری وجود دارد. در ضمن بین ژنوتیپ‌ها در صفت تعداد روز تا گل‌دهی تنها در آزمایش دوم تفاوت معنی داری وجود داشت (جدول ۵).

به منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در آزمایشات سال دوم از شاخص MGIDI استفاده شد. شاخص MGIDI برای انتخاب ژنوتیپ‌ها با در نظر گرفتن تمام صفات اندازه‌گیری شده در نظر گرفته شد. در واقع در این تحقیق، ارزش ژنوتیپ‌ها بر اساس بیشترین عملکرد دانه، بیشترین وزن هزاردانه و بالاترین طول دوره پوشیدن دانه و از طرفی پاکوتاهی، کمترین تعداد روز تا گل‌دهی و زودرسی تعیین شدند. ژنوتیپ‌های انتخاب شده با استفاده از شاخص MGIDI در اولین آزمایش سال دوم عبارت بودند از ژنوتیپ‌های شماره ۱۲، ۱۹، ۵ و ۸ (شکل ۱a)؛ همچنین نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخابی در شکل ۱b نشان داده شده است. در شکل ۱b و ۱d نسبت‌های کوچک‌تر که توسط یک عامل توضیح داده می‌شوند (نزدیک‌تر به لبه خارجی) نشان می‌دهند که صفت درون آن عامل به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر است. نقطه‌چین نشان‌دهنده مقادیر ثوری است در صورتی که همه عوامل به یک اندازه نقش داشته باشند. ژنوتیپ‌های انتخابی در دومین آزمایش سال دوم ژنوتیپ‌های شماره ۲۰، ۱۵، ۱۷ و ۱۰ بودند (شکل ۱c). کاربرد شاخص MGIDI در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در سایر تحقیقات نیز گزارش شده است (۸، ۱۳، ۲۸). در تحقیقی از شاخص MGIDI، به منظور انتخاب ژنوتیپ‌های گندم متحمل به خشکی استفاده شد و بیان شد که این شاخص می‌تواند در تسریع غربالگری تعداد زیادی از ژنوتیپ‌ها با استفاده از صفات چندگانه یا شاخص‌های انتخاب، در برنامه‌های اصلاحی نقش برجسته‌ای داشته باشد (۲۸).

روز تا گل‌دهی، تعداد روز تا رسیدگی، وزن هزاردانه و ارتفاع بوته از متوسط ژنوتیپ‌های شاهد پایین‌تر بود، اما حداکثر مقادیر این صفات از میانگین ژنوتیپ‌های شاهد بیش‌تر بود که این مطلب حاکی از آن است که لاین‌هایی وجود دارند که از نظر صفات مورفو- فنولوژیک مورد مطالعه از ژنوتیپ‌های شاهد برتر هستند.

نتایج نشان داد که کمترین تعداد روز تا گل‌دهی مربوط به لاین‌های شماره ۴۹ و ۵۴ (۸۰ روز) بود و بیشترین تعداد روز تا رسیدگی مربوط به لاین شماره ۸۸ (۸۷ روز) بود. بر اساس نتایج، زودرس‌ترین و دیررس‌ترین لاین‌ها به ترتیب لاین‌های شماره ۲۵ (۱۱۷ روز) و ۸۸ (۱۲۹ روز) بودند. بیشترین ارتفاع بوته در لاین شماره ۴ (۱۲۹ سانتی‌متر) و کمترین ارتفاع بوته در لاین شماره ۵۷ (۷۷ سانتی‌متر) مشاهده شد. کمترین وزن هزاردانه مربوط به لاین‌های شماره ۴۸، ۶۰، ۶۶ و ۴۹ با وزن ۲۵ گرم بود و بیشترین وزن هزاردانه مربوط به لاین شماره ۷۰ (۳۹ گرم) بود (نتایج نشان داده نشده است).

با توجه به نتایج بررسی لاین‌های خاص جو در سال اول (۹۷-۱۳۹۶) با استفاده از شاخص SIIG (نتایج نشان داده نشده است) و به منظور انجام بررسی‌های تکمیلی (آزمایشات سال دوم) ۳۴ لاین جو انتخاب شدند که مقادیر میانگین، حداقل، حداکثر، انحراف معیار و ضریب تغییرات آن‌ها در جدول ۴ نشان داده شده است. میانگین، حداقل و حداکثر عملکرد لاین‌های انتخابی به ترتیب ۴۹۱۸، ۳۷۶۰ و ۶۹۹۰ کیلوگرم در هکتار بود که از میانگین و حداقل عملکرد کل بالاتر بود.

نتایج آزمایش‌های ۱ و ۲ در سال دوم: نتایج تجزیه واریانس در هر دو آزمایش سال دوم نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات تعداد روز تا رسیدگی، دوره

غریبال ژنوتیپ‌های برتر جو با استفاده از شاخص‌های مختلف... / حسن زالی و همکاران

جدول ۴- پارامترهای آمار توصیفی مربوط به صفات مختلف مورفو- فنولوژیک در ژنوتیپ‌های جو در آزمایش سال اول (۱۳۹۷-۱۳۹۶).

Table 4- Descriptive statistics parameters for different morpho-phonological traits in barley genotypes in the first-year experiment (2017-2018).

Traits	صفات	میانگین لاین‌ها در آزمایش سال اول					ژنوتیپ‌های شاهد			
		Average lines in first year experiment					Check genotypes			
		میانگین	حداقل	حداکثر	انحراف معیار	ضریب تغییرات (درصد)	نیمروز	اکسین	گلچین	WB-94-4
DHE	تعداد روز تا گل- دهی	84.1	80	86	1.41	1.7	83	82	82	83
DMA	تعداد روز تا رسیدگی	123.4	117	129	1.86	1.5	122	124	124	124
PLH (cm)	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	96.9	77	119	8.53	8.8	79	91	100	91
TKW (g)	وزن هزاردانه (گرم)	32.4	25.2	39.2	3.07	9.5	36	31	30	29
YLD (kg h ⁻¹)	عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)	4580	3003	6990	718.8	15.7	5049	4892	6410	4794

میانگین لاین‌های انتخابی برای آزمایشات سال دوم
Average selected lines for second year experiments

DHE	تعداد روز تا گل- دهی	84	80	86	1.57	1.9				
DMA	تعداد روز تا رسیدگی	123	120	127	1.61	1.3				
PLH (cm)	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	95	80	110	7.64	8.0				
TKW (g)	وزن هزاردانه (گرم)	32	25.6	39.2	2.55	7.9				
YLD (kg h ⁻¹)	عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)	4918	3760	6990	712.1	14.5				

DHE: تعداد روز تا گل‌دهی؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ GFP: طول دوره پر شدن؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TKW: وزن هزاردانه؛ YLD: عملکرد دانه. DHE: Days to heading; DMA: Days to maturity; GFP: Grain filling period; PLH: Plant height; TKW: Thousand kernel weight; YLD: Grain yield.

طرفی، برهم‌کنش ژنوتیپ × سال تنها برای عملکرد دانه در سطح احتمال ۵ درصد معنی‌دار شد (جدول ۶).

آزمایشات سال سوم و چهارم: نتایج جدول تجزیه واریانس دو ساله (۱۴۰۰-۱۳۹۸) نشان داد اثر سال تنها برای ارتفاع بوته معنی‌دار نشده است. اثر ژنوتیپ برای همه صفات به جز عملکرد دانه معنی‌دار شد و از

جدول ۵- نتایج جدول تجزیه واریانس (میانگین مربعات) مربوط به آزمایشات ۱ و ۲ سال دوم برای صفات مختلف در سال زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۷.

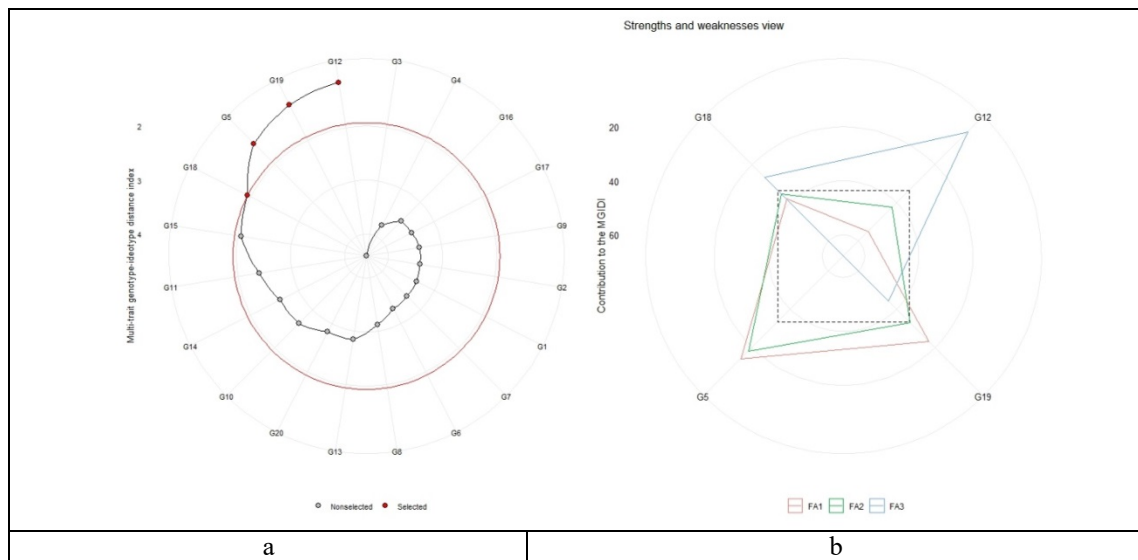
Table 5- The Results of analysis of variance (mean of square) related to Experiments 1 and 2 second year for different trails in the 2018-2019 cropping year.

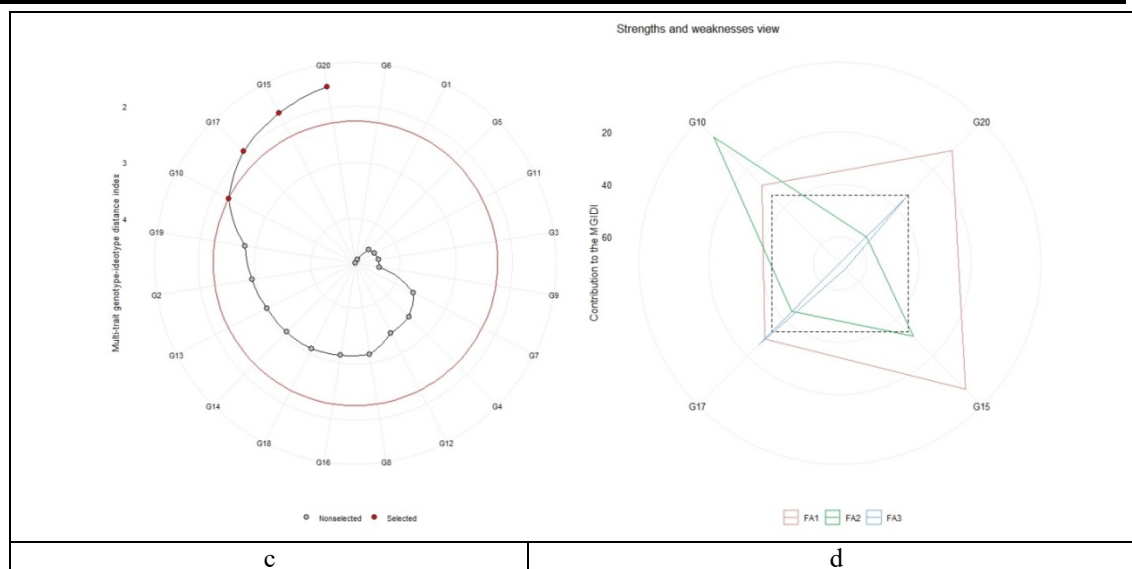
S.O.V	منابع تغییر	درجه آزادی df	تعداد روز تا گل دهی DHE	تعداد روز تا رسیدگی DMA	دوره پر شدن دانه GFP	ارتفاع بوته PLH	وزن هزاردانه TKW	عملکرد دانه YLD
میانگین مربعات آزمایش ۱ سال دوم								
Mean of square of experiment 1 second year								
Rep	تکرار	2	14.07*	0.52 ^{ns}	273.5**	11.5 ^{ns}	5.41 ^{ns}	251493 ^{ns}
Genotype	ژنوتیپ	19	4.12 ^{ns}	2.47**	105.6*	7.14 ^{ns}	9.32**	527741**
Error	خطا	38	3.85	0.64	51	4.6	1.85	162780
CV (%)	ضریب تغییرات (درصد)		1.98	0.58	6.58	5.53	3.15	9.59
میانگین مربعات آزمایش ۲ سال دوم								
Mean of square of experiment 2 second year								
Rep	تکرار	2	1.95 ^{ns}	0.05 ^{ns}	310.6**	2.15 ^{ns}	2.05 ^{ns}	140276 ^{ns}
Genotype	ژنوتیپ	19	3.77**	3.59**	209.2**	1.81 ^{ns}	23.9**	547362*
Error	خطا	38	4.58	0.54	22.29	4.66	2.42	245709
CV (%)	ضریب تغییرات (درصد)		2.16	0.53	4.35	5.48	3.55	11.45

*، ** و ^{ns}: به ترتیب غیرمعنی دار، معنی دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد.

DHE: تعداد روز تا گل دهی؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ GFP: طول دوره پر شدن؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TKW: وزن هزاردانه؛ YLD: عملکرد دانه.
^{ns}, * and **: non-significant, significant at 5% and 1% of probability levels, respectively.

DHE: Days to heading; DMA: Days to maturity; GFP: Grain filling period; PLH: Plant height; TKW: Thousand kernel weight; YLD: Grain yield.





شکل ۱- (a و c) الگوی رتبه‌بندی و ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر اساس شاخص MGIDI. ژنوتیپ‌های انتخاب شده (a و c): به ترتیب آزمایشات ۱ و ۲ (سال دوم). بر اساس این شاخص ژنوتیپ‌های انتخابی با رنگ قرمز نشان داده شده‌اند. دایره قرمز مرکزی نقطه برش را با توجه به شدت انتخاب نشان می‌دهد. (b و d) نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخاب شده، به عنوان نسبت هر عامل در شاخص MGIDI محاسبه شده نشان داده شده است (b و d): به ترتیب آزمایشات ۱ و ۲ (سال دوم). نسبت‌های کوچک‌تر که توسط یک عامل توضیح داده می‌شوند (نزدیک‌تر به لبه خارجی) نشان می‌دهند که صفت درون آن عامل به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر است. نقطه چین نشان‌دهنده مقادیر تئوری است در صورتی که همه عوامل به یک اندازه نقش داشته باشند (سال زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۷).

Figure 1- (a and c) Genotype ranking in ascending order for the MGIDI index (a and c: Experiments 1 and 2 second year, respectively). The selected genotypes based on this index are shown in red color. The central red circle represents the cut point according to the selection pressure. b and d the strengths and weaknesses view of the selected genotypes, shown as the proportion of each factor on the computed MGIDI index x (b and d: Experiments 1 and 2 second year, respectively). Smaller proportions explained by a factor (closer to the external edge) indicate that the traits within that factor are closer to the ideotype. The dashed line indicates the theoretical value if all the factors had contributed equally (Cropping year 2018-2019).

جدول ۶- نتایج جدول تجزیه واریانس مرکب برای صفات مختلف در سال‌های ۱۴۰۰-۱۳۹۸.

Table 6- The Results of combined analysis of variance for different trails in the 2019-2021 cropping years.

S.O.V	منابع تغییر	درجه آزادی	تعداد روز تا گل‌دهی	تعداد روز تا رسیدگی	دوره پر شدن دانه	ارتفاع بوته	وزن هزاردانه	عملکرد دانه YLD
		df	DHE	DMA	GFP	PLH	TKW	
Year	سال	1	216*	715*	9666**	145.2 ⁿ	196**	109443000**
Error 1	خطای ۱	4	11.4	66.5	197	47.7	9.7	1891365
Genotype	ژنوتیپ	19	39.6**	20.96**	2580**	23.5 ^{ns}	61.7**	714751 ^{ns}
Genotype × year	ژنوتیپ × سال	19	6.73 ^{ns}	5.90 ^{ns}	97 ^{ns}	11.9 ^{ns}	5.1 ^{ns}	1002821*
Error 2	خطای ۲	76	4.54	4.96	56.3	7.85	5.06	504127
CV (%)	ضریب تغییرات (درصد)		2.20	1.64	8.29	7.33	5.11	14.09
LSD 0.05			2.45	2.56	8.63	3.22	2.58	816

.ns, * and **: به ترتیب غیرمعنی‌دار، معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد.

DHE: تعداد روز تا گل‌دهی؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ GFP: طول دوره پر شدن؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TKW: وزن هزاردانه؛ YLD: عملکرد دانه.

^{ns}, * and **: non-significant, significant at 5% and 1% of probability levels, respectively. DHE: Days to heading; DMA: Days to maturity; GFP: Grain filling period; PLH: Plant height; TKW: Thousand kernel weight; YLD: Grain yield.

وراثت‌پذیری عمومی در سطح فردی بود، که نشان می‌دهد صفات وزن هزاردانه، تعداد روز تا گل‌دهی و تعداد روز تا رسیدگی موثرترین صفات برای ارزیابی تنوع ژنتیکی و پیش‌بینی مجموعه ژنوتیپ‌ها هستند. در تحقیقی وراثت‌پذیری صفات مختلف در گندم بر اساس میانگین ژنوتیپ‌ها از وراثت‌پذیری عمومی در سطح فردی بالاتر بود (۲۹). میزان دقت‌گزینش ژنوتیپ‌ها در همه صفات مورد بررسی به‌جز عملکرد دانه و طول دوره پر شدن دانه بالا بود. دقت‌گزینش برای پیش‌بینی مقادیر ژنتیکی استفاده می‌شود و کیفیت نتایج را منعکس می‌کند. این پارامتر با دقت انتخاب مرتبط است و به همبستگی بین ارزش‌های ژنتیکی پیش‌بینی شده و ارزش‌های ژنتیکی افراد اشاره دارد (۳۰). برآورد وراثت‌پذیری صفات و دقت پیش‌بینی نقش مهمی در پیشرفت برنامه‌های به‌نژادی در جهت شناسایی و توصیه ژنوتیپ‌ها دارد (۳۱، ۳۲).

تعدادی از پارامترهای ژنتیکی محاسبه شده با استفاده از روش REML در جدول ۷ نشان داده است. نسبت واریانس ژنوتیپی، واریانس ژنوتیپ \times محیط و واریانس باقی‌مانده به واریانس فنوتیپی برای همه صفات نشان داده شده است. نتایج نشان داد کم‌ترین و بیش‌ترین سهم واریانس ژنتیکی به‌ترتیب مربوط به عملکرد دانه (۰ درصد) و وزن هزاردانه (۶۴/۹ درصد) بود. بیش‌ترین مقدار وراثت‌پذیری عمومی مربوط به وزن هزاردانه (۰/۶۴۹) و تعداد روز تا گل‌دهی (۰/۵۰۹) بود. کم‌ترین مقدار وراثت‌پذیری عمومی به‌ترتیب مربوط به عملکرد دانه (۰) و دوره پر شدن دانه (۰/۱۷۲) بود. برآورد وراثت‌پذیری عمومی بر اساس میانگین ژنوتیپ‌ها برای همه صفات به‌جز عملکرد دانه بالا بود و به‌ترتیب از ۰/۴۹۱ تا ۰/۹۱۷ برای طول دوره پر شدن دانه و وزن هزاردانه متغیر بود. این مقادیر به‌طور کلی بیش‌تر از تخمین‌های

جدول ۷- پارامترهای ژنتیکی محاسبه شده در مدل مخلوط با استفاده از روش REML برای عملکرد دانه و صفات مورفو- فنولوژیک در سال‌های زراعی ۱۳۹۸-۱۴۰۰.

Table 7- Estimated genetic parameters in the mixed model using REML method for grain yield and morpho-phenological traits in cropping years 2019-2021.

Genetic parameter	پارامترهای ژنتیکی	DHE (Day)	DMA (Day)	PLH (cm)	GFP (Day)	TKW (g)	YLD (kg ha ⁻¹)
Var (Gen.)	واریانس ژنوتیپی	5.47 (50.9)	2.51 (32.3)	26.8 (27.7)	1.92 (17.2)	9.42 (64.9)	0 (0)
Var (Gen. \times year)	واریانس (ژنوتیپ \times سال)	0.726 (6.8)	0.312 (4.0)	13.6 (14.1)	1.37 (12.3)	0.026 (0.2)	118219 (19.0)
Var (Error)	واریانس (باقی‌مانده)	4.55 (42.3)	4.96 (63.7)	56.3 (58.2)	7.85 (70.5)	5.06 (34.9)	504127 (81.0)
Var (Phe.)	واریانس فنوتیپی	10.7	7.8	96.7	11.1	14.5	622347
Heritability	وراثت‌پذیری عمومی	0.509	0.322	0.277	0.172	0.649	0
R ² GEI	ضریب تشخیص اثرهای GEI	0.068	0.040	0.141	0.123	0.002	0.190
h ² _{mg}	وراثت‌پذیری میانگین ژنوتیپی	0.830	0.718	0.623	0.491	0.917	0
Accuracy	دقت انتخاب ژنوتیپ	0.911	0.848	0.790	0.700	0.957	0
rge	همبستگی بین مقادیر ژنوتیپی در میان محیط‌ها	0.138	0.059	0.195	0.148	0.005	0.190
CVg	ضریب تغییرات ژنوتیپی (درصد)	2.41	1.17	5.72	3.62	6.98	0.00
CVr	ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده (درصد)	2.20	1.65	8.29	7.33	5.11	14.10

DHE: Days to heading; DMA: Days to maturity; GFP: Grain filling period; PLH: Plant height; TKW: Thousand kernel weight; YLD: Grain yield.

ژنوتیپ‌هایی که مقدار بالای این شاخص را داشته باشند جزو ژنوتیپ‌های برتر می‌باشند. در این شاخص نیز از مفروضات شاخص‌های MGIDI و FAI-BLUP استفاده شد. بر اساس نتایج این شاخص ژنوتیپ‌های G1، G2، G7 و G15 با بیش‌ترین مقدار جزو ژنوتیپ‌های برتر بودند.

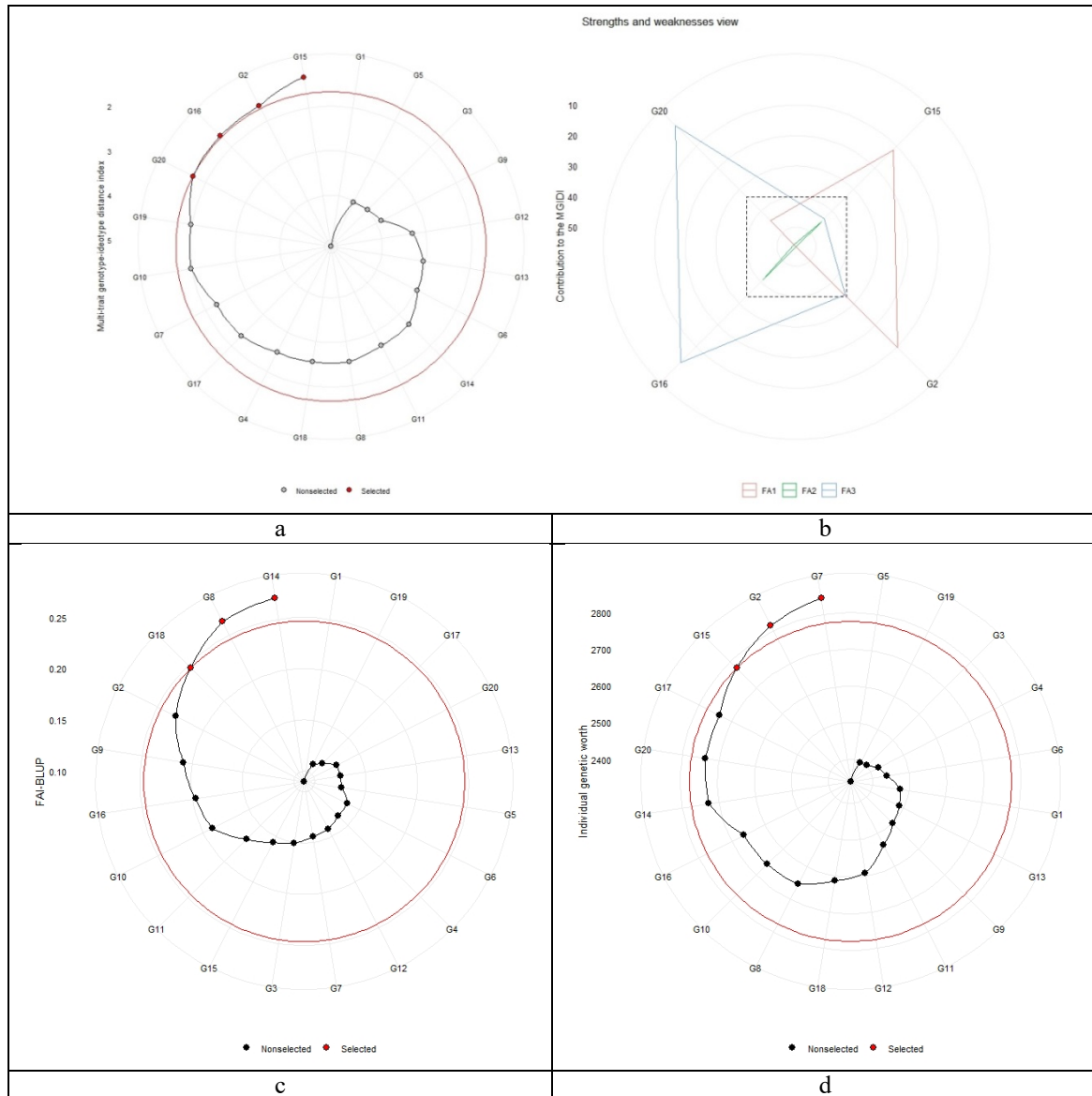
در این تحقیق، فرض بر این بود که ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه، وزن هزاردانه و طول دوره پر شدن دانه بالا و از طرفی پاکوتاه و زودرس انتخاب شوند. بنابراین، محاسبات شاخص SIIG مانند سایر شاخص‌ها بر اساس این فرضیات انجام شد. بر اساس نتایج شاخص SIIG، ژنوتیپ‌های شماره G17، G20، G19 و G15 به‌ترتیب با بیش‌ترین مقدار SIIG (۰/۶۷۳، ۰/۶۲۵، ۰/۶۰۹ و ۰/۶۰۱) جزو ژنوتیپ‌های برتر در مجموع آزمایش دو ساله داراب بودند. مقدار عملکرد دانه این ژنوتیپ‌ها به‌ترتیب برابر با ۵۴۰۹، ۵۰۷۶، ۴۵۸۰ و ۴۹۰۹ کیلوگرم در هکتار بود (جدول ۸). استفاده از شاخص SIIG در سایر گیاهان از جمله چغندر قند (۳۴)، آفتابگردان (۳۵)، کلزا (۲۶، ۳۶) و جو (۲۱، ۲۲) گزارش شده است.

نتایج همبستگی بین صفات مورد بررسی و شاخص‌های MGIDI، FAI-BLUP، SIIG و اسمیت - هیزل در جدول ۹ نشان داده شده است. همه شاخص‌ها به‌جز FAI-BLUP، همبستگی معنی‌داری با عملکرد دانه نشان دادند. در بین شاخص‌ها، FAI-BLUP با هیچ‌کدام از شاخص‌ها همبستگی معنی‌داری را نشان نداد. اما سایر شاخص‌ها همبستگی معنی‌داری را با هم نشان دادند، فقط با این تفاوت که همبستگی شاخص اسمیت - هیزل و SIIG با شاخص MGIDI منفی بود. چون در شاخص MGIDI، ژنوتیپ‌ها با کم‌ترین مقدار این شاخص برتر می‌باشند.

مقادیر عددی و رتبه ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص MGIDI در جدول ۸ نشان داده شده است. در این روش ژنوتیپ‌هایی با کم‌ترین مقدار این شاخص جزو ژنوتیپ‌های برتر از نظر صفات مورد بررسی می‌باشند. بنابراین، ژنوتیپ‌های انتخاب شده با استفاده از شاخص MGIDI عبارت بودند از ژنوتیپ‌های شماره G15، G2، G16 و G20 (شکل ۲a)؛ همچنین، نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخابی در شکل ۲b نشان داده شده است. در ضمن میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های انتخابی با استفاده از شاخص MGIDI از سایر شاخص‌های مورد بررسی بالاتر بود (جدول ۱۰).

FAI-BLUP نیز یک شاخص چند صفتی است که در این بررسی از حالت مدل مختلط به‌عنوان داده ورودی استفاده شده است. به‌طور پیش فرض، انتخاب برای افزایش ارزش صفات تعداد روز تا پر شدن دانه، وزن هزاردانه و عملکرد دانه و کاهش طول دوره گل-دهی، رسیدگی و ارتفاع بوته انجام شد. بر اساس این شاخص ژنوتیپ‌هایی با بیش‌ترین مقدار جزو ژنوتیپ‌های برتر می‌باشند (جدول ۸). دایره قرمز در شکل ۲c نشان دهنده نقطه برش FAI-BLUP با توجه به شدت انتخاب می‌باشد. بنابراین، همان‌گونه که مشاهده می‌شود سه ژنوتیپ شماره G14، G8 و G18 به‌ترتیب با بیش‌ترین مقدار FAI-BLUP به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند. کارایی شاخص FAI-BLUP در انتخاب ژنوتیپ‌های سویا توسط ولپاتو و همکاران (۲۰۲۱) گزارش شده است. آن‌ها بیان کردند شاخص FAI-BLUP یک ابزار مناسب برای انتخاب هم‌زمان صفات مهم برای اصلاح سویا است (۳۳).

نتایج شاخص اسمیت-هیزل در شکل ۲d و جدول ۸ نشان داده شده است. بر اساس این شاخص



شکل ۲- (a) الگوی رتبه‌بندی و ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر اساس شاخص MGIDI (b) نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخاب شده، به‌عنوان نسبت هر عامل در شاخص MGIDI محاسبه شده نشان داده شده است. نسبت‌های کوچک‌تر که توسط یک عامل توضیح داده می‌شوند (نزدیک‌تر به لبه خارجی) نشان می‌دهند که صفت درون آن عامل به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر است. نقطه‌چین نشان‌دهنده مقادیر تئوری است در صورتی که همه عوامل به یک اندازه نقش داشته باشند. (c) الگوی رتبه‌بندی و ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر اساس شاخص FAI-BLUP. (d) الگوی رتبه‌بندی و ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر اساس شاخص اسمیت - هیزل. ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر اساس هر شاخص با رنگ قرمز نشان داده شده‌اند. دایره قرمز مرکزی نقطه برش را با توجه به شدت انتخاب نشان می‌دهد.

Figure 2- (a) Genotype ranking in ascending order for the MGIDI index. (b) The strengths and weaknesses view of the selected genotypes, shown as the proportion of each factor on the computed MGIDI index. Smaller proportions explained by a factor (closer to the external edge) indicate that the traits within that factor are closer to the ideotype. The dashed line indicates the theoretical value if all the factors had contributed equally. The selected genotypes based on each index are shown in red. The central red circle represents the cut point according to the selection pressure. (c) Genotype ranking in ascending order for the FAI-BLUP index. (d) Genotype ranking in ascending order for the Smith-Hazel index.

آسان‌تر کردن انتخاب ژنوتیپ‌هایی با چندین ویژگی، شاخص‌های MGIDI و FAI-BLUP که براساس تحلیل عاملی معرفی شده‌اند، روش‌های جدیدی برای انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس اطلاعات چند صفت است که در این تحقیق از همه آن‌ها استفاده شد.

نتیجه‌گیری کلی

در کل شاخص SIIG با تعداد بیش‌تری از صفات و شاخص‌های انتخاب در مقایسه با سایر شاخص‌های مورد بررسی، همبستگی نشان داد. از طرفی، با توجه به پایین بودن وراثت‌پذیری بعضی از صفات به‌ویژه عملکرد دانه، استفاده از شاخص اسمیت - هیزل که انتخاب ژنوتیپ‌ها را براساس ارزش‌های فنوتیپی و اقتصادی و وراثت‌پذیری آن‌ها و همبستگی بین صفات انجام می‌دهد می‌تواند یک راه‌کار مناسب در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر باشد. همچنین، میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های انتخابی با استفاده از شاخص MGIDI از سایر شاخص‌ها بالاتر بود. ولی در مجموع نتایج بررسی شاخص‌های مختلف نشان داد که در شرایط این تحقیق هیچ‌کدام از شاخص‌ها برتری چندانی نسبت به یکدیگر نشان ندادند و بنابراین، در نهایت ژنوتیپ G15 که براساس بیش‌تر شاخص‌ها (به جز FAI-BLUP) ژنوتیپ ایده‌آل بود و ژنوتیپ G14 (ژنوتیپ انتخابی توسط شاخص FAI-BLUP) به‌علت زودرس‌تر بودن و عملکرد دانه بالا، به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر در این تحقیق برای کشت و توسعه در مناطق گرم جنوب کشور توصیه می‌شوند.

برآورد وراثت‌پذیری عمومی با استفاده از REML نشان داد که بیش‌ترین مقدار وراثت‌پذیری مربوط به وزن هزاردانه و تعداد روز تا رسیدگی و کم‌ترین مقدار وراثت‌پذیری مربوط به عملکرد دانه بود. هر چند عملکرد دانه صفت مهمی در انتخاب ارقام می‌باشد و انتخاب نهایی بسیاری از ارقام بر اساس عملکرد دانه انجام می‌شود، ولی انتخاب بر اساس صفات مختلف می‌تواند در بهبود روند برنامه‌های به‌نژادی مؤثر واقع شود. به‌عنوان مثال در مناطق گرمسیر انتخاب تنها بر مبنای بالا بودن عملکرد ممکن است نتایج مطلوبی به‌همراه نداشته باشد. در واقع بهتر است در این مناطق به زودرسی، طول دوره پرشدن دانه و همچنین، ارتفاع بوته توجه نمود. یکی از مزایای استفاده از شاخص‌های انتخاب بر اساس چند صفت مانند اسمیت - هیزل، MGIDI، FAI-BLUP و SIIG در نظر گرفتن تمام صفات اندازه‌گیری شده و موثر بودن اثرات آن در انتخاب ژنوتیپ‌ها است. به عبارت دیگر، در این روش‌ها صفات مختلف در انتخاب ژنوتیپ‌ها به‌طور مستقیم سهم خواهند بود.

اصلاح‌گران اغلب سعی می‌کنند چندین صفت مورد نظر را در یک ژنوتیپ جدید ترکیب کنند تا عملکرد بالایی تولید کنند. هنگام اندازه‌گیری صفات چندگانه، اغلب انتخاب یک ژنوتیپ از بین ژنوتیپ‌های ایده‌آل دشوار است. در این راستا، روش‌های چند متغیره مختلفی مانند تجزیه مؤلفه‌های اصلی، تحلیل عاملی و تجزیه خوشه‌ای به‌طور گسترده مورد استفاده قرار می‌گیرند (۳۷). بنابراین برای

جدول ۸- مقایسه میانگین صفات مورفو- فنولوژیک و شاخص‌های مختلف انتخاب بر مبنای چند صفت و رتبه آن‌ها (داخل پرانتز) در ژنوتیپ‌های جو در سال‌های زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۸.

Table 8- Mean comparison of morpho-phenological traits and selection different indices based on several traits and their rank (in parentheses) in barley genotypes in the cropping years 2019-2021.

ژنوتیپ‌ها Genotype	صفات مورفو- فنولوژیک Morpho-phenological traits						شاخص‌های مختلف مبتنی بر چند صفت Different indices based on several traits			
	DHE (Day)	DMA (Day)	PLH (cm)	GFP (Day)	TKW (g)	YLD (kg ha ⁻¹)	SIID	MGIDI	FAI- BLUP	Smith- Hazel
G1	104	138	76	34	47.8	4941	0.547 (7)	5.15 (20)	0.090 (20)	2475 (15)
G2	95	135	87	40	42.4	5301	0.578 (6)	1.61 (2)	0.230 (4)	2815 (2)
G3	99	136	88	37	37.3	4796	0.314 (19)	3.98 (18)	0.151 (10)	2402 (18)
G4	97	135	97	38	43.8	4909	0.408 (15)	2.49 (9)	0.137 (13)	2425 (17)
G5	97	132	89	35	42.8	4781	0.383 (17)	4.04 (19)	0.127 (15)	2340 (20)
G6	100	138	95	38	42.0	4924	0.365 (18)	2.97 (14)	0.137 (14)	2440 (16)
G7	99	138	89	39	43.3	5243	0.538 (8)	2.28 (7)	0.144 (11)	2844 (1)
G8	98	135	91	37	44.6	5338	0.534 (9)	2.54 (11)	0.265 (2)	2652 (9)
G9	97	133	93	37	39.6	4419	0.267 (20)	3.88 (17)	0.209 (5)	2503 (13)
G10	92	133	96	41	41.6	4874	0.449 (13)	1.98 (6)	0.190 (7)	2659 (8)
G11	99	138	98	39	44.9	4752	0.406 (16)	2.67 (12)	0.169 (8)	2535 (12)
G12	98	136	99	38	49.4	4864	0.483 (12)	3.29 (16)	0.142 (12)	2593 (11)
G13	97	135	100	38	47.4	4712	0.437 (14)	3.05 (15)	0.126 (16)	2487 (14)
G14	96	132	96	36	45.7	5340	0.503 (10)	2.67 (13)	0.271 (1)	2727 (6)
G15	94	135	85	41	42.1	5266	0.601 (4)	1.31 (1)	0.156 (9)	2775 (3)
G16	97	137	96	40	43.9	5862	0.579 (5)	1.65 (3)	0.197 (6)	2663 (7)
G17	97	135	85	38	47.9	5076	0.625 (2)	2.32 (8)	0.115 (18)	2737 (4)
G18	97	135	87	39	39.8	5352	0.500(11)	2.53 (10)	0.246 (3)	2613 (10)
G19	94	135	80	41	48.5	4580	0.609(3)	1.98 (5)	0.109 (19)	2396 (19)
G20	97	136	85	40	45.1	5409	0.673 (1)	1.68 (4)	0.125 (17)	2737 (5)
Mean	97	135	91	38	44	5037	0.490	0.27	0.167	2591
LSD _{0.05}	2.45	2.56	8.63	3.22	2.58	816				

DHE: تعداد روز تا گل‌دهی؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ GFP: طول دوره پر شدن؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TKW: وزن هزاردانه؛ YLD: عملکرد دانه
DHE: Days to heading; DMA: Days to maturity; GFP: Grain filling period; PLH: Plant height; TKW: Thousand kernel weight; YLD: Grain yield.

غربال ژنوتیپ‌های برتر جو با استفاده از شاخص‌های مختلف... / حسن زالی و همکاران

جدول ۹- همبستگی شاخص‌های مختلف مبتنی بر چند صفت و صفات مورفو-فنولوژیک در ژنوتیپ‌های جو در سال‌های زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۸.

Table 9- Correlation of selection different indices based on several traits and morpho-phenological traits in barley genotypes in 2019-2021 cropping years.

	DHE	DMA	GFP	PLH	TKW	YLD	MGIDI	FAI-BLUP	Smith-Hazel
DMA	0.774**								
GFP	0.135	-0.069							
PLH	-0.509*	0.066	-0.181						
TKW	0.036	0.145	0.040	-0.006					
YLD	0.026	0.147	-0.238	0.175	-0.017				
MGIDI	0.499*	0.016	0.252	-0.884**	0.011	-0.507*			
FAI-BLUP	-0.150	-0.329	0.314	-0.011	-0.487*	0.360	-0.165		
Smith-Hazel	-0.241	-0.053	-0.139	0.445*	0.023	0.666**	-0.653**	0.381	
SIIG	-0.293	0.094	-0.567**	0.533*	0.505*	0.585**	-0.692**	-0.208	0.597**

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد.

DHE: تعداد روز تا گل‌دهی؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ GFP: طول دوره پر شدن؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TKW: وزن هزارانه؛ YLD: عملکرد دانه.

* and **: Significant at 5% and 1% of probability levels, respectively.

DHE: Days to heading; DMA: Days to maturity; GFP: Grain filling period; PLH: Plant height; TKW: Thousand kernel weight; YLD: Grain yield.

جدول ۱۰- میانگین ژنوتیپ‌های انتخابی با استفاده از شاخص‌های مختلف انتخاب مبتنی بر چند صفت در ژنوتیپ‌های جو در سال‌های زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۸.

Table 10- Mean of selected genotypes using selection different indices based on several traits in barley genotypes in 2019-2021 cropping years.

شاخص‌های انتخاب Selection indices	ژنوتیپ‌های انتخابی Selected genotypes	میانگین صفات مورفو-فنولوژیک Mean of morpho-phenological traits					
		DHE	DMA	GFP	PLH	TKW	YLD
MGIDI	G15, G2, G16, G20	95.7	136	40	88	44	5460
FAI-BLUP	G14, G8, G18	97	134	37	91	43	5343
Smith-Hazel	G7, G2, G15	96	136	40	87	43	5270
SIIG	G20, G17, G19, G15	95	135	40	84	46	5083
Total mean		97	135	38	91	44	5037

DHE: تعداد روز تا گل‌دهی؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ GFP: طول دوره پر شدن؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TKW: وزن هزارانه؛ YLD: عملکرد دانه.

DHE: Days to heading; DMA: Days to maturity; GFP: Grain filling period; PLH: Plant height; TKW: Thousand kernel weight; YLD: grain yield.

استخراج و تهیه شده است. نگارندگان مقاله از
موسسه مزبور به‌خاطر حمایت‌های مالی و معنوی و
همچنین، از سایر همکاران که در اجرای پروژه‌های
فوق همکاری داشته‌اند صمیمانه تشکر می‌نمایند.

سپاسگزاری

پژوهش حاضر از نتایج به‌دست آمده از پروژه‌های
مصوب موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر
به شماره‌های ۹۷۰۶۷۵-۰۳-۰۳-۱۸۵-۹۶۱۰۶۱ و
۰۳-۰۳-۱۰۹-۹۸۰۶۲۸ و ۰۳-۰۳-۰۹۳

References

- Ahmadi, K., Hatami, H., Abdeshah, F. and Kazemian, V. 2020. Agricultural Statistics (2019-2020 Cropping Year): Crop Plants. Ministry of Agriculture-Jahad 1, 97.
- FAO. 2019. Statistical data. www. Fao. org/faostat.
- Rabiei, B., Valizdah, M., Ghareyazie, B. and Moghaddam, M. 2004. Evaluation of selection indices for improving rice grain shape. Field Crops Res. 89: 359-367.
- Smith, H.F. 1936. A discriminant function for plant selection. Ann. Eugenics 7: 240-250.
- Hazel, L. 1943. The genetic basis for constructions selection indices. Genetics. 28: 476-490.
- Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asghari, A. and Hoseini, S.M. 2015. Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method. Biol Forum Int J. 7: 2. 703-711.

7. Olivoto, T., Licio, A.D.C., da Silva, J.A.G., Marchioro, V.S., de Souza, V.Q. and Jost, E. 2019b. Mean performance and stability in multi-environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agron J.* 111: 6. 2949-2960.
8. Olivoto, T. and Nardino, M. 2020. MGIDI: A novel multi-trait index for genotype selection in plant breeding. *Bioinformatics.* 7: 23. 1-22.
9. Olivoto, T. and Nardino, M. 2021. MGIDI: Toward an effective multivariate selection in biological experiments. *Bioinformatics.* 37: 1383-1389.
10. Jahufer, M.Z.Z. and Casler, M.D. 2015. Application of the Smith-Hazel selection index for improving biomass yield and quality of switch grass. *Crop Sci.* 55: 1212-1222.
11. Bizari, E.H., Pedroso Val, B.H., Pereira, E.M., Di Mauro, A.O. and Uneda-Trevisoli, S. 2017. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. *Revista Ciencia Argon.* 48: 110-117
12. Olivoto, T. and Lucio, A.D. 2020. Metan: an R package for multi-environment trial analysis. *Methods Ecol Evol.* 11: 783-789
13. Olivoto, T. and Nardino, M. 2021. MGIDI: Toward an effective multivariate selection in biological experiments. *Bioinformatics.* 37: 1383-1389.
14. Pour-Aboughadareha, A. and Poczaib, P. 2021b. A dataset on multi-trait selection approaches for screening desirable wild relatives of wheat. *Data in Brief.* 39: 107541.
15. Pour-Aboughadareh, A., Sanjani, S., Nikkhah-Chamanabad, H., Mehrvar, M.R., Asadi, A. and Amini A. 2021. Identification of salt-tolerant barley genotypes using multi-traits index and yield performance at the early growth and maturity stage. *Bull Natl Res Cent.* 45: 1-16.
16. Rocha, J.R.dA.S.dC, Nunes, K.V., Carneiro, A.L.N., Marcal, T.D.S., Salvador, F.V., Careiro, P.C.S. and Carneiro, J.E.S. 2019. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. *Agron J.* 111: 1. 1181-1189.
17. Resende, M.D.V. 2016. Software Selegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. *CBAB.* 16: 330-339.
18. Silva, M.J., Careiro, P.C.S., Careiro, J.E., Damasceno, C.M.B., Parrella, N.N.L.D., Pastina, M.M., Simeone, M.L.F., Schaffert, R.E. and Parrella, R.A. 2018. Evaluation of the potential of lines and hybrids of biomass sorghum. *Indust. Crops Prod.* 125: 1. 379-385.
19. Oliveira, I.C.M, Marcal, T.D.S., Bernardino, K.D.C., Ribeiro, P.C.D.O., Parrella, R.A.D.C., Carneiro, P.C.S., Schaffert, R.E. and Carneiro, J.E.D.S. 2019. Combining ability of biomass sorghum lines for agroindustrial characters and multitrait selection of photosensitive hybrids for energy cogeneration. *Crop Sci.* 59: 1. 1554-1566.
20. Woyann, L.G., Meira, D., Zdziarski, A.D., Matei, G., Milioli, A.S., Rosa, A.C., Madella, L. A. and Benin, G. 2019. Multiple-trait selection of soybean for biodiesel production in Brazil. *Indust Crops Prod.* 140: e111721.
21. Barati, A. Zali, H., Marzoqian, A., Koohkan, Sh. and Gholipour, A. 2021. Selection of barley pure lines with high yield and desirable agronomic characteristics in warm areas of Iran. *J Crop Prod.* 14: 1. 199-218. (In Persian)
22. Zali, H. and Barati, A. 2020. Evaluation of selection index of ideal genotype (SIIG) in other to selection of barley promising lines with high yield and desirable agronomy traits. *J Crop Breed.* 12: 34. 93-104. (In Persian)
23. Haghghatnia, H. and Alhani, F. 2020. Evaluation of irrigation water salinity tolerance indices in new cultivars and lines of safflower. *Ir J Soil Water Res.* 51: 7. 1181-1821. (In Persian)
24. Emami, S., Asghari, A., Mohammaddoust Chamanabad, H., Rasoulzadeh, A. and Ramzi, E. 2019. Evaluation of osmotic stress tolerance in durum wheat (*Triticum durum* L.) advanced lines. *Environ. Stresses Crop Sci.* 12: 3. 697-707. (In Persian)
25. Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Andarzian, B., Farzadi, H., Bahari, M. and Zali, H. 2018. Stability analysis of grain yield of durum wheat promising lines in warm and dry areas using parametric and non-parametric methods. *J Crop Prod Process.* 8: 2. 79-96. (In Persian)

26. Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asghari, A. and Zeinalabedini, M. 2017. Appropriate strategies for selection of drought tolerant genotypes in canola. J Crop Breed. 78: 20. 77-90. (In Persian)
27. Holland, J.B. 2006. Estimating genotypic correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc MIXED. Crop Sci. 46: 642-654.
28. Pour-Aboughadareha, A. and Poczaib, P. 2021a. Dataset on the use of MGIDI index in screening drought-tolerant wild wheat accessions at the early growth stage. Data in Brief. 36: 107596.
29. Meier, C, Marchioro, V.S., Daniela Meira, D., Olivoto, T. and Klein, L.A. 2021. Genetic parameters and multiple-trait selection in wheat genotypes. Pesqu Agropec Tropic. 51: e67996.
30. Pimental, A.J.B., Guimaraes, J.F.R., Souza, M.A.D., Resense, M.D.V.D., Moura, L.M., Rocha, J.R.D.A.S.D.C. and Ribeiro, G. 2014. Estimaco deparmetros genticos e predico de valor gentico aditivo de trigo utilizando modelos mistos. Pesqu Agropec Brasil. 49: 882-890.
31. Benakanahalli, N.K., Sridhara, S., Ramesh, N., Olivoto, T., Sreekantappa, G., Tamam, N., Abdelbacki, A.M.M., Elansary, H.O. and Abdelmohsen, S.A.M. 2021. A framework for identification of stable genotypes based on MTSI and MGDII Indexes: an example in guar (*Cymopsis tetragonoloba* L.). Agron. 11: 1221.
32. Olivoto, T., Licio, A.D.C., da Silva, J.A.G., Sari, B.G. and Diel, M.I. 2019a. Mean performance and stability in multi-environment trials II: selection based on multiple traits. Agron J. 111: 6. 2961-2969.
33. Volpato, L., Rocha, J.R.D.A.S.D.C., Alves, R.S., Ludke, W.H., Borm, A. and Silva, F.L.D. 2021. Inference of population effect and progeny selection via a multi-trait index in soybean breeding. Acta Sci Agron. 43: 1-10.
34. Mirzaei, M.R. and Hemayati, S.S. 2021. The effect of environment and maternal plant on germination traits of sugar beet seeds and an approach to select the superior genotype. Agric. Res. <https://doi.org/10.1007/s40003-021-00607-2>
35. Gholizadeh, A., Ghaffari, M. and Shariati, F. 2021. Use of selection index of ideal genotype (SIIG) in order to select new high yielding sunflower hybrids with desirable agronomic characteristics. J Crop Breed. 13: 38. 116-123. (In Persian)
36. Abdollahi Hesar, A., Sofalian, O., Alizadeh, B., Asghari, A. and Zali, H. 2020. Evaluation of some autumn canola genotypes based on agronomy traits and SIIG index. J Crop Breed. 12: 34. 93-104. (In Persian)
37. Bhandari, H., Bhanu, A., Srivastava, K., Singh, M. and Shreya, H.A. 2017. Assessment of genetic diversity in crop plants-an overview. Adv Plants Agric. Res. 7: 3. 279-286.

