



## بررسی پارامترهای ژنتیکی عملکرد و اجزا عملکرد ژنوتیپ‌های مختلف نخود با استفاده از مدل‌های مکانی

هاجر حسینی<sup>۱</sup>، امیدعلی اکبرپور<sup>۲\*</sup>، پیام پزشکپور<sup>۳</sup>

۱. دانشجوی کارشناسی ارشد اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان

۲. استادیار گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان

۳. استادیار پژوهشی بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی

ترویج کشاورزی

تاریخ دریافت: ۹۷/۱۲/۱۱؛ تاریخ پذیرش: ۹۸/۰۲/۰۲

### چکیده

برنامه‌های بهنجاری عمدتاً بر پایه ارزیابی و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بر اساس برآوردهای دقیق پارامترهای ژنتیکی است. این تحقیق به منظور بررسی خصوصیات عملکرد و اجزاء عملکرد ۶۴ ژنوتیپ نخود در شرایط آبی و دیم در شهرستان خرم‌آباد اجرا شد. آزمایش در سال ۹۷-۱۳۹۶ در قالب طرح لاتیس مربع در دو تکرار برای هر شرایط اجرا شد. به دلیل بارندگی فصلی بین شرایط دیم و آبی و همچنین اثر متقابل ژنوتیپ در محیط در اکثر صفات معنی‌دار اختلاف معنی‌دار آماری مشاهده نشد. لذا داده‌های شرایط دیم نیز به‌عنوان تکرارهایی از محیط نرمال برای صفات مختلف در نظر گرفته شدند و تمامی صفات به‌صورت یک آزمایش تجزیه شدند. در تجزیه واریانس داده‌ها برای حذف ناهمگنی طرح لاتیس مربع در شرایط مزرعه، از مدل‌های مکانی برای بهینه‌سازی مدل خطی لاتیس مربع استفاده شد. در نهایت مدل نزدیک‌ترین همسایه به‌عنوان برترین مدل بر اساس مزیت نسبی و همچنین آماره 2RLL-انتخاب شد. نتایج تجزیه و تحلیل حاصل از مدل نزدیک‌ترین همسایه نشان داد که بین تمامی صفات اختلاف معنی‌دار وجود داشته و صفات از واریانس ژنتیکی و وراثت‌پذیری عمومی قابل قبولی برخوردار بودند. اکثر صفات دارای دامنه وراثت‌پذیری عمومی متوسط تا بالایی بودند و وراثت‌پذیری عملکرد دانه ۵۷٪ بود. برای عملکرد دانه با شدت گزینش ۱۰٪ از ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، برآورد بهره ژنتیکی مورد انتظار نسبت به میانگین کل صفت ۱۴٪ بود. لذا می‌توان از این بهره ژنتیکی برای پیشرفت بهنجاری این صفت استفاده کرد. همچنین ژنوتیپ‌های SEL.S.P.L.K19-87، Bivanij، X03TH134-88K15، FLIP09-229C S00794(30 KR)-13/FLIP و X04TH149/S00547//FLIP98-233C به ترتیب در مدل نزدیک‌ترین همسایه، برترین رتبه‌های عملکرد دانه را به خود اختصاص دادند.

واژه‌های کلیدی: طرح لاتیس مربع، مدل‌های مکانی، نخود، نزدیک‌ترین همسایه

### مقدمه

آمریکا، شمال آفریقا، جنوب اروپا، آمریکای شمالی و جنوبی و جنوب استرالیا قابل کشت بوده و به کشاورزی پایدار در تمام این مناطق کمک کرده است (Kumar and Abbo, 2001). از کل حبوبات تولیدی جهان، ۱۲ درصد مربوط به نخود است (Yadav et al., 2015) و در مقیاس جهانی، پس از

نخود (*Cicer arietinum* L.)، یک لگوم دانه‌ای با منشأ خاورمیانه دارای اهمیت منحصربه‌فردی از نظر تولید پروتئین و یکی از حبوبات مهم است که می‌تواند در محیط‌های نامساعد غذای پروتئینی باکیفیت تولید کند. این گیاه زراعی در الگوهای کشت خارج از مناطق نیمه گرمسیری، مانند آسیا،

بزرگ و نامتجانس بوده و اثر یک تیمار با اثر محیط اختلاط می‌یابد توصیه می‌شود، زیرا اثرات اختلاط ماده آزمایشی را نمی‌توان به راحتی از اثرات تیمار جدا کرد (Stringer et al., 2011).

ایده جالب تجزیه مکانی ابتدا توسط پاپداکیس (Papadakis, 1937) ارائه شده و توسط ویلکینسون و همکاران (Wilkinson et al., 1983) توسعه یافت که هدف آن تصحیح میانگین کرت برای تغییرات مکانی با استفاده از اطلاعات کرت‌های همسایه نزدیک است. یک معیار مفید برای بررسی این الگوهای ناهمگنی خاک، استفاده از خودهمبستگی مکانی کرت‌های همسایه در درون یک ردیف یا درون یک ستون است. این خودهمبستگی بین خطای کرت‌های در فواصل دورتر کاهش می‌یابد. اگر هیچ الگوی مکانی وجود نداشته باشد، خودهمبستگی‌های درون ردیف‌ها و یا ستون‌ها کاهش می‌یابند؛ اما اگر الگوی موجود در باقی‌مانده‌ها باشد، باقی‌مانده‌های همسایه‌های نزدیک‌تر مشابهت بیشتری به همدیگر دارند و همبستگی بین همسایه‌ها بیشتر خواهد بود (Wilkinson et al., 1983).

مدل‌های مختلف که دارای فرضیات متفاوتی هستند برای برآورد و حذف روندهای مکانی و برآورد دقیق میانگین تیمارها وجود دارد که از بین آن‌ها می‌توان به مدل‌های رگرسیون چندخطی برای بررسی ۱۱۴ آزمایش مزرعه‌ای که دارای روند مکانی بوده‌اند، اشاره کرد (Federer and Schlotfeldt 1954; Kirk et al., 1980; Warren and Mendez 1982; Tamura et al., 1988; Bowman 1990).

در این تحقیق از مدل‌های مختلف برای تصحیح میانگین تیمارها بر اساس روندهای خطی و غیرخطی ردیف‌ها و ستون‌ها و همچنین برطرف کردن خطای ناشی از هم‌جواری کرت‌های آزمایش استفاده شد. چنین رویکردهایی به طور سالیانه برای تجزیه و تحلیل هزاران آزمایش با تکرار و بدون تکرار در مزارع تحقیقاتی مختلف در استرالیا استفاده می‌شود (Stringer et al., 2011). بسیاری از این محققین با کاربرد مدل‌های مختلف آماری مبتنی بر فرضیات متفاوت بیان داشته‌اند که این مدل‌ها برای حذف روندهای مکانی و تصحیح و برآورد دقیق و درست میانگین تیمارها در آزمایش‌های مختلف راندمان بالایی داشته‌اند (Singh et al., 2003; Dutkowski et al., 2006; Stringer et al., 2011).

نخودفرنگی و لوبیا مقام سوم را در بین حبوبات از لحاظ تولید (۱۴/۷۷ میلیون تن) و مقام دوم سطح زیر کشت (۱۴/۵۶ میلیون هکتار) دارد (Faostat, 2017). در سال ۱۳۹۶ سطح زیر کشت نخود در کشور ایران معادل ۵۰۰ هزار هکتار و تولید آن ۲۸۰ هزار تن با متوسط عملکرد دانه ۵۶۰ کیلوگرم در هکتار بوده است. دلیل اصلی این عملکرد کم، اختصاص اراضی دیم و کم بازده به کشت نخود در کشور است (Ministry of Agriculture, 2017).

از نظر تیپ بذر، نخود را در دو گروه ارقام کابلی (دانه درشت، سفید و کرم رنگ) و ارقام دسی (دانه ریز، قهوه‌ای و سیاه رنگ) طبقه‌بندی کرده‌اند (Parsa and Bagheri, 2008). نخود استحصالی جهان عمدتاً از نوع دسی است که در کشورهای هند، اتیوپی، ایران و مکزیک بیشتر تولید می‌گردد. در بقیه کشورها غالباً تولید نخود سفید یا کابلی مرسوم است (Purushothaman et al., 2014).

هدف اصلی در برنامه‌های به‌نژادی عمدتاً بر مبنای انجام آزمایش‌های ارزیابی برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر و برآوردهای دقیق از میانگین صفات وارپته‌های مختلف و متنوع است؛ اما زمانی که تعداد ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی زیاد است و یا ماده آزمایشی در سطح وسیعی به کار گرفته می‌شود، باروری خاک، ظرفیت نگهداری خاک، ویژگی‌های فیزیکی خاک و دیگر عوامل محیطی اغلب ممکن است در یک منطقه آزمایشی متفاوت باشند. علاوه بر این، تاریخچه کشت قبلی، آبیاری، آرایش طرح، جهت کشت یا برداشت، نیز ممکن است منجر به ایجاد تغییرات در داخل یک آزمایش شوند. طراحی یک آزمایشی خوب می‌تواند تأثیر برخی از این عوامل را کاهش دهد، در غیر این صورت بایستی این عدم تجانس آزمایش را به طور مناسبی در مدل آماری طرح گنجانند. در غیر این صورت برآوردهای اثرات وارپته‌ها و تنوع بین آن‌ها، از دقت کمتری برخوردار خواهد شد (Burgueño et al., 2000).

محققین از تجزیه و تحلیل مکانی یا نزدیک‌ترین همسایه برای طرح‌های با ساختار نامتجانس استفاده می‌کنند. در واقع تجزیه مکانی یک روشی است که در آن ساختار واریانس هر آزمایش مورد بررسی قرار می‌گیرد و از یک روش مناسب و بهینه برای برآورد اثرات تیمارها در قضاوت نهایی استفاده می‌شود. این رویکرد برای آزمایش‌هایی که از دقت بالا برخوردار بوده و تجانس ماده آزمایشی برقرار است بکار گرفته نمی‌شود. بلکه برای آن دسته از آزمایش‌های که ماده آزمایشی

این تحقیق به‌منظور (۱) بررسی تنوع ژنتیکی در ۶۴ ژنوتیپ نخود در دو شرایط نرمال و دیم و همچنین تعیین ژنوتیپ‌های برتر در شرایط شهرستان خرم‌آباد برای مطالعه برنامه‌های اصلاحی و همچنین معرفی به کشاورزان؛ (۲) بررسی صفات با استفاده از مدل‌های مختلط خطی که دارای وابستگی مکانی هستند؛ (۳) مقایسه کارایی تجزیه‌وتحلیل آماری مدل مکانی نسبت به مدل بلوک‌های کامل تصادفی، انجام گرفت.

### مواد و روش‌ها

در این تحقیق از ۶۴ ژنوتیپ نخود شامل لاین‌های اصلاحی و ارقام اصلاح‌شده استفاده شد. مواد ژنتیکی از مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان تهیه شدند که برخی از این ژنوتیپ‌ها توسط موسسه ایکاردا در راستای پروژه امنیت غذایی در اختیار مرکز تحقیقات قرار داده شده‌اند. آزمایش‌ها در دو شرایط دیم و آبی به‌صورت طرح لاتیس مربع یا ساده ۸×۸ در دو تکرار در شرایط مزرعه انجام شد. آزمایش در سال زراعی ۱۳۹۶-۱۳۹۷ در دانشکده کشاورزی دانشگاه لرستان (طول جغرافیایی ۴۸ درجه و ۲۱ دقیقه و عرض جغرافیایی ۳۲ درجه و ۳ دقیقه و ارتفاع ۱۱۱۷ متر از سطح دریا) اجرا شد. فاصله بین دو شرایط دیم و نرمال ۴ متر و فاصله بین دو تکرار نیز یک متر در نظر گرفته شد. عملیات آماده‌سازی زمین محل آزمایش در پاییز به‌صورت شخم پاییزه انجام شد. پس از زدن یک هرس سبک (به‌منظور آماده نمودن زمین) بذور ژنوتیپ‌ها کاشت شدند. همزمان با کشت، مقدار کود ازته و فسفر لازم طبق توصیه‌های بخش آزمایشگاه خاکشناسی به‌طور یکنواخت به زمین اضافه شد. کاشت بذور به‌صورت دستی انجام گرفت و هر کرت آزمایشی شامل چهار خط به طول ۱/۲ متر، با فاصله خطوط ۳۰ سانتی‌متر، فاصله روی ردیف ۱۰ سانتی‌متر، عمق بذر حدود ۶ سانتی‌متر و فاصله بین کرت‌ها ۰/۵ متر بود. در مراحل داشت برای مبارزه با علف‌های هرز وجین دستی صورت گرفت. برای مبارزه با آفات نیز از سم تری‌کلورفن با غلظت یک کیلوگرم در هکتار استفاده شد. زمانی که ۹۰ درصد بوته‌های هر کرت رسیده شدند، برداشت انجام شد. در روش دیم آبیاری در طول فصل انجام نگرفت؛ اما در شرایط نرمال در طی فصل بارندگی به مقدار کافی وجود داشت و در آخر فصل یک‌بار بر اساس عرف منطقه آبیاری انجام گرفت. صفات مهمی از جمله عملکرد دانه (kg/ha)، عملکرد بیولوژیک (kg/ha)، وزن غلاف (g)، ارتفاع

در تحقیقاتی (Singh et al., 2003) داده‌های حاصل از یک سری آزمایش‌های عملکردی مختلف غلات و حبوبات را با استفاده از مدل‌های مختلف مکانی مورد تجزیه‌وتحلیل قرار دادند. برای ارزیابی نسبی مدل‌های مکانی از معیار اطلاعات Akaike استفاده کردند. اگرچه طرح‌های بلوک ناقص در آزمایش‌های مختلف مؤثر بود، اما مدل‌های مکانی اعتبار بیشتری به آزمایش‌های حبوبات و غلات دادند. برترین مدل‌های مکانی دارای مزیت نسبی بیش از ۳۳۰ درصد در نخود، ۱۴۰ درصد در عدس و ۱۵۰ درصد در جو نسبت به طرح بلوک‌های کامل تصادفی بود. مطالعات قبلی در مورد استفاده از مدل‌های مختلف، بیانگر وجود تنوع مکانی در آزمایش‌های نخود بوده است و با استفاده از مدل مکانی برای تجزیه‌وتحلیل عملکرد نخود، دقت برآورد میانگین ژنوتیپ‌ها افزایش یافته است (Malhotra et al., 2004).

پروژه امنیت غذایی در قالب طرح مشترک با ایکاردا، توسط موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور و با همکاری جهاد کشاورزی و مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، کردستان، کرمانشاه و آذربایجان شرقی به مدت ۵ سال (۱۴۰۰-۱۳۹۵) به‌منظور ارزیابی ژرم‌پلاسم‌های داخلی و خارجی محصولات زراعی در استان لرستان در حال اجرا است

(<https://www.icarda.org/update/enhancing-food-security-iran>)

بخشی از مواد ژنتیکی در پروژه مشترک بین ایران و ایکاردا نیز در تحقیق حاضر بکار گرفته شده است.

استان لرستان بعد از کرمانشاه دومین استان تولیدکننده نخود در کشور ایران با میزان تولید نزدیک به ۶۰ هزار تن است که حدود ۲۲٪ تولید نخود کشور را تأمین می‌کند (Ministry of Agriculture, 2017). در بین شهرستان‌های استان لرستان، دلفان و خرم‌آباد به ترتیب رتبه اول و دوم سطح زیر کشت نخود و تولید را دارا هستند. نخود نقش بسیار مهمی در اقتصاد و معیشت کشاورزان استان لرستان به‌ویژه در دو شهرستان مذکور دارد. عمده تولید نخود در استان لرستان به‌صورت سنتی بوده و از ارقام اصلاح‌شده کمتر در سطح استان برای کشت و زرع استفاده می‌شود. می‌توان با برنامه‌های اصلاحی مدون و ترویج فرهنگ استفاده از ارقام اصلاح‌شده سطح تولید و عملکرد نخود را در استان لرستان تقویت کرد.

در این مدل  $\pi_{jk}$  ضریب رگرسیون  $k|j$  زمین پاسخ در موقعیت  $\alpha_{jkl}$  در درون ردیف (یا ستون) است. این ضرایب رگرسیون، همان ضرایب خطی اورتوگنال هستند که می‌توانند به‌عنوان ضرایب کنتراست ارائه شوند. اگرچه می‌توان با استفاده از گزینه Orpol در محیط IML/SAS این ضرایب را تعریف و به‌عنوان کواریت در مدل مکانی وارد کرد (Federer et al., 1996). مدل دوم را می‌توان به حالت‌های مختلف تعمیم داد و هر دو، سطر و ستون را به‌صورت خطی و درجه دو و یا اثر متقابل خطی در خطی و یا درجه دو نشان داد. مدل سوم می‌تواند به‌صورت زیر باشد.

$$Y_{ijkl} = \mu + \tau_i + \beta_j + \rho_{jk} + \pi_{j1}RL_{jkl} + \pi_{j2}RQ_{jkl} + \pi_{j3}CL_{jkl} + \pi_{j4}CQ_{jkl} + \pi_{j5}LL_{jkl} + \pi_{j6}LQ_{jkl} + \pi_{j7}QQ_{jkl} + \varepsilon_{ijkl} \quad [3]$$

که RL مقدار رگرسیون خطی روی موقعیت ردیف؛ RQ مقدار رگرسیون درجه دو روی موقعیت ردیف؛ CL و CQ به ترتیب مقدار رگرسیون خطی و درجه دو روی ستون؛ LL برابر با اثر متقابل مقدار رگرسیون خطی ردیف در ستون؛ LQ اثر متقابل رگرسیون ردیف خطی در ستون درجه دو و در نهایت QQ مقدار اثر رگرسیون اثر متقابل درجه دو ردیف در ستون می‌باشند. این متغیرها همه می‌توانند به‌عنوان کواریت در مدل تعریف شوند و معنی‌داری هر یک از آن‌ها در مدل آزمون شود. این متغیرهای کواریت می‌توانند به‌عنوان ثابت و تصادفی در مدل تعریف شوند (Federer et al., 1995; 1996). در نهایت مدل آخری که می‌تواند برای تجزیه داده‌های لاتیس استفاده شود، مدل نزدیک‌ترین همسایه است. این مدل اولین بار توسط پاپاداکیس (Papadakis, 1937) ارائه شده است. این مدل بیان می‌دارد که هر کرتی در یک طرح مکانی مانند طرح لاتیس، متأثر از نزدیک‌ترین کرت خود است و کرت‌های هم‌جوار ارتباط بیشتری نسبت به کرت‌های دورتر از هم دارند؛ بنابراین هر مقدار متغیر پاسخ در هر کرت علاوه بر ژنوتیپ، تکرار، ردیف و ستون، می‌تواند تابعی از کرت‌های هم‌جوار خود باشد. این مدل‌ها را مدل‌های مکانی نزدیک‌ترین همسایه نیز می‌نامند که به‌صورت زیر است.

$$Y_{ijkl} = \mu + \tau_i + \beta_j + \pi_{j1}N_{jkl} + \pi_{j2}M_{jkl} + \pi_{j3}P_{jkl} + \varepsilon_{ijkl} \quad [4]$$

گیاه (cm)، طول ریشه (cm)، وزن خشک ریشه (g)، وزن صد دانه (g)، شاخص برداشت، تعداد شاخه اولیه، تعداد شاخه ثانویه، روز تا گلدهی و روز تا رسیدگی یادداشت‌برداری شد. اندازه‌گیری صفات مربوط به ریشه پس از برداشت انجام شد. ابتدا ریشه‌ها به همراه خاک برداشته شدند، سپس خاک‌ها از ریشه با دست جدا و پس از شستشوی ریشه‌ها طول ریشه و وزن خشک ریشه اندازه‌گیری شد.

برای تجزیه و تحلیل داده‌ها، ابتدا همگنی خطای آزمایش صفات در دو محیط بررسی شد و پس از تأیید همگنی خطای آزمایشی صفات، تجزیه واریانس داده‌ها به‌صورت مرکب در دو محیط نرمال و دیم انجام گرفت. تجزیه واریانس مرکب به دو روش طرح بلوک‌های کامل تصادفی و لاتیس مربع انجام شد (Federer et al., 1995; 1997). به دلیل اینکه مزیت نسبی طرح لاتیس بالاتر از طرح بلوک‌های کامل تصادفی بود، از طرح لاتیس برای تجزیه مرکب استفاده شد. از آنجاکه اثرات محیط و اثر متقابل ژنوتیپ در محیط برای اکثر صفات مورد مطالعه معنی‌دار نبود، لذا داده‌های شرایط دیم به‌صورت تکرارهایی از شرایط نرمال در نظر گرفته شده و تجزیه واریانس ساده صفات بر اساس مدل‌های خطی به روش لاتیس در چهار تکرار انجام شد. برای تجزیه واریانس به روش لاتیس، از مدل‌های مکانی مختلف فدرر و همکاران (Federer et al., 1995; 1996; 1997) برای بهینه‌سازی مدل خطی لاتیس ساده استفاده شد.

$$Y_{ijkl} = \mu + \tau_i + \beta_j + \rho_{jk} + \gamma_{jl} + \varepsilon_{ijkl} \quad [1]$$

که در آن  $Y_{ijkl}$  مقدار صفت مشاهده شده برای ژنوتیپ  $i$ ام، در تکرار  $j$ ام، در ردیف  $k$ ام و ستون  $l$ ام است؛  $\mu$  میانگین صفت،  $\tau_i$  اثر تیمار  $i$ ام،  $\beta_j$  اثر تکرار  $j$ ام؛  $\rho_{jk}$  اثر ردیف  $k$ ام درون تکرار  $j$ ام؛  $\gamma_{jl}$  اثر ستون  $l$ ام درون تکرار  $j$ ام و  $\varepsilon_{ijkl}$  باقیمانده مدل است. مدل دوم با در نظر گرفتن اثر روند خطی در داخل بلوک‌های ناقص استفاده شد. اثر روند خطی عبارت است از روند جهت‌دار ناشی از همسایگی ردیف‌های درون تکرارها و یا ستون‌های داخل تکرارها که به‌صورت ضرایب پلی‌نومیل خطی برای ردیف‌ها و یا ستون‌ها در نظر گرفته شد. در چنین حالتی مدل ۱ مدل مناسبی نبود و روند خطی جایگزین ستون درون تکرار یا ردیف درون تکرار شد. این مدل به‌صورت زیر است:

$$Y_{ijkl} = \mu + \tau_i + \beta_j + \rho_{jk} + \pi_{jk}\alpha_{jkl} + \varepsilon_{ijkl} \quad [2]$$

تمامی صفات مورد مطالعه به جز صفات وزن غلاف و وزن خشک ریشه اختلاف معنی‌داری مشاهده نشد. این نتایج دلالت بر این داشت که دو محیط به‌طور متوسط شرایط یکسانی برای ژنوتیپ‌ها فراهم کرده‌اند. همچنین اثر متقابل ژنوتیپ در محیط در تمامی صفات فاقد اختلاف معنی‌دار آماری بود (جدول ۲).

یکی از مهم‌ترین دلایل این نتیجه این بود که در سال زراعی ۱۳۹۶-۱۳۹۷ همان‌طور که آمار هواشناسی استان نشان داده است (جدول ۱)، به‌ویژه در بهار سال ۱۳۹۷ که مرحله رشد رویشی و زایشی گیاه نخود بود، بارندگی فصلی بیش از زمان‌های مشابه در سال‌های قبل بود و به‌صورت پیش‌بینی‌نشده بارندگی تا زمان رسیدگی فیزیولوژیکی به‌صورت هفتگی در طول فصل رشد وجود داشت (Iran Meteorological Organization, 2018). چون که آزمایش در شرایط مزرعه بود، لذا عملاً جلوگیری از آبیاری توسط باران برای ایجاد شرایط تنش دیم وجود نداشت. از آنجایی که نخود گیاهی است که دارای ریشه نسبتاً عمیق است؛ بنابراین نیاز آبی خود را به‌ویژه در فصول پر بارش تأمین می‌کند. در مطالعه ژانگ همکاران (Zhang et al., 2000) گزارش دادند که افزایش عملکرد ناشی از آبیاری تکمیلی در فصول پر باران کمتر از فصول خشک است. محققین زیادی بیان داشتند که حساس‌ترین مرحله نمو نخود نسبت به تنش آب مرحله گلدهی و تشکیل غلاف است و چنانچه این گیاه مرحله گلدهی و غلاف دهی را بدون تنش آب رد نماید، عملکرد دانه آن کاهش نمی‌یابد (Nayyar et al., 2005; Rezvani Moghaddam and Sadeghi Samarjan, 2008). لذا در این تحقیق چون نیاز آبی نخود در مراحل گلدهی و مراحل غلاف دهی توسط بارندگی‌های فصل تأمین شده بود، مزرعه شرایط دیم دچار تنش خشکی نشد. اگرچه در زمان دانه بستن و دوره رسیدگی گیاه فیزیولوژیکی یک مرحله آبیاری تکمیلی در شرایط نرمال انجام گرفت، اما این آبیاری تکمیلی منجر به اختلاف عملکرد دانه و سایر صفات اقتصادی در بین دو محیط نشد. لذا، به دلیل معنی‌دار نشدن اثر متقابل ژنوتیپ در محیط و همچنین نبود اختلاف بین دو محیط برای اکثر صفات، داده‌های نرمال و دیم به‌صورت مرکب تجزیه نشدند، بلکه نتایج به‌صورت لاتیس مربع در چهار تکرار (دو تکرار در شرایط نرمال بعلاوه دو تکرار در شرایط دیم) تجزیه و تحلیل شدند.

که در آن  $N_{ijkl} = \varepsilon_{ij(k-1)l} + \varepsilon_{ij(k+1)l}$  و  $M_{ijkl} = \varepsilon_{ijk(l-1)} + \varepsilon_{ijk(l+1)}$  به ترتیب متوسط خطای کرت‌های همسایه در ردیف و ستون هستند و اثر متقابل این دو جز است.  $\pi_{jh}$  ضریب رگرسیون هر یک از اجزا تعریف شده در مدل‌های ۳ و ۴ است.

برای محاسبه مزیت نسبی مدل‌ها نسبت به طرح بلوک‌های کامل تصادفی از روش زیر استفاده شد (Sarker and Singh, 2015):

$$\text{Efficiency\%} = \frac{\text{Mse(RCBD)}}{\text{Mse(The method)}} \quad [5]$$

برای محاسبه همبستگی ژنتیکی از روش هالند (Holland, 2006)، برای محاسبه وراثت‌پذیری عمومی از روش نیکست و بیکر (Nyquist and Baker, 1991) استفاده شد. همچنین برای محاسبه بهره ژنتیکی از رابطه زیر استفاده شد (Roff, 2012; Sarker and Singh, 2015):

$$GA = \frac{ih\sqrt{V_g}}{\bar{Y}} \quad [6]$$

که GA بهره ژنتیکی به‌عنوان درصدی از میانگین،  $i$  شدت انتخاب ژنتیکی است که با استفاده از رابطه زیر محاسبه شد؛

$$i = \frac{1}{p\sqrt{2\pi}} e^{-z_p^2/2} \quad [7]$$

که در آن P صدک بالای توزیع نرمال استاندارد است که در این تحقیق ۵٪، ۱۰٪ و ۲۰٪ در نظر گرفته شد. مقدار  $i$  به ترتیب برای مقادیر ۵، ۱۰ و ۲۰ درصد به ترتیب ۱/۷۵۵، ۱/۴ و ۲/۰۶۳ در نظر گرفته شد؛  $h$  ریشه دوم وراثت‌پذیری عمومی؛  $V_g$  واریانس ژنتیکی مربوط به ژنوتیپ‌ها و  $\bar{Y}$  برآورد میانگین صفت می‌باشند.

از برآوردگرهای ANOVA مدل III و REML برای تجزیه و تحلیل داده‌ها استفاده شد. تمامی تجزیه‌ها با نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۲ انجام گرفت. برای محاسبات مدل‌های مکانی از برنامه‌های ارائه شده توسط فدرر و همکاران (Fedrer et al., 1995; 1996; 1997) استفاده شد.

## نتایج و بحث

نتایج جدول تجزیه واریانس ژنوتیپ‌های نخود به روش مرکب در دو شرایط محیطی نرمال و دیم در جدول ۲ نشان داده شد. این نتایج نشان داد که بین دو محیط نرمال و دیم در

جدول ۱. میزان بارش ماه‌های فروردین، اردیبهشت و خرداد سال ۱۳۹۷ در شهرستان خرم‌آباد (هواشناسی شهرستان خرم‌آباد)  
 Table 1. Precipitation in April, May and June 2018 in Khorramabad Province (Meteorological station of Khorramabad)

فروردین April			اردیبهشت May				خرداد June				
بارندگی (میلی‌متر)		بارندگی (میلی‌متر)	بارندگی (میلی‌متر)		بارندگی (میلی‌متر)		بارندگی (میلی‌متر)		بارندگی (میلی‌متر)		
روز Da	Rainfall (mm)	روز Da	Rainfall (mm)	روز Day	Rainfall (mm)	روز Da	Rainfall (mm)	روز Da	Rainfall (mm)	روز Da	Rainfall (mm)
1	0	16	9.2	1	0.01	16	2	1	0.01	16	1.5
2	0	17	0	2	11.9	17	0	2	2.6	17	0
3	0	18	46.7	3	24.8	18	0	3	0.3	18	0
4	0	19	6.8	4	5.7	19	18.3	4	0	19	0
5	0	20	0.2	5	0	20	13.8	5	0	20	0
6	0	21	0	6	0	21	6.6	6	0	21	0
7	0	22	0	7	6.3	22	6.1	7	0	22	0
8	0	23	3.6	8	16	23	3.8	8	0	23	0
9	0	24	6.7	9	29.4	24	0	9	0	24	0
10	0.01	25	1.5	10	3	25	0.01	10	0.8	25	0
11	5.8	26	8.2	11	0.01	26	0	11	0.1	26	0
12	0	27	0	12	0	27	0.01	12	0.3	27	0
13	0	28	15	13	0	28	0	13	6.5	28	0
14	0	29	0	14	4	29	0	14	0	29	0
15	0	30	0	15	0	30	0	15	0	30	0
		31	0			31	0			31	0

جدول ۲. تجزیه واریانس مرکب مربوط به صفات نخود در دو شرایط آبی و دیم  
 Table 2. Combined analysis of variance of Chickpea traits in normal and drought conditions

S.O.V	منابع تغییرات	درجه آزادی df	روز تا رسیدگی Days to Maturity	روز تا گلدهی Days to Flowering	تعداد شاخه ثانویه Number of Secondary Branches	تعداد شاخه اولیه Number of Primary Branches	شاخص برداشت Harvest Index	وزن صد دانه 100 Seeds Weight
Environment (E)	محیط	1	32.90 <sup>ns</sup>	64.19 <sup>ns</sup>	313.71 <sup>ns</sup>	0.847 <sup>ns</sup>	0.01 <sup>ns</sup>	49.74 <sup>ns</sup>
Replication (R)/E	تکرار/محیط	2	11.78	471.72	132.45	0.851	297.59	32.08
Row (E×R)	ردیف/تکرار × محیط	28	-	-	14.24 <sup>ns</sup>	0.194 <sup>ns</sup>	22.77 <sup>**</sup>	6.29 <sup>ns</sup>
Column (E×R)	ستون/تکرار × محیط	28	2.70 <sup>ns</sup>	-	13.15 <sup>ns</sup>	0.272 <sup>ns</sup>	12.74 <sup>**</sup>	4.00 <sup>ns</sup>
Genotype (G)	ژنوتیپ	63	4.99 <sup>ns</sup>	62.47 <sup>**</sup>	18.63 <sup>**</sup>	0.327 <sup>**</sup>	23.77 <sup>**</sup>	22.74 <sup>**</sup>
G×E	ژنوتیپ × محیط	63	2.17 <sup>ns</sup>	18.18 <sup>ns</sup>	8.60	0.191	7.75 <sup>ns</sup>	4.34 <sup>ns</sup>
Error	خطا	66	2.93	14.52	9.778	0.181	8.48	4.52
CV%	ضریب تغییرات (%)	-	1.45	4.67	19.96	16.5	10.04	7.76

ns, \* و \*\* به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد  
 ns, \* and \*\*: Not significant, significant at the 5% and 1% probability levels, respectively

جدول ۲. ادامه

Table 2. Continued

S.O.V	منابع تغییرات	درجه آزادی	وزن خشک ریشه	طول ریشه	ارتفاع گیاه	وزن غلاف	عملکرد بیولوژیک	عملکرد دانه
S.O.V		df	Root Dry Weight	Root Length	Plant Height	Pod Weight	Biological Yield	Grain Yield
Environment (E)	محیط	1	1.7*	12.13 <sup>ns</sup>	358.06 <sup>ns</sup>	266.25**	3712137 <sup>ns</sup>	320480 <sup>ns</sup>
Replication (R)/E	تکرار/محیط	2	0.063	19.773	176.70	1.20	11488388	191780
Row (E×R)	ردیف/تکرار×محیط	28	0.063 <sup>ns</sup>	-	50.61**	7.63 <sup>ns</sup>	1982223**	302889**
Column (E×R)	ستون/تکرار×محیط	28	0.052 <sup>ns</sup>	3.379 <sup>ns</sup>	48.67**	6.88 <sup>ns</sup>	1611242**	156782 <sup>ns</sup>
Genotype (G)	ژنوتیپ	63	0.055 <sup>ns</sup>	6.211**	54.91**	5.22 <sup>ns</sup>	1475759**	261523**
G×E	ژنوتیپ×محیط	63	0.036 <sup>ns</sup>	3.015 <sup>ns</sup>	29.52**	6.37 <sup>ns</sup>	1011478 <sup>ns</sup>	106397 <sup>ns</sup>
Error	خطا	66	.056	3.682	21.95	6.27	690299.3	97017
CV%	ضریب تغییرات (%)	-	27.08	15.95	6.78	23.7	11.63	15.10

ns, \* و \*\* به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

ns, \* and \*\*: Not significant, significant at the 5% and 1% probability levels, respectively

شد (جدول ۳). برای صفت عملکرد مقدار آماره 2RLL- در مدل RCBD، ۲۸۵۸ است و در مدل NN، ۲۶۴۵/۷ بود که نشان‌دهنده برتری مدل NN بر مدل RCBD بود (جدول ۳). در شکل ۱ مقدار عملکرد دانه واقعی در مقابل مقادیر پیش‌بینی شده توسط دو مدل بلوک و نزدیک‌ترین همسایه ترسیم شده است. همان‌طور که از این شکل پیداست مقادیر پیش‌بینی شده عملکرد دانه با مدل نزدیک‌ترین همسایه در اکثر نقاط منطبق بر مقدار واقعی عملکرد دانه هستند که کفایت پیش‌بینی این مدل را نشان می‌دهد. در آزمایش‌های مزرعه‌ای، خطای موجود در فضای مزرعه به روش‌های مختلفی کنترل می‌شود که می‌توان به بلوک‌بندی آزمایش‌های، استفاده از متغیرهای کوواریت در مدل و همچنین استفاده از مدل‌های مکانی برای توجیه تغییرات رونددار استفاده کرد (Piepho et al., 2008; Singh et al., 2010; Sarker and Singh, 2015). مؤثر بودن یک مؤلفه که دربرگیرنده خطای حاصل از ناهمگنی آزمایش باشد صرفاً به شرایط اختصاصی مزرعه و جایی که آزمایش اجرا می‌شود بستگی دارد. هر مقدار که بتوان خطاهایی روند دار و فاقد روند را با کمک مدل‌های آماری از خطای کل کم کرد، میزان دقت آزمایش بالاتر می‌رود. امروزه عمده طرح‌های آزمایش در

پس از ادغام داده‌های شرایط نرمال و دیم، تجزیه واریانس به روش طرح بلوک‌های کاملاً تصادفی و لاتیس بر روی داده‌ها انجام گرفت. نتایج نشان داد که مدل مکانی (۴) یعنی مدل نزدیک‌ترین همسایه بهترین مدل خطی برای بررسی و مقایسه میانگین داده‌ها است. این مدل دارای کمترین آماره -2 RLL Res Log Likelihood بود. هرچه مقدار این آماره کمتر باشد کفایت مدل برای توجیه متغیر پاسخ بهتر است. اگر بخواهیم کفایت دو مدل را با هم مقایسه کنیم دو کمیت 2 RLL- و درجه آزادی برای مقایسه آن دو مدل لازم است. برای مقایسه کافی است که تفاوت آماره 2 RLL- دو مدل را با تفاوت کای‌اسکوئر مربوط به درجه آزادی دو مدل مقایسه کنیم، اگر تفاوت آماره 2 RLL- دو مدل بیشتر از تفاوت کای‌اسکوئر مربوط به درجه آزادی دو مدل بود، بنابراین مدلی که کمترین 2 RLL- را داشته باشد، مدل برتری است. اگر تفاوت آماره 2 RLL- کمتر از تفاوت کای‌اسکوئر مربوط به درجه آزادی دو مدل بود، مدلی که کمترین درجه آزادی کای‌اسکوئر را داشته باشد به‌عنوان مدل برتر انتخاب می‌شود (Littell et al., 2006). در این تحقیق، مدل مکانی نزدیک‌ترین همسایه (مدل ۴) به دلیل اختلاف معنی‌دار با سایر مدل‌ها به‌عنوان مدل برتر برای تمامی صفات شناخته

مزیت نسبی مدل نزدیک‌ترین همسایه نسبت به طرح بلوک‌های کامل تصادفی نیز در جدول ۳ نشان داده شده است. مزیت نسبی برای تمامی صفات بین ۱۰۲ تا ۱۳۱ درصد بود که بالاترین مزیت نسبی مربوط به عملکرد بیولوژیک بود و کمترین مربوط به تعداد شاخه اولیه بود. مزیت نسبی بدین معناست اگر اختلاف دقیق بین تیمارها با آزمایش‌های بلوک انجام شود می‌توان از ۲ تا ۳۰ درصد کاهش در تکرار آزمایش‌های، همان نتایج را با کمک آزمایش‌های بلوک‌های ناقص مانند طرح‌های لاتیس و یا طرح‌های مکانی به دست آورد.

مزرعه تغییرات مکانی موجود در مزرعه را صرفاً با بلوک‌بندی محاسبه می‌کنند. اگرچه می‌توان با اجرای طرح‌های که میزان تغییرات ماده آزمایشی را بهتر از طرح بلوک مدل‌سازی می‌کنند، پیشرفت انتخاب حاصل از آزمایش‌های مزرعه‌ای را بهبود بخشید (Sarker and Singh, 2015). امروزه طرح‌هایی با تکرارهای ناقص (p-rep) (Cullis et al., 2006)،  $\alpha$ -designs (Williams et al., 2014) به همراه بسته‌های نرم‌افزاری مختلف R (R Development Core Team, 2011) و یا بسته DiGger (Coombes, 2009) زمینه‌های مناسبی برای برنامه‌های اصلاحی گیاهان برای انتخاب دقیق مواد ژنتیکی فراهم کرده‌اند. در این آزمایش

جدول ۳. بررسی درست‌نمایی مدل‌های خطی مکانی با استفاده از آماره  $-2 \text{ Res Log Likelihood}$  برای تجزیه تحلیل صفات نخود در طرح لاتیس مربع

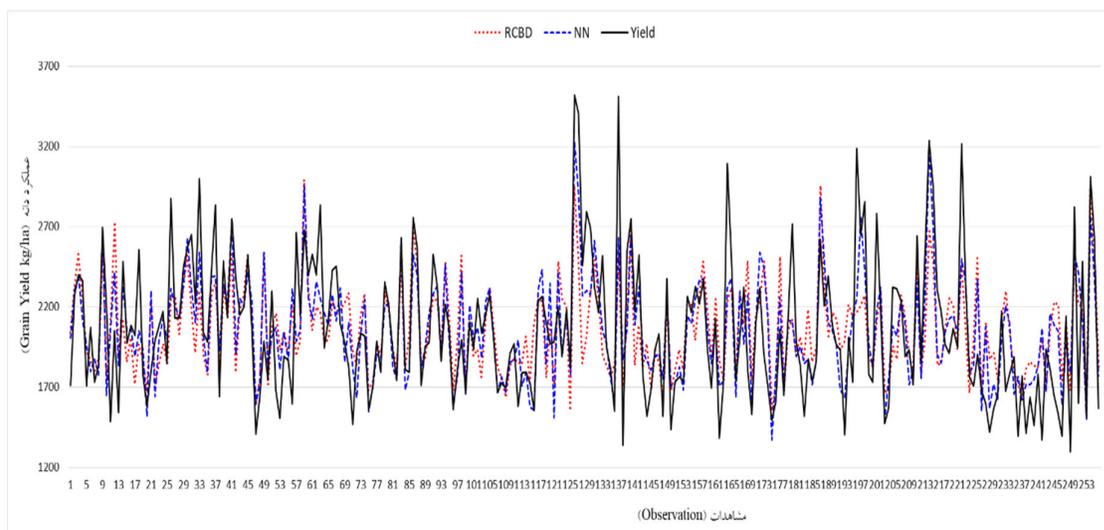
**Table 3. Reliability of spatial linear models using  $-2 \text{ Res Log Likelihood}$  statistic for analyzing chickpea traits in Lattice square design**

نوع مدل Model Type	روز تا رسیدگی Days to Maturity	روز تا گلدهی Days to Flowering	تعداد شاخه		شاخص برداشت Harvest Index	وزن صد دانه 100 Seeds Weight
			تعداد شاخه ثانویه Number of Secondary Branches	تعداد شاخه اولیه Number of Primary Branches		
طرح بلوک‌های کامل تصادفی Randomized Complete Block Design	809.43	1076.89	1090.09	326.08	1092.79	926.71
مدل (۱) Model(1)	809.43	1076.44	1081.78	324.43	1079.92	924.30
مدل (۲) با ضریب خطی سطر Model (2) with linear coefficient of row	809.43	1076.44	1078.31	322.78	1070.43	912.58
مدل (۲) با ضریب خطی ستون Model (2) with linear coefficient of column	806.07	1076.11	1079.76	320.71	1078.01	920.31
مدل (۲) با ضریب خطی سطر و ستون Model (2) with linear coefficient of row and Column	806.07	1076.11	1077.71	318.81	1069.98	911.64
مدل (۲) با ضریب خطی و کوادراتیک سطر و ستون Model (2) with Quadratic coefficient of row and Column	802.19	1076.11	1077.60	318.61	1062.42	909.74
مدل (۳) Model (3)	807.30	1072.77	1068.98	321.93	1063.31	904.52
مدل (۴) Model (4)	755.33	786.36	1003.97	305.86	994.45	855.14
نزدیک‌ترین همسایه Nearest neighbor						
مزیت نسبی مدل نزدیک‌ترین همسایه به طرح بلوک The relative advantage of the nearest neighbor model to the block design	108.19	107.32	116.3	102.2	127.06	111.31

Table 3. Continued

جدول ۳. ادامه

Model Type	نوع مدل	وزن خشک ریشه Root Dry Weight	طول ریشه Root Length	ارتفاع گیاه Plant Height	وزن غلاف Pod Weight	عملکرد بیولوژیک Biological Yield	عملکرد دانه Grain Yield
Randomized Complete Block Design	طرح بلوک‌های کامل تصادفی	68.81	851.71	1289.09	976.54	3253.83	2858.00
Model(1)	مدل (۱)	66.45	851.71	1281.84	976.54	3242.37	2842.85
Model (2) with linear coefficient of row	مدل (۲) با ضریب خطی سطر	65.66	850.99	1281.28	975.57	3231.10	2834.53
Model (2) with linear coefficient of column	مدل (۲) با ضریب خطی ستون	65.16	851.71	1281.78	976.47	3238.15	2841.24
Model (2) with linear coefficient of row and Column	مدل (۲) با ضریب خطی سطر و ستون	64.20	850.98	1281.28	975.43	3230.23	2833.95
Model (2) with Quadratic coefficient of row and Column	مدل (۲) با ضریب خطی و کوادراتیک سطر و ستون	64.04	850.53	1281.28	975.43	3218.39	2827.82
Model (3)	مدل (۳)	60.14	851.34	1282.56	974.63	3222.91	2843.98
Model (4)	مدل (۴)	57.51	790.50	1196.10	910.04	3004.56	2645.7
Nearest neighbor	نزدیک‌ترین همسایه						
	مزیت نسبی مدل نزدیک‌ترین همسایه به طرح بلوک	109.37	102.33	109.01	103.76	131.02	121.65
<b>The relative advantage of the nearest neighbor model to the block design</b>							



شکل ۱. مقایسه عملکرد دانه واقعی (Yield) با مقدار پیش‌بینی شده توسط مدل بلوک‌های کامل تصادفی (RCBD) و مدل نزدیک‌ترین همسایه (NN)

Fig. 1. Comparison of real yield (Yield) with predicted grain yield by RCBD model and nearest neighbor model (NN)

برآورد میانگین ژنوتیپ‌ها دارد (جدول ۵). به دلیل حجم زیاد داده‌ها مقایسه میانگین برای سایر صفات نشان داده نشد. اختلاف برآورد میانگین این دو مدل ناشی از اثرات متغیرهای کوواریت در مدل نزدیک‌ترین همسایه است که میانگین‌ها بر اساس این کوواریت‌ها تصحیح می‌شوند. در تحقیق سینگ و همکاران (Singh et al., 2003) نیز تفاوت‌های قابل‌ملاحظه‌ای در رتبه برآورد میانگین ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه بالا توسط مدل بلوک‌های کامل تصادفی، مدل لاتیس و بهترین مدل مکانی مشاهده شد. آن‌ها پیشنهاد دادند که برآورد میانگین‌ها، بهتر است بر اساس مدل‌هایی که دارای مزیت نسبی بالایی هستند انجام شود زیرا ژنوتیپ‌های انتخابی در آزمایش‌های اصلاحی بکار گرفته می‌شوند و انتخاب یک ژنوتیپ، روند آزمایش‌های اصلاحی مراحل بعد را تحت تأثیر قرار می‌دهد.

برآورد وراثت‌پذیری عمومی صفات مختلف نشان داد که اکثر صفات مورد مطالعه دارای وراثت‌پذیری بین ۰/۳۹ تا ۰/۷۵ بودند (جدول ۶). اگرچه در صفت وزن غلاف به دلیل صفر شدن واریانس ژنتیکی، وراثت‌پذیری مدل محاسبه نشد. در صفت وزن خشک ریشه نیز میزان وراثت‌پذیری بر اساس میانگین کرت‌ها برابر با ۰/۱۴ بود که وراثت‌پذیری پایینی محسوب می‌شود. به نظر می‌رسد که وزن خشک ریشه از وراثت‌پذیری پایینی برخوردار باشد. در تحقیق سراج و همکاران (Serraj et al., 2004) نیز وراثت‌پذیری وزن خشک ریشه را در حدود ۰/۲۲ برآورد کردند که با تحقیق حاضر تا حدودی مطابقت داشت. همچنین وراثت‌پذیری صفت عملکرد دانه را ۰/۲۳٪، شاخص برداشت بین ۳۰ تا ۵۰٪، روز تا گلدهی را بین ۵۰ تا ۸۴٪ و روز تا رسیدگی را بین ۴۸ تا ۷۱٪ گزارش کردند. در تحقیق حاضر وزن صد دانه وراثت‌پذیری بالایی برخوردار بود (جدول ۶). در تحقیق آرورا و جینا (Arora and Jeena, 2001) نیز با ارزیابی ۴۰ ژنوتیپ مختلف نخود، بیشترین تنوع و پیشرفت ژنتیکی را برای وزن صد دانه و سپس تعداد شاخه‌های اولیه دانستند. همچنین، صفات مورد مطالعه آن‌ها نیز دارای بهره ژنتیکی بالایی بودند و بیشترین بهره ژنتیکی مربوط به وزن صد دانه بود که با تحقیق حاضر در توافق بود. کومار و همکاران (Kumar et al., 2001) نیز با مطالعه ۲۶ ژنوتیپ نشان دادند که تعداد غلاف در هر بوته بیشترین تنوع ژنتیکی و سپس به ترتیب تعداد شاخه‌های ثانویه در گیاه، عملکرد دانه در بوته و وزن صد دانه بیشترین وراثت‌پذیری را دارا بودند. ساندهو و همکاران

در مطالعات سینگ و همکاران (Singh et al., 2003) نیز مزیت‌نسبی طرح‌های مکانی نسبت به مدل بلوک‌های کامل تصادفی به‌طور متوسط ۳۳۶ درصد برای آزمایش‌های نخود، ۱۴۱ درصد برای آزمایش‌های عدس و ۱۵۲ درصد برای آزمایش‌های جو بود که با نتایج این تحقیق در تطابق بود. همچنین مدل‌های لاتیس مربع نسبت به مدل بلوک‌های کامل تصادفی برای نخود، عدس و جو به ترتیب ۲۱۳، ۱۲۰ و ۱۰۵ درصد مزیت نسبی داشتند. سارکر و همکاران (Sarker et al., 2001) بر روی ۵۳ آزمایش مختلف عدس نشان دادند که روند تغییرات ماده‌آزمایشی در طول ردیف‌ها، تغییرات یک‌طرفه در بلوک‌های ناقص، تغییرات دوطرفه در سطر و ستون در آزمایش‌ها وجود دارد که با نتایج این تحقیق در تطابق بود.

تجزیه واریانس به روش نزدیک‌ترین همسایه برای صفات مختلف در جدول ۴ نشان داده شده است. اختلاف بین ژنوتیپ‌ها در تمامی صفات به‌جز وزن غلاف و وزن خشک ریشه در سطح احتمال ۰/۰۱ معنی‌دار بود. مقایسه میانگین صفات عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک به روش LSD به همراه رتبه عملکرد ژنوتیپ‌ها با روش برآورد میانگین به دو روش بلوک‌های کامل تصادفی و نزدیک‌ترین همسایه به همراه نام و شجره ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در جدول ۵ نشان داده شده است. همان‌طور که در این جدول نشان داده شده است رتبه ژنوتیپ‌ها در دو مدل برای دو صفت متفاوت است و چون مدل نزدیک‌ترین همسایه، از نظر خطای آزمایش و همچنین پیش‌بینی بهتر متغیرها مدل مناسب‌تری است، لذا رتبه ژنوتیپ‌های مربوط به مدل نزدیک‌ترین همسایه برای انتخاب ژنوتیپ برتر مورد استفاده قرار گرفت (جدول ۵). به‌طور کلی در مقایسه میانگین به روش مدل نزدیک‌ترین همسایه برای صفت عملکرد دانه به ترتیب ژنوتیپ‌ها G12، G09، G59، G41 و G30 به ترتیب برترین رتبه‌های عملکرد را به خود اختصاص دادند و برای صفت عملکرد بیولوژیک ژنوتیپ‌های G09، G41، G59، G11 و G21 برترین رتبه‌ها را به خود اختصاص دادند. در صورتی که در مدل بلوک‌های کامل تصادفی رتبه عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک ژنوتیپ‌ها کاملاً با روش مدل نزدیک‌ترین همسایه انطباق ندارند (جدول ۵). اختلاف رتبه ژنوتیپ‌ها در صفت عملکرد دانه در این دو مدل بین ۱۸- تا ۱۵+ برآورد شد. همچنین اختلاف رتبه ژنوتیپ‌ها در صفت عملکرد بیولوژیک در دو مدل مذکور بین ۲۳- تا ۱۷+ برآورد شد که نشان از تأثیر مدل تجزیه واریانس بر

دارند بهتر است که از گزینش‌های دوره‌ای و تلاقی‌های دوره‌ای استفاده شود. در تحقیق چاوهان (Chauhan, 2011) درصد پیشرفت ژنتیکی نسبت به میانگین را برای صفات مختلف نخود بین ۱/۳ درصد تا ۵۷ درصد گزارش کردند که کمترین بهره ژنتیکی مربوط به روز تا رسیدگی بود و بیشترین بهره ژنتیکی نسبت به میانگین مربوط به وزن صد دانه بود. برای صفت عملکرد دانه نیز بهره ژنتیکی ۴۷ درصد گزارش کردند. پارامتر وراثت‌پذیری به همراه بهره ژنتیکی معیار مناسبی نسبت به صرفاً وراثت‌پذیری هستند، چون که پیشرفت ژنتیکی حاصل از انتخاب قابل پیش‌بینی است و به‌ویژه اگر بهره ژنتیکی نسبت به میانگین برآورد شود معیار قابل‌اعتمادتری برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر است.

(Sandhu et al., 1991) نیز وراثت‌پذیری بالایی برای عملکرد دانه و وزن ۱۰۰ دانه و وراثت‌پذیری پایینی برای ارتفاع بوته، تعداد شاخه‌های اولیه و ثانویه، تعداد غلاف در بوته و تعداد دانه در بوته نخود گزارش کردند که با تحقیق حاضر در توافق بود.

نتایج تجزیه بهره ژنتیکی نشان داد که می‌توان با شدت گزینش ۱۰٪ از مواد ژنتیکی برتر، بین ۳ تا ۱۵ درصد پیشرفت ژنتیکی در مواد اصلاحی موردنظر انتظار داشت. بهره گزینش در صفت عملکرد دانه به‌عنوان مهم‌ترین صفت اقتصادی نخود با فشار گزینشی ۵، ۱۰ و ۲۰ درصد به ترتیب ۱۷، ۱۴ و ۱۱ درصد بود. به دلیل وراثت‌پذیری پایین وزن خشک ریشه، در شدت گزینش‌های متفاوت درصد بهره ژنتیکی مورد انتظار بین ۳ تا ۵ است. برای اصلاح صفاتی که وراثت‌پذیری پایین

جدول ۴. تجزیه واریانس به روش نزدیک‌ترین همسایه (مدل ۴) برای صفات مختلف نخود

Table 4. Analysis of variance using Nearest Neighbor approach (model 4) for different chickpea traits

S.O.V	منابع تغییرات	درجه آزادی df	روز تا		تعداد شاخه ثانویه Number of Secondary Branches	تعداد شاخه اولیه Number of Primary Branches	شاخص برداشت Harvest Index	وزن صد دانه 100 Seeds Weight
			رسیدگی Days to Maturity	روز تا گلدهی Days to Flowering				
Genotype	ژنوتیپ	63	4.88**	50.38**	21.72**	0.34**	22.17**	27.77**
Replication	تکرار	3	6.42 <sup>ns</sup>	38.21 <sup>ns</sup>	39.84**	0.60*	30.35*	21.24**
RNN×Rep	تکرار×RNN	4	4.08 <sup>ns</sup>	27.27 <sup>ns</sup>	32.66*	0.09 <sup>ns</sup>	41.23**	16.81**
CNN×Rep	تکرار×CNN	4	3.29 <sup>ns</sup>	27.85 <sup>ns</sup>	27.65*	0.17 <sup>ns</sup>	42.25**	8.79 <sup>ns</sup>
RNN×CNN×Rep	تکرار×RNN×CNN	4	2.90 <sup>ns</sup>	11.71 <sup>ns</sup>	14.08 <sup>ns</sup>	0.26 <sup>ns</sup>	12.59 <sup>ns</sup>	4.69 <sup>ns</sup>
Error	خطا	160	2.44	14.71	9.96	0.20	9.24	4.42

Table 4. Continued

جدول ۴. ادامه

S.O.V	منابع تغییرات	درجه آزادی df	وزن خشک ریشه		ارتفاع گیاه Plant Height	وزن غلاف Pod Weight	عملکرد بیولوژیک Biological Yield	عملکرد دانه Grain Yield
			ریشه Root Dry Weight	طول ریشه Root Length				
Genotype	ژنوتیپ	63	0.055 <sup>ns</sup>	5.79**	51.98**	6.35 <sup>ns</sup>	1571874**	268486**
Replication	تکرار	3	0.453**	9.00*	139.08**	72.81**	411261 <sup>ns</sup>	422869*
RNN×Rep	تکرار×RNN	4	0.085 <sup>ns</sup>	5.43 <sup>ns</sup>	114.81**	11.67 <sup>ns</sup>	3795998**	380495*
CNN×Rep	تکرار×CNN	4	0.120*	4.02 <sup>ns</sup>	90.53*	2.07 <sup>ns</sup>	4968373**	757890**
RNN×CNN×Rep	تکرار×RNN×CNN	4	0.051 <sup>ns</sup>	0.67 <sup>ns</sup>	30.69 <sup>ns</sup>	15.07*	1764078 <sup>ns</sup>	346262*
Error	خطا	160	0.047	3.25	31.09	6.12	891721	120001

<sup>ns</sup>, \* and \*\*: Not significant, significant at the 5% and 1% probability levels, respectively

جدول ۵. نام و شجره ژنوتیپ‌های نخود به همراه عملکرد و عملکرد بیولوژیک برآورد شده در مدل‌های بلوک‌های کامل تصادفی و نزدیک‌ترین همسایه

Table 5. The name and pedigree of chickpea genotypes along with the yield and biological yield estimates using randomized complete block and nearest neighbor models

نام و شجره ژنوتیپ Name and Pedigree	شماره ژنوتیپ No. Genotype	اختلاف رتبه دو نوع برآورد		رتبه عملکرد بیولوژیک		برآورد میانگین عملکرد بیولوژیک		رتبه عملکرد دانه		برآورد میانگین عملکرد دانه	
		The difference of rank is two types of estimation	Biological Yield	Grain Yield	Biological Yield Rank	Estimated Biological Yield Mean	Estimated Biological Yield Mean	Grain Yield Rank	Grain Yield Rank	Estimated Grain Yield Mean	Estimated Grain Yield Mean
		عملکرد بیولوژیک Biological Yield	عملکرد دانه Grain Yield	طرح بلوک RCBD	نزدیک‌ترین همسایه Nearest Neighbor	طرح بلوک RCBD	نزدیک‌ترین همسایه Nearest Neighbor	طرح بلوک RCBD	نزدیک‌ترین همسایه Nearest Neighbor	طرح بلوک RCBD	نزدیک‌ترین همسایه Nearest Neighbor
FLIP05-59C	G01	13	2	21	34	7356.5	7131.42	34	36	2006.25	1972.02
FLIP05-33C	G02	10	2	19	29	7392.5	7244.52	12	14	2285.85	2298.31
X03TH177-88K2	G03	-2	3	12	10	7647.5	7842.73	5	8	2496.88	2415.51
X03TH28-88K10	G04	6	0	11	17	7672	7643.38	18	18	2228.88	2246.53
X03TH28-88K14	G05	-4	3	52	48	6555.5	6741.68	41	44	1896.13	1898.37
X03TH28-88K1	G06	14	4	29	43	7159	6881.86	50	54	1836.43	1774.89
X03TH152-88K6	G07	-2	-2	15	13	7594	7715.16	55	53	1763.68	1795.4
X03TH134-88K7	G08	14	10	24	38	7299.5	7027.07	47	57	1851.83	1756.64
X03TH134-88K15	G09	0	0	1	1	9352	9397.72	3	3	2525.83	2466.69
FLIP09-21C	G10	11	1	38	49	6994	6708.46	59	60	1704.05	1681.79
X03TH164-88K3	G11	0	4	4	4	8504	8168.62	28	32	2112.88	2081.07
Bivanij	G12	3	0	6	9	8056.5	8022.25	2	2	2697.45	2583.55
X03TH28-88K13	G13	2	-6	56	58	6438.5	6476.9	49	43	1840.75	1902.94
ICCV2/HASHEM	G14	-23	-18	46	23	6718	7483.26	30	12	2091.83	2308.6
TDSTDS-Maragheh90-89/Gn-PR-93-13/Gn-PR-94-6	G15	-3	-9	62	59	6149	6421.92	51	42	1823.33	1918.07
AZAD	G16	-4	1	60	56	6217.5	6568.92	36	37	1976.58	1968.59
TDS-Maragheh90-155/Gn-PR-93-25/Gn-PR-94-16	G17	-1	2	63	62	6132	6275.83	61	63	1684.8	1605.3
TDS-Maragheh90-213/Gn-PR-93-36/Gn-PR-94-24	G18	6	1	45	51	6757.5	6678.82	40	41	1932.98	1919.45
TDS-Maragheh90-217/Gn-PR-93-38/Gn-PR-94-26	G19	-4	1	43	39	6799.5	7021.58	48	49	1842.7	1823.74
TDS-Maragheh90-221/Gn-PR-93-39/Gn-PR-94-27	G20	6	-2	55	61	6527	6313.01	63	61	1639.33	1637.48
TDS-Maragheh90-210/Gn-PR-93-35/Gn-PR-94-23	G21	-3	-1	8	5	7830	8138.19	20	19	2208.23	2236.43
TDS-Maragheh90-162/Gn-PR-93-27/Gn-PR-94-17	G22	12	2	41	53	6882.5	6627.83	60	62	1685.2	1625.34
TDS-Maragheh90-90/Gn-PR-93-14/Gn-PR-94-7	G23	-2	-4	59	57	6261.5	6567.15	52	48	1816.1	1833.28
BIVANIJ*SEL95TH1716K3	G24	5	-3	39	44	6954.5	6879.8	38	35	1936.98	1981.72
Local(Turkey)/Gn-PR-93-19/Gn-PR-94-11	G25	6	6	57	63	6366.68	6107.93	53	59	1811.66	1691.97
SAR80J78K2-87	G26	10	-1	17	27	7399.5	7390.5	17	16	2234.6	2260.05

Table 5. Continued

جدول ۵. ادامه

نام و شجره ژنوتیپ Name and Pedigree	شماره ژنوتیپ No. Genotype	اختلاف رتبه دو نوع بر آورد The difference of rank is two types of estimation				رتبه عملکرد بیولوژیک Biological Yield Rank		بر آورد میانگین عملکرد بیولوژیک Estimated Biological Yield Mean		رتبه عملکرد دانه Grain Yield Rank		بر آورد میانگین عملکرد دانه Estimated Grain Yield Mean	
		عملکرد بیولوژیک Biological Yield	عملکرد دانه Grain Yield	طرح بلوک RCBD	نزدیک‌ترین همسایه Nearest Neighbor	طرح بلوک RCBD	نزدیک‌ترین همسایه Nearest Neighbor	طرح بلوک RCBD	نزدیک‌ترین همسایه Nearest Neighbor	طرح بلوک RCBD	نزدیک‌ترین همسایه Nearest Neighbor		
FLIP06-37C	G27	1	15	36	37	7069	7045.46	19	34	2227.58	2017.16		
FLIP06-31C	G28	-11	-6	44	33	6778	7143.29	35	29	1996.45	2090.14		
BIVANIJ*SEL95TH17 16K1	G29	-1	2	32	31	7091.5	7205.52	13	15	2275.93	2265.44		
SELS.P.L.K19-87	G30	-1	-3	7	6	7871.5	8084.02	7	4	2488.68	2464.68		
FLIP06-17C	G31	-6	2	26	20	7218.5	7547.05	22	24	2172.75	2181.2		
X03TH28-88K13	G32	3	2	37	40	7031	7004.56	43	45	1880.23	1872.88		
FLIP07-33C	G33	-8	-7	16	8	7591.5	8035.52	14	7	2253.1	2431.5		
FLIP09-14C	G34	17	11	9	26	7674.5	7429.69	45	56	1860.8	1757.29		
TDS-Maragheh90- 250/Gn-PR-93-52/Gn- PR-94-37	G35	-12	1	54	42	6548	6943.97	57	58	1742.95	1699.51		
XO3TH180-88K7	G36	15	6	10	25	7672.5	7451.21	15	21	2251.4	2208.48		
FLIP09-44C	G37	-1	1	31	30	7098.5	7242.79	9	10	2323.55	2351.72		
FLIP90-96C X87TH26/ILC 5342//FLIP 84-93C FLIP86-6C	G38	5	1	40	45	6916.5	6869.51	54	55	1765.53	1761.24		
X81TH203//(ILC 3279(WH)/ILC 3355) 12-60-31/ILC482	G39	1	0	20	21	7376.5	7526.21	11	11	2291.88	2319.81		
IDKMAR-2008- OMAR-OMAR FLIP09-297C	G40	-10	-4	42	32	6880.5	7163.54	29	25	2098.93	2106.4		
X04TH149/S00547//FLI P98-233C	G41	-1	-1	3	2	8629	8793.88	6	5	2493.58	2464.45		
FLIP97-85C	G42	-8	-6	58	50	6354.5	6687.1	56	50	1756	1818.51		
ILC4291	G43	10	4	14	24	7618.5	7453.48	24	28	2144.73	2090.95		
FLIP09-58C X04TH176/FLIP95- 68C//FLIP97-205C	G44	-5	6	23	18	7323.5	7642.83	16	22	2237.9	2191.08		
FLIP05-109C	G45	2	1	5	7	8082	8054.74	8	9	2487.2	2410.11		
FLIP09-12C	G46	-23	-8	34	11	7081	7840.34	25	17	2144.7	2256.19		
TDS-Maragheh90- 237/Gn-PR-93-48/Gn- PR-94-34	G47	-1	0	48	47	6625.5	6753.77	64	64	1559.1	1600.06		
TDS-Maragheh90- 292/Gn-PR-93-66/Gn- PR-94-45 FLIP09-37C	G48	-7	-7	61	54	6214.01	6620.96	58	51	1728.02	1813.16		
X04TH73/FLIP97- 195C//FLIP98- 108C/3/FLIP96-154C FLIP93-93C	G49	7	2	28	35	7166.74	7125.6	4	6	2516.75	2436.74		
X89TH258//FLIP 85- 122C/FLIP 82- 150C/3/FLIP 86-7C	G50	0	-10	64	64	5591	5901.9	62	52	1683	1811.74		

Table 5. Continued

جدول ۵. ادامه

نام و شجره ژنوتیپ Name and Pedigree	شماره ژنوتیپ No. Genotype	اختلاف رتبه دو نوع برآورد The difference of rank is two types of estimation		رتبه عملکرد بیولوژیک Biological Yield Rank		برآورد میانگین عملکرد بیولوژیک Estimated Biological Yield Mean		رتبه عملکرد دانه Grain Yield Rank		برآورد میانگین عملکرد دانه Estimated Grain Yield Mean	
		عملکرد بیولوژیک Biological Yield	عملکرد دانه Grain Yield	نزدیک‌ترین همسایه Nearest Neighbor	نزدیک‌ترین همسایه Nearest Neighbor	نزدیک‌ترین همسایه Nearest Neighbor	نزدیک‌ترین همسایه Nearest Neighbor	نزدیک‌ترین همسایه Nearest Neighbor	نزدیک‌ترین همسایه Nearest Neighbor	نزدیک‌ترین همسایه Nearest Neighbor	نزدیک‌ترین همسایه Nearest Neighbor
FLIP84-79C X80TH176/ILC 72//ILC 215	G51	-6	-4	18	12	7393.5	7719.12	31	27	2058.2	2098.08
FLIP98-121C X95TH42/FLIP 90- 15C/ILC 5362/3/FLIP 93-2C	G52	8	5	33	41	7089	6964.18	26	31	2125.9	2082.08
FLIP84-48C X81TH55/ILC 1920//ILC 2956	G53	-4	5	50	46	6603	6781.58	41	46	1896.13	1868.93
FLIP97-530C X94TH103//FLIP 91- 186C/FLIP 91- 96C/3/FLIP 90-109C	G54	-11	-7	27	16	7218	7645.08	33	26	2016.75	2099.6
FLIP97-281C X94TH75/FLIP 87- 58C//UC 15	G55	-15	-6	51	36	6599	7097.18	44	38	1877.5	1950.87
FLIP97-503C X94TH8/FLIP 86- 6C//FLIP 90-109C	G56	-7	-8	35	28	7077.5	7342.44	21	13	2187.15	2302.07
TDS-Maragheh90- 137/Gn-PR-93-18/Gn- PR-94-10	G57	-7	-7	22	15	7335.5	7696.07	46	39	1859.25	1935.3
TDS-Maragheh90- 152/Gn-PR-93-24/Gn- PR-94-15	G58	7	3	53	60	6553	6400.83	37	40	1956.13	1920.61
FLIP09-229C S00794(30 KR)- 13/FLIP	G59	1	0	2	3	9000.71	8686.81	1	1	2957.4	2848.97
FLIP09-285C X04TH143/FLIP00- 6C//FLIP97-205C	G60	6	10	13	19	7633	7555.07	10	20	2297.68	2233.88
ILC 484 ACC no 26783-68	G61	8	1	47	55	6656.5	6590.66	32	33	2020.33	2071.81
FLIP09-289C X04TH145/FLIP00- 14//FLIP98-137C	G62	3	7	49	52	6607.5	6661.56	23	30	2167.65	2088.75
ADEL	G63	-3	-4	25	22	7279	7521.66	27	23	2125.18	2183.91
TDS-Maragheh90- 239/Gn-PR-93-49/Gn- PR-94-35	G64	-16	8	30	14	7100.11	7696.44	39	47	1934.84	1864.25

مدل آماری خطی، به باقیمانده‌ها یا خطا اختصاص دارد. در همبستگی ژنتیکی اطلاعات ژنتیکی صرفاً در برآورد همبستگی دخیل می‌باشند و اطلاعات مربوط به خطای مدل از داده‌ها حذف می‌شود؛ بنابراین در صورتی که حجم داده‌ها بالا باشد، استفاده از مؤلفه‌های واریانس برای برآورد همبستگی ارجحیت بیشتری بر همبستگی فنوتیپی دارد

نتایج همبستگی ژنتیکی صفات مختلف با عملکرد دانه حاکی از همبستگی مثبت بین عملکرد دانه با عملکرد بیولوژیک (۰/۸۱)، شاخص برداشت (۰/۸۴) و طول ریشه (۰/۲۶) بود. عملکرد دانه با سایر صفات از جمله وزن خشک ریشه، ارتفاع گیاه، وزن صد دانه و روز تا رسیدگی دارای همبستگی منفی و معنی‌دار داشت. بخشی از اطلاعات هر

همکاران (Serraj et al., 2004) نیز همبستگی معنی‌داری بین وزن خشک ریشه و طول ریشه با عملکرد دانه مشاهده نشد که تا حدودی با تحقیق زیر در توافق بود. در این تحقیق همبستگی بین طول ریشه و عملکرد دانه اگرچه معنی‌دار بود اما مقدار آن کم بود.

(Ismaili et al., 2016). در تحقیق ارشد و همکاران (Arshad et al., 2004) نشان دادند که صفت عملکرد دانه در نخود با عملکرد بیولوژیک دارای همبستگی مثبت و با صفت روز تا گلدهی و تعداد شاخه اولیه همبستگی منفی دارد که با تحقیق حاضر مطابقت داشت. در تحقیق سراج و

جدول ۶. برآورد پارامترهای ژنتیکی مربوط به صفات مختلف نخود

Table 6. Estimation of Genetic Parameters for Chickpea Traits

Trait	صفت	بهره ژنتیکی با شدت گزینش Genetic Gain with percent intensity			وراثت‌پذیری بر پایه میانگین کرت Heritability (plot-basis)	همبستگی ژنتیکی با عملکرد دانه Genotypic Correlation with Grain Yield
		20%	10%	5%		
Grain Yield	عملکرد دانه	0.11	0.14	0.17	0.57±0.09	-
Biological Yield	عملکرد بیولوژیک	0.05	0.07	0.08	0.39±0.13	0.81±.11
Plant Height	ارتفاع گیاه	-0.03	-0.04	0.05	0.39±0.12	-0.27±.08
Root Length	طول ریشه	0.08	0.10	0.11	0.49±0.10	0.26±.10
Root Dry Weight	وزن خشک ریشه	0.02	0.03	0.04	0.14±0.18	-0.50±.21
100 Seeds Weight	وزن صد دانه	0.12	0.15	0.18	0.83±0.04	-0.48±.20
Harvest Index	شاخص برداشت	0.07	0.08	0.10	0.53±0.09	0.84±.08
Number of Primary Branches	تعداد شاخه اولیه	0.07	0.09	0.10	0.42±0.12	0.03±.13
	تعداد شاخه ثانویه	0.11	0.14	0.17	0.51±0.10	0.12±.17
Number of Secondary Branches						
Days to Flowering	روز تا گلدهی	0.05	0.07	0.08	0.75±0.05	-0.23±.16
Days to Maturity	روز تا رسیدگی	0.004	0.007	.01	0.46±0.11	-0.62±.18

حتی معرفی به کشاورزان معرفی کرد. به‌طور کلی پارامترهای ژنتیکی نشان دادند که اکثر صفات دامنه وراثت‌پذیری متوسط تا بالایی داشتند و صفت عملکرد دانه نیز دارای وراثت‌پذیری ۰/۵۷ بود. برای صفت عملکرد دانه با شدت گزینش ۱۰٪ از ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، می‌توان به ۱۴٪ بهره ژنتیکی مورد انتظار نسبت به میانگین کل صفت، دست‌یافت و از این بهره ژنتیکی می‌توان برای پیشرفت به‌نژادی این صفت استفاده کرد. به دلیل همبستگی ژنوتیپی مثبت و بالای عملکرد دانه با عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت، می‌توان با انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بیولوژیکی و شاخص برداشت بالا، ژنوتیپ‌ها را به‌صورت غیرمستقیم برای عملکرد دانه بالاتر گزینش کرد. به‌طور کلی نتایج این تحقیق حاکی از این بود که این ژنوتیپ‌های مورد مطالعه قابلیت اصلاح و بهبود عملکرد دانه را داشتند و ژنوتیپ‌های برتر دارای رتبه عملکرد دانه ۱ تا ۷ به‌عنوان ۱۰٪ ژنوتیپ برتر برای کشاورزان منطقه و محققین پیشنهاد می‌شود.

در این تحقیق می‌توان نتیجه گرفت که به دلیل بارندگی فصلی اختلافی بین شرایط دیم و آبی و همچنین اثر متقابل ژنوتیپ در محیط در اکثر صفات معنی‌دار نشدند. لذا داده‌ها به‌صورت تکرارهای یک محیط همانند شرایط نرمال برای صفات مختلف تجزیه شدند. از آنجایی که فضای آزمایش بزرگ بود و تعداد ژنوتیپ‌های مورد مطالعه زیاد بود از آزمایش لاتیس برای اجرا آزمایش استفاده شد. در نهایت برای حذف عدم تجانس موجود در مزرعه، از مدل‌های مختلف مکانی برای این تحقیق استفاده شد که در نهایت مدل نزدیک‌ترین همسایه به‌عنوان برترین مدل بر اساس مزیت نسبی و همچنین آماره 2RLL- انتخاب شد. نتایج تجزیه و تحلیل حاصل از مدل نزدیک‌ترین همسایه نشان داد که بین تمامی صفات ژنوتیپ‌ها اختلاف معنی‌دار وجود داشت و صفات دارای واریانس ژنتیکی و وراثت‌پذیری عمومی قابل قبولی بودند؛ بنابراین، از تنوع موجود در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه می‌توان استفاده کرد و ژنوتیپ‌های برتر را برای برنامه‌های اصلاحی و

## منابع

- Arora, P.P., Jeena, A.S., 2001. Genetic variability studies in chickpea. *Legume Research*. 25, 137-138.
- Arshad, M., Bakhsh, A., Ghafoor, A., 2004. Path coefficient analysis in chickpea (*Cicer arietinum* L.) under rainfed conditions. *Pakistan Journal of Botany*. 36, 75-82.
- Bowman, D., 1990. Trend analysis to improve efficiency of agronomic trials in flue-cured tobacco. *Agronomy Journal*. 82, 499-501.
- Burgueño, J., Cadena, A., Crossa, J., Banziger, M., Gilmour, A., Cullis, B. 2000. User's guide for spatial analysis of field variety trials using ASREML. Cimmyt, Mexico.
- Chauhan, R.S., 2011. Studies on genetic variability for yield and quality traits of chickpea (*Cicer arietinum*) grown under late sown condition. Phd Thesis. Jnkvv, Jabalpur. India.
- Coombes, N., 2009. DiGger design search tool in R. New South Wales Department of Primary Industry) Available at <http://nswdpiobiom.org/austatgen/software/>[Verified 29 August 2017].
- Cullis, B.R., Smith, A.B., Coombes, N.E., 2006. On the design of early generation variety trials with correlated data. *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics*. 11, 381-393.
- Dutkowski, G.W., Costa e Silva, J., Gilmour, A. R., Wellendorf, H., Aguiar, A., 2006. Spatial analysis enhances modelling of a wide variety of traits in forest genetic trials. *Canadian Journal of Forest Research*. 36, 1851-1870.
- FAO, 2017. FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations. <http://faostat.fao.org/default.aspx>
- Federer, W.T., 1996. Recovery of interblock, intergradient, and intervarety information for incomplete block and lattice rectangle designed experiments. BU-1315-M in the Technical Report Series of the Biometrics Unit, Cornell University, Ithaca, NY 14853.
- Federer, W.T., 1995. SAS for ANOVAs and recovery of interblock, intercolumn, and intergradient information. BU-1295 in the Technical Report Series of the Biometrics Unit, Cornell University, June.
- Federer, W.T., Schlottfeldt, C.S., 1954. The use of covariance to control gradients in experiments. *Biometrics*. 10, 282-290.
- Federer, W.T., Newton, E.A., Altman, N.S., 1997. Combining standard block analyses with spatial analyses under a random effects model. Pages 373-386 *Modelling Longitudinal and Spatially Correlated Data*. Springer, Netherland.
- Holland, J., 2006. Estimating genotypic correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc MIXED. *Crop Science*. 46, 642-654.
- Iran Meteorological Organization, 2018. Iran Meteorological Organization, Khorramabad Station. Temperature and precipitation data for year 2018. [In Persian]
- Ismaili, A., Karami, F., Akbarpour, O., Rezaeinejad, A., 2016. Estimation of genotypic correlation and heritability of apricot traits, using restricted maximum likelihood in repeated measures data. *Canadian Journal of Plant Science*. 96, 439-447.
- Kirk, H.J., Haynes, F.L., Monroe, R.J., 1980. Application of trend analysis to horticultural field trials. *Journal of the American Society of Horticultural Science*. 105, 189 – 193.
- Kumar, J., Abbo. S., 2001. Genetics of flowering time in chickpea and its bearing on productivity in semiarid environments. *Advances in Agronomy*. 72, 107-138.
- Kumar, S., Arora, P., Jeena, A., 2001. Genetic variability studied for quantitative traits in chickpea. *Agricultural Science Digest*. 21, 263-264.
- Littel, R., Milliken, G., Stroup, W., Wolfinger, R., 2006. SAS system for mixed models. SAS Institute Inc, Cary, NC, USA.
- Malhotra, R.S., Singh, M., Erskine, W., 2004. Application of spatial variability models in enhancing precision and efficiency of selection in Chickpea trials. *Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics*. 57, 71–83.
- Ministry of Agriculture, 2017. Agriculture - Statistical Year Book of Iran. First volume: Crops. Information and Communication Technology Center, Department of Planning and Economy, Ministry of Agriculture, Tehran. Iran. [In Persian]
- Nayyar, H., Chander, K., Kumar, S., Bains, T., 2005. Glycine betaine mitigates cold stress damage in chickpea. *Agronomy for Sustainable Development*. 25, 381-388.

- Nyquist, W.E., Baker, R., 1991. Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. *Critical Reviews in Plant Sciences*. 10, 235-322.
- Papadakis, J., 1937. Methode statistique pour des experiences sur champ, Institut d'Amelioration des Plantes a Thessaloniki (Thessalonika, Greece). *Bulletin Scientifique*. 23, 1-30.
- Parsa M, Bagheri A., 2008. Pulses. Mashhad University Press, Mashhad, Iran. [In Persian].
- Piepho, H.P., Richter, C., Williams, E., 2008. Nearest neighbour adjustment and linear variance models in plant breeding trials. *Biometrical Journal*. 50,164-189.
- Purushothaman, R., Upadhyaya, H., Gaur, P., Gowda, C., Krishnamurthy, L., 2014. Kabuli and desi chickpeas differ in their requirement for reproductive duration. *Field Crops Research*. 163, 24-31.
- R Development Core Team, 2011. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Development Core Team, Vienna, Austria, <http://www.r-project.org/>.
- Rezvani Moghaddam, P., Sadeghi Samarjan, R., 2008. Effect of sowing dates and different irrigation regimes on morphological characteristics and grain yield of chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Journal of Iranian Field Crop Research*. 6, 315-325. [In Persian with English summary].
- Roff, D. A., 2012. Evolutionary quantitative genetics. Springer Science & Business Media, Netherland.
- Sandhu, T., Gumber, R., Bhullar, B., 1991. Correlated response of grain yield and protein content in chickpea. *Legume Research*, 14, 45-49.
- Sandhu, T.S., Gumber, R.K., Bhullar, B.S., 1991. Correlated response of grain yield and protnin content in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Legume Research*. 14, 45-46.
- Sarker, A., Singh, M., 2015. Improving breeding efficiency through application of appropriate experimental designs and analysis models: a case of lentil (*Lens culinaris Medikus subsp. culinaris*) yield trials. *Field Crops Research*. 179, 26-34.
- Serraj, R., Krishnamurthy, L. Kashiwagi, J., Kumar, J., Chandra, S., Crouch, J., 2004. Variation in root traits of chickpea (*Cicer arietinum* L.) grown under terminal drought. *Field Crops Research*. 88,115-127.
- Singh, M., Chaubey, Y., Sarker, A., Sen, D., 2010. Modeling unstructured heterogeneity along with spatially correlated errors in field trials. *Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics*. 64, 313-321.
- Singh, M., Malhotra, R., Ceccarelli, S., Sarker, A., Grando, S., Erskine, W., 2003. Spatial variability models to improve dryland field trials. *Experimental Agriculture*. 39, 151-160.
- Stringer, J., Smith, A.B., Cullis, B.R., 2011. Spatial analysis of agricultural field experiments. In: Hinkelmann, K., (eds.), *Design and analysis of experiments: special designs and applications*, Volume 3 (pp. 109-136). Hoboken, N.J: Wiley-Interscience. USA.
- Tamura, R.N., Nelson, L.A., Naderman, G.C., 1988. An investigation of the validity and usefulness of trend analysis for field plot data. *Agronomy Journal*. 80,712-718.
- Warren, J., Mendez, I., 1982. Methods for Estimating Background Variation in Field Experiments. *Agronomy Journal*. 74, 1004-1009.
- Wilkinson, G., Eckert, S., Hancock, T., Mayo, O., 1983. Nearest neighbour (NN) analysis of field experiments. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)*. 45(2), 151-211.
- Zhang, H., Pala, M., Oweis, T., Harris, H., 2000. Water use and water-use efficiency of chickpea and lentil in a Mediterranean environment. *Australian Journal of Agricultural Research*. 51, 295-304.



*Original article*

## Study of genetic parameters of yield and yield components of different genotypes of chickpea using spatial models

H. Hosseini<sup>1</sup>, O. Akbarpour<sup>2\*</sup>, P. Pezeshkpour<sup>3</sup>

1. Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Lorestan University, Khorramabad, Iran

2. Assistant Professor. Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Lorestan University, Khorramabad, Iran

3. Research assistant, Seed and Plant Improvement Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources, Research and Education Center, AREEO, Khorramabad, Iran

Received 2 March 2019; Accepted 22 April 2019

### Abstract

Breeding programs are mainly founded on the evaluation and selection of superior genotypes using accurate estimates of genetic parameters. This research was carried out to evaluate yield and yield components of 64 chickpea genotypes in normal and drought conditions in Khorramabad City. The experiments were conducted on the lattice square design with two replications in the year 2018. Due to seasonal precipitation, there were no significant differences between stress and normal conditions as well as genotype by condition interactions were not significant in most of the characteristics. Therefore, the data on stress condition were considered as replications for the normal condition and all traits analyzed as a unit condition. Analysis of variance the data was performed using the simple lattice analysis and to remove the heterogeneity of the field conditions the spatial models was applied and the linear model of lattice design optimized. Finally, the nearest neighbor model was selected as the best model based on the relative advantage design and -2RLL (-2 Res Log Likelihood) statistic. The results of the analysis of the nearest neighbor model showed significant differences among genotypes for all traits and they had appropriate genotypic variation and acceptable general heritabilities. The most of traits had moderate to high general heritabilities and the plot means heritability of grain yield was 0.57. With 10% intensity of selection for the grain yield on the genotypes, the expected genetic gain was 14% relative to the average yield. Therefore, this genetic gain can be used for promoting and improving the grain yield characteristic. Also, FLIP09-229C S00794 (30 KR) -13/FLIP, X03TH134-88K15, Bivanij, SELS.PLK19-87 and X04TH149/S00547 // FLIP98-233C genotypes had the highest grain yields in the nearest neighbor model analysis, respectively.

**Keywords:** Chickpea, Lattice Square Design, Nearest Neighborhood, Spatial Models

\*Correspondent author: Omidali Akbarpour; E-Mail: akbarpour.oa@lu.ac.ir