

## Selection of superior bread wheat lines under rainfed condition of Zanjan based on morpho-phenological traits

H. Nazari<sup>1\*</sup>, M. Rostaii<sup>2</sup>, S.M. Alavi-Siney<sup>3</sup>

1. Zanjan Agricultural and Natural Resources Research Center, AREEO, Zanjan, Iran

2. Dry Land Agricultural Research Institute (DARI), Agricultural Research, Education and Extension (AREEO), Iran

3. Crop and Horticultural Science Research Department, Southern Kerman Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Jiroft, Iran

Received 30 October 2021; Accepted 2 January 2022

### Extended abstract

#### Introduction

Drought is recognized as one of the most common and challenging environmental stresses in agriculture worldwide (Hu et al., 2020) and the production of this plant Reduces by 21%. Annual production of 13.7 million tons with a cultivated area of 5.8 million hectares in Iran shows the importance of this plant. Of this level, 67% is related to rainfed cultivation and the rest to irrigated cultivation. Numerous studies have been conducted to investigate the traits and determine their relationship with wheat grain yield using multivariate methods (Alavi-Siney and Saba, 2015). In most of these studies, the relationship between traits and grain yield has been discussed, but there has been no discussion about the selection of superior genotypes. Therefore, a method is needed to be able to select the desired genotypes according to all of studied traits. The Selection Index for Ideal Genotype (SIIG) is one of the methods that in addition to selecting the ideal genotype that can determine the distance between genotypes. In this method, it is possible to identify genotypes with the desired characteristics. The aim of this study was to investigate different wheat genotypes under rainfed conditions and determine the best genotypes in terms of yield and early maturity through SIIG selective method.

#### Materials and methods

In this study, 24 bread wheat genotypes (21 lines and Baran, Sadra, Hashtrood cultivars) were carried out in a randomized complete blocks design with four replications at the rainfed research station of Zanjan Agricultural and Natural Resources Research Center located in Khodabandeh for three years. In this experiment, 5 morpho-phenological traits were measured as follows. Plant height (PLH), days to heading (DHE), days to maturity (DMA), 1000-seed weight (TGW) and grain yield (YLD) were measured after physiological maturation. Analysis of variance, comparison of mean traits by LSD method and matrix of phenotypic correlation coefficients were performed using SAS software (9.4). SPSS software (21) was used to group the genotypes by cluster analysis through Ward method. Multivariate analysis of variance was performed to investigate the differences between clusters and compare the mean between clusters using SPSS software (21). In order to study the genetic diversity and integration of morpho-phenological traits, SIIG method was used (Zali et al., 2015).

\* Corresponding author: Hossein Nazari; E-Mail: [Nazary28@gmail.com](mailto:Nazary28@gmail.com)



### **Results and discussion**

The results of analysis of variance showed a significant difference between the genotypes, indicating sufficient diversity in terms of the studied traits. The matrix of correlation coefficients showed a positive and significant relationship between 1000 grain weight, grain yield and SIIG index. In addition, a negative and significant relationship was observed between days to heading with 1000 grain weight, grain yield and SIIG index. Grouping of genotypes using cluster analysis and multivariate analysis of variance showed that genotypes 4, 12, 16, 17, 18, 22 and 23 have the highest value in terms of most traits, especially grain yield. Grouping of genotypes based on SIIG index also placed 7 genotypes (6, 10, 12, 16, 17, 18 and 23) in the top group. Comparison of the two methods showed that 5 genotypes are common in the last two methods, which indicates the high efficiency of these methods in selecting the best. The advantage of SIIG method over other methods is the grouping of genotypes based on the desirability of traits; for example, the low average of genotypes in days to heading and days to maturity traits are desirable, which in this method is considered. This is not considered in multivariate analyzes such as cluster analysis. Therefore selected genotypes through the SIIG index as superior genotypes during three years of experiment are recommended for use in rainfed breeding programs.

### **Conclusion**

According to the ranking based on SIIG index and comparison with control cultivars, genotypes No. 6, 10, 12, 16, 17, 18 and 23 can be recommended as superior genotypes for use in breeding programs under rainfed conditions.

**Keywords:** Cluster analysis, Multivariate variance analysis, Selection, SIIG index

## گزینش لاین‌های برتر گندم نان تحت شرایط دیم زنجان بر اساس صفات مورفولوژیک

حسین نظری<sup>۱\*</sup>، مظفر روستایی<sup>۲</sup>، سید محمد علوی سینی<sup>۳</sup>

۱. مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی زنجان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، زنجان  
۲. موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مراغه  
۳. بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی جنوب استان کرمان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، جیرفت

مشخصات مقاله	چکیده
واژه‌های کلیدی:	تنش کمبود آب یکی از مهم‌ترین تنش‌های غیرزنده است که رشد و عملکرد گیاهان زراعی را با محدودیت مواجه می‌کند. انتخاب گیاهان سازگار با شرایط تنش می‌تواند کمک شایانی به تولید محصول تحت این شرایط نماید. به همین منظور آزمایشی برای بررسی ژنوتیپ‌های مختلف گندم و تعیین برترین ژنوتیپ‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۴ تکرار تحت شرایط دیم در ایستگاه دیم مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی زنجان واقع در قیدار طی سه فصل زراعی (۱۳۹۷-۱۳۹۶، ۱۳۹۸-۱۳۹۷ و ۱۳۹۹-۱۳۹۸) انجام شد. ۲۴ ژنوتیپ گندم نان (شامل ۲۱ لاین امیدبخش و سه رقم به‌عنوان شاهد) تیمارهای آزمایش را تشکیل دادند. در این پژوهش صفات روز تا سنبله‌دهی، روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه اندازه‌گیری شدند. نتایج تجزیه واریانس اختلاف معنی‌داری میان ژنوتیپ‌ها نشان داد که نشان می‌دهد تنوع کافی از لحاظ صفات مورد مطالعه وجود دارد. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از تجزیه خوشه‌ای و تجزیه واریانس چندمتغیره نشان داد که ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۱۲، ۱۶، ۱۷، ۱۸، ۲۲ و ۲۳ از لحاظ اکثر صفات مخصوصاً عملکرد دانه دارای بیش‌ترین مقدار بودند. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر مبنای شاخص SIIG نیز ۷ ژنوتیپ (۶، ۱۰، ۱۲، ۱۶، ۱۷، ۱۸ و ۲۳) را در گروه برتر قرار داد. مقایسه دو روش مشخص نمود که ۵ ژنوتیپ در دو روش اخیر مشترک هستند که این موضوع نشان‌دهنده کارایی بالای این روش‌ها در گزینش برترین‌ها است. برتری روش SIIG نسبت به سایر روش‌ها، گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس مطلوبیت صفات است (به‌طور مثال میانگین کم ژنوتیپ‌ها در صفات روز تا سنبله‌دهی و روز تا رسیدگی مطلوب هستند) که این موضوع در تجزیه‌های چندمتغیره از قبیل تجزیه خوشه‌ای مدنظر قرار نمی‌گیرد بنابراین ژنوتیپ‌های گزینش شده از طریق شاخص SIIG به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر در طی سه سال آزمایش برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی تحت شرایط دیم توصیه می‌گردند.
تاریخ دریافت:	
۱۴۰۰/۰۸/۰۸	
تاریخ پذیرش:	
۱۴۰۰/۱۰/۱۲	
تاریخ انتشار:	
تابستان ۱۴۰۲	
۵۶۰-۵۴۷ (۲): ۱۶	

### مقدمه

عملکرد گندم دیم در ایران حدود ۱/۴ تن در هکتار است. سطح زیرکشت، میزان تولید و متوسط عملکرد گندم دیم در استان زنجان به ترتیب مقدار ۲۸۹ هزار هکتار، ۳۵۷ هزار تن و ۱۲۳۰ کیلوگرم در هکتار است (MAJ, 2021). تنش خشکی از طریق کاهش رشد و نمو دانه عملکرد گیاه را کاهش می‌دهد (Fahad et al., 2017). شدت تنش و طول دوره تنش خشکی از طریق کاهش طول دوره رشد به کشت دیم و مابقی آن به کشت آبی اختصاص دارد. متوسط

خشکی به‌عنوان یکی از عمومی‌ترین و چالش‌برانگیزترین تنش‌های محیطی در کشاورزی تمام دنیا شناخته می‌شود (Watson et al., 2017; Lamaoui et al., 2018; Hu et al., 2020) و تولید گندم را ۲۱ درصد کاهش می‌دهد (Daryanto et al., 2016). تولید سالیانه ۱۳/۷ میلیون تن گندم از سطح زیرکشت ۵/۸ میلیون هکتار در ایران نشان‌دهنده اهمیت گندم است که از این سطح ۶۷ درصد مربوط به کشت دیم و مابقی آن به کشت آبی اختصاص دارد. متوسط

شدن دانه و کاهش اجزای عملکرد، تعیین‌کننده میزان کاهش عملکرد دانه است (Alqudah et al., 2011). در واکنش به تنش خشکی، برخی از استراتژی‌ها از قبیل فرار از خشکی یا اجتناب از خشکی توسط گیاهان بکار گرفته می‌شود تا گیاهان بتوانند چرخه زندگی‌شان را در مدت‌زمان کوتاه و در شرایط مناسب تکمیل نمایند (Shavrukov et al., 2017).

گزینش ژنوتیپ‌های گندم با سازگاری بهتر به تنش خشکی عملکرد گندم در شرایط دیم را افزایش می‌دهد (Alavi-Siney and Saba, 2015). یکی از فاکتورهای مهم در گزینش ژنوتیپ‌ها مخصوصاً در شرایط دیم زودرسی است. ژنوتیپ‌هایی که در شرایط دیم بتوانند دوره رشدی خود را سریع‌تر تکمیل نمایند به‌عنوان ژنوتیپ‌های سازگار تلقی می‌گردند. زودرسی باعث فرار از تنش کمبود آب انتهای فصل رشد می‌شود و به همین خاطر عملکرد آن‌ها کمتر تحت تأثیر قرار می‌گیرد. لاین‌های با دوره رشدی کوتاه‌تر و دوره پر شدن طولانی‌تر فرصت بهتری برای انتقال مواد فتوسنتزی از ساقه‌ها به دانه‌ها دارند بدون اینکه طول دوره رسیدگی افزایش پیدا کند (Blum, 1998; Saba et al., 2018). ژنوتیپ‌هایی که در شرایط دیم وزن هزار دانه بالایی داشته باشند نشان‌دهنده پتانسیل بالای آن‌ها در انتقال مواد فتوسنتزی به دانه در طول دوره پر شدن دانه است که این موضوع از دو روش فتوسنتز جاری و قابلیت توزیع مجدد بالا امکان‌پذیر است. از آنجائی که وزن هزار دانه آخرین جزء عملکرد دانه است که تشکیل می‌شود تنش خشکی انتهایی عمدتاً این جزء از عملکرد را تحت تأثیر قرار می‌دهد انتظار می‌رود گزینش برای وزن هزار دانه بالا منجر به عملکرد دانه بالاتر گردد (Saba et al., 2018). هرچند تنش خشکی همه مراحل رشدی گیاه را تحت تأثیر قرار می‌دهد اما طول دوره پر شدن دانه حساس‌ترین مرحله به تنش است و وزن هزار دانه صفتی است که بیشترین تأثیر را از تنش می‌بیند (Pradhan et al., 2012).

پژوهش‌های متعددی در ارتباط با بررسی صفات زراعی و تعیین ارتباط آن‌ها با عملکرد دانه گندم با استفاده از روش‌های چندمتغیره انجام شده است (Alavi-Siney and Saba, 2015; Saba et al., 2018). در اکثر این پژوهش‌ها، بحث در مورد رابطه بین صفات با عملکرد دانه انجام شده اما بحثی در مورد انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از طریق یک شاخص (بر اساس کلیه صفات مورد مطالعه) صورت نگرفته است؛

بنابراین، به روشی نیاز است که بتواند ژنوتیپ‌های مطلوب را با توجه به صفات مورد بررسی گزینش نماید. شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل<sup>۱</sup> (SIIG) یکی از روش‌هایی است که می‌تواند علاوه بر انتخاب ژنوتیپ‌های ایده‌آل، فاصله بین ژنوتیپ‌ها را نیز مشخص کند. در این روش، امکان شناسایی ژنوتیپ‌های با ویژگی‌های مدنظر وجود دارد (Zali et al., 2015; Zali et al., 2017). روش SIIG، جهت ادغام روش‌های مختلف تجزیه پایداری برای اولین بار توسط زالی و همکاران (Zali et al., 2015) معرفی شد. از روش SIIG می‌توان برای رتبه‌بندی و مقایسه بهتر ژنوتیپ‌های مختلف و انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها و تعیین فواصل بین ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی آن‌ها استفاده نمود. از ویژگی‌های روش SIIG این است که از صفات متفاوت (صفات مورفولوژیک، صفات فیزیولوژیک و ...) برای محاسبه آن می‌توان استفاده نمود و کارایی گزینش را افزایش داد. ممکن است هر ژنوتیپی از نظر یک شاخص یا صفتی برتر باشد، ولی با افزایش تعداد صفات یا شاخص‌ها، انتخاب ژنوتیپ‌های مناسب دشوار می‌شود. در روش SIIG، تمام شاخص‌ها و صفات به‌صورت یک شاخص واحد درآمده و رتبه‌بندی و تعیین ژنوتیپ‌های برتر تسهیل می‌گردد. از جمله مزیت‌های این روش آن است که صفات مورد استفاده می‌توانند دارای واحدهای اندازه‌گیری متفاوتی بوده و حتی ضرایب مثبت و منفی داشته باشند (Zali et al., 2015; Zali et al., 2018; Tahmasebi et al., 2017). شاخص SIIG، به‌منظور انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها با استفاده از ادغام پارامترهای تجزیه پایداری (Najafi Mirak et al., 2018)، ادغام صفات مختلف مورفو-فنولوژیک (Abdollahi Hesar, 2020; Zali and Barati, 2020) و شاخص‌های مختلف تحمل به خشکی (Zali et al., 2018) مورد استفاده قرار گرفته است. طهماسبی و همکاران (Tahmasebi et al., 2018) عنوان کردند زمانی که در یک پژوهش تعداد صفات مورد بررسی زیاد باشد برای انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و صفات مطلوب بهتر است شاخص SIIG بر مبنای همه صفات به‌جز عملکرد محاسبه شود و در پایان گزینش ژنوتیپ‌ها در یک نمودار دوبعدی شامل محورهای شاخص SIIG و عملکرد انجام شود. هدف از این پژوهش بررسی ژنوتیپ‌های مختلف گندم در شرایط دیم و تعیین برترین ژنوتیپ‌ها از لحاظ عملکرد و زودرسی از طریق روش گزینشی SIIG بود.

<sup>1</sup> - Selection index of ideal genotype

## مواد و روش‌ها

آزمایش در سال قبل به صورت آیش بوده و عملیات خاک‌ورزی تا عمق ۳۰ سانتی‌متری انجام شد پس از آن زمین توسط لولر تسطیح گردید. ضد عفونی بذور با سم کاربوکسین تیرام با نسبت دو در هزار برای کنترل بیماری سیاهک پنهان و آشکار انجام گرفت. نیتروژن مورد نیاز در قطعه زمین آزمایش بر اساس نتایج بر اساس آزمون خاک به میزان ۸۰ کیلوگرم نیتروژن خالص در هکتار از منبع اوره با نسبت ۷۰ و ۳۰ درصد به ترتیب در پاییز و بهار (سرک) مصرف شد. قبل از مرحله ساقه‌روی گندم از علف‌کش D.۲.۴ به میزان ۲ لیتر در هکتار استفاده شد. برای مبارزه با حشره کامل سن گندم از سم فنیتروتیون به میزان یک لیتر در هکتار استفاده شد. بر اساس نتایج آزمون خاک نیازی به مصرف کود فسفره نبود. مشخصات فیزیکی و شیمیایی خاک مزرعه بعد از نمونه‌برداری از عمق ۰ تا ۳۰ سانتی‌متری تعیین گردید (جدول ۱).

در این پژوهش، تعداد ۲۴ ژنوتیپ گندم نان (۲۱ لاین امیدبخش به همراه ارقام شاهد باران، صدرا و هشترود) (جدول ۲) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در چهار تکرار در ایستگاه تحقیقات دیم مرکز تحقیقات کشاورزی زنجان واقع در شهرستان خدابنده با طول جغرافیایی ۴۸°۴۹'، عرض جغرافیایی ۱۳°۳۶' و ارتفاع ۱۸۷۵ متر از سطح دریا به مدت سه سال زراعی (۱۳۹۶-۱۳۹۷، ۱۳۹۸-۱۳۹۷ و ۱۳۹۹-۱۳۹۸) انجام شد. ابعاد واحدهای آزمایشی شامل شش خط به طول شش متر و با فاصله ۱۷ سانتی‌متر بود. میزان بذر مصرفی بر اساس تراکم ۳۸۰ دانه در مترمربع است که با توجه به وزن هزار دانه هر رقم محاسبه و بذرها روی ردیف‌ها در عمق ۵ سانتی‌متری کشت شدند. تاریخ کشت در سه سال آزمایش ۱۵ مهر بود. قطعه زمین محل اجرای

جدول ۱. نتایج تجزیه فیزیکی و شیمیایی خاک مورد استفاده

Table 2. Results of physical and chemical analysis for used soil

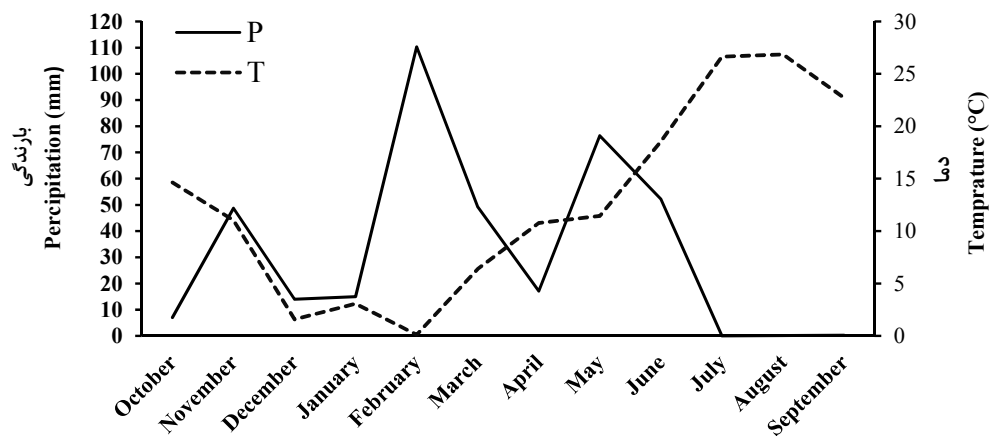
رس	سیلت	شن	فسفر	پتاسیم	کربن	درصد مواد	هدایت	عمق	بافت خاک
Clay	Silt	Sand	P	K	آلی	خنثی شونده	الکتریکی	Depth	Soil texture
-----%			-----ppm-----		-----%		ds/m	cm	Silty clay loam
40	42	18	18.60	453	0.69	5.4	0.692	0-30	لومی رسی سیلتی

عملکرد نهایی دانه با لحاظ نمودن اثر حاشیه در پایان آزمایش و پس از رسیدگی فیزیولوژیکی برداشت شد و عملکرد اندازه-گیری گردید.

تجزیه واریانس، مقایسه میانگین صفات به روش LSD و ماتریس ضرایب همبستگی فنوتیپی با استفاده از نرم‌افزار SAS (9.4) انجام شد. تجزیه واریانس مرکب پس از بررسی یکنواختی واریانس خطاهای آزمایش در سال‌های مختلف با استفاده از آزمون بارتلت انجام شد. به منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها تجزیه خوشه‌ای به روش Ward از نرم‌افزار SPSS (21) استفاده شد. برای بررسی اختلافات بین گروه‌ها و مقایسه میانگین میان گروه‌ها از تجزیه واریانس چندمتغیره نرم‌افزار SPSS (21) استفاده شد

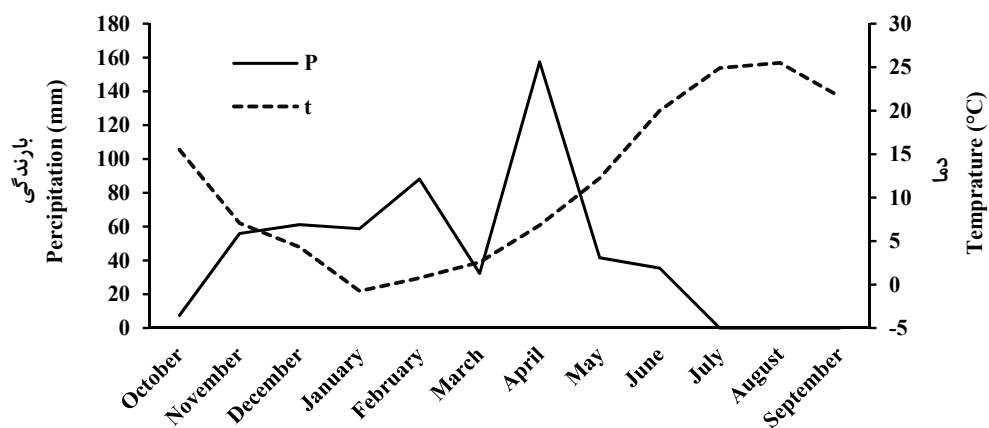
موقعیت آب و هوایی ایستگاه دیم طی سه سال آزمایش (تغییرات ماهانه دمای هوا نسبت به تغییرات ماهانه بارندگی در طول سال) با منحنی‌های آمبروترمیک نشان داده شده است (شکل‌های ۱، ۲ و ۳).

در این آزمایش ۵ صفت مورفو-فنولوژیک به صورت زیر اندازه‌گیری گردید. صفات ارتفاع بوته (PLH)، زمان از کاشت تا ظهور سنبله (DHE)، رسیدن فیزیولوژیکی دانه‌ها (DMA) مصادف با زرد شدن پدانکل گیاهان، وزن هزار دانه (TGW) و عملکرد دانه (YLD) بعد از رسیدگی فیزیولوژیک اندازه‌گیری شد. برای تعیین وزن هزار دانه ۱۰ ساقه اصلی از هر کرت انتخاب و دانه‌ها پس از جدا شدن با ترازوی دقیق توزین شدند و وزن هزار دانه محاسبه گردید. برای تعیین



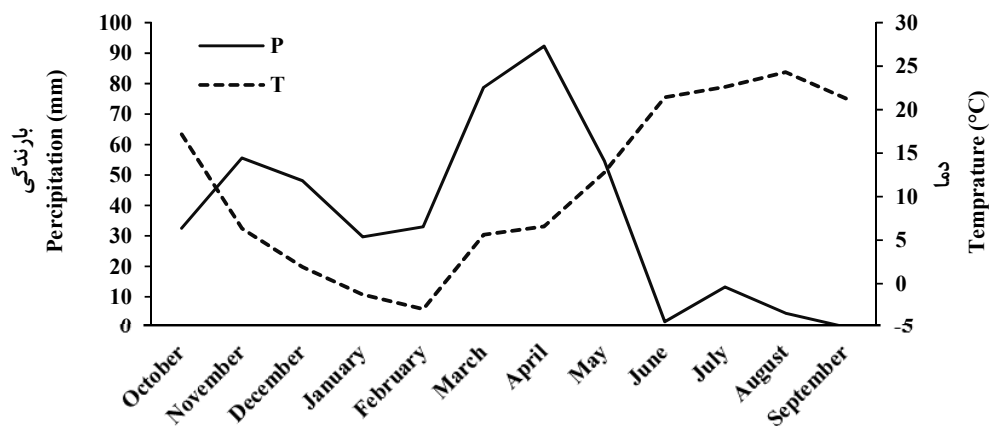
شکل ۱. نمودار آمبروترمیک ایستگاه دیم خدابنده در سال زراعی ۱۳۹۶-۱۳۹۷

Fig. 1. Ambrothermic graph of Khodabandeh rainfed station in 2017-2018 crop season. : Percipitation T: Temperature



شکل ۲. نمودار آمبروترمیک ایستگاه دیم خدابنده در سال زراعی ۱۳۹۷-۱۳۹۸

Fig. 2. Ambrothermic graph of Khodabandeh rainfed station in 2018-2019 crop season. P: Percipitation T: Temperature



شکل ۳. نمودار آمبروترمیک ایستگاه دیم خدابنده در سال زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۹

Fig. 3. Ambrothermic graph of Khodabandeh rainfed station in 2019-2020 crop season. : Percipitation T: Temperature

## جدول ۱. ژنوتیپ‌های گندم مورداستفاده در آزمایش

Table 2. Used wheat genotypes in current study

No	Variety / Line
1	Sardari
2	Hashtrood
3	Sadra
4	Vee/Nac//SARA-BW-F6-06-85-86-2-5 IRW2009-10-048-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-1MA
5	Vee/Nac//Gahar IRW2009-10-050-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-6MA
6	Maroon/3/Sardari//Ska/Aurifen IRW2009-10-003-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-3MA
7	Maroon/3/Sardari//Ska/Aurifen IRW2009-10-003-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-4MA
8	Maroon/Gahar IRW2009-10-006-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-5MA
9	Debira/7/Zcl/3/Pgfn//Cno67/Son64(Es86-8)/4/Kauz/5/Trk13/6/F134.71/Nac//Sabalan IRW2009-10-007-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-4MA
10	Dharwar Dry/Nesser/3/F130-L-1-12//PONY/OPATA IRW2009-10-013-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-3MA
11	Dharwar Dry/Nesser//SARA-BW-F6-06-85-86-2-5 IRW2009-10-056-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-6MA
12	Arvand//78Zhong291/Azar2 IRW2009-10-058-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-4MA
13	Chenab/GB-SARA-27 IRW2009-10-023-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-6MA
14	Chenab/GB-SARA-27 IRW2009-10-023-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-7MA
15	Chenab//78Zhong291/Azar2 IRW2009-10-061-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-6MA
16	Wang shui bai//78Zhong291/Azar2 IRW2009-10-070-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-4MA
17	Sorkhtokhm/Desconciod-7 IRW2009-10-112-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-8MA
18	Kavir//78Zhong291/Azar2 IRW2009-10-087-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-2MA
19	Kavir//78Zhong291/Azar2 IRW2009-10-087-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-4MA
20	Systani/6/Sbn//Trm/K253/5/Anza/3/Pi//Nor/Hys/4/Sefid IRW2009-10-134-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-4MA
21	K5-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-4MA
22	K50-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-2MA
23	K50-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-3MA
24	K50-0MA-0MA-0MA-0MA-0MA-4MA

نموده و جذر گرفته شد (مخرج کسر) و در نهایت تک‌تک ژنوتیپ‌ها به مخرج کسر تقسیم شد؛ بنابراین بعد از نرمال نمودن داده‌های اولیه (ماتریس D) ماتریس R به صورت رابطه ۳ تعریف می‌شود:

$$R = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & \dots & r_{1m} \\ r_{21} & r_{22} & & r_{2m} \\ \vdots & & \ddots & \vdots \\ r_{n1} & r_{n2} & \dots & r_{nm} \end{bmatrix} \quad [3]$$

۳- پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ غیرایده‌آل (ضعیف) برای هر صفت (شاخص): در این مرحله با توجه به نوع صفت و نظر محقق برای هر صفت به‌طور جداگانه، بهترین ژنوتیپ (ایده‌آل) و ضعیف‌ترین (غیرایده‌آل) انتخاب شد. به‌عنوان مثال در مورد عملکرد، حداکثر مقدار عملکرد یک ژنوتیپ مقدار ایده‌آل و پایین‌ترین مقدار عملکرد به‌عنوان ژنوتیپ غیرایده‌آل (ضعیف) در نظر گرفته شد. هم‌چنین در مورد تعداد روز تا رسیدگی (DMA)، چنانچه زودرسی ژنوتیپ‌ها مهم باشد، مقدار ایده‌آل برابر کم‌ترین مقدار DMA و مقدار ضعیف برابر با حداکثر مقدار DMA برای ژنوتیپ‌ها است.

۴- محاسبه فاصله از ژنوتیپ‌های ایده‌آل (di+) و ژنوتیپ‌های ضعیف (di-): در این مرحله برای هر ژنوتیپ، فاصله از

به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی و ادغام صفات مورفولوژیک از روش SIIG استفاده شد که نحوه محاسبه این شاخص به شرح ذیل است (Zali et al., 2015):

۱- تشکیل ماتریس داده‌ها: با توجه به تعداد ژنوتیپ‌ها و صفات مختلف مورد بررسی، ماتریس داده‌ها به‌صورت رابطه ۱ تشکیل شد (ماتریس D).

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

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. به‌عبارت‌دیگر ردیف‌ها را ژنوتیپ‌ها و ستون‌ها را صفات تشکیل دادند.

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

$$r_{ij} = \frac{x_{ij}}{\sqrt{\sum_{i=1}^n x_{ij}^2}} \quad [2]$$

در رابطه ۲، برای نرمال نمودن داده‌ها، مقدار صفات در همه ژنوتیپ‌ها برای هر صفت را به توان ۲ رسانده و سپس جمع

### نتایج و بحث

تجزیه واریانس مرکب در طی سه سال آزمایش (۱۳۹۹-۱۳۹۷) نشان داد که اثر سال برای صفات مورد مطالعه کاملاً معنی‌دار است و اثر متقابل سال در ژنوتیپ تنها برای صفت عملکرد دانه معنی‌دار نشد ولی اثر ژنوتیپ فقط برای صفات روز تا سنبله‌دهی و عملکرد دانه معنی‌دار شد (جدول ۳). این موضوع نشان می‌دهد که بین سال‌ها اختلاف وجود دارد و میان ژنوتیپ‌ها نیز تنوع کافی از لحاظ صفات رو تا سنبله‌دهی و عملکرد دانه وجود دارد. معنی‌دار نشدن اثر متقابل سال در ژنوتیپ برای صفت عملکرد نشان می‌دهد که ژنوتیپ‌ها در سال‌های مختلف رفتار یکسانی نشان داده‌اند.

مقایسه میانگین مشاهدات نشان داد کمترین روز تا سنبله دهی به ژنوتیپ شماره ۲۳ اختصاص داشت و ژنوتیپ‌های ۴، ۵، ۶، ۱۲، ۱۶، ۱۷، ۲۰ و ۲۴ اختلاف معنی‌داری با آن نداشتند (جدول ۴). در شرایط دیم، تنش کمبود رطوبت در انتهای فصل، عملکرد را شدیداً تحت تأثیر قرار می‌دهد، بنابراین ژنوتیپ‌هایی که سنبله‌دهی زودتر داشته باشند، دوره پر شدن دانه آن‌ها کمتر تحت تأثیر تنش انتهای فصل قرار می‌گیرد. نوسانات بارش و دما در طی سه آزمایش مخصوصاً در طول دوره پر شدن دانه مؤید این مطلب است (شکل‌های ۱، ۲ و ۳). صبا و همکاران (Saba et al., 2018) گزارش کردند ژنوتیپ‌هایی که زودتر به سنبله بروند اجزای عملکرد در آن‌ها نیز بالاتر است.

ژنوتیپ‌های ایده‌آل (di+) و ژنوتیپ‌های ضعیف (di-) به ترتیب با استفاده از روابط ۴ و ۵ محاسبه شد. به عبارت دیگر برای محاسبه فاصله از ژنوتیپ‌های ایده‌آل (di+)، با توجه به رابطه ۴، ابتدا مقادیر تمام صفات (نرمال شده) در یک لاین (ژنوتیپ) را از مقادیر ایده‌آل برای هر صفت (که در مرحله قبل مشخص شده است) کم نموده و به توان ۲ رسانده و در نهایت آن‌ها را جمع و جذر گرفته شد. همین کار را هم برای محاسبه فاصله از ژنوتیپ ضعیف (di-) برای هر لاین انجام شد (رابطه ۵).

$$d_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^+)^2} \quad i=1, \dots, n \quad [4]$$

$$d_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^-)^2} \quad i=1, \dots, n \quad [5]$$

در روابط فوق  $r_{ij}$  مقدار نرمال شده ژنوتیپ  $i$ ام ( $i = 1, 2, \dots, n$ ) در رابطه با شاخص (صفت)  $j$ ام ( $j = 1, 2, \dots, m$ ) است.  $r_j^+$  و  $r_j^-$  به ترتیب مقادیر نرمال شده ژنوتیپ‌های ایده‌آل و ژنوتیپ‌های ضعیف برای هر شاخص (صفت)  $j$ ام ( $j = 1, 2, \dots, m$ ) است.

۵- محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG): در آخرین مرحله برای محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل برای هر لاین یا ژنوتیپ از رابطه ۶ استفاده شد:

$$SIIG_i = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \quad i=1, 2, \dots, n, \quad 0 \leq SIIG_i \leq 1 \quad [6]$$

مقدار SIIGi بین صفر تا یک تغییر می‌کند و هر چه گزینه مورد نظر به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر باشد مقدار SIIGi آن به یک نزدیک‌تر خواهد بود. بر اساس این روش، بهترین ژنوتیپ، نزدیک‌ترین ژنوتیپ به ژنوتیپ‌های ایده‌آل و دورترین از ژنوتیپ‌های ضعیف است (Zali et al., 2015).

جدول ۲. تجزیه واریانس مرکب صفات مختلف مورفولوژیک در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه گندم در طی سه سال آزمایش

Table 3. Compound variance analysis of different morpho-phonological traits in studied wheat genotypes during 3 years

S.O.V	منابع تغییر	df	DHE	DMA	PLH	TGW	YLD
Year	سال	2	897.48**	1572.34**	1880.30**	21.70**	13897088.72**
Error1	خطا ۱	9	6.17	3.64	78.10	32.67	348228.80
Genotype	ژنوتیپ	23	29.97**	11.60 <sup>ns</sup>	52.71 <sup>ns</sup>	12.99 <sup>ns</sup>	232351.30**
Genotype×Year	ژنوتیپ در سال	46	8.30**	6.92**	60.28**	10.89**	86794.69 <sup>ns</sup>
Error2	خطا ۲	207	2.49	2.19	24.05	2.63	70.99
CV(%)	ضریب تغییرات	-	1.04	1.81	6.38	4.72	14.07

<sup>ns</sup>، \* و \*\*: به ترتیب غیرمعنی‌دار، معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۵ و ۰/۰۱؛ DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH:

ارتفاع بوته؛ TGW: وزن هزار دانه؛ YLD: عملکرد دانه

<sup>ns</sup>، \* and \*\*: non-significant, significant at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively; DHE: Days to heading; DMA: Days to maturity; PLH: Plant height; TGW: 1000 grain weight; YLD: Seed yield



جدول ۳. مقایسه میانگین ژنوتیپ‌های استفاده‌شده برای صفات مورد مطالعه و شاخص SIIG در طی سه سال آزمایش

Table 4. Mean comparison of genotypes for studied traits and SIIG index during 3 years

Genotype	ژنوتیپ	DHE	DMA	PLH	TGW	YLD (Kg.ha <sup>-1</sup> )	SIIG
1		151.50	<u>181.58</u>	<u>77.50</u>	<u>33.87</u>	1822.00	0.46
2		150.92	<u>183.92</u>	<u>78.33</u>	<u>34.82</u>	<u>1950.00</u>	0.68
3		150.83	<u>181.83</u>	<u>77.08</u>	<u>34.26</u>	1851.70	0.51
4		<u>150.00</u>	<u>182.58</u>	<u>77.50</u>	<u>33.55</u>	<u>2053.30</u>	0.69
5		<u>149.92</u>	<u>182.58</u>	<u>77.50</u>	<u>34.19</u>	<u>1951.00</u>	0.64
6		<u>149.42</u>	<u>184.33</u>	<u>75.42</u>	<u>36.51</u>	<u>1990.00</u>	0.72
7		151.75	<u>184.08</u>	<u>75.00</u>	<u>33.90</u>	1800.00	0.38
8		153.67	<u>183.00</u>	<u>75.42</u>	<u>34.49</u>	1675.00	0.26
9		153.75	<u>184.83</u>	<u>77.08</u>	<u>32.96</u>	1620.00	0.21
10		151.50	<u>184.83</u>	<u>78.33</u>	<u>36.90</u>	<u>1981.70</u>	0.79
11		151.25	<u>182.83</u>	<u>81.25</u>	<u>34.18</u>	1663.30	0.38
12		<u>150.58</u>	<u>183.33</u>	<u>78.33</u>	<u>34.32</u>	<u>2068.30</u>	0.75
13		152.75	<u>183.83</u>	<u>78.75</u>	<u>32.39</u>	1760.00	0.35
14		152.25	<u>185.08</u>	<u>79.17</u>	<u>34.67</u>	1803.30	0.49
15		154.17	<u>183.17</u>	<u>79.17</u>	<u>33.27</u>	1743.30	0.37
16		<u>150.58</u>	<u>183.50</u>	<u>75.00</u>	<u>35.18</u>	<u>2073.30</u>	0.73
17		<u>148.92</u>	<u>181.50</u>	<u>77.50</u>	<u>34.71</u>	<u>2020.00</u>	0.74
18		150.92	<u>183.25</u>	<u>78.75</u>	<u>34.85</u>	<u>2060.00</u>	0.79
19		153.42	<u>183.75</u>	<u>73.75</u>	<u>34.67</u>	1841.70	0.44
20		<u>149.92</u>	<u>182.67</u>	<u>77.50</u>	<u>34.43</u>	<u>1903.30</u>	0.59
21		152.33	<u>182.50</u>	<u>77.50</u>	<u>33.03</u>	1803.30	0.40
22		<u>149.17</u>	<u>184.17</u>	<u>74.17</u>	<u>33.47</u>	<u>2026.70</u>	0.62
23		<u>148.92</u>	<u>183.75</u>	<u>76.25</u>	<u>34.84</u>	<u>2021.70</u>	0.71
24		<u>149.67</u>	<u>183.00</u>	<u>71.67</u>	<u>35.53</u>	<u>1963.30</u>	0.59
LSD <sub>0.01</sub>		3.16	2.88	8.52	3.62	282.79	-

DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TGW: وزن هزار دانه؛ YLD: عملکرد دانه.

\_\_\_\_\_ و \_\_\_\_\_ : به ترتیب بیانگر مطلوب‌ترین مقدار برای هر صفت و ژنوتیپ‌هایی که با آن اختلاف معنی‌داری ندارند.

DHE: Days to heading; DMA: Days to maturity; PLH: Plant height; TGW: 1000 grain weight; YLD: Seed yield

\_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_ : Represent the highest value for each trait and genotypes that have not significant difference with it respectively

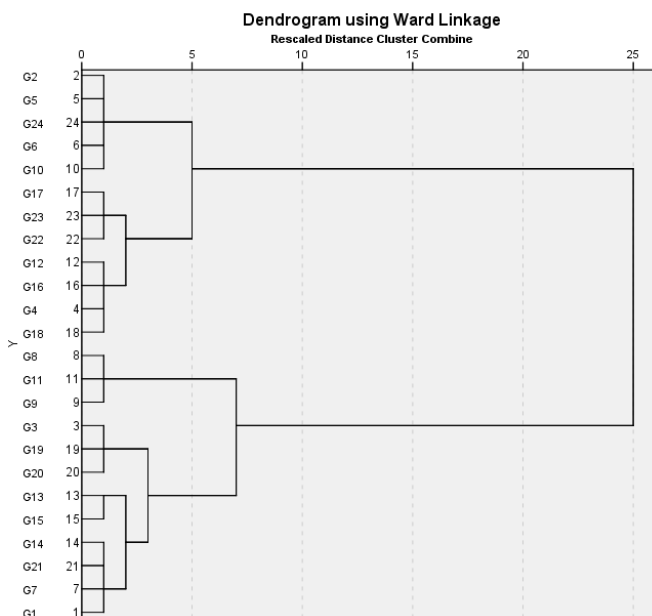
باشند پتانسیل بالایی برای گزینش خواهند داشت. گزینش ژنوتیپ ایده‌آل به‌طور هم‌زمان بر مبنای تمام صفات اندازه-گیری با روش‌های تک متغیره امکان‌پذیر نیست؛ بنابراین برای گزینش ژنوتیپ‌های برتر بایستی همه صفات به‌طور هم‌زمان بررسی گردند (Alavi Siney et al., 2013).

شکل ۴ نتایج تجزیه خوشه‌ای را نشان می‌دهد. برش دندروگرام در فاصله ۴ واحد اقلیدوسی، ۲۴ ژنوتیپ را در چهار گروه قرار داد. برای تأیید نتایج و بررسی اینکه آیا بین گروه-های مختلف اختلاف معنی‌دار وجود دارد، تجزیه واریانس چندمتغیره انجام گردید به‌طوری‌که هر گروه به‌عنوان یک تیمار و ژنوتیپ‌های داخل هر گروه به‌عنوان تکرار برای آن تیمار در نظر گرفته شدند. نتایج تجزیه واریانس چند متغیره نشان داد که اختلاف معنی‌داری بین گروه‌ها وجود دارد و ژنوتیپ‌های موجود در گروه‌های جداگانه از لحاظ صفات

از لحاظ میزان عملکرد دانه، لاین شماره ۱۶ دارای بیشترین مقدار و ژنوتیپ‌های شماره ۲، ۴، ۵، ۶، ۱۰، ۱۲، ۱۷، ۱۸، ۲۰، ۲۲، ۲۳ و ۲۴ در گروه برتر قرار گرفتند و اختلاف معنی‌داری با لاین شماره ۱۶ نداشتند (جدول ۳). میانگین عملکرد ژنوتیپ‌های گروه برتر در سه سال آزمایش بین ۱۹۶۳/۳۰ و ۲۰۷۳/۳۰ متغیر بود. میانگین‌ها نشان داد که در گروه برتر، از میان ارقام شاهد، تنها ژنوتیپ شماره ۲ (رقم هشترود) در این گروه قرار گرفت. این موضوع نشان-دهنده ویژگی‌های برتر لاین‌های گروه با عملکرد بالا است. با توجه به اینکه عملکرد یک صفت پیچیده بوده و بسیار تحت تأثیر محیط است. میزان بارندگی‌ها و دما در شکل‌های ۱، ۲ و ۳ نشان می‌دهد که بین سال‌ها اختلاف فراوانی وجود دارد بنابراین ژنوتیپ‌هایی که تحت این شرایط متنوع دما و رطوبت مخصوصاً در انتهای فصل رشد بتوانند پایداری عملکرد داشته

۱۳، ۱۴، ۱۵، ۱۹، ۲۰ و ۲۱) از لحاظ وزن هزار دانه و روز تا سنبله‌دهی در گروه b و از لحاظ میزان عملکرد دانه در گروه c قرار گرفتند (جدول ۶). بنابراین با توجه به نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای و مقایسه میانگین گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای می‌توان عنوان نمود که ژنوتیپ‌های گروه دوم به-عنوان برترین ژنوتیپ‌ها گزینش گردند. چنانچه اگر بخواهیم والدینی از این جمعیت برای تلاقی‌ها گزینش کنیم از گروه دوم و سوم که بیشترین فاصله را دارند انتخاب می‌کنیم تا امکان حصول حداکثر واریانس ژنتیکی و صفات مطلوب مخصوصاً عملکرد دانه فراهم شود (Alavi-Siney and Saba, 2015)

مطالعه شده اختلاف کاملاً معنی‌داری با یکدیگر دارند (جدول ۵). میانگین گروه‌های به‌دست‌آمده از لحاظ صفات مورد مطالعه شده با یکدیگر مقایسه شدند (جدول ۶). نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های گروه اول (۲، ۵، ۶، ۱۰ و ۲۴) از لحاظ تمامی صفات به‌جز عملکرد دانه در گروه برتر قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های گروه دوم (۴، ۱۲، ۱۶، ۱۷، ۱۸، ۲۲ و ۲۳) از لحاظ اکثر صفات مخصوصاً عملکرد دانه دارای بیش‌ترین مقدار و در گروه برتر قرار گرفتند ولی میزان وزن هزار دانه ژنوتیپ‌های این گروه دارای کمترین مقدار بود. ژنوتیپ‌های گروه سوم (۸، ۹ و ۱۱) از لحاظ صفات مورد بررسی دارای کمترین مقدار و می‌توان گفت که نامطلوب‌ترین ژنوتیپ‌ها از لحاظ صفات مورد مطالعه می‌باشند و ژنوتیپ‌های گروه چهارم (۱، ۳، ۷،



شکل ۴. دندروگرام تجزیه خوشه‌ای به روش وارد بر اساس صفات مورد مطالعه

Fig. 4. Cluster analysis Dandrogram through Ward method based on studied traits.

جدول ۴. تجزیه واریانس چند متغیره صفات مورد مطالعه برای تأیید نتایج گروه‌بندی

Table 5. Multivariate analysis of variance of studied traits for verifying grouping results under normal condition.

آزمون Test	درجه آزادی تیمار Treatment df.	درجه آزادی اشتباه Error df.	مقدار Value	F	P value
Pillai	3	54	1.41	3.20	0.001
Wilks lambda	3	45	0.02	9.15	0.000
Hotelling	3	44	27.22	26.62	0.000
Roy,s largest root	3	18	26.49	95.37	0.000

همچنین وزن هزار دانه و روز تا سنبله‌دهی رابطه منفی و معنی‌داری نشان دادند (جدول ۷). ارتباط شاخص SIIG با صفات مورفو-فینولوژیک نشان داد که همبستگی مثبت و معنی‌داری بین این شاخص با وزن هزار دانه و عملکرد دانه وجود دارد ولی همبستگی شاخص مذکور با روز تا سنبله‌دهی منفی و معنی‌دار بود. ارتباط شاخص SIIG با سایر صفات معنی‌دار نبود (جدول ۶).

وجود عدم تعادل لینکاژی، اثرات پلیوتروپی و اپیستازی ژن‌های مختلف منجر به همبستگی بین صفات مختلف می‌گردد و محیط نیز نقش مهمی در این همبستگی ایفا می‌کند (Falconer, 1985)؛ بنابراین برآورد همبستگی بین عملکرد و سایر صفات تأثیرگذار در آن برای تعیین استراتژی‌های گزینش بسیار مهم است. ماتریس ضرایب همبستگی، ارتباط مثبت و معنی‌داری بین وزن هزار دانه و عملکرد و رابطه منفی و معنی‌داری بین روز تا سنبله‌دهی و عملکرد دانه نشان داد.

جدول ۵. مقایسه میانگین گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای بر اساس میانگین صفات مورفو-فینولوژیک در هر گروه

Table 6. Comparison of the mean of groups obtained from cluster analysis based on the mean of morpho-phenological traits in each group

گروه Cluster	تعداد لاین‌ها Lines Number	میانگین گروه‌ها Average of groups				
		DHE	DMA	PLH	TGW	YLD
		-----day-----	cm	g	kg ha <sup>-1</sup>	
1	5	150.29 <sup>a</sup>	183.73 <sup>a</sup>	76.25 <sup>a</sup>	35.59 <sup>a</sup>	1967.20 <sup>b</sup>
2	7	149.87 <sup>a</sup>	183.15 <sup>a</sup>	76.79 <sup>a</sup>	34.42 <sup>b</sup>	2046.19 <sup>a</sup>
3	3	152.89 <sup>b</sup>	183.55 <sup>a</sup>	77.92 <sup>a</sup>	33.88 <sup>b</sup>	1652.77 <sup>d</sup>
4	9	152.10 <sup>b</sup>	183.17 <sup>a</sup>	77.27 <sup>a</sup>	33.83 <sup>b</sup>	1814.29 <sup>c</sup>

DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TGW: وزن هزار دانه؛ YLD: عملکرد دانه  
DHE: Days to heading; DMA: Days to maturity; PLH: Plant height; TGW: 1000 grain weight; YLD: Seed yield

جدول ۶. همبستگی شاخص SIIG با صفات مورفو-فینولوژیک بر اساس میانگین سه سال آزمایش

Table 7. Correlation of SIIG index with morpho-phenological traits based on average of 3 years of experiment

صفات Traits	DHE	DMA	PLH	TGW	YID	شاخص SIIG
DHE	1					
DMA	0.24 <sup>ns</sup>	1				
PLH	0.21 <sup>ns</sup>	-0.08 <sup>ns</sup>	1			
TGW	-0.40*	0.21 <sup>ns</sup>	-0.24 <sup>ns</sup>	1		
YID	-0.78**	-0.07 <sup>ns</sup>	-0.24 <sup>ns</sup>	0.48**	1	
SIIG	-0.77**	-0.03 <sup>ns</sup>	-0.04 <sup>ns</sup>	0.63**	0.95**	1

<sup>ns</sup>، \* و \*\*: به ترتیب غیرمعنی‌دار، معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۵ و ۰/۰۱

DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TGW: وزن هزار دانه؛ YLD: عملکرد دانه  
<sup>ns</sup>، \* and \*\*: non-significant, significant at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively  
DHE: Days to heading; DMA: Days to maturity; PLH: Plant height; TGW: 1000 grain weight; YLD: Seed yield

هیچ ژنوتیپی در گروه یک و هشت قرار نگرفت ولی در گروه-های ۲، ۳، ۴، ۵، ۶ و ۷ به ترتیب ۳، ۴، ۳، ۵، ۳ و ۲ ژنوتیپ قرار گرفتند (جدول ۸). با توجه به قرارگیری ژنوتیپ‌ها در ۶ گروه و کاهش مقدار شاخص SIIG از گروه ۱ به گروه ۸، ژنوتیپ‌های گروه‌های ۲، ۳ و ۴ را به علت داشتن شاخص SIIG بالای ۰/۵ می‌توان به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر انتخاب نمود؛ اما برترین ژنوتیپ‌ها به علت دارا بودن سنبله‌دهی سریع‌تر، وزن هزار دانه بالا و در نهایت عملکرد دانه بالاتر در گروه ۲ قرار دارند (جدول ۸).

به‌منظور انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها برای هر منطقه به‌طور جداگانه و انتخاب برترین ژنوتیپ‌ها از لحاظ صفات مورد مطالعه به‌طور هم‌زمان، از شاخص SIIG استفاده شد (Zali et al., 2015). از آنجایی که میزان تغییرات این شاخص بین صفر تا یک متغیر است، هر چه مقدار SIIG برای ژنوتیپی به یک نزدیک‌تر باشد، آن ژنوتیپ از مطلوبیت بالاتری از لحاظ صفات مورد مطالعه، برخوردار است و هر چه مقدار SIIG برای ژنوتیپی به صفر نزدیک‌تر باشد، از نظر صفات مورد بررسی از مطلوبیت کمتری برخوردار خواهد بود (Zali et al., 2017). گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص SIIG نشان داد که

جدول ۷. گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گندم بر اساس شاخص SIIG و میانگین صفات مختلف مورفو-فینولوژیک در هر گروه  
 Table 8. Grouping of wheat genotypes based on SIIG index and mean of morpho-phenological different traits in each group

SIIG	گروه‌ها Groups	تعداد لاین‌ها Lines Number	Average of groups میانگین گروه‌ها				
			DHE	DMA	PLH	TGW	YLD
			-----day-----		cm	g	kg ha <sup>-1</sup>
0.8≤SIIG<0.9	1	0	-	-	-	-	-
0.7≤SIIG<0.8	2	7	150.12	183.50	77.08	35.33	2030.71
0.6≤SIIG<0.7	3	4	150.00	183.31	76.88	34.01	1995.25
0.5≤SIIG<0.6	4	3	150.14	182.50	75.42	34.74	1906.10
0.4≤SIIG<0.5	5	3	152.39	183.47	76.81	34.40	1822.33
0.3≤SIIG<0.4	6	5	152.45	183.28	78.33	33.35	1753.98
0.2≤SIIG<0.3	7	2	153.71	183.92	76.25	33.73	1647.50
0.1≤SIIG<0.2	8	0	-	-	-	-	-

DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TGW: وزن هزار دانه؛ YLD: عملکرد دانه  
 DHE: Days to heading; DMA: Days to maturity; PLH: Plant height; TGW: 1000 grain weight; YLD: Seed yield.

زمانی که در یک پژوهش تعداد صفات مورد بررسی زیاد باشد برای انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و صفات مطلوب بهتر است شاخص SIIG بر مبنای همه صفات به‌جز عملکرد محاسبه شود و در پایان گزینش ژنوتیپ‌ها در یک نمودار دوبعدی شامل محورهای شاخص SIIG و عملکرد انجام می‌شود (Tahmasebi et al., 2018).

زالی و همکاران (Zali et al., 2021) نیز گزارش کردند که در منطقه گنبد میانگین لاین‌های سه گروه برتر انتخاب‌شده از لحاظ صفات وزن هزار دانه، ارتفاع و عملکرد دانه دارای بیشترین مقدار بود که به خاطر همبستگی مثبت و معنی‌دار این سه صفت با شاخص SIIG است. در پژوهش دیگری جهت گزینش ژنوتیپ‌های برتر کلزا با استفاده صفات مختلف مورفولوژیک، از شاخص SIIG استفاده شد. در این پژوهش ۱۳ صفت مورفولوژیک با استفاده از شاخص SIIG به یک شاخص واحد تبدیل شد و در نهایت برای انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها از یک نمودار دوبعدی عملکرد و شاخص SIIG استفاده گردید (Abdollahi Hesar et al., 2020). رمزی و همکاران (Ramzi et al., 2018) از شاخص SIIG به‌منظور بررسی تحمل لاین‌های پیشرفته گندم دوروم تحت شرایط تنش آلومینیوم استفاده نمودند و بیان شد که در استفاده از شاخص تحمل (Ti) مقدار صفت در سطح تنش تقسیم‌بندی بر مقدار صفت در سطح شاهد) به دلیل وجود Ti‌های مختلف بر اساس صفات متفاوت تصمیم‌گیری روی لاین‌های حساس و متحمل کار راحتی نیست. در صورتی که با جمع این شاخص‌ها در قالب یک شاخص تحت عنوان شاخص SIIG کار تصمیم‌گیری راحت‌تر می‌شود. ژنوتیپ‌های ۱۰، ۱۸، ۱۲،

در پژوهش زالی و همکاران (Zali et al., 2021) نیز لاین‌های مورد بررسی بر اساس شاخص SIIG به ترتیب در مناطق داراب، اهواز، گنبد و زابل در ۶، ۷، ۸ و ۷ گروه قرار گرفتند. بررسی میانگین صفات در سه گروه برتر (گروه ۲، ۳ و ۴) نشان داد که لاین‌ها از لحاظ صفات روز تا سنبله‌دهی، وزن هزار دانه و عملکرد دانه دارای بیشترین مقدار بودند (جدول ۷). مطلوبیت بالای میانگین گروه‌های ۲، ۳ و ۴ بر اساس میانگین صفات روز تا سنبله‌دهی، وزن هزار دانه و عملکرد دانه به خاطر همبستگی بالا و معنی‌دار این صفات با شاخص SIIG است؛ بنابراین گروه‌های برتر ایجاد شده توسط شاخص SIIG از لحاظ صفاتی دارای بالاترین مطلوبیت هستند که با آن‌ها همبستگی بالا و معنی‌دار داشته باشد. هر چه تنوع صفتی بالاتر باشد نقش آن در مقدار عددی شاخص SIIG بیشتر خواهد بود (Najafi Mirak et al., 2018). به‌منظور گزینش ایده‌آل‌ترین ارقام و لاین‌ها از بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از شاخص SIIG به‌عنوان یک مدل گزینش‌گر استفاده می‌شود. به‌عبارت‌دیگر با استفاده از روش SIIG می‌توان ویژگی‌های مختلف را به‌صورت یک شاخص واحد محاسبه کرد و گزینش ژنوتیپ‌های برتر را مطمئن‌تر و دقیق‌تر انجام داد (Zali et al., 2017; Najafi Mirak et al., 2018; Zali et al., 2020; Abdollahi Hesar et al., 2020). از دیگر ویژگی‌های شاخص SIIG، ادغام صفات دارای واحدهای متفاوت است (Tahmasebi et al., 2018). در این پژوهش از صفاتی با واحدهای متفاوت استفاده شد. همچنین هر چه صفتی دارای تنوع فنوتیپی بیشتری باشد نقش آن در مقدار عددی شاخص SIIG بیشتر خواهد بود.

شاخص SIIG نیز ۷ ژنوتیپ (۶، ۱۰، ۱۲، ۱۶، ۱۷، ۱۸ و ۲۳) را در گروه برتر قرار داد. مقایسه دو روش مشخص نمود که ۵ ژنوتیپ در دو روش اخیر مشترک هستند که نشان‌دهنده کارایی بالای این روش‌ها در گزینش برترین‌ها است. برتری روش SIIG نسبت به سایر روش‌ها، گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس مطلوبیت صفات است (به‌طور مثال میانگین کم ژنوتیپ‌ها در صفات روز تا سنبله‌دهی و روز تا رسیدگی مطلوب هستند) که این موضوع در تجزیه‌های چندمتغیره از قبیل تجزیه خوشه‌ای مدنظر قرار نمی‌گیرد بنابراین ژنوتیپ‌های گزینش‌شده از طریق شاخص SIIG به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر در طی سه سال آزمایش برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی تحت شرایط دیم توصیه می‌گردند

۱۷، ۱۶، ۶ و ۲۳ به خاطر شاخص بالای (SIIG مقدار شاخص بین ۰/۷ تا ۰/۸) در گروه ۲ قرار گرفتند و به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها گزینش می‌گردند. با توجه به تجزیه‌های انجام شده و مقایسه آن‌ها می‌توان بیان کرد که در روش مقایسه میانگین چون صفات به‌صورت تک‌تک مقایسه می‌گردند نمی‌توان بر مبنای همه صفات اقدام به گزینش برترین‌ها نمود. چنانچه گزینش تنها بر مبنای عملکرد صورت گیرد در گروه برتر ۱۲ ژنوتیپ قرار می‌گیرند که نصف ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را شامل می‌شود. در روش تجزیه خوشه‌ای گروه‌بندی بر مبنای تمامی صفات انجام می‌گیرد که با مقایسه میانگین بین گروه‌ها، مشخص گردید گروه برتر شامل ۷ ژنوتیپ (۴، ۱۲، ۱۶، ۱۷، ۱۸، ۲۲ و ۲۳) است. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر مبنای

## منابع

- Abdollahi Hesar, A., Sofalian, O., Alizadeh, B., Asghari, A., Zali, H., 2020. Evaluation of some autumn canola genotypes based on agronomy traits and SIIG index. *Journal of Crop Breeding*. 12, 93-104. [In Persian with English Summary]
- Alavi Siney, S. M., Saba, J., 2015. Analysis of yield and yield components traits in twenty bread wheat genotypes under dryland conditions. *Philippine Journal of Crop Science*. 40, 78-87.
- Alavi Siney, S. M., Saba, J., Nasiri, J., 2013. Evaluation of some physiological traits in drought tolerant lines of bread wheat in rainfed conditions. *Seed and Plant Improvement Journal*. 29, 637-657. [In Persian with English Summary]
- Alqudah, A.M., Samarah, N.H., Mullen, R.E., 2011. Drought stress effect on crop pollination, seed set, yield and quality. In: Lichtfouse, E. (ed.), *Alternative Farming Systems, Biotechnology, Drought Stress and Ecological Fertilisation*. Springer Press, Dordrecht, pp. 193-213.
- Blum, A., 1998. Improving Wheat Grain Filling under Stress by Stem Reserve Mobilisation. *Euphytica*, 100, 77-83.
- Daryanto, S., Wang, L., Jacinthe, P.A., 2016. Global synthesis of drought effects on maize and wheat production. *PLoS ONE*. 11, 0156362.
- Fahad, S., Bajwa, A.A., Nazir, U., Anjum, S.A., Farooq, A., Zohaib, A., Sadia, S., Nasim, W., Adkins, S., Saud, S., 2017. Crop production under drought and heat stress: plant responses and management options. *Frontiers in Plant Science*. 8, 1-16.
- Falconer, D.S. 1985. *Introductions to Quantitative Ge-netics*. Longman, London.
- Hu, T., Renzullo, L.J., van Dijk, A.I., He, J., Tian, S., Xu, Z., Zhou, J., Liu, T., Liu, Q., 2020. Monitoring agricultural drought in Australia using MTSAT-2 land surface temperature retrievals. *Remote Sensing of Environment*. 236, 1-13.
- Lamaoui, M., Jemo, M., Datla, R., Bekkaoui, F., 2018. Heat and drought stresses in crops and approaches for their mitigation. *Frontiers in Chemistry*. 6, 1-14.
- Ministry of Agriculture Jihad (MAJ) 2020. Communications and information technology center. Available at Web site <http://amar.maj.ir/Portal/Home/Default.aspx?CategoryID=117564e0-507c-4565-9659-fbafb4acb9b> [In Persian].
- Mohammadi-Ahmadmahmoudi, E., Deihimfard, R., Noori, O., 2020. Yield gap analysis simulated for sugar beet-growing areas in water-limited environments. *European Journal of Agronomy*. 113, 125988.
- Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Andarzian, B., Farzadi, H., Bahari, M., Zali, H., 2018. Stability analysis of grain yield of durum wheat

- promising lines in warm and dry areas using parametric and non-parametric methods. *Journal of Crop Production and Processing*. 8, 79-96. [In Persian with English Summary]
- Pradhan, G.P., Prasad, P.V., Fritz, A.K., Kirkham M.B., Gill B.S., 2012. Effects of drought and high temperature stress on synthetic hexaploid wheat. *Functional Plant Biology*. 39, 190-198.
- Ramzi, E., Asghari, A., Khomari, S., Chamanabad, H.M., 2018. Investigation of durum wheat (*Triticum turgidum* L. subsp. *Durum* Desf) lines for tolerance to aluminum stress condition. *Jouran of Crop Breeding*. 10, 63-72. [In Persian with English Summary]
- Saba, J., Tavana, Sh., Qorbanian, Z., Shadan, E., Shekari, F., Jabbari, F., 2018. Canonical correlation analysis to determine the best traits for indirect improvement of wheat grain yield under terminal drought stress. *Jouranal of Agricultural Science and Technology*. 20, 1037-1048.
- Shavrukov, Y., Kurishbayev, A., Jatayev, S., Shvidchenko, V., Zotova, L., Koekemoer, F., de Groot, S., Soole, K., Langridge, P., 2017. Early flowering as a drought escape mechanism in plants: how can it aid wheat production? *Frontiers in Plant Science*. 8, 1950.
- Tahmasebi, S., Dastfal, M., Zali, H., Rajaei, M., 2018. Drought tolerance evaluation of bread heat cultivars and promising lines in warm and dry climate of the south. *Cereal Research*. 8, 209-225. [In Persian with English Summary]
- Watson, J., Zheng, B., Chapman, S., Chenu, K., 2017. Projected impact of future climate on water-stress patterns across the Australian wheatbelt. *Journal of Experimental Botany*. 68, 5907-5921.
- Zali, H., 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. *Jouran of Crop Breeding*. 12, 93-104. [In Persian with English Summary]
- Zali, H., Barati, A., Marzoqian, A., Koohkan, S., Gholipour, A. 2021. Selection of barley pure lines with high yield and desirable agronomic characteristics in warm areas of Iran. *Journal of Crop Production*. 14, 199-218.
- Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asghari, A., Zeinalabedini, M., 2017. Appropriate strategies for selection of drought tolerant genotypes in canola. *Jouran of Crop Breeding*. 78, 77-90. [In Persian with English Summary]
- Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asghari, A., 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. *Biological Forum - An International Journal*. 7, 703