

## آنالیز شاخص گزینش جهت معرفی ژنوتیپ‌های برتر و با عملکرد دانه بالا در کینوا (*Chenopodium quinoa* Willd.)

ابراهیم سوری لکی<sup>۱</sup>، بابک ربیعی<sup>۲\*</sup>، وحید جوکار فرد<sup>۱</sup>، حسن مرعشی<sup>۳</sup>، آندریاس برنر<sup>۴</sup>

۱. دانش آموخته دکتری، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران
۲. استاد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران
۳. دانشجوی دکتری، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران
۴. استاد، گروه بیوتکنولوژی و به نژادی گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه فردوسی، مشهد، ایران
۵. استاد، گروه بانک ژن، مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی و گیاهان زراعی لایبنیز (IPK)، آلمان

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۴/۲۷

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۶/۰۵

### چکیده

در برنامه‌های به نژادی گیاهان، انتخاب یکی از مهم‌ترین مراحل و کارآیی آن به میزان زیادی وابسته به تنوع ژنتیکی جمعیت و وراثت‌پذیری صفات است. با توجه به پیچیده بودن وراثت عملکرد، انتخاب مستقیم برای بهبود آن چندان موثر نمی‌باشد، بنابراین می‌توان با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره اطلاعات لازم برای گزینش غیرمستقیم جهت بهبود عملکرد دانه را به دست آورد. هدف از این پژوهش بررسی روابط بین صفات مهم زراعی، ارزیابی شاخص‌های گزینش پایه و ارائه بهترین شاخص‌ها به منظور بهبود عملکرد دانه و شناسایی بهترین ژنوتیپ‌های کینوا جهت ادامه برنامه به نژادی به منظور معرفی رقم بود. بدین منظور ۶۰ ژنوتیپ کینوا تهیه شده از موسسه IPK آلمان در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار در سال ۱۴۰۱ در مزرعه تحقیقاتی واقع در شهرستان کوهدشت مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج تجزیه علیت فنوتیپی و ژنوتیپی عملکرد دانه نشان داد که دو صفت وزن هزار دانه و تعداد خوشه در بوته دارای بیش‌ترین اثر مستقیم مثبت و معنی‌دار بر عملکرد دانه ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بودند. همچنین استفاده از ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی و صفات ردیف اول وارد شده در مدل تجزیه علیت عملکرد دانه به عنوان ارزش اقتصادی، بیش‌ترین بهره ژنتیکی صفات را به دنبال داشت و بنابراین می‌تواند شاخص‌های مطلوب و مناسبی برای گزینش ژنوتیپ‌های برتر کینوا باشند. بر اساس شاخص‌های گزینش مختلف ژنوتیپ‌های ۴۹ و ۳۲ به عنوان برترین ژنوتیپ‌ها معرفی شدند که با داشتن مقادیر بالا برای عملکرد و اجزای عملکرد دانه، مقادیر مطلوبی برای صفات ارتفاع بوته و زمان رسیدگی داشتند.

**کلید واژگان:** تجزیه علیت، پیشرفت ژنتیکی، سودمندی نسبی، همبستگی ژنوتیپی

## مقدمه

کینوا با نام علمی *Chenopodium quinoa* Willd. از خانواده Amaranthaceae و زیرخانواده Chenopodiaceae. گیاهی یک‌ساله است، که معمولاً با هدف تولید دانه و علوفه کشت می‌شود. لیکن در بسیاری از کشورها از برگ‌های جوان آن نیز به‌عنوان سبزی تازه و یا پخته شده استفاده می‌کنند (Bazile et al., 2016). کینوا بومی کوه‌های آند در بولیوی، شیلی و پرو است که طی ۵۰۰۰ سال به طور مداوم مورد تغذیه مردم این مناطق قرار گرفته است؛ به طوری که در سال ۲۰۰۳ بولیوی و پرو با ۸۸٪ تولید جهانی، بزرگ‌ترین صادرکنندگان کینوا بودند (Repo-Carrasco et al., 2003). دانه کینوا از نظر میزان عناصری مانند کلسیم، فسفر، منیزیم، پتاسیم، آهن، مس، منگنز و روی نسبت به غلاتی مانند گندم، جو و ذرت برتری داشته و از نظر مقدار سدیم نسبت به این گیاهان در سطح پایینتری قرار دارد. کینوا به دلیل داشتن مقادیر کمی و کیفی بالای پروتئین از غلات متداول برتر است و به همین دلیل به معیارها و استانداردهای فائو جهت تغذیه انسان نزدیک شده است. کینوا از نظر اسید آمینه لیزین نسبت به غلات و از نظر اسیدهای آمینه‌های متیونین و سیستئین از حبوبات برتر است (Garcia et al., 2015).

ایران کشوری پرجمعیت است که با بهبود معیشت مردم، با افزایش تقاضای غذا مواجه خواهد بود. با توجه به وضعیت اقلیمی و جغرافیایی کشور و عواملی مانند تغییر اقلیم، محدودیت آبی و وجود خاک‌های شور، کشت گیاهانی از قبیل کینوا که سازگاری بالایی با این شرایط دارند، از مهمترین راهکارهای رسیدن به امنیت غذایی در کشور به شمار می‌رود (Esteki et al., 2014). هدف اصلی در به‌نژادی کینوا، توسعه انواع آن با عملکرد دانه مطلوب به همراه پروتئین بالا و محتوای پایین ساپونین است (Bhargava et al., 2006). عملکرد دانه یک صفت کمی است که توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شود. وراثت‌پذیری این صفت به دلیل برهمکنش ژنوتیپ × محیط پایین است و از این رو ضروری است به منظور افزایش عملکرد دانه، گزینش از طریق اجزای عملکرد صورت گیرد.

در برنامه‌های به‌نژادی گیاهان، انتخاب یکی از مهم‌ترین مراحل است و کارایی آن به میزان زیادی وابسته به تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت و وراثت‌پذیری صفات مورد

بررسی است. به نحوی که انتخاب برای صفات با وراثت-پذیری بالا موثرتر از صفات با وراثت‌پذیری پایین می‌باشد. با توجه به پیچیده بودن توارث عملکرد، انتخاب مستقیم برای بهبود آن چندان موثر نمی‌باشد، بنابراین می‌توان از برخی از روش‌های آماری چند متغیره مانند ضرایب همبستگی، تجزیه علیت استفاده کرد و اطلاعات لازم برای انتخاب غیرمستقیم صفات جهت اصلاح عملکرد دانه را به دست آورد (Mohammadi et al., 2020). به دلیل وجود همبستگی‌های نامطلوب بین صفات، مطالعه ارقام و ژنوتیپ‌ها از نظر چند صفت به یکی از چالش‌ها در مسیر به نژادگران تبدیل شده است. این همبستگی‌ها سبب کاهش در یک یا چند صفت در نتیجه بهبود یک صفت می‌شود (Yan, 2014). همچنین اگرچه گزینش براساس صفات مهم شناسایی شده توسط روش‌هایی مانند ضرایب همبستگی و تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام نقش به‌سزایی در به‌نژادی گیاهان دارد، اما این روش‌ها قادر به شناسایی ارقام برتر از نظر مجموعه‌ای از صفات نیستند (Mohammadi et al., 2020) و به کارگیری همه جانبه آن‌ها مشکل چند همخطی بین صفات را به‌دنبال دارد (Alipour et al., 2021). بنابراین جهت غلبه بر این عوامل روش‌های مختلفی ایجاد شد. استفاده از شاخص گزینش بر مبنای چند صفت، یکی از روش‌های گزینش ژنوتیپ‌های برتر می‌باشد، به نحوی که پاسخ به انتخاب بر اساس شاخص گزینش در صورت استفاده از روش‌های مناسب جهت برآورد شاخص و ضرایب آن در مدل گزینش چندگانه کارایی بالاتری از انتخاب مستقیم برای آن صفت خواهد داشت (Alipour et al., 2021). عملکرد و صفات مرتبط با آن در اغلب برنامه‌های اصلاحی به طور همزمان مورد مطالعه قرار می‌گیرند و چون ارزش اقتصادی یک گیاه به ارزش صفات مختلف آن بستگی دارد، به نژادگران انتخاب همزمان برای صفات مختلف را برای حداکثر کردن ارزش اقتصادی یک گیاه بررسی می‌کنند (Bos and Caligari, 2007)، بنابراین برای بهبود دو یا چند صفت به طور همزمان، می‌توان از روش‌های انتخاب غیرمستقیم مانند انتخاب بر اساس شاخص‌های گزینشی مناسب استفاده کرد. به این ترتیب که شاخص مناسبی از ارزش‌های فنوتیپی تعریف شده و بر اساس آن بهترین ژنوتیپ انتخاب می‌شود. این شاخص که به عنوان یک صفت تلقی می‌شود، باید همبستگی بالایی با عملکرد داشته باشد و از وراثت‌پذیری بالایی برخوردار باشد. هدف از به‌کارگیری

دانه در ژنوتیپ‌های وارداتی کینوا و سپس شناسایی بهترین ژنوتیپ‌ها جهت ادامه برنامه به نژادی به منظور معرفی رقم بود.

### مواد و روش‌ها

۶۰ ژنوتیپ مختلف کینوا (جدول ۱) تهیه شده از موسسه IPK آلمان در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار در اردیبهشت ماه ۱۴۰۱ در مزرعه تحقیقاتی واقع در شهرستان کوهدشت (استان لرستان) با عرض جغرافیایی ۳۳ درجه و ۳۲ دقیقه شمالی و طول جغرافیایی ۴۷ درجه و ۳۶ دقیقه شرقی و ۱۱۹۵ متر ارتفاع از سطح دریای آزاد مورد ارزیابی قرار گرفتند. بر اساس آمار هواشناسی بلند مدت، شهرستان کوهدشت با داشتن متوسط دما ۲۲ درجه سانتی‌گراد و متوسط بارندگی سالانه ۴۵۰ میلی‌متر، از نظر شرایط اقلیمی جزء مناطق معتدل و نیمه خشک محسوب می‌شوند. طول هر کرت شش متر و عرض آن چهار متر و دارای ۳ خط کشت با فواصل ۳۵ سانتی‌متر از یکدیگر بود. در هر کرت، دو ردیف انتهایی سمت راست و چپ و یک بوته از انتهایی تمامی ردیف‌ها به عنوان حاشیه در نظر گرفته می‌شود و نمونه‌برداری جهت اندازه‌گیری صفات به طور تصادفی از تمامی بوته‌های باقیمانده انجام شد. کلیه عملیات زراعی شامل آبیاری، کوددهی، وجین و مبارزه با آفات و بیماری‌ها طبق معمول انجام شد. صفات مورد بررسی در این آزمایش شامل تعداد روز تا ۳ برگی، تعداد روز تا تشکیل گل آذین، تعداد روز تا رنگی شدن گل آذین، تعداد روز تا گرده افشانی، تعداد روز تا شیری شدن بذر، تعداد روز تا خمیری شدن بذر، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، ارتفاع بوته، تعداد خوشه در بوته، طول خوشه، وزن هزار دانه، درصد ساپونین، درصد پروتئین، عملکرد دانه و شاخص برداشت بودند که در طول فصل رشد اندازه‌گیری و ثبت شدند.

### محاسبات آماری و تجزیه و تحلیل داده‌ها

پس از بررسی توزیع نرمال اشتباهات آزمایشی هر یک از صفات مورد مطالعه، ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی و همچنین تجزیه رگرسیون گام به گام با در نظر گرفتن عملکرد دانه به عنوان متغیر وابسته و سایر صفات به عنوان متغیر مستقل در نرم افزا SPSS 22.0 انجام شد. جهت محاسبه ضرایب همبستگی بین صفات، میانگین

شاخص گزینش آن است که ارزش ژنتیکی واقعی یا ارزش ارثی را با استفاده از یک ترکیب خطی از ارزش‌های فنوتیپی برآورد کرد (Yan and Frégeau-Reid, 2018).

اسمیت (Smith, 1936) برای اولین بار از شاخص‌های انتخاب در گیاهان با استفاده از مفهوم تابع تشخیص استفاده کرد. سپس هیزل (Hazel, 1943) با استفاده از روش تجزیه رگرسیون چند متغیره، مدل انتخاب همزمان را توسعه داد و سپس روش‌های پیشرفته‌تری در شاخص‌های انتخاب بیان شد و مورد استفاده قرار گرفت. کارایی شاخص‌های گزینش در بهبود عملکرد گیاهانی مانند برنج (Jokarfard, V. and (B. Rabiei, 2020; Rabiei et al., 2004)، ذرت دانه‌ای (Khavari Khorasani and Mahdi poor, 2018)، آفتابگردان (Ahmadpour et al., 2018) و کنجد (Tahmasebi et al., 2021) گزارش شده است.

بارگو و همکاران (Bhargava et al., 2008) به منظور شناسایی شاخص‌های انتخاب مستقیم و غیرمستقیم جهت اصلاح عملکرد دانه در ۲۹ ژنوتیپ کینوا، بیان کردند که عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی‌داری با قطر دانه، کلروفیل کل، کلروفیل a، و کارتنوئید برگ و همبستگی منفی و معنی‌داری با پروتئین و کارتنوئید دانه دارد و در نهایت آن‌ها صفت قطر دانه را به عنوان مهمترین شاخص انتخاب غیرمستقیم جهت افزایش عملکرد دانه گزارش کردند. کریمی و همکاران (Karimi, 2018) با تجزیه و تحلیل ضرایب همبستگی بین عملکرد و اجزای عملکرد دانه در کینوا گزارش کردند که عملکرد دانه بیشترین ارتباط مثبت را با صفات وزن هزار دانه، طول خوشه اصلی و شاخص برداشت دارد که نشان دهنده اهمیت این صفات برای بهبود عملکرد است. اسفندیاری و فتوکیان (Esfandiyari and Fotokian, 2020) در پژوهشی با استفاده از تجزیه علیت برای صفات مورفولوژیک در ۷۰ ژنوتیپ کینوا گزارش کردند که دو صفت وزن خشک خوشه و ساقه که به ترتیب بیش‌ترین اثر مستقیم معنی‌دار بر وزن خشک بوته بودند، به عنوان شاخص گزینش معرفی کردند، اما برای صفت وزن خشک دانه، صفت وزن خشک خوشه به تنهایی به عنوان مناسب‌ترین شاخص گزینش معرفی شد.

با توجه به اهمیت گیاه کینوا و نیاز به کشت آن در ایران، هدف ما از این پژوهش بررسی ماهیت روابط بین صفات مهم زراعی در کینوا، ارزیابی شاخص‌های گزینش مختلف و ارائه بهترین شاخص‌ها به منظور بهبود عملکرد

مقایسه شاخص‌ها و در نهایت معرفی بهترین شاخص برآورد شدند (Jokarfard, V. and B. Rabiei. 2020; Rabiei *et al.*, 2004).

بدین منظور، ابتدا ضریب همبستگی شاخص و ارزش اصلاحی ( $R_{HI}$ ) با رابطه ۲ برآورد شد (Jokarfard, V. and B. Rabiei. 2020; Rabiei *et al.*, 2004):

$$R_{HI} = \frac{\sigma_{HI}}{\sqrt{\sigma_I^2 + \sigma_H^2}} = \frac{\sigma_I}{\sigma_H} = \sqrt{\frac{a'Ga}{a'Pa}} \quad \text{رابطه ۲}$$

در این رابطه  $\sigma_I^2$ ،  $\sigma_H^2$  و  $\sigma_{HI}$  به ترتیب واریانس شاخص گزینش، واریانس ارزش اصلاحی کل صفات و کواریانس بین شاخص گزینش و ارزش اصلاحی می‌باشند که از طریق روابط ۳ و ۴ محاسبه شدند (Jokarfard, V. and B. Rabiei. 2020; Rabiei *et al.*, 2004):

$$= a'Ga\sigma_I^2 \quad \text{رابطه ۳}$$

$$= \sigma_H^2 a'Pa \quad \text{رابطه ۴}$$

جهت محاسبه میزان پیشرفت ژنتیکی شاخص برای سایر صفات از رابطه ۵ استفاده شد (Jokarfard, V. and B. Rabiei. 2020; Rabiei *et al.*, 2004):

$$\Delta H = KR_{HI}\sigma_H \quad \text{رابطه ۵}$$

در این رابطه  $K$  دیفرانسیل گزینش در واحد استاندارد می‌باشد که بر اساس گزینش ۱۰ درصد از بهترین ژنوتیپ‌های مورد بررسی برابر با ۱/۷۶ در نظر گرفته شد.

همچنین میزان پیشرفت ژنتیکی برای هر صفت بر مبنای شاخص از طریق رابطه ۶ محاسبه شد (Jokarfard, V. and B. Rabiei. 2020; Rabiei *et al.*, 2004):

$$\Delta = \frac{KGb}{\sqrt{a'Pa}} \quad \text{رابطه ۶}$$

سودمندی نسبی (RE) گزینش بر اساس شاخص نسبت به گزینش مستقیم برای عملکرد با رابطه زیر محاسبه شد (Jokarfard, V. and B. Rabiei. 2020; Rabiei *et al.*, 2004):

$$RE = \frac{R_I}{R_A} = \frac{r_{G(A)I}}{h_A} \quad \text{رابطه ۷}$$

که در آن،  $R_I$  و  $R_A$  به ترتیب پاسخ مورد انتظار بر مبنای استفاده از شاخص گزینش و گزینش مستقیم بر مبنای عملکرد دانه،  $r_{G(A)I}$  همبستگی ژنتیکی بین شاخص و عملکرد  $h_A$  جذر وراثت‌پذیری صفت  $A$  (عملکرد) می‌باشد. مقادیر  $R_I$ ،  $R_A$  و  $r_{G(A)I}$  به ترتیب براساس روابط ۸ تا ۱۰ محاسبه شدند (Jokarfard, V. and B. Rabiei. 2020; Rabiei *et al.*, 2004):

$$R_I = kr_{G(A)I}\sigma_{G(A)} \quad \text{رابطه ۸}$$

تکرارهای هر ژنوتیپ محاسبه شد و بنابراین تعداد ۶۰ نمونه برای محاسبه ضرایب همبستگی مورد استفاده قرار گرفت. در مرحله بعد هریک از صفات وارد شده به مدل تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام عملکرد دانه به‌عنوان متغیر وابسته و سایر صفات به‌عنوان متغیر مستقل در نظر گرفته شد و در نهایت صفات رده دوم موثر بر عملکرد دانه مشخص گردید. وراثت‌پذیری عمومی صفات مورد بررسی با استفاده از امید ریاضی میانگین مربعات در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در برنامه Microsoft Excel محاسبه شد (Jokarfard and Rabiei. 2020). به‌منظور برآورد شاخص گزینش برای صفات مورد مطالعه محاسبه اهمیت نسبی اقتصادی صفت، واریانس ژنوتیپی و فنوتیپی، کواریانس ژنوتیپی و فنوتیپی صفات ضروری است. ماتریس واریانس-کواریانس فنوتیپی و ژنوتیپی با استفاده از امید ریاضی تجزیه واریانس-کواریانس صفات در طرح پایه مورد استفاده، محاسبه شد (Jokarfard and Rabiei. 2020; Rabiei *et al.*, 2004).

شاخص‌های گزینش پایه مختلف براساس نتایج ضرایب همبستگی صفات، تجزیه علیت و وراثت‌پذیری عمومی صفات به عنوان ارزش اقتصادی و با در نظر گرفتن ارزش‌های فنوتیپی، از مجموع حاصل ضرب ارزش‌های اقتصادی در ارزش‌های فنوتیپی صفات هر ژنوتیپ به عنوان ارزش شاخص آن ژنوتیپ رابطه ۱ محاسبه شد (Jokarfard, V. and B. Rabiei. 2020; Rabiei *et al.*, 2004):

$$I = \sum a_i p_i = a'P \quad \text{رابطه ۱}$$

در رابطه فوق  $a_i$  ضریب اقتصادی صفت  $i$ ام،  $p_i$  ارزش فنوتیپی صفت  $i$ ام،  $a'P$  بردار ضرایب اقتصادی سایر صفات و  $P$  ماتریس داده‌های فنوتیپی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه می‌باشند. مهمترین فاکتور در محاسبه شاخص‌های پایه تعیین ضرایب اقتصادی مناسب می‌باشد. در این مطالعه ارزش‌های اقتصادی صفات بر اساس نتایج ضرایب همبستگی صفات، تجزیه علیت و وراثت‌پذیری عمومی صفات تعیین شد. معیارهای دقیقی مانند پیشرفت ژنتیکی یا بهره مورد انتظار از شاخص برای همه صفات ( $\Delta H$ )، پیشرفت مورد انتظار برای هر صفت در نتیجه استفاده از شاخص ( $\Delta$ ) و نیز سودمندی نسبی (RE) شاخص گزینش نسبت به انتخاب مستقیم بر مبنای عملکرد (روابط ۲ تا ۵) جهت ارزیابی،

یک از صفات مورد نظر ( $\Delta$ ) و نیز کلیه صفات ( $\Delta H$ ) و سودمندی نسبی بیشتری نسبت به گزینش مستقیم عملکرد (RE) ارایه دادند، انتخاب و معرفی شدند. برای محاسبه شاخص‌های انتخاب مختلف و معیارهای مقایسه آن‌ها از رویه iml نرم افزار SAS.9.4 استفاده شد.

$$R_A = kh_{(A)}\sigma_{G(A)} \quad \text{رابطه ۹}$$

$$r_{G(A)I} = \frac{\sigma_{G(A)I}}{\sqrt{\sigma_{G(A)}^2\sigma_I^2}} = \frac{a'g}{\sqrt{\sigma_{G(A)}^2a'Ga}} \quad \text{رابطه ۱۰}$$

در رابطه ۱۰، g بردار ستونی کواریانس ژنتیکی عملکرد با سایر صفات و  $\sigma_{G(A)}^2$  واریانس ژنتیکی صفت عملکرد می‌باشد. با استفاده از این معیارها شاخص‌های گزینش مختلف، مقایسه و بهترین آن‌ها که پیشرفت ژنتیکی بالاتری برای هر

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های کینوا مورد مطالعه

ردیف	ژنوتیپ	شناسه	منشا	ردیف	ژنوتیپ	شناسه	منشا
۱	CHEN67	D2190	پرو	۳۱	CHEN196	D9407	شیلی
۲	CHEN68	D2191	پرو	۳۲	CHEN199	D9409	پرو
۳	CHEN71	D2196	شیلی	۳۳	CHEN202	D9413	پرو
۴	CHEN83	D2194	بولیوی	۳۴	CHEN301	D9789	شیلی
۵	CHEN84	D2195	بولیوی	۳۵	CHEN204	D9415	شیلی
۶	CHEN89	D5078	بولیوی	۳۶	CHEN205	D9416	شیلی
۷	CHEN90	D5079	شیلی	۳۷	CHEN206	D9417	شیلی
۸	CHEN91	D5081	بولیوی	۳۸	CHEN207	D9418	شیلی
۹	CHEN115	D9316	بولیوی	۳۹	CHEN209	D9420	شیلی
۱۰	CHEN119	D9319	بولیوی	۴۰	CHEN210	D9421	شیلی
۱۱	CHEN121	D9336	شیلی	۴۱	CHEN212	D9426	شیلی
۱۲	CHEN123	D9428	پرو	۴۲	CHEN214	D9429	پرو
۱۳	CHEN126	D9339	پرو	۴۳	CHEN215	D9730	پرو
۱۴	CHEN128	D9320	شیلی	۴۴	CHEN216	D9431	پرو
۱۵	CHEN133	D9361	بولیوی	۴۵	CHEN217	D9432	شیلی
۱۶	CHEN146	D9374	بولیوی	۴۶	CHEN218	D9434	شیلی
۱۷	CHEN151	D9382	شیلی	۴۷	CHEN220	D9439	پرو
۱۸	CHEN154	D9385	پرو	۴۸	CHEN223	D9442	شیلی
۱۹	CHEN156	D9390	شیلی	۴۹	CHEN225	D9443	پرو
۲۰	CHEN159	D9376	بولیوی	۵۰	CHEN255	D9502	شیلی
۲۱	CHEN167	D9346	شیلی	۵۱	CHEN268	D9548	شیلی
۲۲	CHEN171	D9350	شیلی	۵۲	CHEN270	D9558	شیلی
۲۳	CHEN172	D9351	پرو	۵۳	CHEN297	D9786	شیلی
۲۴	CHEN179	D9358	شیلی	۵۴	CHEN299	D9788	شیلی
۲۵	CHEN182	D9392	پرو	۵۵	CHEN328	D9803	پرو
۲۶	CHEN189	D9400	پرو	۵۶	CHEN364	D9855	شیلی
۲۷	CHEN191	D9402	شیلی	۵۷	CHEN371	D9862	شیلی
۲۸	CHEN193	D9404	شیلی	۵۸	CHEN390	D9878	پرو
۲۹	CHEN194	D9405	شیلی	۵۹	CHEN391	D9879	شیلی
۳۰	CHEN195	D9406	پرو	۶۰	CHEN392	D9880	پرو

جدول ۲- ضرایب همبستگی بین صفات مورد بررسی وراثت‌پذیری صفات مورد نظر در ۶۰ ژنوتیپ کینوا

صفات	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱	۱۲	۱۳	۱۴	۱۵	وراثت پذیری
روز تا سه برگی	۱															۰/۶۸
روز تا تشکیل گل آذین	۰/۱۴	۱														۰/۸۷
روز تا رنگی شدن گل آذین	۰/۱۶	۰/۸۶**	۱													۰/۸۶
روز تا گرده افشانی	۰/۱۶	۰/۸۶**	۱	۱/۰۰**												۰/۸۶
روز تا شیری شدن	۰/۰۹	۰/۸۵**	۱/۰۰**	۱/۰۰**	۱											۰/۸۵
روز تا خمیری شدن	۰/۰۹	۰/۸۵**	۱/۰۰**	۱/۰۰**	۱	۱/۰۰**										۰/۸۵
روز تا رسیدگی فیزیولوژیک	۰/۳۰	-۰/۲۳	۰/۰۰	۰/۰۰	۱	-۰/۲۲	۱									۰/۸۲
ارتفاع بوته	۰/۲۵	۰/۲۵	۰/۱۶	۰/۱۷	۰/۱۱	۰/۱۱	-۰/۲۵	۱								۰/۹۸
تعداد خوشه در بوته	-۰/۹۶**	-۰/۰۶	-۰/۰۸	-۰/۰۷	-۰/۰۲	-۰/۱۹	-۰/۱۹	۱								۰/۶۴
طول خوشه اصلی	-۰/۸۱**	-۰/۱۲	-۰/۱۱	-۰/۱۱	-۰/۰۹	-۰/۰۹	-۰/۰۸	-۰/۳۷*	۱							۰/۹۲
وزن هزار دانه	-۰/۹۲**	-۰/۰۰	-۰/۰۷	-۰/۰۶	-۰/۰۵	-۰/۰۵	-۰/۰۱	-۰/۳۰	-۰/۰۱	۱						۰/۶۶
درصد سایونین	-۰/۰۲	-۰/۲۲	-۰/۱۱	-۰/۱۱	-۰/۱۱	-۰/۱۱	-۰/۱۱	-۰/۱۱	-۰/۱۱	-۰/۱۱	۱					۰/۹۹
درصد پروتئین	۱/۰۰**	-۰/۱۰	-۰/۱۱	-۰/۱۱	-۰/۰۷	-۰/۰۷	-۰/۳۰	-۰/۳۸*	-۰/۸۴**	-۰/۸۱**	-۰/۹۲**	-۰/۰۱	۱			۰/۶۸
عملکرد دانه	-۰/۹۱**	-۰/۰۱	-۰/۰۷	-۰/۰۶	-۰/۰۵	-۰/۰۵	-۰/۲۹	-۰/۰۱	-۰/۸۹**	-۰/۸۶**	۱/۰۰**	-۰/۱۰	-۰/۹۱**	۱		۰/۷۰
شاخص برداشت	-۰/۹۲**	-۰/۰۰	-۰/۰۷	-۰/۰۶	-۰/۰۵	-۰/۰۵	-۰/۳۰	-۰/۰۱	-۰/۹۰**	-۰/۸۸**	۱/۰۰**	-۰/۱۰	-۰/۹۲**	-۰/۹۹**	۱	۰/۶۶

\* و \*\* به ترتیب معنی‌دار در سطوح ۵ و ۱ درصد

## ۲- تجزیه رگرسیون گام به گام و تجزیه علیت صفت عملکرد دانه

با توجه به این که نتایج ضرایب همبستگی نمی‌تواند به‌طور صحیح، ماهیت ارتباط بین صفات را نمایش دهد، تجزیه علیت برای تعیین روابط علت و معلولی مؤثرتر است (Albayrak and Töngel, 2006). با استفاده از تجزیه علیت صفات وارد شده در مدل رگرسیون گام به گام به آثار مستقیم و غیرمستقیم هر صفت بر صفت وابسته تفکیک می‌شود و سبب درک و تفسیر نتایج بهتر نتایج حاصل از رگرسیون گام به گام می‌شود (Bhatt, 1973). لازم به ذکر است که تجزیه علیت و تفکیک ضرایب همبستگی به آثار مستقیم و غیرمستقیم در دو مرحله بر اساس ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی انجام شد (جدول ۳).

نتایج حاصل از تجزیه رگرسیون گام به گام عملکرد دانه نشان داد که صفات وزن هزار دانه و تعداد خوشه در بوته به‌عنوان متغیرهای پیشگویی کننده و معنی‌دار موثر بر عملکرد دانه هستند. نتایج حاصل از تجزیه رگرسیون هر یک از این صفات پیشگویی کننده نیز نشان داد که برای وزن هزاردانه صفات طول خوشه و روز تارسیدگی فیزیولوژیک و برای صفت تعداد خوشه در بوته صفات درصد پروتئین و ارتفاع بوته وارد مدل رگرسیونی شدند و دارای اثر معنی‌دار بر صفات وابسته بودند. از صفات وارد شده در این مدل‌های رگرسیونی برای انجام تجزیه علیت و تفکیک ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی به آثار مستقیم و غیرمستقیم استفاده شد (جدول ۳).

نتایج حاصل از تجزیه علیت عملکرد دانه نشان داد که بین دو صفت وزن هزار دانه و تعداد خوشه در بوته، صفت وزن هزار دانه با اثر مستقیم فنوتیپی ۰/۷۸ و اثر مستقیم ژنوتیپی ۰/۷۷ مهمترین صفت موثر بر عملکرد دانه بود و پس از آن صفت تعداد خوشه در بوته با اثر مستقیم فنوتیپی ۰/۳۷ و اثر مستقیم ژنوتیپی ۰/۳۰ صفات معنی‌دار تاثیرگذار بر عملکرد دانه بودند (جدول ۲). این دو صفت در مجموع می‌توانند حدود ۹۴ درصد از تنوع فنوتیپی و ۹۶ درصد از تنوع ژنوتیپی عملکرد دانه را در این تحقیق توجیه کنند (جدول ۳). نتایج حاصل از تجزیه رگرسیون گام به گام و تجزیه علیت عملکرد دانه در مطالعه سورلی لکی و همکاران (Souri Laki et al., 2022) نیز نشان داد که دو صفت وزن هزار دانه و طول خوشه اصلی، دارای بیش‌ترین تأثیر مثبت و مستقیم معنی‌دار بر عملکرد دانه بودند و به‌عنوان متغیرهای پیشگویی کننده عملکرد دانه انتخاب شدند.

انجام تجزیه علیت برای صفات موثر بر عملکرد دانه جهت شناسایی متغیرهای پیشگویی کننده رده دوم عملکرد دانه

جدول ۳- ضرایب مسیر فنوتیپی (بالا) و ژنوتیپی (پایین، پررنگ) و آثار غیرمستقیم متغیرهای پیشگویی کننده ردیف اول و دوم عملکرد دانه

اثر مستقیم و غیرمستقیم بر عملکرد دانه		اثر مستقیم و غیرمستقیم بر وزن هزار دانه		اثر مستقیم و غیرمستقیم بر تعداد خوشه	
صفات	وزن هزار دانه	تعداد خوشه	طول خوشه اصلی	روز تا رسیدگی	درصد پروتئین
وزن هزار دانه	۰/۷۸	۰/۲۰			
	۰/۷۷	۰/۲۳			
تعداد خوشه	۰/۴۱	۰/۳۷			
	۰/۶۰	۰/۳۰			
طول خوشه اصلی			-۰/۵۶	۰/۱۴	
			-۰/۵۲	۰/۱۹	
روز تا رسیدگی			-۰/۱۸	۰/۴۱	
			-۰/۲۰	۰/۵۰	
درصد پروتئین					۰/۸۸
					۰/۹۰
ارتفاع بوته					-۰/۳۶
					-۰/۳۴

درصد پروتئین و ارتفاع بوته نیز به عنوان متغیرهای پیشگویی کننده و معنی دار رده دوم موثر بر عملکرد دانه در این تحقیق شناسایی شدند (جدول ۳). بارگاوا و همکاران (Bhargav et al., 2007) با مطالعه تجزیه علیت عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های کینوا نشان دادند که وزن هزار دانه بیشترین اثر مستقیم مثبت را بر عملکرد a دانه (۱/۰۶) داشت و سپس صفات کلروفیل کل (۰/۵۶) و تعداد خوشه در بوته (۰/۵۲) به عنوان صفات موثر بر عملکرد دانه معرفی شدند که با نتایج این پژوهش تاحدود زیادی مطابقت داشت. تجزیه رگرسیون گام به گام و تجزیه علیت مطالعه تیواری و آمین (Tiwari and Ameen, 2022) نیز نشان داد که صفات روز تا رسیدگی ۵۰ درصد گلهی، طول خوشه و وزن دانه نقش مهمی در تعیین عملکرد دانه در کینوا به عنوان متغیرهای پیش بینی کننده دارند.

استفاده شد. ارزش اقتصادی صفات مورد نظر با بکارگیری نتایج ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی، ضرایب رگرسیون گام به گام در تجزیه علیت عملکرد دانه و وراثت-پذیری صفات تعیین شد (جدول ۴).

نیز نشان داد (جدول ۳) که برای صفت وزن هزاردانه، صفت طول خوشه به ترتیب با اثر مستقیم فنوتیپی و ژنوتیپی -۰/۵۶ و -۰/۵۲ مهمترین صفت موثر بر وزن هزاردانه بود، درحالیکه صفت روز تا رسیدگی فیزیولوژیک دارای اثر مستقیم فنوتیپی و ژنوتیپی (به ترتیب ۰/۴۱ و ۰/۵۰) بر وزن هزاردانه بود. برای صفت تعداد خوشه در بوته نیز صفت درصد پروتئین دارای اثر مستقیم فنوتیپی و ژنوتیپی مثبت و بسیار بالا (به ترتیب ۰/۸۸ و ۰/۹۰) و صفت ارتفاع بوته دارای اثر مستقیم فنوتیپی و ژنوتیپی مثبت و کم (به ترتیب ۰/۲۳ و ۰/۱۵) بر تعداد خوشه در بوته بودند. به این ترتیب علاوه بر دو صفت وزن هزار دانه و تعداد خوشه در بوته که به عنوان صفات رده اول معنی دار و موثر بر عملکرد دانه بودند، چهار صفت طول خوشه، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک،

### ۳- شاخص گزینش

برای شناسایی بهترین شاخص‌های گزینش، از بردارهای مختلفی از صفات مورد بررسی تحت عنوان ارزش اقتصادی

جدول ۴- ترکیب صفات و ارزش اقتصادی آنها برای محاسبه شاخص‌های انتخاب

صفات	ارزش اقتصادی								
	شاخص ۱	شاخص ۲	شاخص ۳	شاخص ۴	شاخص ۵	شاخص ۶	شاخص ۷	شاخص ۸	شاخص ۹
روز تا سه برگی	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰/۷۶	۰/۹۱
روز تا تشکیل گل آذین	۰	۰	۰	۱	۰	۰	۰/۸۷	۰	۰
روز تا رنگی شدن گل آذین	۰	۰	۰	۱	۰	۰	۰/۸۶	۰	۰
روز تا گرده افشانی	۰	۰	۰	۱	۰	۰	۰/۸۵	۰	۰
روز تا شیری شدن	۰	۰	۰	۱	۰	۰	۰/۸۴	۰	۰
روز تا خمیری شدن	۰	۰	۰	۱	۰	۰	۰/۸۴	۰	۰
روز تا رسیدگی	۱	۰	۰/۰۵	۱	۰	۰	۰/۸۳	۰	۰
ارتفاع بوته	۱	۰	۰/۰۵	۱	۰	۰	۰/۹۸	۰	۰
تعداد خوشه	۱	۱	۱	۱	۰/۳۷	۰/۳۰	۰	۰/۷۹	۰/۹۰
طول خوشه اصلی	۱	۰	۰/۰۵	۰	۰	۰	۰/۹۳	۰/۷۵	۰/۸۷
وزن هزاردانه	۱	۱	۱	۱	۰/۷۸	۰/۷۷	۰	۰/۹۸	۱
ساپونین دانه	۰	۰	۰	۱	۰	۰	۰/۹۹	۰	۰
درصد پروتئین	۱	۰	۰/۰۵	۰	۰	۰	۰	۰/۷۶	۰/۹۰
عملکرد دانه	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰
شاخص برداشت	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰/۹۹	۰/۹۹

رسیدگی نیز در این شاخص در جهت افزایش دوره رشد گیاه بود و از این رو گزینش بر اساس این شاخص می‌تواند به انتخاب لاین‌های دیردرس منجر شود (جدول ۵). با مقایسه دو شاخص اول و دوم می‌توان بیان کرد که افزایش تعداد صفات نمی‌تواند دلیلی برای افزایش سودمندی شاخص باشد، بلکه اهمیت صفات وارد شده به شاخص، مهمترین دلیل برای افزایش سودمندی شاخص است.

ضرایب اقتصادی که برای شاخص سوم در نظر گرفته شد، براساس صفات ردیف اول و دوم وارد شده در مدل تجزیه علیت عملکرد دانه بود. در این شاخص برای صفات ردیف اول که اهمیت بیشتری در افزایش عملکرد دانه داشتند، ضریب ۱ و برای صفات ردیف دوم ارزش ۰/۵ منظور شد. همبستگی شاخص و ارزش اصلاحی در این شاخص نیز در حد بالایی برآورد شد اما پیشرفت ژنتیکی بالایی برای صفات روز تا رسیدگی و ارتفاع بوته ثبت شد که در جهت افزایش طول دوره رشد و ارتفاع بود که از نظر اصلاحی مطلوب نیست (جدول ۵).

شاخص چهارم بر مبنای صفاتی با وراثت‌پذیری مساوی و بالاتر از عملکرد دانه محاسبه شد که برای این صفات ارزش اقتصادی یکسان و مساوی یک و برای دیگر صفات ارزش صفر در نظر گرفته شد. همبستگی بین شاخص و ارزش اصلاحی در این شاخص در حد بالایی بود. برای

در شاخص اول، به سایر صفات وارد شده به مدل رگرسیون عملکرد دانه ارزش اقتصادی یک و برای دیگر صفات ارزش صفر در نظر گرفته شد. پیشرفت ژنتیکی برای صفات روز تا سه برگی، تعداد خوشه در بوته و وزن هزار دانه در حد مطلوب و همچنین همبستگی شاخص و ارزش اصلاحی در این شاخص در حد بالایی محاسبه شد (جدول ۵) در مقابل، مقدار پیشرفت ژنتیکی برای صفات روز تا رسیدگی و ارتفاع بوته که به‌عنوان صفات موثر بر عملکرد دانه هستند، در حد بالایی برآورد شد. بنابراین گزینش بر اساس این شاخص به انتخاب لاین‌های دیررس و پابلند منجر خواهد شد. به این ترتیب، در مجموع این شاخص نمی‌تواند شاخص مفیدی باشد.

در شاخص دوم، برای تمام صفات ردیف اول تجزیه علیت عملکرد دانه، ارزش اقتصادی یک و برای سایر صفات مورد مطالعه ارزش صفر در نظر گرفته شد. پیشرفت ژنتیکی برای صفات روز تا تشکیل گل آذین، روز تا رنگی شدن گل آذین، روز تا گرده‌افشانی، روز تا شیری شدن دانه، روز تا خمیری شدن دانه، تعداد خوشه، طول خوشه، عملکرد دانه و شاخص برداشت در حد مطلوبی محاسبه شد که سبب برتری این شاخص از شاخص اول شد. سودمندی نسبی این شاخص بیشتر و همبستگی شاخص و ارزش اصلاحی کم‌تر از شاخص اول بود. پیشرفت ژنتیکی صفت روز تا



شاخص هفتم، بر مبنای صفاتی با وراثت‌پذیری مساوی و بالاتر از عملکرد دانه به طوری محاسبه شد که وراثت-پذیری آن‌ها به عنوان ارزش اقتصادی در نظر گرفته شد و برای صفات باقی مانده نیز ارزش صفر لحاظ شد. پیشرفت ژنتیکی برای صفت روز تا رسیدگی در این شاخص کم‌ترین مقدار را در بین سایر شاخص‌ها به خود اختصاص داد. سودمندی نسبی این شاخص نیز در حد بسیار پایینی به-دست آمد، به طوری که در بین کلیه شاخص‌های برآورد شده، به همراه شاخص چهارم کمترین سودمندی را داشت. برای عملکرد دانه نیز پیشرفت ژنتیکی پایینی برآورد شد و بنابراین در مجموع شاخص مناسب و مطلوبی نبود (جدول ۵).

ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی معنی‌دار صفات مورد مطالعه با عملکرد دانه به ترتیب در شاخص هشتم و نهم به عنوان ارزش‌های اقتصادی استفاده شد. میزان سودمندی نسبی و میزان پیشرفت مورد انتظار این دو شاخص نسبت به سایر شاخص‌ها در حد بالایی بود. پیشرفت ژنتیکی بسیار مناسبی برای صفات ارتفاع بوته، طول خوشه، وزن هزاردانه، درصد ساپونین، شاخص برداشت و عملکرد دانه نسبت به سایر شاخص‌ها برآورد شد. پیشرفت ژنتیکی صفت عملکرد دانه در هر دو شاخص هشتم و نهم در حدود ۵۶۳ کیلوگرم به دست آمد که از این نظر شاخص‌های مطلوبتری نسبت به سایر شاخص‌ها بودند. در مجموع نتایج حاصل از این دو شاخص نزدیک به هم بود و برای صفات مورد مطالعه اختلاف محسوسی در این دو شاخص مشاهده نشد (جدول ۴). دلیل این تساوی را می‌توان به تاثیر زیاد ژنوتیپ و تاثیر کم محیط بر صفات نسبت داد.

ارتفاع بوته پیشرفت ژنتیکی در جهت افزایش ارتفاع بوته به دست آمد که از این نظر نامطلوب بود. میزان پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار این شاخص برای کلیه صفات فنولوژی بالا بود که از نظر اصلاحی نامطلوب می‌باشد. همچنین سودمندی نسبی این شاخص نسبت به شاخص‌های دیگر بسیار پایین بود، در نتیجه این شاخص نسبت به سایر شاخص‌ها نامطلوب شناخته شد (جدول ۵).

برای شاخص‌های پنجم و ششم به ترتیب از آثار مستقیم فنوتیپی و ژنوتیپی صفات ردیف اول حاصل از تجزیه علیت عملکرد دانه به عنوان ارزش‌های اقتصادی استفاده شد. همبستگی شاخص و ارزش اصلاحی نیز در هر دو شاخص از سایر شاخص‌ها به جز شاخص دوم کمتر و نامناسب بود. میزان پیشرفت مورد انتظار هر دو شاخص برای ارتفاع بوته نسبت به ۴ شاخص اول در حد مطلوبی بود. پیشرفت ژنتیکی صفات شاخص برداشت، وزن هزاردانه، طول خوشه در جهت افزایش مقادیر این صفات و پیشرفت ژنتیکی صفات روز تا تشکیل گل آذین، روز تا رنگی شدن گل آذین، روز تا گرده‌افشانی، روز تا شیرگی شدن دانه و روز تا خمیری شدن دانه پایینترین مقادیر را در بین شاخص‌ها به خود اختصاص دادند. پیشرفت ژنتیکی برای عملکرد دانه نیز در شاخص‌های پنجم و ششم به ترتیب در حدود ۵۲۵ و ۵۳۰ کیلوگرم به دست آمد که از این نظر نیز شاخص‌های مطلوب و نسبت به شاخص‌های قبلی بهتر بودند. در مجموع نتایج حاصل از این دو شاخص نزدیک به هم بود و برای صفات مورد مطالعه اختلاف محسوسی در این دو شاخص مشاهده نشد (جدول ۵). دلیل این تساوی را می‌توان به برآوردهای نزدیک آثار مستقیم فنوتیپی و ژنتیکی صفات نسبت داد.

جدول ۵- میزان پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار برای هر صفت ( $\Delta$ ) بر مبنای انتخاب ۱۰ درصد، پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار برای کل صفات ( $\Delta H$ )، ضریب همبستگی بین شاخص و ارزش اصلاحی کل ( $R_{HI}$ )، ضریب همبستگی ژنتیکی بین شاخص و عملکرد دانه ( $RG(A)I$ ) و سودمندی نسبی شاخص نسبت به گزینش بر اساس عملکرد دانه ( $RE$ ).

میزان پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار برای هر صفت ( $\Delta$ )									صفات
شاخص ۱	شاخص ۲	شاخص ۳	شاخص ۴	شاخص ۵	شاخص ۶	شاخص ۷	شاخص ۸	شاخص ۹	
۰/۸۹	۱/۵۰	۰/۹۵	۰/۶۳	۱/۵۲	۱/۵۲	۰/۶۷	۱/۵۵	۱/۵۵	روز تا سه برگی
۲/۳۰	۰/۳۶	۲/۲۸	۷/۲۱	۰/۳۰	۰/۲۸	۷/۰۷	۰/۵۲	۰/۵۶	روز تا تشکیل گل آذین
۲/۰۶	۰/۸۲	۲/۰۶	۹/۲۴	۰/۸۱	۰/۸۱	۸/۹۵	۱/۰۴	۱/۰۷	روز تا رنگی شدن گل آذین
۲/۱۰	۰/۷۰	۲/۱۰	۹/۲۹	۰/۷۱	۰/۷۱	۹/۰۰	۰/۹۸	۱/۰۱	روز تا گرده افشانی
۱/۳۳	۰/۳۰	۱/۳۲	۸/۵۵	۰/۳۴	۰/۳۵	۸/۲۴	۰/۶۷	۰/۶۸	روز تا شیرگی شدن
۱/۳۳	۰/۳۰	۱/۳۲	۸/۵۵	۰/۳۴	۰/۳۵	۸/۲۴	۰/۶۷	۰/۶۸	روز تا خمیری شدن
۵/۸۳	۵/۱۷	۵/۹۹	۲/۹۹	۵/۴۴	۵/۵۱	۲/۴۸	۶/۷۵	۶/۸۱	روز تا رسیدگی
۴۲/۸	۵/۹۸	۴۲/۳	۳۲/۱	۴/۷۶	۴/۳۴	۳۴/۱	۱/۰۵	۱/۲۰	ارتفاع بوته
۰/۷۳	۱/۵۱	۰/۷۹	۰/۴۴	۱/۵۲	۱/۵۲	۰/۴۷	۱/۵۰	۱/۵۰	تعداد خوشه
۰/۹۲	۳/۰۴	۱/۰۶	۰/۶۴	۳/۱۷	۳/۲۰	۰/۷۰	۳/۶۵	۳/۶۷	طول خوشه اصلی
۰/۱۳	۰/۴۴	۰/۱۵	۰/۰۷	۰/۴۵	۰/۴۶	۰/۰۸	۰/۴۹	۰/۴۹	وزن هزاردانه
۰/۰۷	-۰/۰۱	۰/۰۷	-۰/۰۳	-۰/۰۳	-۰/۰۳	-۰/۰۳	-۰/۰۹	-۰/۰۹	سایونین دانه
۰/۰۱	۰/۰۱	۰/۰۱	۰/۰۰	۰/۰۱	۰/۰۱	۰/۰۱	۰/۰۱	۰/۰۱	درصد پروتئین
۱۵۰	۵۰۴	۱۷۴	۸۴/۹	۵۲۵	۵۳۰	۹۲/۱	۵۶۳	۵۶۳	عملکرد دانه
۱/۳۲	۴/۴۱	۱/۵۲	۰/۷۴	۴/۵۸	۴/۶۲	۰/۸۰	۴/۹۲	۴/۹۳	شاخص برداشت
$\Delta H$	۵۱/۹	۲/۳۵	۲۶/۴۲	۸۲/۳	۰/۹۵	۷۴/۹۹	۱۱/۸۴	۱۲/۷۸	
$R_{HI}$	۰/۹۷	۰/۸۳	۰/۹۷	۰/۹۵	۰/۸۵	۰/۹۶	۰/۸۸	۰/۸۸	
$RG(A)I$	-۰/۲۴	۰/۹۳	-۰/۲۷	۰/۱۴	۰/۹۶	۰/۱۵	۰/۹۸	۰/۹۸	
$RE$	۰/۲۹	۱/۱۲	۰/۳۳	۰/۱۶	۱/۱۵	۰/۱۸	۱/۱۸	۱/۱۸	

جدول ۶- ده درصد از برترین ژنوتیپ‌های کینوا با استفاده از شاخص پایه

شاخص ۱	شاخص ۲	شاخص ۳	شاخص ۴	شاخص ۵	شاخص ۶	شاخص ۷	شاخص ۸	شاخص ۹	ژنوتیپ
۱۲	۳۱۴	۴۹	۲۰/۲	۱۲	۱۶۶	۱۲	۶۸۸	۱۲	۷۸/۲
۴۲	۳۰۰	۳۲	۱۹/۵	۱	۱۵۹	۴۲	۶۲۸	۱	۷۷/۰
۵۴	۲۹۰	۵۵	۱۹/۴	۴۱	۱۵۳	۴۷	۶۲۲	۴۷	۷۶/۰
۴۱	۲۹۰	۶	۱۹/۱	۵۴	۱۵۳	۵۴	۶۱۲	۵۵	۷۵/۵
۴۷	۲۸۴	۱	۱۸/۹	۴۷	۱۵۱	۵۴	۵۸۷	۵۴	۷۱/۹
۴۰	۲۸۲	۵	۱۸/۴	۴۰	۱۴۹	۳۳	۵۸۱	۱۲	۷۱/۸

عنوان برترین ژنوتیپ‌ها در بین ۶۰ ژنوتیپ مورد مطالعه معرفی کرد. علاوه بر ژنوتیپ‌های ذکر شده ژنوتیپ‌های ۱، ۵۵، ۲۳ و ۱۲، ۲۵، ۲، ۴۲، ۶ و ۵ نیز با داشتن مقادیر بالا برای عملکرد و اجزای عملکرد دانه، مقادیر مطلوبی برای صفات ارتفاع بوته و زمان رسیدگی داشتند.

در مجموع نتایج این تحقیق نشان داد که استفاده از ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی (شاخص‌های هشتم و نهم) و نیز صفات ردیف اول وارد شده در مدل تجزیه علیت عملکرد دانه به عنوان ارزش اقتصادی شاخص‌گزینشی، می‌تواند شاخص‌های مطلوب و مناسبی برای گزینش ژنوتیپ‌های برتر کینوا باشند. جوکارفرد و ربیعی (Jokarfard and Rabiei, 2020) با مطالعه شاخص‌های پایه مختلف در برنج بیان کردند که شاخص‌های تهیه شده بر مبنای ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی و همچنین صفات وارد شده به مدل تجزیه علیت عملکرد دانه، کارآیی و سودمندی بیشتری نسبت به سایر شاخص‌ها دارند که با نتایج این تحقیق مطابقت داشت. رحیمی و ربیعی (Rahimi and Rabiei, 2011) نیز گزارش کردند که شاخص‌های گزینشی که با استفاده از ضرایب علیت صفات وارد شده به مدل رگرسیون عملکرد دانه برآورد شوند، منجر به پیشرفت ژنتیکی بیشتر برای عملکرد دانه می‌شوند. اصغر و مهدی (Asgar and Mehdi, 2010)، رضایی و یوسفی آذر (Rezai and Yousofi Azar, 2008) و صالحی و سعیدی (Salehi and Saeidi, 2013) به ترتیب با مطالعه شاخص‌گزینش پایه در ذرت شیرین، گندم و کنجد گزارش کردند که استفاده از شاخص پایه سبب بهبود عملکرد دانه و صفات مرتبط با آن در ژنوتیپ‌های مورد بررسی می‌شود و برای بسیاری از اهداف انتخاب کاربرد مطلوبی دارد

#### سپاسگزاری

از پروفسور Andreas Börner استاد مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی لایپزیک آلمان، دپارتمان بانک ژن IPK، که بزرگوارانه کلیه ژنوتیپ‌های کینوا مطالعه شده در این تحقیق را فراهم و ارسال کردند، صمیمانه سپاسگزاری و قدردانی می‌کنند.

درمجموع پاسخ صفات مختلف به گزینش، با توجه به شاخص‌های پایه نه‌گانه نشان داد (جدول ۵) که بیشترین بهره ژنتیکی صفات از وارد کردن اطلاعات حاصل از ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی (شاخص‌های هشتم و نهم) حاصل گردید. این شاخص‌ها ضمن سودمندی نسبی بیشتر نسبت به سایر شاخص‌ها، پیشرفت ژنتیکی مثبت و قابل توجهی را برای صفات اجزای عملکرد و مقادیر پایین برای صفات ارتفاع بوته و روز تا رسیدگی ارایه دادند. از این رو انتخاب توأم صفات، کارایی بهتری را نسبت به انتخاب مستقیم براساس عملکرد داشت. نتایج این بررسی اهمیت حضور همزمان چندین صفت را در گزینش به اثبات رساند.

به طور کلی مقایسه شاخص‌های گزینش مختلف بایستی از طریق کاربرد عملی انجام شود و مقایسه آن‌ها از طریق معیارهای محاسبه شده، جنبه نظری دارد و مقادیر مورد انتظار را برآورد می‌کنند. با این حال براساس نتیجه‌گیری ظاهری و تحلیل کلی براساس معیارهای مورد نظر می‌توان عنوان کرد که به ترتیب شاخص‌های هشتم و نهم به عنوان برترین شاخص‌های گزینش برای بهبود و افزایش عملکرد دانه و سایر صفات زراعی معرفی می‌شوند. پس از این شاخص‌ها نیز به ترتیب شاخص‌های ششم، پنجم و دوم قرار گرفتند و همه آن‌ها به ویژه برای عملکرد دانه پیشرفت ژنتیکی مثبت و قابل توجهی برآورد کردند.

#### ۴- تعیین ده درصد از برترین ژنوتیپ‌ها

با توجه به نه شاخص برآورد شده در این تحقیق و بر اساس ارزش‌های اقتصادی صفات مختلف موجود در شاخص‌ها و ارزش‌های فنوتیپی این صفات در ۶۰ ژنوتیپ مورد مطالعه، ده درصد از برترین ژنوتیپ‌ها بر اساس هر یک از شاخص‌ها تعیین و در جدول ۶ ارایه شدند. با توجه به جدول ۶ مشاهده می‌شود که ژنوتیپ‌های برتر از نظر شاخص‌های مختلف مشابه نیست. بنابراین با توجه به اینکه شاخص‌های نهم، هشتم، ششم، پنجم و دوم به ترتیب برترین شاخص‌های این پژوهش بودند، جهت معرفی ژنوتیپ‌های برتر نیز از ترتیب اهمیت شاخص‌ها استفاده خواهد شد

در نهایت با توجه به مقادیر محاسبه شده برای شاخص‌های گزینش مختلف می‌توان ژنوتیپ‌های ۴۹ و ۳۲ را به

## منابع

- Ahmadpour, S., Darvishzadeh, R., & Sofalian, O. (2018). Selection indices for yield improvement of sunflower under normal and salt stress conditions. *Journal of Crop Breeding*, 10(25), 91 -100. (In Persian).
- Albayrak, S., & Töngel, Ö. (2006). Path analyses of yield and yield-related traits of common vetch (*Vicia sativa* L.) under different rainfall conditions. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 21(1), 27-32.
- Alipour, H., Abdi, H., & Bihamta, M. R. (2021). Path analysis of wheat grain yield with overcoming multi - collinearity of traits. *Journal of Crop Breeding*, 13(39), 122 -129. (In Persian).
- Ariyo, O. J. (1995). Correlations and path-coefficient analysis of components of seed yield in soybeans. *African Crop Science Journal*, 3(1), 29-33.
- Asghar, M.J., & Mehdi, S.S. (2010). Selection indices for yield and quality traits in sweet corn. *Pakistan Journal of Botany*, 42, 775-789.
- Bazile, D., Jacobsen, S. E., & Verniau, A. (2016). The global expansion of quinoa: trends and limits. *Frontiers in Plant Science*, 7 (622), 1-6
- Beyrami, H., Rahimian, M. H., Salehi, M., Yazdani Biouki, R., Shiran-Tafti, M., & Nikkhah, M. (2020). Effect of irrigation frequency on yield and yield components of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) under saline condition. *Journal of Agricultural Science and Sustainable Production*, 30(3), 347-357. (In Persian).
- Bhargava, A., Shukla, S., & Ohri, D. (2006). Chenopodium quinoa an Indian perspective. *Industrial crops and products*, 23(1), 73-87.
- Bhargava, A., Shukla, S., & Ohri, D. (2007). Genetic variability and interrelationship among various morphological and quality traits in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Field Crops Research*, 101(1), 104-116.
- Bhargava, A., Shukla, S., & Ohri, D. (2008). Implications of direct and indirect selection parameters for improvement of grain yield and quality components in *Chenopodium quinoa* Willd. *International Journal of Plant Production*, 2(3), 183-192.
- Bhatt, G. M. (1973). Significance of path coefficient analysis in determining the nature of character association. *Euphytica*, 22(2), 338-343.
- Bos, I. and Caligari, P. 2007. Selection Methods in Plant Breeding. 2nd Edn. Springer, Berlin, DE.
- De Santis, G., D'Ambrosio, T., Rinaldi, M. and Rascio, A. 2016. Heritabilities of morphological and quality traits and interrelationships with yield in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) genotypes in the Mediterranean environment. *Journal of Cereal Science*, 70: 177-185.
- Esfandiyari, j., & Fotokian, M. (2020). Investigating the diversity and evaluating the relationships between morphological traits of quinoa genotypes. The 7th National Congress on Biology and Natural Sciences of Iran, Tehran. (In Persian).
- Esteki, M., Daneshmand Vaziri, M., Bagheri Todeshki, H. و Manouchehri, H. (2014). Quinoa. *Journal of Agriculture and Animal Husbandry*, 41-43. (In Persian).
- Garcia, M., Condori, B., & Castillo, C. D. (2015). Agroecological and agronomic cultural practices of quinoa in South America. *Quinoa: Improvement and Sustainable Production*, 25-46.
- Hazel, L.N. (1943). The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28(6), 476 -490.
- Jokarfard, V., & Rabiei, B. (2020). Selecting superior and high yielding recombinant inbred lines of an F<sub>11</sub> rice population using index selection method. *Cereal Research*, 10(1), 19-32. (In Persian).
- Karimi, S. H. (2018). Assessing adaptation and diversity of quinoa ecotypes by morphological SSR markers in different moisture conditions. Doctoral dissertation. MSc Thesis. Bu-Ali Sina University. Hamadan, Iran. (In Persian).
- Kaya, E., & Aydemir, S. K. (2020). Determining the forage yield, quality and nutritional element contents of quinoa cultivars and correlation analysis on these parameters. *Pakistan Journal of Agricultural Sciences*, 57(2), 311-317.
- Khavari Khorasani, S., & Mahdi poor, A. (2018). Genetic improvement of grain yield by determination of selection index in single cross hybrids of maize (*Zea mays* L.). *Plant Genetic Researches*, 5(1), 1 -18. (in Persian).
- Mohammadi, R., Geravandi, M., Haghparast, R., Rajabi, R., Abdulahi, A., Malekhosseini, R., Yarkarami, K., & Shahsavari, B. (2020). Study of grain yield and agro - physiological characteristics of some promising rainfed bread wheat genotypes under no -till condition. *Journal of Crop Breeding*, 11(32), 207-217. (In Persian).
- Rabbani, B., Khoramivafa, M., Saeidi, M., Bagheri, M., & Zarei, L. (2022). Study the relationship between agronomical traits and mineral elements of grain in three genotypes of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) under effect of planting date and planting density. *Cereal Biotechnology and Biochemistry*, 1(3), 390-413. (In Persian).
- Rabiei, B., Valizadeh, M., Ghareyazie, B., & Moghaddam, M. (2004). Evaluation of selection indices for improving rice grain shape. *Field Crops Research*, 89(2 -3): 359-367.
- Rahimi, M., & Rabiei, B. (2011). The application of selection indices on improvement of grain yield in rice (*Oryza sativa* L.). *Agronomy Journal*, 90, 39-49. (In Persian).

- Repo-Carrasco, R., Espinoza, C., & Jacobsen, S. E. (2003). Nutritional value and use of the Andean crops' quinoa (*Chenopodium quinoa*) and kañiwa (*Chenopodium pallidicaule*). *Food Reviews International*, 19(1-2), 179-189.
- Rezai, A.M., & Yousofi Azar, M. (2008). Comparison of direct and indirect selection methods based on selection indices in wheat lines in drought and non-drought conditions. *Journal of Water and Soil Science*, 12(45), 21-32. (In Persian).
- Salehi, M., & Saeidi, G. (2013). Selection indices for seed yield improvement in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Iranian Journal of Field Crops Research*, 10(4), 667 -673. (In Persian).
- Shah, S. S., Shi, L., Li, Z., Ren, G., Zhou, B., & Qin, P. (2020). Yield, agronomic and forage quality traits of different quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) genotypes in northeast China. *Agronomy*, 10(12), 1-15.
- Smith, H.F. (1936). A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7(3), 240 -250.
- Souri Laki, E., Rabiei, B., Jokarfard, V., Marashi, H., & Börner, A. (2022). Evaluation of important agronomic traits related to yield and identification of superior quinoa genotypes. *Cereal Research*, 12(1), 99-114.
- Tahmasedi, A. K., Darvishzadeh, R., Fayaz Moghaddam, A., Gholinezhad, E., & Abdi, H. (2021). Phenotypic variation of indigenous sesame landraces in Urmia climate. *Journal of Crop Breeding*, 12(36), 30 -38. (In Persian).
- Tiwari, J. K., & Ameen, G. (2022). Yield contributing traits of quinoa (*Chenopodium quinoa*) genotypes using multivariate statistics. *The Journal of Research Angraui*, 50(2), 20-27.
- Yan, W. (2014). *Crop Variety Trials: Data Management and Analysis*. John Wiley and Sons Inc., New York, USA.
- Yan, W., Fréreau-Reid, J. 2018. Genotype by yield\*trait (gyt) biplot: a novel approach for genotype selection based on multiple traits. *Scientific Reports*, 8(1), 1-10.

## Analysis of the selection index to introduce superior genotypes with high grain yield in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.)

Ebrahim Sourilaki<sup>1</sup>, Babak Rabiei<sup>\*2</sup>, Vahid Jokarfard<sup>3</sup>, Hassan Marashi<sup>4</sup>, Andreas Börner<sup>5</sup>

1. Ph.D. graduate, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
2. Professor, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
3. Ph.D. Student, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
4. Professor, Department of Biotechnology and Plant Breeding, Faculty of Agricultural Sciences, University of Ferdowsi, Mashhad, Iran
5. Professor, Department of Genebank, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Leibniz, Germany

Received: 18-07-2023

Accepted: 27-08-2023

### Abstract

In plant breeding programs, selection is one of the most important steps, and its efficiency is highly depends on the genetic diversity of the population and the heritability of traits. Due to the complexity of grain yield inheritance, direct selection is not very effective to improve it, so it is possible to obtain the necessary information for indirect selection to improve selection for grain yield by using multivariate statistical methods. The purpose of this research was to investigate the relationships between important agricultural traits, evaluate basic selection indices and provide the best indices to improve grain yield and identify the best quinoa genotypes to continue the breeding program to introduce the cultivar. For this purpose, 60 quinoa genotypes received from IPK Institute of Germany and were evaluated in the frame of randomized complete block design with 3 replications in 2022 in the research farm located in Kohdasht city. The results of phenotypic and genotypic path analysis of grain yield showed that the two traits of 1000-grain weight and number of panicles per plant had the most positive and significant direct effect on the grain yield of the studied genotypes. Also, the use of phenotypic and genotypic correlation coefficients and the first row traits included in the path analysis model of grain yield as economic value led to the highest genetic benefit of the traits and therefore, they can be good and suitable indicators for the selection of superior quinoa genotypes. Based on different selection indices, genotypes 49 and 32 were introduced as the best genotypes, having high values for yield and grain yield components, and favorable values for plant height and ripening time

**Keywords:** Genetic advance, genotypic correlation, path analysis, relative efficiency

**Citation:** Sourilaki, E., Rabiei, B., Jokarfard, V., Marashi, H., & Börner, A. (2023) Analysis of the selection index to introduce superior genotypes with high grain yield in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Plant Production and Genetics*, 4(1), 143-156. <https://doi.org/10.22034/PLANT.2023.62824>.

#### Copyrights:

Copyrights rights for this article is retained by the author (s), with publication rights granted to Plant Production and Genetics. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0>), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.



\*Corresponding Author Email: [m\\_brahim@uma.ac.ir](mailto:m_brahim@uma.ac.ir)