

گزینش ژنوتیپ‌های گندم دوروم با استفاده از شاخص‌های انتخاب SIIG و MGIDI

مهناز رحمتی^{۱*}، مسلم عبدی پور^۲، موحد سپهوند^۳

۱. استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران

۲. استادیار، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی کهگیلویه و بویراحمد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گچساران، ایران

۳. محقق، بخش تحقیقات فنی و مهندسی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۴/۲۸

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۷/۲۱

هدف از انجام این پژوهش گزینش لاین‌های امیدبخش گندم دوروم بر اساس عملکرد و سایر صفات زراعی با استفاده از شاخص‌های گزینش SIIG و MGIDI بود. در راستای این هدف، ۱۴ لاین انتخابی از برنامه به‌نژادی گندم مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم و ارسالی از مرکز تحقیقات بین‌المللی ایکاردا به‌مراه دو رقم شاهد در ایستگاه تحقیقات سراب چنگایی به مدت سه سال زراعی (۱۳۹۸-۱۴۰۱) ارزیابی شدند. نتایج تجزیه واریانس حاکی از تغییرات معنی‌دار در بین ژنوتیپ‌های گندم دوروم برای همه صفات مورد ارزیابی بود. بیشترین عملکرد دانه برای ژنوتیپ‌های G4، G11، G2، G1، G3 و G14 به ترتیب با میانگین عملکرد دانه ۳۱۴۳، ۳۰۵۴، ۳۰۴۳، ۲۹۸۴ و ۲۹۷۴ کیلوگرم در هکتار بدست آمد. عملکرد دانه بیشترین همبستگی را با تعداد دانه در مترمربع و سرعت پرشدن دانه نشان داد. بر اساس نتایج شاخص گزینش MGIDI، لاین‌های G5 و G14 بعنوان لاین‌های مطلوب گزینش شدند. نتایج شاخص SIIG نشان داد که ژنوتیپ‌های G14، G4، G1 و G2 با بیشترین مقدار شاخص SIIG و به ترتیب به میزان ۰/۶۱، ۰/۶۰، ۰/۵۹ و ۰/۵۹ جزو برترین ژنوتیپ‌ها بودند. در مجموع بر اساس نتایج بدست آمده از این پژوهش، ژنوتیپ G14 با کمترین مقدار MGIDI و عملکرد بالاتر از متوسط عملکرد ژنوتیپ‌های گزینش نشده بعنوان ژنوتیپ ایده‌آل بر اساس شاخص MGIDI گزینش شد. همچنین بر اساس شاخص SIIG، ژنوتیپ‌های G14، G4، G2 (رقم ساورز) و G1 (رقم دهدشت) بهترین بودند. به این ترتیب، لاین‌های G4 و G14 برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی بعدی یا بعنوان لاین امیدبخش برای برنامه معرفی رقم پیشنهاد می‌شود.

واژه‌های کلیدی: دیفرانسیل گزینش، ژنوتیپ ایده‌آل، شاخص MGIDI، شاخص SIIG، شرایط دی

مقدمه

با افزایش جمعیت جهان، سالانه افزایش ۲-۳ درصد تولید غلات اصلی (گندم، برنج و ذرت) برای دستیابی به ثبات و امنیت غذایی ضروری است. افزایش دما و کمبود آب بر فرایندهای فیزیولوژیکی گیاه تاثیر می‌گذارد و به‌طور مستقیمی بر عملکرد تاثیر می‌گذارد. افزایش دما ۳-۴ درجه سانتی‌گراد بالای حد نرمال در طول مدت پرشدن دانه عملکرد دانه را تا ۳۵ درصد کاهش می‌دهد (Al-Ashkar *et al.*, 2020). بنابراین در برنامه‌های اصلاحی گندم، به‌نژادگران ملزم به افزایش بهره‌وری و افزایش تحمل گندم در برابر تنش‌های متعدد از طریق توسعه ژنوتیپ‌های جدید با خصوصیات بهبودیافته شامل عملکرد بالا و تحمل به تنش‌های متعدد می‌باشند (Al-Ashkar *et al.*, 2023).

استفاده از تجزیه واریانس و مقایسه میانگین تیمارها در داده‌های تحقیقاتی برای رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس چندین صفت بسیار دشوار است (Olivoto *et al.*, 2022). تکنیک‌های اکتشافی چند متغیره شامل تجزیه به مؤلفه اصلی (PCA) و تجزیه تشخیص خطی (LDA) بطور گسترده برای کاهش ابعاد و تقریب بصری جدول دو طرفه ژنوتیپ‌ها و صفات استفاده می‌شوند (Ekka *et al.*, 2021). اگرچه این روش‌ها به آسانی یک نمای کلی از روابط بین صفات ارائه می‌دهد، ولیکن رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس ارزش صفات همچنان یک چالش باقی می‌ماند (Olivoto *et al.*, 2022). به این ترتیب روش‌های چندمتغیره ابتکاری برای رتبه‌بندی بهتر ژنوتیپ‌ها بر اساس چندین صفت مورد نیاز است. سود ژنتیکی مؤلفه مهمی در اصلاح گیاهی است و نقش مهمی در پیشرفت برنامه‌های اصلاحی ایفا می‌کند. گزینش بر اساس تعداد کم صفات معمولاً مناسب‌ترین استراتژی در نظر گرفته نمی‌شود زیرا هیچ اطمینانی از سود ژنتیکی در دیگر صفات مهم وجود ندارد (Jahufer & Casler, 2015). از این‌رو به‌نژادگران اغلب تلاش می‌کنند انواعی از صفات مطلوب را در یک ژنوتیپ جدید جمع کنند تا به عملکرد بالا منتهی شود (Olivoto & Nardino, 2020). برای گزینش بر اساس صفات مختلف می‌توان از شاخص‌های خطی استفاده کرد (Ceron-Rojas & Crossa, 2022). یکی از شکنندگی‌های شاخص‌های گزینش خطی اغلب مشاهده هم‌راستایی چندگانه در مجموع صفات مورد ارزیابی می‌باشد که می‌تواند ضرایب رگرسیون چندگانه را دچار اریب نماید و در نهایت سود گزینش را از بین ببرد.

برای غلبه بر این شکنندگی، اولیوتو و ناردینو (2021) شاخص فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ چند صفتی (The multi-MGIDI (trait genotype-ideotype distance index پیشنهاد نمودند که بر گزینش ژنوتیپ و توصیه‌های مبتنی بر اطلاعات چندین صفت تاکید دارد. این شاخص می‌تواند بیش از یک صفت وابسته را ارزیابی نموده و نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های گزینشی را مشخص نماید (Al-Ashkar *et al.*, 2023). شاخص MGIDI عمدتاً برای گزینش ژنوتیپ‌ها در برنامه اصلاح گیاهی بر اساس چندین صفت طراحی شده است و به طور موفقیت‌آمیزی در گزینش ژنوتیپ‌های برتر استفاده شده است.

هم‌راستایی چندگانه یک موضوع سیستمیک در تجزیه‌های چند متغیره است که به عنوان یک محدودیت در برخی شاخص گزینش از جمله شاخص اسمیت-هزل می‌باشد. شاخص MGIDI نسبت به شاخص اسمیت-هزل، شاخص تحلیل عاملی و طراحی ایدئوتیپ از طریق پیش بینی نارایب بهترین خط (Factor analysis and ideotype design via FAI-Blup (best linear unbiased prediction) بهتر عمل می‌کند، زیرا سودهای متعادل‌تر و مطلوب‌تری ارائه می‌دهد. بنابراین MGIDI می‌تواند به به‌نژادگر کمک کند تا سودهای بلندمدت عملکرد دانه را تخمین بزند، بدون اینکه سود ژنتیکی در سایر صفات مهم گندم را به خطر بیندازد (Olivoto & Nardino, 2020). در مطالعات شبیه‌سازی مشخص شد که شاخص MGIDI در گزینش صفات با سود مطلوب نسبت به شاخص‌های FAI-Blup و SH بهتر عمل می‌کند (Olivoto & Nardino, 2021). در چارچوب چند صفتی، فرض بر این است که صفات ممکن است به نحوی به دلیل ساختار همبستگی درونی که از قبل ناشناخته است مرتبط باشند. در شاخص MGIDI، تجزیه عاملی برای محاسبه این ساختار همبستگی استفاده می‌شود. این امر تنها به این دلیل امکان‌پذیر است که روش تغییر مقیاس ساختار همبستگی اولیه داده‌ها را حفظ کرده و امکان شناسایی ژنوتیپ ایده‌آل را آسان می‌نماید. به این ترتیب می‌توان تعیین نمود که در چند متغیر پنهان مجموعه اصلی صفات را می‌توان کاهش داد و روابط بین صفات در متغیرهای پنهان را کاهش داد (Olivoto & Nardino, 2020).

آزمایشی مصرف شد. در مرحله پنجه‌زنی از علف‌کش‌های تاپیک و گرانستار به میزان ۱ لیتر و ۲۰ گرم در هکتار برای کنترل علف‌های هرز پهن برگ و باریک برگ استفاده شد. صفات مورد ارزیابی شامل روز تا سنبله‌دهی و رسیدگی، طول مدت پرشدن دانه، ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک، تعداد سنبلچه در سنبله، تراکم سنبله، وزن سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، شاخص برداشت سنبله، وزن هزار دانه، تعداد دانه در مترمربع، سرعت پرشدن دانه و عملکرد دانه بودند. عملکرد دانه از وزن دانه در هر کرت بدست آمد که به کیلوگرم در هکتار تبدیل شد. تعداد روز تا سنبله‌دهی از تاریخ سبز شدن تا ظهور سنبله ۵۰ درصد بوته‌ها در کرت و تعداد روز تا رسیدگی از تاریخ سبز شدن تا زرد شدن کامل پدانکل ۵۰ درصد بوته‌ها در کرت محاسبه شد. سرعت پرشدن دانه از تقسیم عملکرد دانه به طول مدت پرشدن دانه، طول مدت پرشدن دانه از تفاوت روز تا رسیدگی و روز سنبله‌دهی، تعداد دانه در پلات از وزن کل دانه در هر پلات به وزن تک دانه (۱۰۰۰/وزن هزار دانه)، شاخص برداشت سنبله از وزن دانه در سنبله (گرم) به وزن سنبله (گرم)، تراکم سنبله از تعداد سنبلچه در سنبله به طول سنبله (میلی‌متر) محاسبه شد. وزن هزار دانه پس از محاسبه وزن ۲۰۰ دانه و ضرب آن در عدد ۵ بدست آمد. در این مطالعه کلیه صفات مورد ارزیابی تجزیه واریانس مرکب و مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها به روش LSD انجام شد. تجزیه همبستگی به روش پیرسون انجام پذیرفت. به منظور گزینش بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد و سایر صفات زراعی از شاخص‌های SIIG و MGIDI استفاده شد.

نحوه محاسبه شاخص SIIG به شرح ذیل می‌باشد.

تشکیل ماتریس داده‌ها

با توجه به تعداد ژنوتیپ‌ها و صفات مختلف مورد بررسی، ماتریس داده‌ها به صورت زیر تشکیل شد.

$$D = \begin{bmatrix} X_{11} & X_{12} & \dots & X_{1m} \\ X_{21} & X_{22} & \dots & X_{2m} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ X_{n1} & X_{n2} & \dots & X_{nm} \end{bmatrix} \quad (1)$$

در این ماتریس x_{ij} مقدار صفت i ام ($i=1,2,\dots,n$) در رابطه با ژنوتیپ j ام ($j=1,2,\dots,m$) می‌باشد.

تبدیل ماتریس داده‌ها به یک ماتریس نرمال (ماتریس R)

از رابطه ذیل برای نرمال کردن داده‌ها استفاده شد

یکی دیگر از شاخص‌های انتخاب بر پایه انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عملکرد و صفات مختلف به‌طور همزمان، شاخص SIIG می‌باشد. در این شاخص صفات مختلف در قالب یک آماره جدید ترکیب می‌شوند و می‌توان بر اساس آن روند بهتری برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها ارائه داد. یکی از مزایای استفاده از شاخص‌های انتخاب بر اساس چندین صفت مانند MGIDI و SIIG در نظر گرفتن تمام صفات اندازه‌گیری شده و مؤثر بودن اثرات آن در انتخاب ژنوتیپ‌ها است. به عبارت دیگر، در این روش‌ها صفات مختلف در انتخاب ژنوتیپ‌ها به‌طور مستقیم سهم خواهند بود. در تحقیق حاضر به منظور شناسایی بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد و سایر صفات زراعی از شاخص گزینش ژنوتیپ ایده‌آل SIIG (Selection index of ideal genotype) نیز استفاده شد. از شاخص SIIG در گندم دوروم (Dastfal *et al.*, 2022; Najafi-Mirak *et al.*, 2018; Tadili *et al.*, 2020) به منظور شناسایی ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد و سایر صفات زراعی استفاده شده است.

هدف از انجام این تحقیق گزینش ژنوتیپ‌های امیدبخش گندم دوروم بر اساس عملکرد و سایر صفات زراعی با استفاده از شاخص‌های گزینشی SIIG و MGIDI بود.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش ۱۴ لاین گزینشی از برنامه‌های به‌نژادی گندم مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم و ارسالی از مرکز تحقیقات بین‌المللی یکاردا به‌همراه دو رقم شاهد (دهدشت و ساورز) در ایستگاه تحقیقات سراب چنگایی به مدت سه سال زراعی (۱۳۹۸-۱۴۰۱) ارزیابی شدند. اطلاعات هواشناسی مکان اجرای آزمایش در شکل ۱ ارائه شده است. مزرعه مکان اجرای آزمایش در سال قبل اجرای آزمایش زیر کشت نخود بوده است. فهرست ارقام و لاین‌ها در جدول ۱ ارائه شده است. ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار در شرایط دیم به صورت ۸ ردیف کاشت به طول ۶ متر و فاصله ردیف ۱۵ سانتی‌متر کاشته شدند. کاشت با استفاده از بذکار آزمایشی (ساخت شرکت وینتراشتاایگر - کشور اتریش) انجام پذیرفت. به هنگام کاشت برای ضدعفونی بذر علیه بیماری‌های قارچی از سموم سیستمیک استفاده شد. عمق کاشت ۴-۵ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. مقدار کود لازم بر اساس نتایج آزمون خاک تعیین شد و بطور یکنواخت در کرت‌های

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

۲- تجزیه به عامل‌ها: در مرحله بعد، تحلیل عاملی (FA) برای محاسبه کاهش ابعاد داده‌ها و ساختار روابط انجام شد. این تحلیل بر اساس رابطه ۸ انجام شد:

$$F=Z(A^T R^{-1})^T \quad (۸)$$

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

۳- تعریف ژنوتیپ ایده‌آل (ایدئوتیپ): طبق تعریف معادله ۷، ایدئوتیپ دارای بالاترین مقدار تغییر مقیاس (۱۰۰) برای همه صفات مورد بررسی است. بنابراین ایدئوتیپ را می‌توان با یک بردار $I [1 \times p]$ تعریف کرد به طوری که I برابر ۱۰۰، ۱۰۰، ...، ۱۰۰ باشد. نمرات I نیز بر اساس رابطه ۸ تخمین زده شدند.

۴- محاسبه شاخص MGIDI: در مرحله آخر، فاصله اقلیدسی بین نمرات ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های ایده‌آل به عنوان شاخص MGIDI با استفاده از رابطه ۹ محاسبه شد:

$$MGIDI = \sum_{i=1}^f [(y_{ij} - y_j)^2]^{0.5} \quad (۹)$$

y_{ij} امتیاز i امین ژنوتیپ در فاکتور ژام است (1, 2, ..., t; $i=j=1, 2, \dots, f$ که f، t به ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها و عامل‌ها است، y_j نمره ژام ژنوتیپ ایده‌آل است. ژنوتیپ‌های با کم-ترین مقدار MGIDI به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر هستند.

$$r_{ij} = \frac{X_{ij}}{\sqrt{\sum_{i=1}^n X_{ij}^2}} \quad (۲)$$

ماتریس R به صورت زیر تشکیل شد

$$R = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & \dots & r_{1m} \\ r_{21} & r_{22} & \dots & r_{2m} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ r_{n1} & r_{n2} & \dots & r_{nm} \end{bmatrix} \quad (۳)$$

پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ غیر ایده‌آل (ضعیف)

در این مرحله برای هر صفت به طور جداگانه، بهترین ژنوتیپ و ضعیف‌ترین گزینش شد

محاسبه فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ ضعیف

در این مرحله برای هر صفت، فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل (d_i^+) و ژنوتیپ ضعیف (d_i^-) به ترتیب از روابط زیر محاسبه شد

$$d_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^+)^2} \quad (۴)$$

$i=1, \dots, n$

$$d_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^-)^2} \quad (۵)$$

$i=1, \dots, n$

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

محاسبه شاخص گزینش ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)

شاخص گزینش ژنوتیپ ایده‌آل از رابطه زیر محاسبه شد

$$i=1, 2, \dots, m, \quad 0 \leq SIIG \leq 1 \quad (۶)$$

$$SIIG = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-}$$

نحوه محاسبه شاخص MGIDI به شرح ذیل می‌باشد.

۱- تغییر مقیاس صفات: X_{ij} یک جدول دو طرفه با i ردیف یا ژنوتیپ و j ستون یا صفت می‌باشد. مقدار تغییر مقیاس یافته برای ردیف i و ستون j (rX_{ij}) به صورت رابطه ۷ محاسبه گردید:

$$rX_{ij} = \frac{\eta_{nj} - \varphi_{nj}}{\eta_{oj} - \varphi_{oj}} \times (\theta_{ij} - \eta_{oj}) + \eta_{nj} \quad (۷)$$

φ_{oj} و η_{oj} به ترتیب مقادیر اصلی حداقل و حداکثر برای صفت j هستند. φ_{nj} و η_{nj} به ترتیب مقادیر جدید حداقل و حداکثر برای صفت j پس از تغییر مقیاس هستند و θ_{ij}

برای انجام تجزیه واریانس و مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها از نرم افزار MSTAT-C، برای محاسبه شاخص SIIG از نرم‌افزار Excel، برای تجزیه خوشه‌ای از نرم‌افزار SPSS برای محاسبه شاخص MGIDI، تجزیه عاملی و تجزیه همبستگی از نرم‌افزار R استفاده شد. برای محاسبه شاخص MGIDI از بسته تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی (Metan) در نرم‌افزار R استفاده شد. برای تجزیه همبستگی نیز از بسته تجزیه "GGally" استفاده شد.

دیفرانسیل‌گزینش برای همه صفات با در نظر گرفتن شدت گزینش ۱۵ درصد انجام شد.

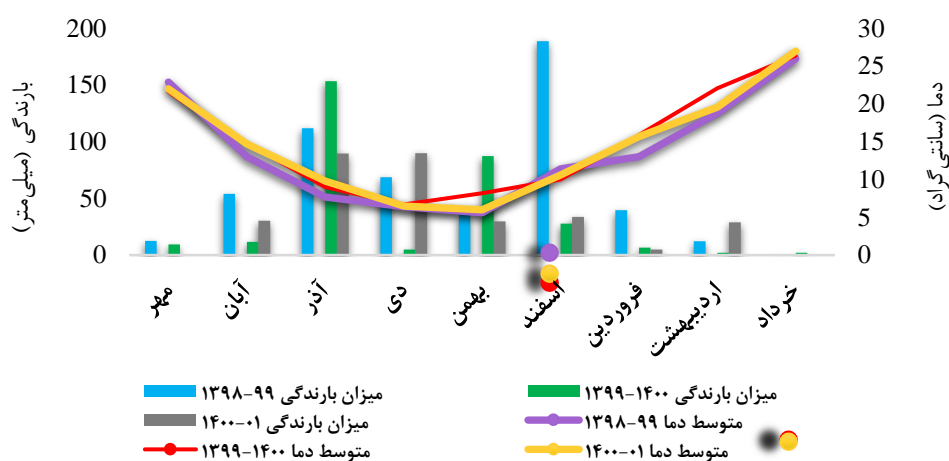
برای محاسبه سود گزینش (SG%) از رابطه ۱۰ استفاده شد.

$$SG (\%) = \frac{(\bar{X}_s - \bar{X}_0) \times h^2}{\bar{X}_0} \quad (10)$$

\bar{X}_s : میانگین ژنوتیپ‌های گزینش شده \bar{X}_0 : میانگین جمعیت اولیه h^2 : وراثت‌پذیری عمومی

جدول ۱- نام و شجره ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی در این آزمایش

ژنوتیپ	کد
Dehdasht	G1
Saverz	G2
SORA/2*PLATA_12/3/SORA/2*PLATA_12//SOMAT_3/4/AJAIA_13/YAZI//DIPPER_2/BUSHEN_3CDSS02B00849T-0TOPB-0Y-0M-7Y-2M-04Y-0B	G3
GEROMTEL-3/7/ALTAR 84/BINTEPE 85/3/STOT//ALTAR 84/ALD/4/POD_11/YAZI_1/5/VANRRIKSE_12/SNITAN/6/SOOTY_9/RASCON_37//WODUCK/CHAM_3CDSS10Y00288S-099Y-038M-17Y-1M-06Y-0B	G4
Ter1//Mrf1/Stj2/3/Icasyr1-ICD07-349-BLMSD-0AP-0T-6AP-0T-8AP-0APT-1AP-0AP-0AN-0MCH[TIMSJGAA]-0AUB[MTrJTs]-0AUB	G5
Oss1/Stj5/5/Bicredera1/4/BEZAIZSHF//SD19539/Waha/3/Stj/Mrb3/6/Stk/Hau//Heca1-ICD06-1529-BLMSD-0AP-5AP-0T-2AP-0T-2AP-0APT-1AP-0AP-0AN-0MCH[TIMSJGAA]-0AUB[MTrJTs]-0AUB	G6
Mrb5/TdicoAlpCol//Cham1-ICDJMC04-010-BThL(Bulkse)-0sTh-0wTh-0sTh-3wTh-0sTh-0MCH-0MCH[MtAJDSZ]-0AUB[MMkJT]-0AUB	G7
Amedakul1/TdicoJCol//Cham1-ICDJMC04-005-BThL(Bulkse)-0sTh-0wTh-0sTh-10wTh-0sTh-0MCH-0MCH[MtAJDSZ]-0AUB[MMkJT]-0AUB	G8
Korifla/AegSpeltoidesSyr//Lahn-ICDJMC04-031-BThL(Bulkse)-0sTh-0wTh-0sTh-10wTh-0sTh-0MCH-0MCH[MtAJDSZ]-0AUB[MMkJT]-0AUB	G9
Ysf1/Otb6/6/Ouasloukos1/5/Azn1/4/BEZAIZSHF//SD19539/Waha/3/Gd2-ICD11-016-0TR-10STR-0TR-2TR-0STR-5TR-0STR-0AUB	G10
SOOTY_9/RASCON_37//GUAYACAN INIA/4/BCRIS/BICUM//LLARETA INIA/3/DUKEM_12/2*RASCON_21/9/CBC 509 CHILE/6/ECO/CMH76A.722//BIT /3/ALTAR 84/4/AJAIA_2/5/KJOVE_1/7/AJAIA_12/F3LOCAL (SEL.ETHIO.135.85)//PLATA_13/8/SOOTY_9/RASCON_37//WODUCK/CHAM_3CDSS10Y00500T-099Y-028M-1Y-4M-06Y-0B	G11
Mammachan-Icamilmus2/Ammar8/3/Marsyr3//Saadi1989/Chan-ICD10-058-BLMSD-0AP-1AP-0TR-2STR-0TR-0AUB-0AUB	G12
GUAYACAN INIA/2*SNITAN/10/TADIZ/9/USDA595/3/D67.3/RABI//CRA/4/ ALO/5/ HUI/YAV _1/6/ARDENTE/7/HUI/YAV79/8/POD_9-CDSS11Y00160S-099Y-048M-32Y-0M-06Y-0B	G13
ALTAR 84/STINT//SILVER_45/3/GUANAY/4/GREEN_14//YAV_10/AUK/5/ SOMAT_4/ INTER_8/6/SILK_3/DIPPER_6/3/ACO89/DUKEM_4//5*ACO89/4/ PLATA_7//ILBOR_1//SOMAT_3-CDSS11Y00207S-099Y-027M-30Y-0M-06Y-0B	G14
CBC 509 CHILE/SOMAT_3.1//BOOMER_18/LOTUS_4/6/SOMAT_3/PHAX_1// TILO_1/ LOTUS_4/3/GUANAY/5/NETTA_4/DUKEM_12//RASCON_19/3/SORA /2*PLATA_12/4/GREEN_18/FOCHA_1//AIRON_1/9/CBC 509 CHILE/6/ECO/ CMH76A.722//BIT/3/ALTAR 84/4/AJAIA_2/5/KJOVE_1/7/AJAIA_12/ F3LOCAL(S-CDSS10Y00493T-099Y-035M-9Y-4M-06Y-0B	G15
ADAMAR_15//ALBIA_1/ALTAR 84/3/SNITAN/4/SOMAT_4/INTER_8/5/SOOTY_9/ RASCON_37/6/BICHENA/AKAKI_7/4/LIS_8/FILLO_6/3/FUUT//HORA/JOR/5/ YAZI_1/AKAKI_4//SOMAT_3/3/AUK/GUIL//GREEN/10/TADIZ/9/USDA595/3/D67.3/RABI//CRA/4/ALO/5/HUI/YAV _1/6/ARDENTE/7/HUI/YAV79/8/P-CDSS11Y00230S-099Y-040M-22Y-0M-06Y-0B	G16



شکل ۱- میانگین بارندگی و متوسط دمای ماهیانه در سال‌های اجرای آزمایش

گزارش نمودند (Zarei *et al.*, 2016; Abedini *et al.*, 2011).

میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها بین ۳۲۸۷-۲۲۶۲ کیلوگرم در هکتار بود (جدول ۵). بیشترین عملکرد دانه در ژنوتیپ G4 به میزان ۳۲۸۷ کیلوگرم در هکتار که پس از آن ژنوتیپ‌های G11، G2 (رقم ساورز)، G1 (رقم دهدشت)، G3 و G14 به ترتیب با میانگین عملکرد دانه ۳۱۴۳، ۳۰۵۴، ۳۰۴۳ و ۲۹۸۴ کیلوگرم در هکتار در مراتب بعدی قرار گرفتند. میانگین وزن هزار دانه ژنوتیپ‌ها بین ۴۳-۳۵ گرم متغیر بود. ژنوتیپ‌های G1، G2 و G14 با عملکرد دانه بالا از وزن هزار دانه بالایی (۴۲-۴۱ گرم) برخوردار بودند. تعداد روز تا رسیدگی ژنوتیپ‌ها بین ۱۷۸-۱۸۰ بود. ژنوتیپ‌های G4، G5، G10 و G12 با ۱۷۸ روز تا رسیدگی زودرس‌ترین و ژنوتیپ G8 با ۱۸۰ روز تا رسیدگی دیررس‌ترین ژنوتیپ در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی بودند. از نظر ارتفاع بوته ژنوتیپ‌های G2، G9 و G15 با ارتفاع بوته ۸۱ سانتی‌متر بلندترین ژنوتیپ‌ها بودند. تعداد دانه در سنبله ژنوتیپ‌ها بین ۵۴-۴۶ دانه متغیر بود. ژنوتیپ G5 از بیشترین تعداد دانه در سنبله برخوردار بود. ژنوتیپ‌های G4، G1، G2، G11 و G14 با عملکرد دانه بالا از سرعت پرشدن دانه بالاتری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برخوردار بودند (بین ۷۶-۶۹). ژنوتیپ‌های G4 و G11 از بیشترین تعداد دانه در مترمربع برخوردار بودند. ژنوتیپ‌های G4 و G11 به ترتیب با افزایش عملکرد ۷ و ۲/۸ درصدی نسبت به رقم شاهد از برتری نسبی برخوردار بود. ژنوتیپ G11 با عملکرد دانه بالا از شاخص برداشت سنبله بالایی

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس مرکب برای سه سال نشان داد که برای کلیه صفات اثر سال بیشترین سهم را در توجیه مجموع مربعات کل به خود اختصاص داد که نشان دهنده دامنه وسیع‌تر اثرات اصلی محیط نسبت به اثرات اصلی ژنوتیپ بود. اثر متقابل ژنوتیپ * محیط برای کلیه صفات مورد ارزیابی معنی‌دار بود (جدول ۲) که بیانگر عکس‌العمل متفاوت ژنوتیپ‌ها در سال‌های اجرای آزمایش می‌باشد. اثر متقابل ژنوتیپ * محیط برای به‌نژادگران بسیار مهم است زیرا همبستگی بین ارزش‌های ژنتیکی و فنوتیپی را کاهش می‌دهد و گزینش ژنوتیپ‌های برتر در محیط‌های مختلف با مشکل مواجه می‌سازد (Pour-Aboughadareh *et al.*, 2019). سهم اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در توجیه تنوع کل نسبت به اثر سال و ژنوتیپ برای کلیه صفات کمتر بود. نتایج مشابهی توسط Rahmati و همکاران (2018) گزارش شده است. تغییرات معنی‌داری در بین ژنوتیپ‌های گندم دوروم برای همه صفات مورد ارزیابی مشاهده شد که این امر بیانگر سطح بالای تنوع بین ژنوتیپ‌های گندم دوروم مورد مطالعه می‌باشد. در بین صفات مورد ارزیابی، عملکرد دانه، تعداد دانه در مترمربع و سرعت پرشدن دانه ضریب تغییرات بیشتر و صفات روز تا سنبله‌دهی و رسیدگی، ضریب تغییرات کمتری داشتند که نشان دهنده تاثیر محیط بر عملکرد دانه، تعداد دانه در مترمربع و سرعت پرشدن دانه می‌باشد. مطالعات پیشین تاثیر کم محیط بر صفات فنولوژیک و تاثیر بیشتر محیط بر عملکرد دانه

(۶۴) برخوردار بود. بیشترین طول پدانکل در ژنوتیپ‌های G3، G4 و G14 (۱۶ سانتی‌متر) مشاهده شد. بیشترین طول ریشک در ژنوتیپ G14 (۱۱/۸ سانتی‌متر) مشاهده شد.

جدول ۲- تجزیه واریانس مرکب صفات مختلف مورد ارزیابی در ژنوتیپ‌های گندم دوروم سال‌های زراعی ۱۳۹۸-۱۴۰۱

منابع تغییر	درجه آزادی	روز تا سنبله‌دهی	روز تا رسیدگی	طول مدت پرشدن دانه (روز)	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	میانگین مربعات			
						طول پدانکل (سانتی‌متر)	طول سنبله (سانتی‌متر)	طول ریشک (سانتی‌متر)	تعداد تراکم سنبله در سنبله
سال	۲	۲۵۸۴۰**	۵۰/۱۶**	۱۹۱۵۱/۵**	۱۲۳۲۷/۱**	۱۴۹۲/۴**	۱۷/۳**	۱۷۷/۴**	۹۷۲**
خطای a	۹	۲/۶۵	۲/۱۲	۱/۶۹	۴۵/۳	۵/۴۸	۱/۲۸	۲/۷۶	۱/۵۷
ژنوتیپ	۱۵	۳/۹۶**	۲/۳۳**	۴/۶۵**	۷۳/۸**	۱۵/۹۸**	۳/۱**	۱۰**	۹/۶۷**
ژنوتیپ*سال	۳۰	۲/۸۴**	۱/۱۷*	۳/۶**	۱۹/۸**	۹/۹۸**	۰/۶۸**	۱/۵۴**	۱/۴۳**
خطای b	۱۳۵	۰/۳۲	۰/۶۹	۰/۸۹	۱۰/۷۸	۳/۸۳	۰/۲۱	۰/۸۸	۰/۸۳
ضریب تغییرات (CV%)		۰/۴۳	۰/۴۶	۱/۹۶	۴/۲	۱۳/۹	۷/۲	۹/۱	۶/۸
LSD5%		۰/۴۶	۰/۶۷	۰/۷۶	۲/۶	۱/۶	۰/۳۷	۰/۷۶	۰/۷۳
LSD1%		۰/۶	۰/۸۹	۱/۰۰۶	۳/۵	۲/۱	۰/۴۹	۱/۰۰۶	۰/۹۷

* و ** به ترتیب معنی‌داری در سطح احتمال آماری پنج و یک درصد را نشان می‌دهد.

ادامه جدول ۲- تجزیه واریانس مرکب صفات مختلف مورد ارزیابی در ژنوتیپ‌های گندم دوروم سال‌های زراعی ۱۳۹۸-۱۴۰۱

منابع تغییر	درجه آزادی	وزن سنبله (گرم)	تعداد دانه در سنبله	وزن دانه در سنبله (گرم)	شاخص برداشت سنبله	وزن هزار دانه (گرم)	عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)	تعداد دانه در مترمربع	سرعت پرشدن دانه (گرم در روز)
سال	۲	۵۲/۶**	۶۳۲۶/۷**	۴۸/۰۲**	۱۰۸۳۲/۳**	۲۱۷/۸۹**	۱۷۴۷۳۶۱۳/۹**	۱۱۱۸۱۹۰۲۰/۵**	۴۵۲۰۷/۲**
خطای a	۹	۰/۳	۸۱/۲	۰/۲۷	۱۱۴۸/۰۲	۲۳/۸۳	۳۴۲۵۲۱/۸	۳۰۳۴۸۱۵/۶	۱۹۲/۴
ژنوتیپ	۱۵	۱/۲۹**	۵۹/۱**	۰/۲۸**	۷۰/۲۶**	۶۸/۱**	۱۰۲۹۱۱۲/۷**	۸۲۴۱۴۳۵/۱**	۷۰۹/۱**
ژنوتیپ*سال	۳۰	۰/۳۲**	۴۱/۹**	۰/۱۶**	۲۰/۹۹**	۲۹/۱**	۴۵۸۵۷۶/۱**	۳۴۰۸۹۰۶/۳**	۲۹۵/۱**
خطای b	۱۳۵	۰/۱۱	۱۷/۵	۰/۰۴	۳۲/۱۹	۸/۵۳	۲۰۲۸۶۶/۵	۱۴۹۹۱۵۵/۳	۱۳۱/۹
ضریب تغییرات (CV%)		۱۰	۸/۷	۱۱/۵	۹/۴	۷/۵	۱۶/۱	۱۶/۹	۱۷/۹
LSD5%		۰/۲۶	۳/۴	۰/۱۷	۴/۵۸	۲/۳۶	۳۶۳/۷	۹۸۸/۶	۹/۲۷
LSD1%		۰/۳۵	۴/۵	۰/۲۲	۶/۰۵	۳/۱۱	۴۸۰/۴	۱۳۰۶	۱۲/۲۵

وزن هزار دانه بالا، دیررس‌تر بودند. همبستگی مثبت و معنی‌داری بین وزن هزار دانه و ارتفاع بوته مشاهده شد ($r=0/57^*$) که با نتایج Rahmati و همکاران (2021) مبنی بر رابطه مثبت بین صفات مذکور مطابقت داشت. وزن هزار دانه همبستگی منفی با تعداد روز تا سنبله‌دهی نشان داد. در شرایط دیم با کاهش تعداد روز تا سنبله‌دهی، احتمال برخورد مرحله دانه‌بندی با تنش خشکی آخر فصل کمتر شده و این موضوع به افزایش بیشتر وزن دانه کمک خواهد کرد (Dolatpanah et al., 2013). در این مطالعه همبستگی بالایی بین صفات مرتبط با عملکرد و عملکرد دانه مشاهده

نتایج همبستگی صفات نشان داد، همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری بین عملکرد دانه با صفات سرعت پرشدن دانه ($r=1^{**}$) و تعداد دانه در مترمربع ($r=0/82^{**}$) وجود داشت (شکل ۲). نتایج مقایسه میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی نیز با نتیجه بدست آمده مطابقت داشت. به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های G1، G2، G3، G4، G11 و G14 با عملکرد دانه بالا از بیشترین مقدار صفات تعداد دانه در مترمربع و سرعت پرشدن دانه برخوردار بودند. همبستگی مثبت و معنی‌داری بین تعداد روز تا رسیدگی و وزن هزار دانه مشاهده شد. این امر بیانگر این است که ژنوتیپ‌های با

رسیدگی و عملکرد دانه مشاهده شد. این نتیجه با نتایج پژوهش Rahmati و همکاران (2018) مطابقت داشت.

نشد. این رابطه ضعیف می‌تواند ناشی از کمی بودن صفت عملکرد دانه و سهمیم بودن صفات مختلف در عملکرد دانه باشد. همبستگی مثبت و غیر معنی‌داری بین صفات روز تا

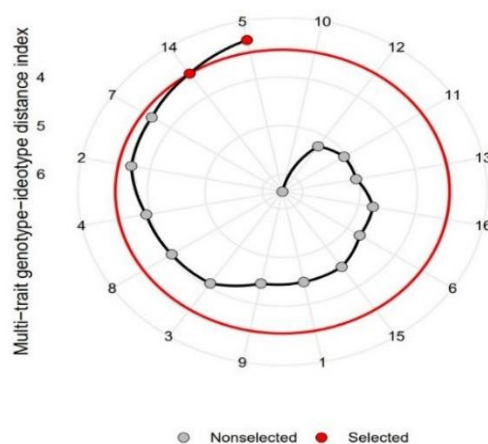
جدول ۳- مقادیر ویژه و بارهای عاملی پس از چرخش واریماکس و میزان اشتراک برآورد شده در تجزیه عاملی

میزان اشتراک	بار عامل‌ها					صفات
	پنجم	چهارم	سوم	دوم	اول	
۰/۸۱	۰/۴۶	۰/۰۸	-۰/۷۶	۰/۰۳	-۰/۱	روز تا سنبله‌دهی
۰/۶۸	-۰/۰۱	۰/۷۹	-۰/۱۵	۰/۰۲	۰/۱۷	روز تا رسیدگی
۰/۸۲	۰/۴۴	-۰/۴۸	-۰/۵۹	۰/۰۲	-۰/۲۱	طول مدت پرشدن دانه
۰/۵۶	۰/۳۵	-۰/۴۲	-۰/۰۷	۰/۳۲	-۰/۳۹	ارتفاع بوته
۰/۹۲	-۰/۰۵	-۰/۱۷	-۰/۹۳	۰/۱۸	-۰/۰۳	طول پدانکل
۰/۹۷	۰/۸۷	-۰/۱۶	۰/۲۳	-۰/۰۳	-۰/۳۶	طول سنبله
۰/۴۳	۰/۲۹	-۰/۲۶	-۰/۲۸	-۰/۲۱	-۰/۴	طول ریشک
۰/۹۱	۰/۲۶	-۰/۴۲	۰/۷۶	۰/۲۰	-۰/۲۲	تعداد سنبلچه در سنبله
۰/۹۶	-۰/۹۳	۰/۰۶	۰/۲۸	۰/۰۳	۰/۰۶	تراکم سنبله
۰/۸۹	۰/۰۸	۰/۰۷	-۰/۰۵	-۰/۲۸	-۰/۸۹	وزن سنبله
۰/۹۵	-۰/۲۵	۰/۷۱	۰/۴۴	۰/۱۳	-۰/۴۱	تعداد دانه در سنبله
۰/۹۸	۰/۱۶	-۰/۱۴	۰/۱۳	۰/۱۱	-۰/۹۵	وزن دانه در سنبله
۰/۶۴	-۰/۲۶	-۰/۴۵	۰/۴۳	۰/۴۲	-۰/۰۷	شاخص برداشت سنبله
۰/۶۴	۰/۳۷	-۰/۶	-۰/۱۲	-۰/۰۲	-۰/۶۶	وزن هزار دانه
۰/۹۴	۰/۰۹	-۰/۰۹	-۰/۰۷	۰/۹۸	۰/۰۶	عملکرد دانه
۰/۹۷	-۰/۱۶	-۰/۲۳	۰/۰	۰/۸۸	۰/۳۲	تعداد دانه در مترمربع
۰/۹۵	۰/۰	-۰/۰۶	۰/۰	۰/۹۸	۰/۰۲	سرعت پرشدن دانه

داد. در عامل دوم، بالا بودن مقادیر عملکرد دانه، تعداد دانه در مترمربع و سرعت پرشدن دانه عامل اصلی گزینش ژنوتیپ‌ها بوده است. ژنوتیپ‌های G11 و G4 با بیشترین فاصله از مرکز شکل جزو ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از دومین عامل بود که دارای بیشترین عملکرد دانه، تعداد دانه در مترمربع و سرعت پرشدن دانه بودند. نتایج همبستگی عملکرد دانه با تعداد دانه در متر مربع و سرعت پرشدن دانه بیانگر این است که عملکرد دانه همبستگی قوی و مثبتی با تعداد دانه در مترمربع و سرعت پرشدن دانه داشته است. بیشتر ژنوتیپ‌ها به جزء ژنوتیپ‌های G1، G7 و G15 در عامل سوم خوب بودند. مقدار پایین صفات روز تا سنبله‌دهی، طول مدت پرشدن دانه و طول پدانکل و از طرفی مقدار بالای تعداد سنبلچه در سنبله عامل مؤثر در گزینش ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عامل سوم بوده است. نقطه قوت عامل چهارم به سمت گزینش ژنوتیپ‌های G10 و G13 بود. بیشتر ژنوتیپ‌ها در عامل پنجم مطلوب بودند. Machado-Silva و همکاران (2023) بر استفاده از شاخص MGIDI برای گزینش ژنوتیپ‌های برتر تاکید داشتند زیرا

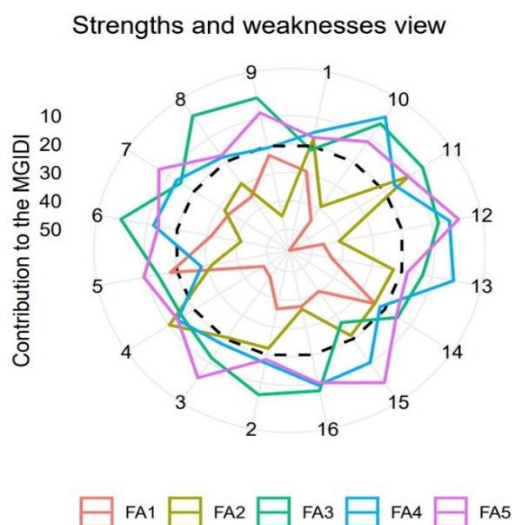
به منظور گزینش بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد و سایر صفات زراعی از شاخص SIIG و MGIDI استفاده شد. در این مطالعه شاخص‌های SIIG و MGIDI بر اساس کلیه صفات مورد ارزیابی بدست آمد. عبارتی گزینش ژنوتیپ‌ها بر اساس این شاخص‌ها نشان‌دهنده‌ی گزینش بر اساس عملکرد و سایر صفات زراعی به‌طورهمزمان بوده است. بر اساس نتایج شاخص گزینش MGIDI، ژنوتیپ‌های G5 و G14 به عنوان ژنوتیپ مطلوب مورد گزینش قرار گرفتند (شکل ۳). برای هر ژنوتیپ گزینش شده، سهم هر عامل در شاخص MGIDI از بیشترین عامل توجیه کننده (نزدیک به مرکز نمودار) تا کمترین عامل توجیه کننده (دور از مرکز نمودار) طبقه‌بندی شد (شکل ۴). کوچکترین سهم توجیه شده توسط هر عامل که به لبه خارجی نزدیکتر است بیانگر نزدیک بودن صفات در آن عامل به ژنوتیپ ایده‌آل است. به این ترتیب، ژنوتیپ‌های G5 و G14 جزو ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عامل اول بودند (شکل ۴). عامل دوم برای گزینش ژنوتیپ‌های G11 و G4 متمایز شد. در حالی که عامل اول قوت کمتری برای گزینش این ژنوتیپ‌ها نشان

این شاخص دقیق، آسان برای تفسیر، بدون ضرایب وزنی و مشکلات همراستایی چندگانه و امکان شناسایی نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌ها فراهم می‌کند.



شکل ۳- رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص MGIDI

ژنوتیپ‌های گزینش شده با رنگ قرمز و ژنوتیپ‌های گزینش نشده با رنگ خاکستری مشخص شده است. دایره قرمز مرکزی نقطه برش را با توجه به شدت گزینش (۱۵٪) نشان می‌دهد.



شکل ۴- نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های گزینش شده، به عنوان نسبت هر عامل در شاخص MGIDI محاسبه شده، نشان داده شده است. نسبت‌های کوچکتر که توسط یک عامل توضیح داده می‌شوند (نزدیکتر به لبه خارجی) نشان می‌دهد که صفت درون آن عامل به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیکتر است. نقطه چین نشان‌دهنده مقادیر تئوری است در صورتی که همه عوامل به یک اندازه نقش داشته باشند.

می‌توانند بعنوان ژنوتیپ ایده‌آل برای اصلاح با صفات زراعی مطلوب استفاده شود. بیشترین و کمترین مقدار درصد دیفرانسیل گزینش به ترتیب مربوط به صفات وزن سنبله (۹/۸۶ درصد) و طول سنبله (۲/۶۵٪) بود. بر اساس نتایج شاخص گزینش MGIDI، ژنوتیپ‌های G5 و G14 به عنوان ژنوتیپ مطلوب مورد گزینش قرار گرفتند. لکن ژنوتیپ G5 از عملکرد کمتری در مقایسه با شاهد‌ها و برخی ژنوتیپ‌های

میانگین صفات ژنوتیپ‌های گزینش شده در برابر ژنوتیپ‌های گزینش نشده در جدول ۴ ارائه شده است. همان‌طور که مشخص است دیفرانسیل گزینش آماره MGIDI برای تمامی صفات، بجز صفات تعداد دانه در مترمربع، روز تا سنبله‌دهی و رسیدگی، تعداد سنبله‌چه در سنبله و طول سنبله مثبت بود. این موضوع بیانگر توانایی شاخص MGIDI در شناسایی ژنوتیپ‌های برتری است که

برای صفاتی که کاهش آنها مدنظر است، محاسبه شد. این امر بیانگر این است که MGIDI شاخص مؤثری برای گزینش ژنوتیپ‌های با خصوصیات مطلوب می‌باشد. سه صفت با سود گزینش نامطلوب شامل تعداد دانه در مترمربع، تعداد سنبلچه در سنبله و طول سنبله بودند. شاخص MGIDI سود گزینش مثبتی برای همه صفات مربوط به سنبله در اولین عامل ایجاد کرد. نتایج یافته‌های Olivoto و Nardino (2020) نیز مبنی بر سود ژنتیکی مثبت برای همه صفات مربوط به سنبله بود.

گزینش نشده بود. نتایج مطالعه Shirzad و همکاران (2023) نشان داد که استفاده از شاخص MGIDI لزوماً منجر به گزینش ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا نخواهد شد. از طرفی، ژنوتیپ G14 از عملکردی در حد شاهد‌ها و بیشتر از میانگین عملکرد ژنوتیپ‌های گزینش نشده برخوردار بود. شاخص MGIDI سود گزینش منفی برای دو صفت روز تا رسیدگی و سنبله‌دهی که کاهش آنها مدنظر بود و سود مثبتی برای ۱۲ صفتی که افزایش آنها مدنظر بود ایجاد کرد. سود گزینش شاخص MGIDI، ۲۸/۳۴ درصد برای صفات مورد ارزیابی که افزایش آنها مدنظر است و ۰/۲۷- درصد

جدول ۴- دیفرانسیل و سود گزینش شاخص MGIDI برای ۱۷ صفت مورد ارزیابی در ژنوتیپ‌های گندم دوروم

صفات	عامل	میانگین کل	میانگین ژنوتیپ‌های گزینشی	دیفرانسیل گزینش	درصد دیفرانسیل گزینش	وراثت‌پذیری عمومی	سود گزینش	هدف
طول ریشک	عامل اول	۱۰/۲	۱۰/۹	۰/۶۱	۵/۹۶	۰/۹۰	۵/۳۶	افزایش
وزن سنبله	عامل اول	۳/۲۳	۳/۵۵	۰/۳۱۹	۹/۸۶	۰/۸۹	۸/۷۵	افزایش
وزن دانه در سنبله	عامل اول	۱/۸۳	۱/۹۸	۰/۱۵۳	۸/۳۸	۰/۷۷	۶/۴۲	افزایش
وزن هزار دانه	عامل اول	۳۹	۳۹/۶	۰/۶۱۹	۱/۵۹	۰/۸۲	۱/۳	افزایش
عملکرد دانه	عامل دوم	۲۸۰۳	۲۸۶۱	۵۸/۱	۲/۰۷	۰/۷۶	۱/۵۷	افزایش
تعداد دانه در متر مربع	عامل دوم	۷۲۴۸	۷۲۴۳	-۵/۵۷	-۰/۰۷۷	۰/۷۸	-۰/۰۶	افزایش
سرعت پرشدن دانه	عامل دوم	۶۴/۱	۶۵/۶	۱/۵	۲/۳۴	۰/۷۷	۱/۸۱	افزایش
روز تا سنبله‌دهی	عامل سوم	۱۳۰	۱۳۰	-۰/۳۱۸	-۰/۲۴	۰/۸۰	-۰/۱۹۶	کاهش
طول مدت پرشدن دانه	عامل سوم	۴۸/۲	۴۸/۳	۰/۰۶۹	۰/۱۴	۰/۷۰	۰/۱۰۱	افزایش
طول پدانکل	عامل سوم	۱۴/۲	۱۴/۴	۰/۲۲	۱/۵۵	۰/۶۹	۱/۰۷	افزایش
تعداد سنبلچه در سنبله	عامل سوم	۱۳/۳	۱۳	-۰/۳۳۴	-۲/۵	۰/۹۰	-۲/۲۶	افزایش
روز تا رسیدگی	عامل چهارم	۱۷۹	۱۷۹	-۰/۱۹۸	-۰/۱۱۱	۰/۶۷	-۰/۰۷	کاهش
ارتفاع بوته	عامل چهارم	۷۷/۹	۷۸/۱	۰/۱۹۱	۰/۲۴۵	۰/۸۳	۰/۲۰۳	افزایش
تعداد دانه در سنبله	عامل چهارم	۴۸/۲	۵۰/۱	۱/۸۶	۳/۸۶	۰/۶۳	۲/۴۳	افزایش
شاخص برداشت سنبله	عامل چهارم	۶۰/۶	۶۱/۱	۰/۵۲۹	۰/۸۷۴	۰/۵۷	۰/۴۹۹	افزایش
طول سنبله	عامل پنجم	۶/۳۸	۶/۲۱	-۰/۱۶۹	-۲/۶۵	۰/۹۰	-۲/۴	افزایش
تراکم سنبله	عامل پنجم	۰/۲۱۳	۰/۲۱۹	۰/۰۰۵	۲/۴۷	۰/۹۲	۲/۲۸	افزایش

صفت همراه باشد (Godoi & Pinheirov, 2009). از آنجایی که وراثت‌پذیری شامل اثر ژن‌های افزایشی و غیرافزایشی می‌باشد، وراثت‌پذیری بالا به تنهایی نشان دهنده‌ی سود ژنتیکی نیست مگر اینکه همزمان با پیشرفت ژنتیکی مورد مطالعه قرار گیرد (Mamun et al., 2022).

وراثت‌پذیری برای اکثر صفات بالا بود که نشان دهنده‌ی پتانسیل این صفات برای بهبود از طریق گزینش می‌باشد. بر اساس یافته‌های Brogin و همکاران (2003) صفات با وراثت‌پذیری بالای ۳۰ درصد امکان سود ژنتیکی از طریق گزینش در نسل‌های اولیه را فراهم می‌کنند. وراثت‌پذیری بالا ممکن است با پیچیدگی کمتری در کنترل ژنتیکی

ارقام شاهد برخوردار بود. سایر ویژگی‌های ژنوتیپ G14 شامل شاخص برداشت سنبله بالا (۶۳)، وزن دانه در سنبله بالا (۲)، تراکم سنبله (۰/۲۳) و طول مدت پرشدن دانه بالا، تعداد دانه در سنبله متوسط، تعداد سنبلچه در سنبله و ارتفاع بوته متوسط بود. ژنوتیپ G4 از بیشترین عملکرد دانه (۳۲۸۷ کیلوگرم در هکتار) در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی برخوردار بود. از سایر ویژگی‌های این ژنوتیپ شامل بیشترین طول پدانکل، تعداد دانه در سنبله متوسط، همچنین وزن سنبله، طول مدت پرشدن دانه و ارتفاع بوته متوسط و جزو زودرس‌ترین ژنوتیپ‌ها بود.

نتایج شاخص SIIG نشان داد که ژنوتیپ‌های G14، G4، G1 (رقم دهدشت) و G2 (رقم ساورز) با بیشترین مقدار شاخص SIIG و به ترتیب به میزان ۰/۶۱، ۰/۶۰، ۰/۵۹ و ۰/۵۹ جزو برترین ژنوتیپ‌ها بودند. نتایج شاخص SIIG نشان داد، ژنوتیپ G14 با بیشترین مقدار SIIG (۰/۶۱) جزو برترین ژنوتیپ‌ها بود. همان‌طور که از نتایج مشخص است ژنوتیپ G14 از بیشترین طول ریشک و طول پدانکل در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی برخوردار بود. به علاوه ژنوتیپ G14 از وزن هزار دانه نسبتاً بالا، عملکرد دانه بالاتر از متوسط عملکرد دانه سایر ژنوتیپ‌ها و نزدیک به

جدول ۵- میانگین صفات مورد ارزیابی و شاخص گزینش ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)

ژنوتیپ	کد	روز تا سنبله‌دهی	روز تا رسیدگی	طول مدت پرشدن دانه	ارتفاع بوته	طول پدانکل	طول سنبله	طول ریشک	تعداد سنبلچه در سنبله	تراکم سنبله
G1	۱۳۱	۱۷۹	۴۹	۷۷	۱۲	۷/۱	۱۰/۵	۱۶	۰/۲۱	
G2	۱۳۱	۱۷۹	۴۸	۸۱	۱۵	۷	۹/۸	۱۴	۰/۲۰	
G3	۱۳۰	۱۷۹	۴۹	۸۰	۱۶	۵/۹	۸/۶	۱۳	۰/۲۲	
G4	۱۳۰	۱۷۸	۴۸	۷۷	۱۶	۶/۲	۱۰/۴	۱۲	۰/۲۰	
G5	۱۳۰	۱۷۸	۴۸	۷۸	۱۳	۶/۷	۱۰	۱۳	۰/۲۲	
G6	۱۳۰	۱۷۹	۴۹	۸۰	۱۴	۶/۹	۱۱/۳	۱۳	۰/۲۰	
G7	۱۳۱	۱۷۹	۴۸	۷۸	۱۴	۶/۴	۱۰/۶	۱۴	۰/۲۲	
G8	۱۳۰	۱۸۰	۴۹	۷۷	۱۴	۷/۱	۱۰/۴	۱۳	۰/۲۰	
G9	۱۳۰	۱۷۹	۴۸	۸۱	۱۴	۶/۷	۱۱/۷	۱۴	۰/۲۱	
G10	۱۳۰	۱۷۸	۴۸	۷۵	۱۴	۶/۳	۱۰/۳	۱۲	۰/۲۰	
G11	۱۳۰	۱۷۹	۴۸	۸۰	۱۴	۶/۳	۱۰/۶	۱۳	۰/۲۱	
G12	۱۳۰	۱۷۸	۴۸	۷۴	۱۳	۶/۱	۱۰/۱	۱۳	۰/۲۲	
G13	۱۳۲	۱۷۹	۴۷	۷۴	۱۳	۵/۴	۹	۱۳	۰/۲۴	
G14	۱۳۰	۱۷۹	۴۹	۷۸	۱۶	۵/۷	۱۱/۸	۱۳	۰/۲۳	
G15	۱۳۲	۱۷۹	۴۷	۸۱	۱۳	۶/۳	۹/۳	۱۴	۰/۲۲	
G16	۱۳۱	۱۷۹	۴۸	۷۵	۱۴	۶	۹/۳	۱۳	۰/۲۳	
حداکثر	۱۳۲	۱۸۰	۴۹	۸۱	۱۶	۷/۱	۱۱/۸	۱۶	۰/۲۴	
حداقل	۱۳۰	۱۷۸	۴۷	۷۴	۱۲	۵/۴	۸/۶	۱۲	۰/۲۰	
میانگین	۱۳۰	۱۷۹	۴۸	۷۸	۱۴	۶/۴	۱۰/۲	۱۳	۰/۲۱	

ادامه جدول ۵- میانگین صفات مورد ارزیابی و شاخص گزینش ژنوتیپ ایده آل (SIIG)

SIIG	سرعت پرشدن دانه	تعداد در مترمربع	عملکرد دانه	وزن هزار دانه	شاخص برداشت سنبله	وزن دانه در سنبله	تعداد دانه در سنبله	وزن سنبله	کد ژنوتیپ
۰/۵۹۲	۷۰	۷۲۸۶	۳۰۴۳	۴۲	۶۳	۲	۴۸	۳/۲	G1
۰/۵۹۲	۷۰	۷۲۳۸	۳۰۵۴	۴۲	۶۰	۱/۹	۴۷	۳/۴	G2
۰/۴۹۶	۶۸	۷۵۵۲	۲۹۸۴	۳۹	۶۲	۱/۸	۴۶	۳/۱	G3
۰/۵۹۹	۷۶	۸۸۴۵	۳۲۸۷	۳۷	۵۷	۱/۷	۴۹	۳/۱	G4
۰/۵۶۷	۶۳	۷۲۸۹	۲۷۸۵	۳۸	۶۰	۲/۱	۵۴	۳/۸	G5
۰/۴۴۶	۵۵	۶۳۰۲	۲۴۹۲	۴۰	۵۸	۱/۹	۴۶	۳/۶	G6
۰/۵۳۸	۶۳	۷۲۰۱	۲۷۸۵	۳۹	۶۴	۱/۹	۵۰	۳/۴	G7
۰/۵۶۸	۶۶	۷۱۵۹	۲۹۵۹	۴۱	۵۸	۱/۹	۴۷	۳/۴	G8
۰/۴۷۳	۵۴	۵۶۶۹	۲۴۴۵	۴۳	۶۱	۲	۴۶	۳/۶	G9
۰/۲۴۴	۵۰	۶۱۳۲	۲۲۶۲	۳۷	۵۹	۱/۶	۴۶	۲/۹	G10
۰/۵۴۶	۷۴	۸۶۶۸	۳۱۴۳	۳۷	۶۴	۱/۶	۴۶	۲/۶	G11
۰/۳۱۷	۵۵	۶۷۹۲	۲۴۳۱	۳۶	۵۹	۱/۷	۴۹	۳	G12
۰/۴۳۸	۶۷	۸۰۸۵	۲۸۲۱	۳۵	۶۱	۱/۷	۴۹	۲/۹	G13
۰/۶۰۷	۶۹	۷۱۹۳	۲۹۷۴	۴۱	۶۳	۲	۴۸	۳/۴	G14
۰/۴۸۸	۶۷	۷۴۸۶	۲۸۴۷	۳۸	۶۴	۱/۸	۵۰	۳	G15
۰/۴۰۷	۵۸	۷۰۷۸	۲۵۳۸	۳۷	۵۸	۱/۷	۴۹	۳/۴	G16
۰/۶۰۷	۷۶	۸۸۴۵	۳۲۸۷	۴۳	۶۴	۲/۱	۵۴	۳/۸	حداکثر
۰/۲۴۴	۵۰	۵۶۶۹	۲۲۶۲	۳۵	۵۷	۱/۶	۴۶	۲/۶	حداقل
	۶۴	۷۲۴۸	۲۸۰۳	۳۹	۶۱	۱/۸	۴۸	۳/۲	میانگین

عملکرد بالاتر از متوسط عملکرد ژنوتیپ‌های گزینش نشده بعنوان ژنوتیپ ایده آل بر اساس شاخص MGIDI گزینش شد. همچنین بر اساس شاخص SIIG، ژنوتیپ‌های G14، G4، G2 (رقم ساورز) و G1 (رقم دهدشت) بهترین بودند. به این ترتیب، لاین‌های G14 و G4 برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی بعدی یا بعنوان لاین امیدبخش برای برنامه معرفی رقم پیشنهاد می‌شود. عملکرد بالای ارقام شاهد ساورز و دهدشت نیز مزیت کشت این ارقام در مناطق گرمسیر و نیمه گرمسیر نشان می‌دهد.

سپاسگزاری

این مقاله از پروژه تحقیقاتی به شماره مصوب ۹۸۱۰۸۸-۵۶-۱۵-۰۸۲ در مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور استخراج شده است. بدین وسیله از مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان که امکانات لازم برای اجرای این پروژه را فراهم نمود، تشکر و قدردانی می‌شود.

عملکرد دانه، وزن هزار دانه و طول سنبله بالا، تعداد دانه در سنبله و وزن سنبله متوسط در دو رقم شاهد ساورز و دهدشت مشاهده شد. نتایج شاخص SIIG نشان داد که ژنوتیپ G16 با کمترین مقدار شاخص (۰/۲۴) ضعیف‌ترین ژنوتیپ از نظر اکثر صفات مورد ارزیابی بود. به طوری که ژنوتیپ مذکور از وزن هزار دانه، شاخص برداشت سنبله، وزن دانه در سنبله، طول ریشک و ارتفاع بوته نسبتاً پایینی برخوردار بود.

نتیجه‌گیری کلی

لاین G5 گزینش شده بر اساس شاخص MGIDI، از عملکرد کمتری نسبت به میانگین عملکرد ارقام شاهد و برخی ژنوتیپ‌های گزینش نشده برخوردار بود. از آنجایی که عملکرد دانه تنها صفتی در گندم نمی‌باشد که به تنهایی سودمندی یک ژنوتیپ را تعیین می‌کند. از طرفی صفاتی مانند زودرسی و سایر صفات زراعی فقط در صورتی برای به‌نژادگر ارزشمند هستند که با مقادیر بالای عملکرد همراه باشند. بنابراین، ژنوتیپ G14 با کمترین مقدار MGIDI و

منابع

- Abedini, S., Mohammadi-Nejad, Gh., & Nakhoda, B. (2016). Evaluation of agronomic traits and yield potential diversity inbred wheat inbred lines (*Triticum aestivum* L.) derived from Roshan × Falat cultivar. *Journal of Crop Breeding*, 8, 1-10 (In Persian).
- Al-Ashkar, I., Alotaibi, M., Refay, Y., Ghazy, A., Zakri, A., & Al-Doss, A. (2020). Selection criteria for high-yielding and early-flowering bread wheat hybrids under heat stress. *PLoS One*, 15, e0236351.
- Al-Ashkar, I., Sallam, M., Almutairi, K., Shady, M., Ibrahim, A., & Alghamdi, S. S. (2023). Detection of high-performance wheat genotypes and genetic stability to determine complex interplay between genotypes and environments. *Agronomy*, 13, 585, 1-24.
- Brogini, R. L., Arias, C. A. A., & Toledo, J. F. F. (2003). Genetic control of soybean resistance to brown spot (*Septoria glycines*): First studies. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 3, 35-44
- Ceron-Rojas, J. J., & Crossa, J. (2022). The statistical theory of linear selection indices from phenotypic to genomic selection. *Crop Science*, 62(2), 537-63.
- Dastfal, M., Aghaee-Sarbarzeh, M., & Zali, H. (2022). Genetic diversity and selection of durum wheat pure lines with desirable agronomy traits using SIIG index. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 53 (1), 161-174. (In Persian).
- Dolatpanah, T., Roostae, M., Ahakpaz, F., & Mohebbali, N. (2013). Effect of drought stress on grain yield and yield components of winter and facultative barley genotypes in Maragheh region. *Seed and Plant Journal*, 29 (2), 257-276. (In Persian).
- Ekka, A., Tirkey, A., & Kujur, N. (2021). Cluster and principal component analysis (PCA) in Ashwagandha (*Withania somnifera* (L.) Dunal) for root traits. *International Journal of Chemical Studies*, 9(1), 3012-6.
- Godoi, C. R. D., & Pinheiro, J. B. (2009). Genetic parameters and selection strategies for soybean genotypes resistant to the stink bug-complex. *Genetics and Molecular Biology*, 32, 328-336
- Jahufer, M. Z. Z., & Casler, M. D. (2015). Application of the smith-hazel selection index for improving biomass yield and quality of switchgrass. *Crop Science*, 55, 1212-1222.
- Mamun, A. A., Islam, M. M., Adhikary, S. K., & Sultana, M. S. (2022). Resolution of genetic variability and selection of novel genotypes in EMS induced rice mutants based on quantitative traits through MGIDI. *International Journal of Agriculture & Biology*, 28, 100-112.
- Machado e Silva, C., Mezzomo, H. C., Ribeiro, J. P. O., Freitas, D. S., & Nardino, M. (2023). Multi-trait selection of wheat lines under drought-stress condition. *Bragantia*, 82, e20220254. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20220254>
- 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 (2), 79-96. (In Persian).
- Olivoto, T., & Nardino, M. (2020). MGIDI: A novel multi-trait index for genotype selection in plant breeding. *Bioinformatics*, 1-22.
- Olivoto, T., & Nardino, M. (2021). MGIDI: toward an effective multivariate selection in biological experiments. *Bioinformatics*, 37 (10), 1383-1389.
- Olivoto, T., Diel, M., Schmidt, D., & D.Lucio., A. (2022). MGIDI: A powerful tool to analyze plant multivariate data. *Plant Method*, 18, 121. <https://doi.org/10.1186/s13007-022-00952-5>
- Rahmati, M., Ahmadi, A., & Hosseinpour, T. (2018). Study of genetic variability, heritability and relationship between grain yield and yield-related traits on bread wheat genotypes under dry land conditions. *Journal of Crop Breeding*, 10 (25), 167-175. (In Persian).
- Rahmati, M., Ahmadi, A., Hosseinpour, T., Hamidiyan, K., & Reisvand, M. (2021). Evaluation of yield potential of barley genotypes and identification of traits related to improving grain yield under rainfed conditions. *Dryland Agriculture*, 10 (1), 57-71. (In Persian).
- Shirzad, A., Asghari, A., Zali, H., Sofalian, O., & Mohammaddoust-Chamanabd, H. (2023). Application of the multi - trait genotype - ideotype distance index in the selection of top barley genotypes in the warm and dry region of Darab. *Journal of Crop Breeding*, 14 (44), 65-76. (In Persian).
- Tadili, S., Asghari, A., Karimizadeh, R., Sofalian, O., & Mohammaddoust-Chamanabad, H. R. (2020). Evaluation of drought stress tolerance in advanced lines durum wheat using the selection index of ideal genotype (SIIG). *Journal of crop Ecophysiology*, 14 (1), 45-61. (In Persian).
- Pour-Aboughadareh, A., Yousefian, M., Moradkhani, H., Poczai, P., & Siddique, K. H. (2019). STABILITYSOFT: a new online program to calculate parametric and non-parametric stability statistics for crop traits. *Applications in Plant Sciences*. 7, e1211.
- Zarei, S., Amini, A., Mahfoozi, S., & Bihanta, M. R. (2011). Study of genetic diversity for morphophysiological and agronomic traits of Iranian local wheat genotypes under drought stress conditions. *Iranian Society of Agronomy and Plant Breeding Sciences*, 4, 123-138 (In Persian).

Selection of durum wheat genotypes based on MGIDI and SIIG selection indexes

Mahnaz Rahmati^{*1}, Moslem Abdipour², Movahed Sepahvand³

1. Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center (AREEO), Khorramabad, Iran

2. Assistant professor, Kohgiluyeh and Boyerahmad Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gachsaran, Iran

3. Researcher, Agricultural Engineering Research Group, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Khorramabad, Iran

Received: 18-07-2024

Accepted: 12-07-2024

Abstract

The aim of this study was to select promising wheat lines based on yield and other agronomic traits using selection index of SIIG and MGIDI. For this goal, 14 promising line selected from the wheat breeding program of the rainfed agriculture research institute and sent from the ICARDA international research center along two checks were evaluated in a RCBD with three replications at the Sarab-Chengai research station during 2019-2022 cropping season. The results of variance analysis showed that there was a significant difference among durum wheat genotypes in terms of all measured traits. Genotypes of G4, G11, G2, G1, G3 and G14 had the highest grain yield with an average yield 3143, 3054, 3043, 2984 and 2974 kg/ha, respectively. The highest correlation was showed between grain yield with number of grain/m² and grain filling rate. Based on the MGIDI index, lines G5 and G14 were selected as desirable lines. The results of the SIIG index indicated that G14, G4, G1 and G2 genotypes with the high value of SIIG (0.61, 0.60, 0.59 and 0.50, respectively) were superior genotypes. Generally based on the results of this research, the line G14 with the lowest MGIDI value and higher yield than average yield of unselected genotypes was selected as the ideotype using the MGIDI index. Based on SIIG index, lines G14 and G4, and Saverz and Dehdasht control cultivars were the best genotypes. In this way, line G4 and G14 are suggested for future breeding program.

Keywords: Selection differential, ideotype genotype, MGIDI Index, SIIG Index, rain-fed conditions

Citation: Rahmati, M., Abdipour, M., & Sepahvand, M. (2024). Selection of durum wheat genotypes based on MGIDI and SIIG selection indexes. *Plant Production and Genetics*, 5(2), 299-312. <https://doi.org/10.22034/plant.2024.141754.1118>

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.ghaedrahmati@areeo.ac.ir