

Research Paper

Comparison of Multiple-Trait Selection Indices for Promising Barley Genotypes

Mansoor Jafari Zare¹, Ali Asghari², Hassan Zali³, Omid Sofalian⁴ and
Alireza Pour-Aboughadareh⁵

- 1- Ph.D. Student of Plant Breeding, Department of Plant Production and Genetics engineering, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran
2- Professor, Department of Plant Production and Genetics engineering, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran
3- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran, (Corresponding author: hzali90@yahoo.com)
4- Professor, Department of Plant Production and Genetics engineering, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran
5- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

Received: 22 February, 2025

Revised: 13 April, 2025

Accepted: 5 June, 2025

Extended Abstract

Background: Barley (*Hordeum vulgare* L.) is one of the important cereal crops, which is ranked fourth globally after wheat, rice, and maize. Superior genotypes must be accurately identified in any breeding program. Improvement of some traits, such as grain yield, may be efficient through indirect selection pathways due to their high correlations with other traits. Therefore, this study aimed to select the best barley genotypes with desirable agronomic traits by using and finally comparing a combination of different selection indices.

Methods: To evaluate some superior barley genotypes using multi-trait selection indices, an experiment was conducted at the Darab Agricultural and Natural Resources Research Station, Darab, Iran, in the 2020-2021 cropping year. The plant genetic materials consisted of 51 barley genotypes, along with nine check genotypes. The experiment was carried out based on a randomized complete block design with three replications. The studied genotypes were planted in six lines of 5 m long and 15 cm space between them. Seed density was determined as 300 seeds per square meter, and seeds were sown using an experimental plot planter (Wintersteiger, Austria). Before seed sowing, the fertilizer composition was 150 kg ha⁻¹ nitrogen (twice), and di-ammonium phosphate and potassium sulfate were 100 and 50 kg ha⁻¹, respectively. After removing the border effect, all experimental plots were harvested using an experimental combine (Wintersteiger, Austria). Three selection indices, including selection of ideal genotype (SIIG), multi-trait genotype-ideotype distance index (MGIDI), ideotype design via best linear unbiased prediction (FAI-BLUP), and Smith-Hazel (SH), were estimated based on 12 morpho-phenological traits to select superior genotypes. The measured traits included grain yield, the number of spikes per square meter, the number of grains per spike, weight of spike, thousand-grain weight, grain filling period, spike length, plant height, the number of days to heading, the number of days to maturity, grain filling rate, and the spike type.

Results: The results of the likelihood ratio test (LRT) showed that the genotype effect was significant for all measured traits at the 1% probability level. The results of restricted maximum likelihood (REML) showed that the lowest heritability was recorded for the grain filling period (0.505), grain yield (0.611), and grain filling rate (0.649), while the highest values were observed for thousand-grain weight (0.884) and the number of days to heading (0.877). The results of comparing the adjusted mean using the REML-BLUP model revealed that the highest grain yield belonged to genotypes 3, 1, 50, and 30, respectively. The grain yields of these genotypes were higher than all the check genotypes. Based on the MGIDI index, genotypes 39, 14, 43, 49, 6, 35, 19, 32, 41, 50, 55 (Auxin), 38, 44, 60 (Nimrooz), 28, 42, 40, and 34 with the lowest values were identified as superior genotypes. Genotypes 39, 35, 43, 14, 32, 6, 41, 44, 50, and 42 with the highest FAI-BLUP values were selected as the best genotypes. The results of the Smith-Hazel index showed that the genotypes 30, 55, 1, 2, 3, 40, 38, 12, 10, and 13 with the highest values were identified as superior genotypes. Moreover, genotypes 3, 50, 30, 1, 55, 10, 13, 2, 11, 39, 12, 38, 31, 35, 36, and 44 with the highest SIIG index were superior genotypes in terms of most

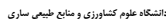


measured traits. The results of the correlation analysis showed that grain yield was positively and significantly correlated with the number of days to maturity (0.35*), plant height (0.37*), grain filling period (0.26*), the number of spikes per square meter (0.61**), and grain filling rate (0.96**). All selection indices were significantly correlated with grain yield, and the highest correlation value was found between grain yield and the SIIG (0.92**) and Smith-Hazel (0.78**) indices. FAI-BLUP and MGIDI indices were significantly associated with all traits, except for thousand-grain weight, length of ripening period, spike length, and the number of spikes per square meter traits. Only the thousand-grain weight and spike length traits did not show significant correlations with any of the selection indices.

Conclusion: In conclusion, genotypes 3, 50, 30, 1, 55, 10, 13, 2, 11, 12, and 38 were identified as superior genotypes using both SIIG and Smith-Hazel indices, and genotypes 39, 35, 50, 38, and 44 were identified as superior genotypes by FAI-BLUP and MGIDI indices. Finally, our results revealed that SIIG and Smith-Hazel indices were better than FAI-BLUP and MGIDI indices to identify superior genotypes.

Keywords: FAI-BLUP index, Genetic parameters, MGIDI index, SIIG index, Smith-Hazel index

How to Cite This Article: Jafari Zare, M., Asghari, A., Zali, H., Sofalian, M., & Pour-Aboughadareh, A. (2025). Comparison of Multiple-Trait Selection Indices for Promising Barley Genotypes. *J Crop Breed*, 17(3), 1-15. DOI: 10.61882/jcb.2024.1552



تحقیقات نیز گزارش شده است (Shirzad *et al.*, 2022a; Zali *et al.*, 2023).

شاخص SIIG یک شاخص چندصفتی و ترکیبی است که توسط زالی و همکاران (Zali *et al.*, 2015) برای اولین بار به منظور ادغام شاخص‌های مختلف تحمل به خشکی معرفی شد. در واقع شاخص SIIG، ژنوتیپ‌های برتر را بر اساس کمترین فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و بیشترین فاصله از ژنوتیپ غیر ایده‌آل شناسایی می‌کند. در این شاخص صفات مختلف یا شاخص‌های مختلف در قالب یک آماره جدید ترکیب می‌شوند و می‌توان بر اساس آن روند بهتری را برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها ارائه داد (Zali *et al.*, 2015). از شاخص SIIG در جو (Barati *et al.*, 2021; Zali & Barati, 2020)، آفتابگردان (Emami, 2020) (Haghighatnia & Alhani, 2020)، گندم دوروم (Zali *et al.*, 2019; Najafi Mirak *et al.*, 2018) و کلزا (Zali *et al.*, 2017) استفاده شده است.

شاخص FAI-BLUP مانند شاخص MGIDI بر اساس تجزیه به عامل‌ها است که بر مبنای فاصله هر کدام از ژنوتیپ‌ها از ژنوتیپ ایده‌آل برآورد می‌شود. محاسبه چنین شاخص چندصفتی اثرات ژنتیکی را با استفاده از مدل‌های ترکیبی پیش‌بینی می‌کند و از طرفی محاسبه مقادیر ژنتیکی با استفاده از REML/BLUP (Resende, 2016) رویکرد مناسبی برای انتخاب ژنوتیپ‌ها است (Rocha *et al.*, 2018). کارایی استفاده از شاخص FAI-BLUP در سورگوم (Botelho *et al.*, 2022; da Silva *et al.*, 2018; Oliveira *et al.*, 2019)، گندم (Casagrande *et al.*, 2022; Meier *et al.*, 2021) و ذرت (Peixoto *et al.*, 2021)، لوبیا (Rocha *et al.*, 2019) و سویا (Woyann *et al.*, 2019) گزارش شده است.

یکی از روش‌های مهم برای تجزیه داده‌ها، استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدودشده (REML) است. در این روش، محدودیت تجزیه واریانس به روش کمترین مربعات برای داده‌های نامتعادل و هم‌چنین نامتعادل برطرف می‌شود (Holland, 2006). مدل‌های مخلوط مانند REML برای به‌دست آوردن اجزای واریانس و بهترین پیش‌بینی نارایب خطی (BLUP)، برای تخمین مقادیر ژنتیکی و اجزای واریانس استفاده می‌شوند (Resende, 2016). شاخص REML-BLUP یکی از پرکاربردترین روش‌های انتخاب شامل تخمین مولفه‌های واریانس (یعنی حداکثر درست‌نمایی محدودشده) و پیش‌بینی مقادیر ژنتیکی (به‌عنوان مثال، BLUP) است (Bernardo, 2020; Piepho *et al.*, 2008). رویکردهای مبتنی بر REML-BLUP در صورت ماهیت غیرافزایشی صفات و داده‌های نامتعادل، که در اغلب در آزمایش‌های اصلاح نباتات در مقایسه با روش‌های مبتنی بر ANOVA رخ می‌دهند، انتخاب بهتری هستند (Hu, 2015). تکنیک‌های BLUP برای ارزیابی برهم‌کنش‌های ژنوتیپ در محیط تحت آزمایش‌های چند محیطی و انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار جو مورد استفاده قرار گرفته‌اند (Ahakpaz *et al.*, 2021; Verma *et al.*, 2022).

طریق سایر صفات که همبستگی بالایی با عملکرد دارند، از کارایی مطلوبی برخوردار است (Rabiei *et al.*, 2004). معمولاً انتخاب ژنوتیپ‌هایی با کارایی بالا برای چند صفت به‌طور هم‌زمان دشوار و یا به‌عبارتی چالش‌برانگیز خواهد بود (Shayan *et al.*, 2020). اولین شاخص برای انتخاب هم‌زمان در اصلاح نباتات توسط اسمیت (Smith, 1936) و در اصلاح دام توسط هازل (Hazel, 1943) پیشنهاد شد. این شاخص بر اساس انتخاب مقادیر ژنتیکی ناشناخته است. بنابراین، استفاده از مقادیر فنوتیپی و کوواریانس‌های ژنتیکی برای تعیین چگونگی انتخاب یک بردار وزنی به‌منظور به حداکثر رساندن همبستگی مقادیر ژنتیکی ناشناخته و ارزش‌های فنوتیپی ضروری است (Hazel *et al.*, 1994). تا به‌حال، شاخص کلاسیک اسمیت-هیزل (SH) با موفقیت مورد استفاده قرار گرفته است. با این‌حال، یکی از مشکلات استفاده از این شاخص، فقدان رویه‌ای برای وزن دادن به صفات با اهمیت اقتصادی است (Cerón-Rojas *et al.*, 2006; Stephens *et al.*, 2012).

در سال‌های اخیر، شاخص‌های انتخاب جدیدی که بر پایه انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عملکرد دانه و صفات مختلف به‌طور هم‌زمان هستند، معرفی شده‌اند که از آن جمله می‌توان به شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) (Zali *et al.*, 2015)، شاخص پایداری چند صفتی (MTSI) (Olivoto *et al.*, 2019)، شاخص فاصله ژنوتیپ ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI) (Olivoto & Nardino, 2020) و شاخص تحلیل عاملی و طراحی ایدئوتیپ از طریق بهترین پیش‌بینی نارایب خطی (FAI-BLUP) (Olivoto & Nardino, 2021) اشاره کرد.

این شاخص‌ها، چالش‌های اصلی که اغلب اصلاح‌کنندگان را در انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها محدود می‌کنند و شامل بیان ارزش اقتصادی این گونه صفات و تبدیل آن‌ها به وزن‌دهی اقتصادی واقعی هستند را برطرف می‌سازند (Bizari *et al.*, 2017). در این شاخص‌ها، اغلب سعی شده است از تمامی صفات مهم به‌منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و سایر صفات مورد بررسی بدون توجه به همبستگی آن‌ها با عملکرد دانه استفاده شود. در واقع، هدف از این شاخص‌ها انتخاب غیرمستقیم برای عملکرد دانه نیست. بلکه هدف، شناسایی ژنوتیپ‌های ایده‌آل از نظر عملکرد دانه بالا و سایر صفات مورد بررسی در حد امکان است (Zali & Pour, 2023).

اولیوتو و ناردینو (Olivoto & Nardino, 2020) شاخص MGIDI را بر اساس تجزیه به عامل‌ها و فاصله ژنوتیپ‌ها از ژنوتیپ ایده‌آل معرفی کردند. این شاخص بر انتخاب ژنوتیپ‌های برتر که در آن‌ها صفات متعدد اندازه‌گیری شده‌اند، تمرکز دارد. شاخص MGIDI یکی از شاخص‌های چندصفتی است که می‌تواند به‌طور هم‌زمان بسیاری از صفات و یا شاخص‌ها را در نظر بگیرد و هم‌چنین نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های مورد آزمایش را ارزیابی کند (Olivoto & Nardino, 2020). استفاده از شاخص MGIDI در شناسایی ژنوتیپ‌های برتر جو بر مبنای صفات مورفولوژیک در سایر

برابر با ۱۰۰ در نظر گرفته شدند. در حالی که برای صفاتی که در آن‌ها مقدار پایین موردنظر است، φ_{nj} برابر با ۱۰۰ و η_{nj} برابر با صفر در نظر گرفته شدند. در جدول دوطرفه تغییر مقیاس یافته (rX_{ij})، هر ستون دارای محدوده ۰ تا ۱۰۰ است که مفهوم انتخاب مورد نظر (افزایش یا کاهش) را در نظر می‌گیرد و ساختار همبستگی مجموعه اصلی متغیرها را حفظ می‌کند.

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

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

که در آن F یک ماتریس $g \times f$ با مقادیر عامل‌ها است، Z یک ماتریس $g \times p$ با میانگین استاندارد شده (تغییر مقیاس یافته) است، A یک ماتریس $p \times f$ از بارگذاری متعارف^۱ است و R یک ماتریس همبستگی $p \times p$ بین صفات است. علاوه بر این g ، f و p به ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها، عامل‌های باقیمانده (عامل‌هایی که مقدار ویژه آن‌ها از یک بیشتر است) و شاخص‌های محاسبه شده را نشان می‌دهند.

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

۴- محاسبه شاخص MGIDI: در مرحله آخر، فاصله اقلیدسی بین نمرات ژنوتیپ‌ها و ایدئوتیپ به‌عنوان شاخص MGIDI با استفاده از رابطه ۳ محاسبه شد:

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

γ_{ij} امتیاز i امین ژنوتیپ در فاکتور j ام است ($i = 1, 2, \dots, t$; $j = 1, 2, \dots, f$) که f و t به ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها و عامل‌ها هستند، و γ_j نمره j ام ایدئوتیپ است. ژنوتیپ‌هایی با کمترین مقدار MGIDI به ایدئوتیپ نزدیک‌تر هستند و بنابراین مقادیر مطلوب را برای همه شاخص‌های محاسبه شده نشان می‌دهند. ديفرانسیل انتخاب برای همه صفات با در نظر گرفتن شدت انتخاب ۲۰ درصد انجام شد (Olivoto & Nardino, 2020).

شاخص FAI-BLUP

شاخص FAI-BLUP یک شاخص چندصفتی مبتنی بر تحلیل عاملی است و بر اساس فاصله هر کدام از ژنوتیپ‌ها از ایدئوتیپ برآورد می‌شود. پس از تعیین ایدئوتیپ، فواصل هر ژنوتیپ بر اساس ایدئوتیپ (فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ) برآورد و به احتمال خاصی^۲ تبدیل می‌شوند و رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها را امکان‌پذیر می‌کند. برای محاسبه شاخص FAI-BLUP از رابطه ۴ استفاده شد:

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

که در آن P_{ij} احتمال مشابه بودن ژنوتیپ i ام ($i=1, 2, \dots, n$) با ایدئوتیپ j ام ($j=1, 2, \dots, m$) و d_{ij} فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ

هدف از این تحقیق در ابتدا گزینش ژنوتیپ‌های برتر جو و برخوردار از صفات زراعی مطلوب با استفاده از شاخص‌های ترکیبی و در نهایت مقایسه شاخص‌های مختلف ترکیبی در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بود.

مواد و روش‌ها

به‌منظور ارزیابی ۵۱ ژنوتیپ خالص جو به‌همراه ۹ ژنوتیپ شاهد، آزمایشی در قالب طرح بلوک‌های ناقص با سه تکرار در مزرعه تحقیقاتی ایستگاه تحقیقات کشاورزی داراب در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰ انجام شد. ژنوتیپ‌های مورد بررسی در ۱۵ آذر ماه در شش خط به طول ۵ متر (مساحت هر کرت آزمایشی ۶ متر مربع) و با تراکم ۳۰۰ دانه در متر مربع و با استفاده از بذرکار آزمایشی غلات (Wintersteiger, Austria) کشت شدند. برای آبیاری از سیستم قطره‌ای نواری (تیپ) استفاده شد. اطلاعات هواشناسی در شکل ۱ و مشخصات ژنوتیپ‌ها در جدول ۱ نشان داده شده‌اند. کودهای دی‌آمونیم فسفات و سولفات پتاسیم به ترتیب با مقادیر ۱۰۰ و ۵۰ کیلوگرم در هکتار به‌صورت پایه و پیش از کاشت به خاک اضافه شدند. کود اوره به‌مقدار ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار و در دو نوبت اوایل پنجه‌زنی و انتهای مرحله ساقه رفتن به خاک اضافه شد. مبارزه با علف‌های هرز پهن‌برگ و باریک‌برگ به ترتیب با استفاده از علف‌کش‌های انتخابی توفوردی و اکسیال به مقدار ۱/۵ لیتر در هکتار انجام شد. در طول دوره رشد علاوه بر مراقبت‌های زراعی، یادداشت برداری از صفات تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، سرعت پر شدن دانه، طول دوره پر شدن دانه، عملکرد دانه، تعداد سنبله در مترمربع، تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، وزن هزار دانه، طول سنبله، طول ریشک و تعداد ردیف سنبله صورت گرفت. برای برآورد عملکرد دانه، برداشت کل کرت با استفاده از کمباین آزمایشی غلات (Wintersteiger, Austria) انجام شد.

به‌منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از نظر صفات مورد بررسی از شاخص‌های SIIG (Zali et al., 2015; Zali et al., 2023)، FAI- (Olivoto & Nardino, 2020)، BLUP (Rocha et al., 2018) و SH (Hazel, 1943; Smith, 1936) استفاده شد.

شاخص MGIDI

مراحل محاسبه شاخص MGIDI به‌صورت زیر بود:

۱- تغییر مقیاس صفات: جدول دو طرفه X_{ij} با i ردیف یا ژنوتیپ و j ستون یا صفت تشکیل و مقدار تغییر مقیاس یافته برای ردیف i و ستون j (rX_{ij}) به‌صورت رابطه ۱ محاسبه شد.

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

φ_{oj} و η_{oj} به ترتیب مقادیر اصلی حداقل و حداکثر برای صفت j هستند. η_{nj} و φ_{nj} به ترتیب مقادیر جدید حداقل و حداکثر برای صفت j پس از تغییر مقیاس هستند و θ_{ij} مقدار اصلی برای صفت j ام از ژنوتیپ i ام است. برای تغییر مقیاس مقادیر η_{nj} و φ_{nj} به‌صورت زیر محاسبه شدند: برای صفاتی که در آن‌ها مقدار بالا موردنظر است، φ_{nj} برابر با صفر و η_{nj}

^۱ Canonical loadings

^۲ Spatial probability

در روابط ۸ و ۹، مقدار استاندارد شده ژنوتیپ i (، $i = 1, 2, \dots, n$) در رابطه با شاخص (صفت) j (، $j = 1, 2, \dots, m$) است. r_{ij}^+ و r_{ij}^- به ترتیب مقادیر استاندارد شده ژنوتیپ‌های ایده‌آل و ژنوتیپ‌های ضعیف برای هر شاخص (صفت) j (، $j = 1, 2, \dots, m$) هستند.

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

$$\text{SIIG}_i = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \quad i = 1, 2, \dots, n, \quad \text{رابطه (۱۰)}$$

$$0 \leq \text{SIIG}_i \leq 1$$

مقدار SIIG_i بین صفر تا یک تغییر می‌کند و هرچه گزینه موردنظر به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر باشد، مقدار SIIG_i آن به یک نزدیک‌تر خواهد بود. براساس این روش، بهترین ژنوتیپ، نزدیک‌ترین ژنوتیپ به ژنوتیپ‌های ایده‌آل و دورترین از ژنوتیپ‌های ضعیف است (Zali et al., 2015).

شاخص SH

شاخص اسمیت (Smith, 1936) و هیزل (Hazel, 1943) با توجه به رابطه ۱۱ محاسبه شد:

$$I = \sum b_i p_i \quad \text{رابطه (۱۱)}$$

در رابطه ۱۱، b_i ها وزن‌هایی هستند که به هر صفت براساس ارزش آن‌ها داده می‌شوند و p_i ارزش فنوتیپی هر صفت است. برای محاسبه بردار b از رابطه ۱۲ استفاده شد:

$$b = P^{-1} G a \quad \text{رابطه (۱۲)}$$

در رابطه ۱۲، P^{-1} معکوس ماتریس واریانس-کوواریانس فنوتیپی، G ماتریس واریانس-کوواریانس ژنتیکی صفات در شاخص و a بردار ستونی ارزش اقتصادی نسبی صفات هستند که در این تحقیق برابر با یک در نظر گرفته شد.

تجزیه واریانس داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار META-R انجام شد. برای محاسبه شاخص SIIG از برنامه تهیه شده در محیط برنامه‌نویسی R (Zali et al., 2023) و برای محاسبه شاخص FAI-BLUP، MGIDI، SH و همبستگی بین صفات و شاخص‌ها از بسته تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی (metan) در محیط برنامه‌نویسی R استفاده شد (Olivoto & Nardino, 2020).

از ژنوتیپ نام تا ایدئوتیپ نام بر اساس میانگین استاندارد فاصله اقلیدسی هستند (Rocha et al., 2018).

شاخص SIIG

به منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از صفات مورفو-فولوژیک از روش SIIG استفاده شد که نحوه محاسبه این شاخص به شرح زیر است:

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

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

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

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

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

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

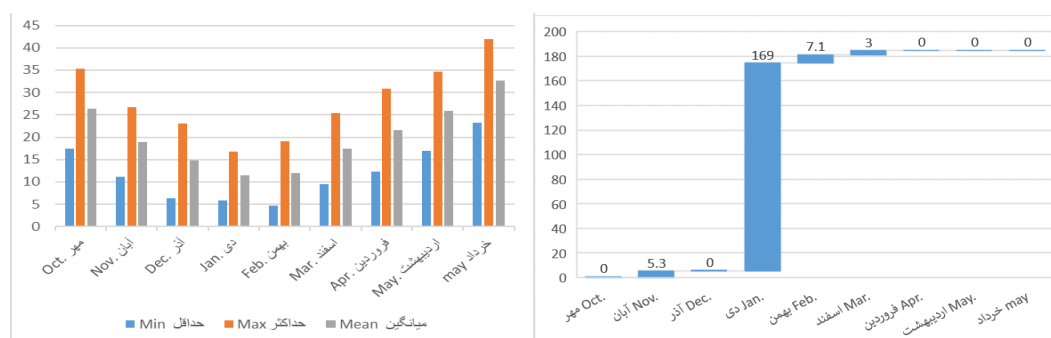
$$R = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & \dots & r_{1m} \\ r_{21} & r_{22} & \dots & r_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{n1} & r_{n2} & \dots & r_{nm} \end{bmatrix} \quad \text{رابطه (۷)}$$

۳- پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ غیر ایده‌آل (ضعیف) برای هر صفت: در این مرحله با توجه به نوع صفت و نظر محقق مشخص می‌شود که مقدار بالای یک صفت یا مقادیر پایین آن ایده‌آل هستند.

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

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

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



بارندگی (میلی‌متر) Precipitation (mm)

دما (درجه سانتی‌گراد) Temperature (°C)

شکل ۱- اطلاعات هواشناسی محل اجرای آزمایش ۱۴۰۱-۱۴۰۰

Figure 1. Meteorological information of the experiment site (2021-2022)

جدول ۱- شجره‌های ژنوتیپ‌های مورد بررسی جو در فصل زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰

Table 1. Pedigrees of the studied barley genotypes in the 2020-2021 cropping season

شجره‌نامه Pedigree	ژنوتیپ‌ها Genotypes
Kavir/Badia/3/Torsh/9cr.279-07/Bgs/4/Karoon/Kavir/5/ Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"	1
Triton/Yazd-5//Bereke-54	2
Yousef/3/Ligia//Rhn/Lignee 527	3
GOB/ALELI//CANELA/3/ARUPO*2/JET/4/ARUPO/K8755//MORA/5/Lignee527/NK1272//JLB70-063/3/Barjouj/	4
GOB/ALELI//CANELA/3/ARUPO*2/JET/4/ARUPO/K8755//MORA/5/Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/	5
GOB/ALELI//CANELA/3/ARUPO*2/JET/4/ARUPO/K8755//MORA/5/Nimrooz	6
GOB/ALELI//CANELA/3/ARUPO*2/JET/4/ARUPO/K8755//MORA/5/Bgs/Dujia//L. 1242	7
Anoidium/Arbayan-01/3/Lignee527/NK1272//JLB70-63/4/MBD-82-9(D10)	8
GOB/ALELI//CANELA/3/ARUPO*2/JET/4/ARUPO/K8755//MORA/5/Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/	9
GOB/ALELI//CANELA/3/ARUPO*2/JET/4/ARUPO/K8755//MORA/5/Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/	10
26216/4/Arar/3/Mari/Aths*2//M-Att-73-337-1/5/Nik/6/ Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/	11
Kavir/Badia/3/Torsh/9cr.279-07//Bgs/4/Karoon/Kavir/5/Nik/6/ Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/	12
Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/4/Nik/5/Kavir	13
ICNB-105960/Torkman//Nosrat/3/Bda/Rhn-03//ICB-107766	14
Legia//Rhn/Lignee 527/3/Rhn03/4/Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/	15
Zahak/Zarqa//Sahra	16
Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/4/1-BC-80152/5/Sahra	17
Alanda/Momtaz	18
Rhn-03//Lignee527/NK1272/3/Aths/Lignee686/5/Baca/S/3/AC253//CI08887/CI05761/4/Cen/Bglo'S'	19
SICH84.80/BISON 191	20
SUMBARD400/8/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLU/5/PETUNIA 1/6/M111/7/LEGACY/3/SVANHALS-	21
BAR/MSEL// AZAF/GOB24DH	
LEGACY/4-1MBN11	22
P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLU/5/PETUNIA 1/6/BRS180/7/TOCTE	23
Nadawa/Rhn-03/3/Lignee527/Rihane//Arar	24
M104/PFC 88210//DONA JOSEFA	25
LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/3/PUNGSANCHAPSSALBORI	26
Alanda-01 (Arizona5908/Aths/Lignee640)	27
Clipper//W12291*2/W12269/7/Hml-02/5/Cq/Cm//Apm/3/12410/4/Giza134-2L/6/Clipper/Volla/3/Arr/Esp//Alger/Ceres362-1-	28
1/4/Hml	
BISON 218.1/6/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLU/5/PETUNIA 1	29
WABAR2242//LIMON/BICHY2000	30
P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLU/5/PETUNIA 1/6/CHAMICO/TOCTE//CONGONA	31
Kavir/Badia/3/Torsh/9cr.279-07/Bgs/4/Karoon/Kavir/5/Nosrat	32
Kavir/Badia/3/Torsh/9cr.279-07/Bgs/4/Karoon/Kavir/5/Nosrat	33
ZBL-2640/Nosrat	34
ZBL-2640/Nosrat	35
Beecher/Kavir	36
Manal/Alanda-01//1-BC-80152	37
Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/4/Sahra	38
Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/4/Sahra	39
Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/4/Comp 89-9Cr-79-	40
Rhn-03//L.527/NK1272/4/Viringa'S//W12291/W12269/3/H.spont.38-3/Akrash-01	41
Rhn-03//L.527/NK1272/4/Viringa'S//W12291/W12269/3/H.spont.38-3/Akrash-01	42
Rhn-03//L.527/NK1272/4/Viringa'S//W12291/W12269/3/H.spont.38-3/Akrash-01	43
Rhn-03//L.527/NK1272/4/Viringa'S//W12291/W12269/3/H.spont.38-3/Akrash-01	44
Rhn-03//L.527/NK1272/4/Viringa'S//W12291/W12269/3/H.spont.38-3/Akrash-01	45
Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Rhn-03//Lignee527/As45	46
Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Rhn-03//Lignee527/As45	47
Bgs/Dajia//L.1242/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria'S/3/Alm/Una80//..../4/Kavir	48
Bgs/Dajia//L.1242/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria'S/3/Alm/Una80//..../4/Kavir	49
Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/4/Bereke-54	50
LB.Iran/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/3/Torsh/9cr.279-07//Bgs *2/4/ Rojo/3/LB.IRAN/...	51
W-98-18 (Check)	52
W-98-16 (Check)	53
W-98-19 (Check)	54
Oxin (Check)	55
Golchin (Check)	56
Norooz (Check)	57
Sahra (Check)	58
Nobahar	59
Nimrooz	60

نتایج و بحث

REML نسبت به روش‌های کلاسیک، می‌توان به کاهش

تعداد برآوردهای منفی پارامترهای ژنتیکی اشاره کرد که به دلیل مشکلاتی مانند مناسب نبودن طرح آزمایشی در روش‌های کلاسیک ایجاد می‌شود (Holland, 2006).

نقشه حرارتی تنوع فنوتیپی در صفات مختلف در ژنوتیپ‌های مورد بررسی در شکل ۲ نشان داده شده است. در هر کدام از این نمودارها، مقادیر عددی پایین صفات مختلف با رنگ قرمز و مقادیر بالای هر صفت با رنگ سبز نشان داده شده‌اند. طیف رنگی قرمز تا سبز مشاهده شده برای هر کدام از صفات نشان‌دهنده تنوع موجود بین صفات مورد بررسی است. میانگین صفات ابتدا با استفاده از مدل REML-BLUP تصحیح شد و میانگین‌ها بر روی داده‌های تصحیح شده مقایسه شدند (جدول ۳). نتایج نشان دادند که ژنوتیپ‌های ۲۸ و ۳ به ترتیب با ۱۱۶ و ۱۲۲/۷ روز تا رسیدگی جزو زودرس‌ترین و دیررس‌ترین ژنوتیپ‌ها بودند. در واقع ژنوتیپ‌های ۷، ۱۰، ۱۴، ۱۹، ۲۲، ۲۷، ۳۷، ۴۲، ۴۳، ۴۶، ۴۸ و ۴۹ جزو زودرس‌ترین

از آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT) برای ارزیابی اثر ژنوتیپ‌ها استفاده شد. نتایج نشان داد که اثر ژنوتیپ برای همه صفات مورد بررسی در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود (نتایج نشان داده نشده‌اند). از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) برای برآورد اجزای واریانس صفات مورد بررسی استفاده شد. نتایج تجزیه REML نشان دادند که کمترین میزان وراثت‌پذیری مربوط به صفات طول دوره پر شدن دانه (۰/۵۰۵)، عملکرد دانه (۰/۶۱۱) و سرعت پر شدن دانه (۰/۶۴۹) و بیشترین مقدار وراثت‌پذیری مربوط به وزن هزار دانه (۰/۸۸۴) و تعداد روز تا ظهور سنبله (۰/۸۷۷) بود. برآورد وراثت‌پذیری برای همه صفات بالا بود و از ۰/۵۰۵ تا ۰/۸۸۴ متغیر بود (جدول ۲)، که نشان می‌دهد همه صفات مورد بررسی می‌توانند در پیشرفت برنامه‌های به‌نژادی در جهت شناسایی و توصیه ژنوتیپ‌ها نقش داشته باشند (Oliveira et al., 2019; Pour-Aboughadareh & Pocza, 2021). از مزایای روش

ژنوتیپ‌های اکسین و صحرا بود. بیشترین سرعت پر شدن دانه نیز به‌ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های شماره ۳، ۱، ۳۰ و ۵۰ بود. بیشترین وزن هزار دانه در ژنوتیپ‌های شماره ۱۵ (۵۶/۲ گرم)، ۱۴ (۵۱/۷ گرم) و ۲۸ (۵۰/۲ گرم) مشاهده شد.

ژنوتیپ‌ها (حتی زودرس‌تر از همه ژنوتیپ‌های شاهد) در شرایط این تحقیق بودند. بیشترین عملکرد دانه به‌ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های شماره ۳، ۱، ۵۰ و ۳۰ بود. عملکرد دانه این ژنوتیپ‌ها از همه ژنوتیپ‌های شاهد بالاتر بود. در بین ژنوتیپ‌های شاهد، بیشترین عملکرد دانه به‌ترتیب مربوط به

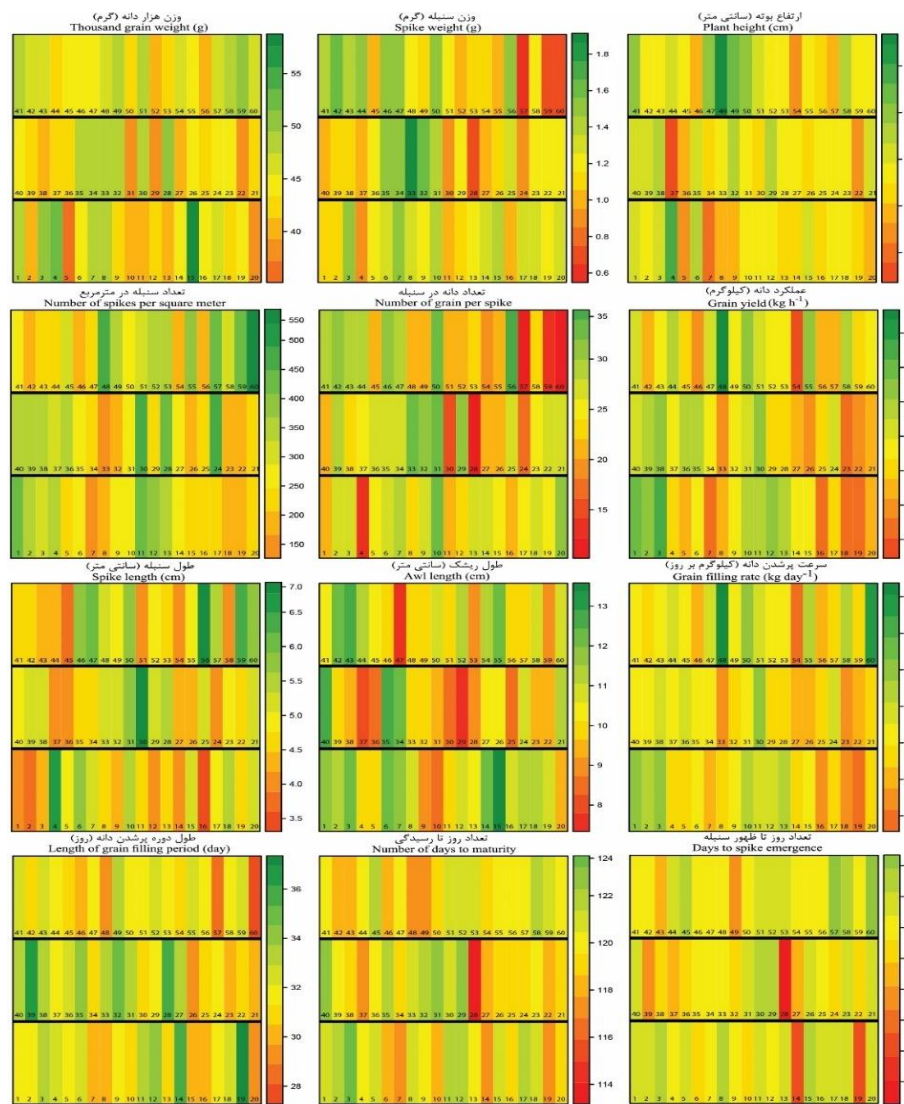
جدول ۲- نتایج تجزیه REML مربوط به صفات مختلف مورفو-فینولوژیکی در ژنوتیپ‌های جو

Table 2. Results of REML analysis for different morpho-phenological traits in the studied barley genotypes

NSP	SPW	NGS	AL	SL	GY	TKW	GFR	GFP	PLH	DMA	DHE	آمارها (Statistics)
0.702	0.760	0.823	0.829	0.802	0.611	0.884	0.649	0.505	0.718	0.692	0.877	وراثت‌پذیری (Heritability)
5474	0.047	23.53	1.479	0.484	252154	13.952	239.612	1.762	47.48	2.538	6.235	واریانس ژنوتیپی (Genotype Variance)
6969	0.04	15.15	0.91	0.36	482205	5.51	388.1	5.17	55.85	3.39	2.63	واریانس باقیمانده (Residual Variance)
29.1	17.47	15.85	9.18	12.22	21.20	5.26	19.30	7.10	9.63	1.54	1.85	ضریب تغییرات (%) (CV (%))

DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع بوته (سانتی‌متر)؛ TGW: وزن هزار دانه (گرم)؛ GFP: طول دوره پر شدن دانه (روز)؛ عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)؛ GFR: سرعت پر شدن دانه (کیلوگرم بر روز)؛ SL: طول سنبله (سانتی‌متر)؛ AL: طول ریشک (سانتی‌متر)؛ NGS: تعداد دانه در سنبله؛ SPW: وزن سنبله (گرم)؛ NSP: تعداد سنبله در مترمربع.

DHE: Number of days to heading; DMA: Number of days to maturity; PLH: Plant height (cm); TGW: Thousand-grain weight (g); GFP: Grain filling period; YLD: Grain yield (kg h⁻¹); GFR: Grain filling rate (kg/day); SL: Spike length (cm); AL: Awn length (cm); NGS: Number of grains per spike; SPW: Spike weight (g); NSP: Number of spikes per square meter.



شکل ۲- نمودارهای حرارتی تنوع فنوتیپی صفات مورفو-فینولوژیکی در ژنوتیپ‌های جو

Figure 2. Heat maps of phenotypic variation for measured morpho-phenological traits in the investigated barley genotypes

جدول ۳- میانگین تصحیح شده صفات مورفو- فنولوژیک با استفاده از مدل REML-BLUP در ژنوتیپ‌های جو و مقادیر شاخص SIIG
Table 3. The REML-BLUP model-based adjusted means for measured morpho-phenological traits and values of SIIG index in the investigated barley genotypes

SIIG	صفات مورفو- فنولوژیک Morpho-phenological traits													ژنوتیپ‌ها Genotypes	کد Code
	RT	NSP	SPW	NGS	AL	SL	GY	TKW	GFR	GFP	PLH	DMA	DHE		
0.572	6	376	1.1	22.3	11.5	4.1	3916	47.2	123.3	32.0	80.4	120.7	88.9	1	G1
0.550	6	342	1.1	25.3	11.1	4.0	3780	40.6	119.9	31.8	77.8	121.1	89.7	2	G2
0.625	6	321	1.4	26.9	11.9	4.5	4243	48.9	130.8	32.5	83.6	122.7	90.6	3	G3
0.431	2	332	1.0	16.0	9.8	6.3	3183	51.7	97.6	32.3	93.3	120.2	87.7	4	G4
0.408	6	248	1.2	24.9	9.8	4.9	2955	37.1	92.1	31.8	68.3	120.9	89.4	5	G5
0.501	6	264	1.3	25.4	11.8	5.6	3313	45.2	103.4	32.2	84.2	118.6	85.9	6	G6
0.428	6	204	1.4	26.9	11.4	5.2	2714	47.5	86.8	30.8	68.3	118.1	87.7	7	G7
0.393	6	227	1.3	22.7	10.7	4.7	2840	47.5	91.9	31.0	69.7	120.4	90.3	8	G8
0.452	6	273	1.2	26.0	9.3	4.4	3253	42.3	103.6	31.7	72.0	119.7	88.3	9	G9
0.564	6	296	1.3	31.0	9.0	5.3	3789	40.3	122.0	31.3	78.1	118.3	87.1	10	G10
0.539	6	387	1.0	22.2	10.2	4.7	3792	41.0	115.7	32.5	79.5	121.6	89.2	11	G11
0.536	6	347	1.1	23.8	10.8	4.1	3768	41.7	113.9	33.0	77.7	121.6	88.3	12	G12
0.561	6	323	1.2	26.8	10.3	4.8	3667	40.9	117.4	31.5	74.8	120.2	89.2	13	G13
0.462	6	271	1.2	25.7	11.8	4.1	3243	44.3	94.2	33.9	72.6	117.7	81.8	14	G14
0.512	6	251	1.3	24.3	12.9	5.0	3304	56.2	107.0	31.2	81.2	120.9	90.6	15	G15
0.305	6	230	1.1	21.6	10.8	3.7	2643	44.6	85.0	31.0	74.4	119.5	89.2	16	G16
0.429	6	250	1.3	24.7	11.3	5.0	3166	45.9	98.4	32.0	79.0	121.3	89.7	17	G17
0.373	6	210	1.2	26.0	11.1	5.3	2614	43.4	79.7	32.2	76.4	120.7	88.6	18	G18
0.363	6	228	1.2	24.9	10.6	4.7	2759	44.0	77.8	34.5	76.4	117.7	80.7	19	G19
0.444	6	255	1.3	28.9	9.4	5.2	3112	39.5	101.7	30.7	74.7	119.0	89.2	20	G20
0.425	6	257	1.2	26.2	11.2	5.2	3034	41.8	97.4	31.2	80.4	119.3	88.6	21	G21
0.377	6	223	1.2	26.8	9.6	4.8	2706	39.5	86.2	31.3	68.7	118.3	87.1	22	G22
0.337	6	212	1.2	24.9	9.4	4.9	2623	44.1	83.2	31.2	76.3	120.2	89.7	23	G23
0.509	6	400	0.9	18.5	10.9	4.1	3473	44.4	110.4	31.8	77.6	119.0	87.1	24	G24
0.437	6	238	1.3	26.8	8.6	5.1	3096	42.2	99.3	31.5	75.4	119.5	88.3	25	G25
0.331	6	223	1.2	22.7	10.5	4.3	2685	45.0	86.7	30.7	74.2	119.3	89.4	26	G26
0.361	6	281	1.0	21.6	10.5	4.4	2901	41.6	87.9	32.5	74.3	118.6	85.4	27	G27
0.458	2	403	0.8	14.6	9.2	5.4	3236	50.2	93.6	34.0	76.9	116.0	79.5	28	G28
0.428	6	244	1.2	30.1	8.0	5.3	3060	39.4	95.1	32.0	84.3	122.0	90.6	29	G29
0.581	2	420	1.0	16.3	9.0	6.4	3803	48.5	123.8	31.3	73.3	120.9	90.3	30	G30
0.535	6	267	1.4	31.4	9.7	5.7	3527	38.9	108.2	32.5	79.0	121.8	89.4	31	G31
0.485	6	232	1.5	29.5	9.8	5.0	3298	48.2	97.4	33.4	84.5	121.1	87.1	32	G32
0.464	6	180	1.7	31.9	10.2	5.2	2828	48.0	84.8	32.7	77.4	120.7	87.7	33	G33
0.486	6	238	1.4	25.7	11.7	4.5	3217	47.6	102.7	31.5	72.9	119.5	88.3	34	G34
0.533	6	269	1.4	26.7	12.3	4.7	3614	48.1	108.4	33.2	82.1	121.3	87.7	35	G35
0.524	6	312	1.2	25.7	8.8	4.2	3617	43.5	112.4	32.3	70.5	120.0	87.4	36	G36
0.456	6	304	1.1	25.1	8.6	4.2	3365	42.8	105.0	31.8	64.2	117.9	85.6	37	G37
0.536	6	329	1.1	24.1	9.4	5.1	3721	41.6	114.1	32.5	81.1	119.5	86.5	38	G38
0.538	6	323	1.2	27.0	10.2	5.0	3628	42.4	104.5	34.2	80.5	119.7	83.9	39	G39
0.502	6	319	1.1	21.6	12.2	5.0	3459	44.8	105.4	32.9	79.5	122.0	89.2	40	G40
0.490	6	263	1.4	27.4	10.4	4.6	3390	47.8	105.2	32.2	83.3	120.0	87.7	41	G41
0.467	6	206	1.5	30.1	11.9	4.6	3002	45.3	95.3	31.3	76.1	118.8	87.7	42	G42
0.496	6	261	1.4	28.0	12.3	4.5	3384	45.7	107.0	32.3	79.2	118.3	85.4	43	G43
0.522	6	251	1.5	28.2	11.2	4.5	3562	42.8	112.8	31.7	80.3	120.0	88.6	44	G44
0.409	6	300	1.1	21.5	10.3	4.0	3174	44.4	101.3	31.5	75.1	121.1	90.3	45	G45
0.440	6	213	1.4	29.1	10.1	5.7	2881	43.9	91.4	31.0	72.5	118.6	88.0	46	G46
0.505	6	255	1.4	27.9	8.2	5.9	3425	45.1	107.2	32.0	83.1	120.0	88.0	47	G47
0.422	6	279	1.2	22.4	10.0	5.2	3184	46.6	105.2	30.5	95.0	117.9	88.0	48	G48
0.440	6	310	1.1	21.6	9.8	4.9	3250	47.8	99.0	32.5	88.0	117.7	84.2	49	G49
0.600	6	276	1.4	31.4	10.8	5.6	3812	43.2	121.9	31.7	84.4	119.5	88.0	50	G50
0.489	6	319	1.2	22.8	9.9	4.3	3605	47.6	112.3	32.0	80.0	120.7	88.9	51	G51
0.478	6	338	1.1	22.8	11.0	4.9	3422	40.0	105.6	32.2	78.1	120.7	88.6	W-98-18	G52
0.456	6	313	1.1	23.3	9.2	4.7	3313	43.4	104.2	31.8	77.2	120.4	88.9	W-98-16	G53
0.317	6	213	1.1	21.3	11.3	4.3	2454	47.1	76.2	31.3	67.1	119.3	88.3	W-98-19	G54
0.571	6	351	1.1	23.0	11.8	4.9	3797	43.7	119.4	32.2	77.7	120.0	87.7	Oxin	G55
0.484	6	222	1.5	32.4	10.2	6.4	2981	41.4	93.0	31.7	75.9	119.7	88.3	Golchin	G56
0.428	2	385	0.8	13.9	10.0	5.3	2845	46.8	94.8	30.2	68.2	120.2	91.5	Norooz	G57
0.503	6	297	1.2	23.5	10.8	4.1	3619	47.8	113.9	31.7	82.1	121.6	90.6	Sahra	G58
0.452	2	383	0.9	15.2	9.3	6.0	3164	49.2	96.7	32.3	78.5	120.7	88.3	Nobahar	G59
0.517	2	453	0.8	14.4	10.6	5.7	3322	46.5	94.8	34.5	78.0	120.2	83.9	Nimrooz	G60
		287	1.21	24.57	10.41	4.90	3276	44.64	102.1	32.0	77.6	119.9	87.9	میانگین (Mean)	
		81.2	0.21	4.09	1.00	0.62	628	2.53	18.38	1.85	7.44	1.75	1.74	LSD _{0.05}	

DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع بوته (سانتی‌متر)؛ TGW: وزن هزار دانه (گرم)؛ GFP: طول دوره پرشدن دانه (روز)؛ GY: عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)؛ GFR: سرعت پرشدن دانه (کیلوگرم بر روز)؛ SL: طول سنبله (سانتی‌متر)؛ AL: طول ریشک (سانتی‌متر)؛ NGS: تعداد دانه در سنبله؛ SPW: وزن سنبله (گرم)؛ NSP: تعداد سنبله در مترمربع؛ RT: نوع ردیف

DHE: Number of days to heading; DMA: Number of days to maturity; PLH: Plant height (cm); TGW: Thousand-grain weight (gram); GFP: Grain filling period; YLD: Grain yield (kg h⁻¹); GFR: Grain filling rate (kg/day); SL: Spike length (cm); AL: Awn length (cm); NGS: Number of grains per spike; SPW: Spike weight (g); NSP: Number of spikes per square meter; RT: Row type

شاخص‌هایی مانند MGIDI در مطالعات ارزیابی ژنوتیپ‌ها، شاخصی برای به حداقل رساندن محاسبات غیرضروری، شناخته شده است. بنابراین، توصیه ارقام برتر در مطالعات اصلاح نباتات در مورد محصولات زراعی با استفاده از این شاخص آسان‌تر می‌شود (Zali & Pour-Aboughadareha, 2023).

FAI-BLUP یکی دیگر از شاخص‌های ترکیبی است. در این شاخص نیز ارزش ژنوتیپ‌ها براساس پیش‌فرض شاخص MGIDI محاسبه شد. بر اساس این شاخص، ژنوتیپ‌هایی با بیشترین مقدار جزو ژنوتیپ‌های برتر هستند. دایره قرمز در شکل ۳B نشان‌دهنده نقطه برش FAI-BLUP با توجه به شدت انتخاب ۳۰ درصد است. بنا بر این، ژنوتیپ‌های ۳۹، ۲۵، ۴۳، ۱۴، ۳۲، ۶، ۴۱، ۴۴، ۵۰ و ۴۲ به ترتیب با بیشترین مقدار FAI-BLUP به عنوان برترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند. کارایی شاخص FAI-BLUP در انتخاب ژنوتیپ‌های سویا گزارش شده است (Volpato *et al.*, 2021). آن‌ها بیان کردند که شاخص FAI-BLUP یک ابزار مناسب برای انتخاب هم‌زمان صفات مهم برای اصلاح سویا است. در تحقیق دیگری از شاخص FAI-BLUP برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر جو استفاده شد و یک ژنوتیپ پرمحصول و زودرس را بر اساس این شاخص شناسایی و معرفی کردند (Zali *et al.*, 2023).

از شاخص SH نیز به منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در این تحقیق استفاده شد. نتایج نشان دادند که ژنوتیپ‌های ۳۰، ۵۵، ۱، ۲، ۳، ۴۰، ۳۸، ۱۲، ۱۰ و ۱۳ با بیشترین مقدار این شاخص جزو ژنوتیپ‌های برتر بودند (شکل ۳C). نتایج همبستگی شاخص SH با صفات مورد بررسی نشان دادند که شاخص SH همبستگی مثبت و معنی‌داری با سرعت پر شدن دانه ($0/79^{**}$)، عملکرد دانه ($0/78^{**}$) و تعداد سنبله در متر مربع ($0/72^{**}$) و از طرفی همبستگی منفی و معنی‌داری با صفات تعداد دانه در سنبله ($-0/37^{**}$) و وزن سنبله ($-0/47^{**}$) داشت (شکل ۴). بنا بر این، نتایج نشان دادند که ژنوتیپ‌های انتخابی با استفاده از این شاخص از نظر صفات سرعت پر شدن دانه، عملکرد دانه و تعداد سنبله در متر مربع جزو ژنوتیپ‌های برتر هستند.

یکی دیگر از شاخص‌های انتخاب بر اساس چند صفت به طور همزمان، شاخص SIIG (Zali *et al.*, 2015؛ Zali *et al.*, 2023) است. شاخص SIIG با توجه به فرضیات محاسبه شاخص‌های MGIDI و FAI-BLUP محاسبه شد (جدول ۳ و شکل ۳D). بنابراین، ژنوتیپ‌های ۳، ۵۰، ۳۰، ۱، ۵۵، ۱۰، ۱۳، ۲، ۱۱، ۳۹، ۱۲، ۳۸، ۳۱، ۳۵، ۳۶ و ۴۴ با بیشترین مقدار شاخص SIIG جزو ژنوتیپ‌های برتر از نظر بیشتر صفات مورد بررسی بودند (شکل ۳D و جدول ۳). نتایج نشان دادند که شاخص SIIG با صفات تعداد روز تا رسیدگی ($0/32^{**}$)، ارتفاع بوته ($0/28^{**}$)، طول دوره پرشدن دانه ($0/26^{**}$)، تعداد سنبله در مترمربع ($0/50^{**}$)، سرعت پر شدن دانه ($0/88^{**}$) و عملکرد دانه ($0/92^{**}$) همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت. بنابراین، این نتایج نشان می‌دهند که صفات عملکرد دانه، سرعت پر شدن دانه و تعداد سنبله در متر مربع بیشترین نقش را در مقدار عددی این شاخص دارند. از آنجایی که میزان تغییرات این شاخص بین صفر تا یک است، بنا بر این شاخص SIIG علاوه

به منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از نظر بیشتر صفات مورد بررسی از شاخص‌های مختلف ترکیبی استفاده شد. در ابتدا، شاخص MGIDI برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر جو با استفاده از ۱۲ صفت مورفو-فولوژیک محاسبه شد (شکل ۳A). در شکل ۳A، ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده با استفاده از این شاخص با رنگ قرمز نشان داده شده‌اند و خارج از دایره قرمز مرکزی هستند. دایره قرمز مرکزی نقطه برش را با توجه به شدت انتخاب (۳۰ درصد) نشان می‌دهد.

در واقع در این تحقیق، ارزش ژنوتیپ‌ها بر اساس بالا بودن مقدار صفات عملکرد دانه، تعداد سنبله در مترمربع، تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، وزن هزار دانه، طول دوره پر شدن دانه، سرعت پر شدن دانه، طول ریشک و طول سنبله و از طرفی پایین بودن ارتفاع بوته، تعداد روز تا ظهور سنبله و تعداد روز تا رسیدگی تعیین شد (جدول ۳). در این شاخص، ژنوتیپ‌هایی با کمترین مقدار، ایده‌آل‌ترین ژنوتیپ‌ها هستند. بنا بر این، ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده با استفاده از شاخص MGIDI عبارت از ژنوتیپ‌های ۳۹، ۱۴، ۴۳، ۴۹، ۶، ۳۵، ۱۹، ۳۲، ۴۱، ۵۰، ۵۵ (اکسین)، ۳۸، ۴۴، ۶۰ (نیمروز)، ۲۸، ۴۲، ۴۰ و ۳۴ بودند (شکل ۳A).

شیرزاد و همکاران (Shirzad *et al.*, 2022a) از شاخص MGIDI برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر جو با استفاده از تعدادی از صفات مورفو-فولوژیک استفاده کردند و تعداد ۹ ژنوتیپ انتخابی با استفاده از شاخص MGIDI را که عملکرد دانه بالایی داشتند، به عنوان ژنوتیپ‌های برتر معرفی نمودند. کاربرد شاخص MGIDI در سایر گیاهان از جمله جو (Zali *et al.*, 2023؛ Zali & Pour-Aboughadareha, 2023)، گندم وحشی (Pour-Aboughadareha & Pocza, 2021) و نخود (Geravandi *et al.*, 2024) گزارش شده است.

از نظر بعضی از محققین، شاخص MGIDI به دلیل حداقل بودن مشکل چند هم‌خطی و از طرفی سادگی در تفسیر داده‌ها، به عنوان ابزاری مؤثر برای فرآیند انتخاب ژنوتیپ موردنظر به طور هم‌زمان در برنامه‌های اصلاح نباتات عمل می‌کند (Benakanahalli *et al.*, 2021). کارایی انتخاب ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های اصلاحی اگر بر اساس صفات متعدد باشد، می‌تواند مؤثرتر باشد. اما شناسایی ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا با در نظر گرفتن ترکیبی از صفات مختلف، یک کار چالش‌برانگیز برای اصلاح‌کنندگان گیاهان بوده است. MGIDI برای اصلاح‌کنندگانی که هدفشان انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات چندگانه است، مفید است زیرا فرآیند انتخاب منحصربه‌فرد و قابل تفسیری را ارائه می‌دهد که ساختار همبستگی زیربنایی داده‌ها را در بر می‌گیرد و نیازی به ضریب وزنی دلخواه ندارد (Olivoto & Nardino, 2020). شاخص MGIDI روش جدیدی برای انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس اطلاعات چند صفت است که انتخاب ژنوتیپ‌هایی با چندین ویژگی را آسان‌تر می‌کند. این شاخص در ارزیابی ژنوتیپ‌ها در حال گسترش است. یکی از اهداف اصلاح‌کنندگان محصولات زراعی، بررسی کاربرد تکنیک‌های چندمتغیره در انتخاب ژنوتیپ مناسب با بهره‌وری مؤثر در شرایط محیطی متنوع است. استفاده از

ایده آل باشند، به طور حتم توسط شاخص های ترکیبی شناسایی خواهند شد. برای آسان تر کردن انتخاب ژنوتیپ هایی با چندین ویژگی، شاخص های SIIG، FAI-BLUP، MGIDI، SH روش های مؤثری برای انتخاب ژنوتیپ بر اساس اطلاعات چند صفت هستند که در این تحقیق از همه آنها استفاده شد. روچا و همکاران (Rocha et al., 2018) بیان کردند که تفاوت شاخص انتخاب چندمتغیره FAI-BLUP با شاخص کلاسیک SH این است که ژنوتیپ های انتخابی، پتانسیل بهبود همه صفات را به طور همزمان دارند و به عنوان یک مزیت، همه صفات مورد بررسی می توانند نقش مؤثری در انتخاب ژنوتیپ های برتر داشته باشند. به نظر بناکاناهالی و همکاران (Benakanahalli et al., 2021)، شاخص های FAI-BLUP و MGIDI برای شناسایی ژنوتیپ های برتر در هر محیط، ساختار جدیدی از تکنیک های چند متغیره را ارائه می دهند و این شاخص ها استفاده از منابع و هم چنین زمان را بهینه می کنند و در نتیجه به پایداری برنامه های اصلاحی کمک می کنند. اولیوتو و همکاران (Olivoto et al., 2022) بیان کردند که استفاده از MGIDI مسیری فراتر از زمینه اصلاح نباتات باز می کند و یک چارچوب مبتنی بر چند ویژگی منحصر به فرد، عملی، قوی و آسان برای تجزیه و تحلیل داده های چندمتغیره ارائه می کند و استفاده از MGIDI در مطالعات آینده به طور چشمگیری تعداد جداول/ شکل های مورد نیاز را کاهش می دهد و به عنوان ابزاری قدرتمند برای هدایت محققان به سمت توصیه های بهتر عمل می کند.

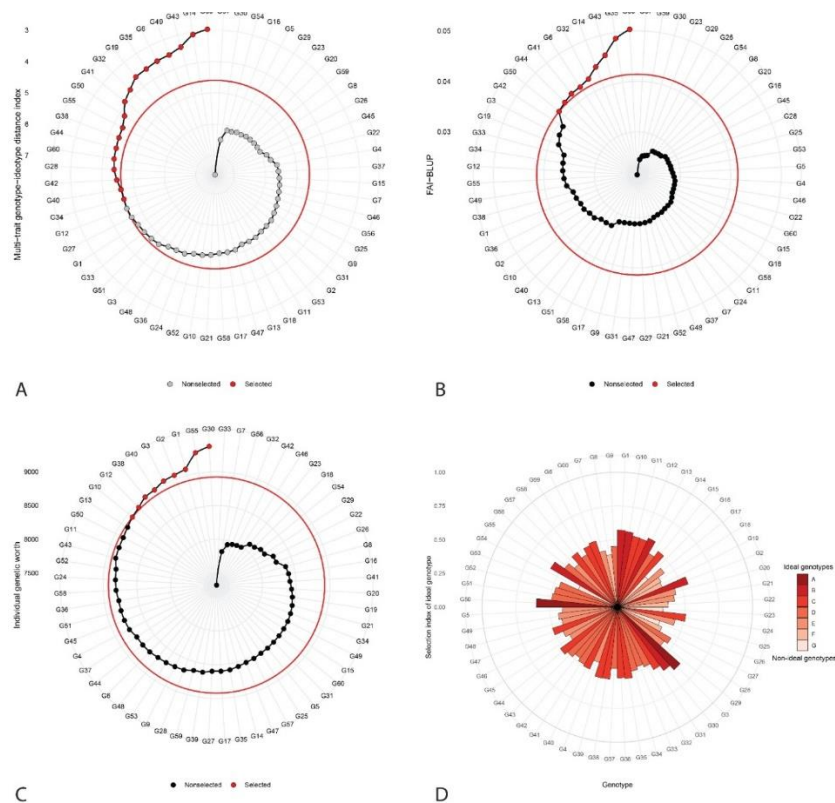
نتایج نشان دادند که شاخص های SIIG و SH به ترتیب بیشترین همبستگی را با عملکرد دانه داشتند. بنا بر این، این دو شاخص علاوه بر در نظر گرفتن سایر صفات، ژنوتیپ هایی با عملکرد دانه بالا را گزینش کردند. هم چنین، همبستگی این دو شاخص با هم مثبت و معنی دار (0.57^{**}) بود. از طرفی، شاخص های FAI-BLUP و MGIDI همبستگی منفی و معنی دار بالایی (-0.88^{**}) با هم داشتند (شکل ۴). بنا بر این، بسیاری از ژنوتیپ های انتخابی با این دو شاخص یکسان بودند. ولی تنها ژنوتیپ های شماره ۳۹، ۳۵، ۵۰، ۳۸ و ۴۴ دارای عملکرد دانه بالا نسبت به بسیاری از ژنوتیپ های شاهد بودند.

بر شناسایی ژنوتیپ های برتر، فاصله بین ژنوتیپ ها را هم مشخص می کند (Zali et al., 2020; Zali et al., 2023) که این مطلب یکی از مزیت های این شاخص نسبت به سایر شاخص های مورد استفاده در این تحقیق است.

در تحقیقی برای انتخاب ژنوتیپ های برتر جو در چهار اقلیم گرم شمال و جنوب کشور، از شاخص SIIG استفاده شد و برای هر منطقه ژنوتیپ های برتر شناسایی و معرفی شدند (Zali et al., 2023). کارایی انتخاب ژنوتیپ های برتر در سایر گیاهان مانند گندم دوروم (Najafi Mirak et al., 2018)، چغندر قند (Mirzaei & Hemayati, 2021)، آفتابگردان (Abdollahi, Haghghatnia & Alhani, 2020)، کلزا (Shirzad et al., 2022a; Zali, Hesari et al., 2020) و جو (Hesar et al., 2020) و جو (Shirzad et al., 2022a; Zali, Barati, 2020) گزارش شده است.

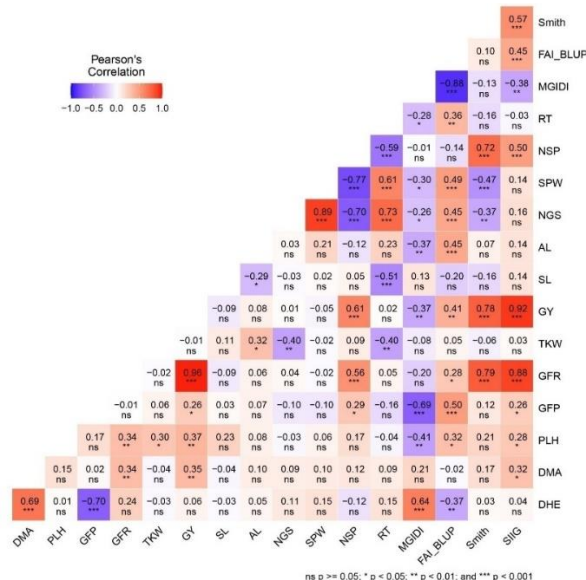
نتایج همبستگی بین صفات مورد بررسی و شاخص های مختلف در شکل ۴ نشان داده شده اند. نتایج نشان دادند که عملکرد دانه با صفات تعداد روز تا رسیدگی (0.35^{**})، ارتفاع بوته (0.37^{**})، طول دوره پرشدن دانه (0.26^{**})، تعداد سنبله در مترمربع (0.61^{**}) و سرعت پر شدن دانه (0.96^{**}) همبستگی مثبت و معنی داری داشت. همبستگی هر چهار شاخص انتخاب با عملکرد دانه معنی دار بود و در بین شاخص ها بیشترین مقدار همبستگی با عملکرد دانه به ترتیب مربوط به شاخص های SIIG (0.97^{**}) و SH (-0.78^{**}) بود. شاخص های FAI-BLUP و MGIDI همبستگی معنی داری با همه صفات به جزء وزن هزار دانه، طول دوره رسیدگی، طول سنبله و تعداد سنبله در مترمربع داشتند. تنها صفات وزن هزار دانه و طول سنبله با هیچ کدام از شاخص های انتخاب همبستگی معنی داری نشان ندادند.

هر چند که عملکرد دانه صفت مهمی در انتخاب ژنوتیپ ها است و انتخاب نهایی با توجه به نتایج عملکرد دانه انجام می شود، ولی انتخاب بر اساس صفات مختلف می تواند در بهبود روند برنامه های اصلاحی مؤثر واقع شود. بنا بر این، یکی از مزایای استفاده از شاخص های انتخاب بر اساس چند صفت، در نظر گرفتن تمام صفات اندازه گیری شده و مؤثر بودن اثرات آنها در انتخاب ژنوتیپ ها است. در واقع، چنانچه ژنوتیپ/ژنوتیپ هایی وجود داشته باشند که اکثر صفات در آنها



شکل ۳- الگوی رتبه‌بندی ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده بر اساس شاخص‌های (A) MGIDI، (B) FAI-BLUP، (C) اسمیت-هیزل و (D) SIIG. در شاخص‌های MGIDI، FAI-BLUP، SH و ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده بر اساس هر شاخص با رنگ قرمز نشان داده شده‌اند. دایره قرمز مرکزی نقطه برش را با توجه به شدت انتخاب (۳۰ درصد) نشان می‌دهد.

Figure 3. The ranking pattern of the selected barley genotypes based on MGIDI (A), FAI-BLUP (B), Smith-Hazel (C), and SIIG (D) indices. In each model, selected genotypes are highlighted in red. The central red circle shows the cut point according to the selection intensity (SI = 30%).



شکل ۴- همبستگی صفات مورفو- فنولوژیکی و شاخص‌های انتخاب در ژنوتیپ‌های جو

Figure 4. Correlations of morpho-phenological traits and selection indices in the barley genotypes

DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TGW: وزن هزار دانه؛ GFP: طول دوره پرشدن دانه؛ GY: عملکرد دانه؛ سرعت

پرشدن دانه؛ SL: طول سنبله؛ AL: طول ریشک؛ NGS: تعداد دانه در سنبله؛ SPW: وزن سنبله؛ NSP: تعداد سنبله در مترمربع

DHE: Number of days to heading; DMA: Number of days to maturity; PLH: Plant height; TGW: Thousand-grain weight; GFP: Grain filling period; YLD: Grain yield; GFR: Grain filling rate; SL: Spike length; AL: Awn length; NGS: Number of grains per spike; SPW: Spike weight; NSP: Number of spikes per square meter

نتیجه‌گیری کلی

شاخص‌های FAI-BLUP و MGIDI، به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر در شرایط این آزمایش انتخاب شدند و برای بررسی‌های تکمیلی مانند آزمایشات سازگاری معرفی شدند. در نهایت، شاخص‌های SIIG و SH بهتر از دو شاخص FAI-BLUP و MGIDI توانستند ژنوتیپ‌های برتر با عملکرد دانه بالا را در شرایط این آزمایش شناسایی کنند.

تشکر و قدردانی

از تمامی همکاران محترم ایستگاه تحقیقات کشاورزی داراب، بخش غلات، که در انجام این پروژه ما را یاری نمودند کمال تشکر و قدردانی را داریم.

از ویژگی‌های شاخص‌های FAI-BLUP و MGIDI انتخاب ژنوتیپ‌های برتر براساس کمترین فاصله از ایدئوتایپ (ژنوتیپ ایده‌آل) است. اما شاخص SIIG ژنوتیپ‌های برتر را براساس کمترین فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و بیشترین فاصله از ژنوتیپ ضعیف انتخاب می‌کند. از طرفی، شاخص SIIG می‌تواند فاصله بین ژنوتیپ‌ها را مشخص کند که هیچ‌کدام دیگر از شاخص‌ها این قابلیت را ندارند.

در مجموع، ژنوتیپ‌های ۳، ۵۰، ۳۰، ۱، ۵۵، ۱۰، ۱۳، ۲، ۱۱، ۱۲ و ۳۸ که در هر دو شاخص SIIG و SH مشترک بودند و ژنوتیپ‌های ۳۹، ۳۵، ۵۰، ۳۸ و ۴۴ انتخابی توسط

References

- Abdollahi hesar, A., Sofalian, O., Alizade, B., Asghari, A., & Zali, H. (2020). Evaluation of some autumn rapeseed genotypes based on morphological traits and SIIG index. *Journal of Crop Breeding*, 12(34), 93-104. <https://doi.org/10.29252/jcb.12.34.151> [In Persian]
- Ahakpaz, F., Abdi, H., Neyestani, E., Hesami, A., Mohammadi, B., Mahmoudi, K. N., Abedi-Asl, G., Noshabadi, M. R. J., Ahakpaz, F. & Alipour, H. (2021). Genotype-by-environment interaction analysis for grain yield of barley genotypes under dryland conditions and the role of monthly rainfall. *Agricultural Water Management*, 245, 106665. <https://doi.org/10.1016/j.agwat.2020.106665>
- Barati, A., Zali, H., 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(1), 199–218. <https://doi.org/10.22069/ejcp.2021.18845.2403> [In Persian]
- Benakanahalli, N.K., Sridhara, S., Ramesh, N., Olivoto, T., Sreekanthappa, G., Tamam, N., Abdelbacki, A.M.M., Elansary, H.O., & Abdelmohsen, S.A.M. (2021). A framework for identification of stable genotypes based on MTSI and MGDI Indexes: an example in guar (*Cymopsis tetragonoloba* L.). *Agronomy*, 11, 1221. <https://doi.org/10.3390/agronomy11061221>
- Bernardo, R. (2020). Reinventing quantitative genetics for plant breeding: something old, something new, something borrowed, something BLUE. *Heredity*, 125(6), 375–385. <https://doi.org/10.1038/s41437-020-0312-1>
- Bizari, E. H., Val, B. H. P., Pereira, E. de M., Mauro, A. O. Di., & Unêda-Trevisoli, S. H. (2017). Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. *Revista Ciência Agronômica*, 48, 110–117. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>
- Botelho, T. T., Leite, P. S. da S., Parrella, R. A. da C., & Nunes, J. A. R. (2022). Strategies for multi-trait selection of sweet sorghum progenies. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 21, e388221410. <https://doi.org/10.1590/1984-70332021v21n4a59>
- Casagrande, C. R., Mezzomo, H. C., Silva, C. M., Lima, G. W., Souza, D. J. P., Borém, A., & Nardino, M. (2022). Selection indexes based on genotypic values applied to Brazilian tropical wheat breeding. *Agronomy Science and Biotechnology*, 8, 1–16. <https://doi.org/10.33158/ASB.r171.v8.2022>
- Cerón-Rojas, J. J., Crossa, J., Sahagún-Castellanos, J., Castillo-González, F., & Santacruz-Varela, A. (2006). A selection index method based on eigen analysis. *Crop Science*, 46, 1711-1721. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.11-0420>
- Da Silva, M. J., Carneiro, P. C. S., de Souza Carneiro, J. E., Damasceno, C. M. B., Parrella, N. N. L. D., Pastina, M. M., Simeone, M. L. F., Schaffert, R. E., & da Costa Parrella, R. A. (2018). Evaluation of the potential of lines and hybrids of biomass sorghum. *Industrial Crops and Products*, 125, 379–385. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2018.08.022>
- Emami, S., Asghari, A., Mohammaddoust Chamanabad, H., Rasoulzadeh, A. & Ramzi, E. (2019). Evaluation of osmotic stress tolerance in durum wheat (*Triticum durum* L.) advanced lines. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 12(3), 697–707. (In Persian). <https://doi.org/10.22077/escs.2019.1532.1347>
- FAOSTAT, F. (2020). Food and Agriculture Organization of the United Nations-Statistic Division <https://www.fao.org/faostat/en/#data.QC>.
- Geravandi, M., Mahmodi, F., Haghparast, R., & Hossenian Khoshroo, H. (2024). Genetic diversity and inter-relationships of morpho-agronomic traits in Kabuli chickpea genotypes under autumn sowing condition. *Journal of Crop Breeding*, 15(48), 50-61. <https://doi.org/10.61186/jcb.15.48.50> [In Persian]
- Haghighatnia, H., & Alhani, F. (2020). Evaluation of irrigation water salinity tolerance indices in new cultivars and lines of safflower. *Iranian Journal of Soil and Water Research*, 51(7), 1181–1821. <https://doi.org/10.22059/ijswr.2020.299239.668552> [In Persian]
- Smith, H. F. (1936). A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7, 240-250. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>

- Hazel, L. N. (1943). The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28(6), 476–490. <https://doi.org/10.1093/genetics/28.6.476>
- Hazel, L. H., Dickerson, G. E., & Freeman, A. E. (1994). The Selection index-then, now, and for the future. *Journal of Dairy Science*, 77(10), 3236–3251. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(94\)77265-9](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(94)77265-9)
- Holland, J. B. (2006). Estimating genotypic correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc MIXED. *Crop Science*, 46(2), 642–654. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.0191>
- Hu, X. (2015). A comprehensive comparison between ANOVA and BLUP to valuate location-specific genotype effects for rape cultivar trials with random locations. *Field Crops Research*, 179, 144–149. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2015.04.023>
- Meier, C., Marchioro, V. S., Meira, D., Olivoto, T., & Klein, L. A. (2021). Genetic parameters and multiple-trait selection in wheat genotypes. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 51, e67996. <https://doi.org/10.1590/1983-40632021v5167996>
- Mirzaei, M.R., & Hemayati, S. S. (2021). The effect of environment and maternal plant on germination traits of sugar beet seeds and an approach to select the superior genotype. *Agricultural Research*, <https://doi.org/10.1007/s40003-021-00607-2>
- 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. <https://doi.org/10.29252/jcpp.8.2.79> [In Persian]
- Oliveira, I. C. M., Marçal, T. de S., Bernardino, K. da C., Ribeiro, P. C. de O., Parrella, R. A. da C., Carneiro, P. C. S., Schaffert, R. E., & Carneiro, J. E. de S. (2019). Combining ability of biomass sorghum lines for agroindustrial characters and multitrait selection of photosensitive hybrids for energy cogeneration. *Crop Science*, 59(4), 1554–1566. <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.11.0693>
- Olivoto, T., Lúcio, A. D. C., da Silva, J. A. G., Marchioro, V. S., de Souza, V. Q., & Jost, E. (2019). Mean performance and stability in multi-environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*, 111(6), 2949–2960. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220>
- Olivoto, T., & Nardino, M. (2020). MGIDI: A novel multi-trait index for genotype selection in plant breeding. *BioRxiv*, 2007–2020. <https://doi.org/10.1101/2020.07.23.217778>
- Olivoto, T., & Nardino, M. (2021). MGIDI: Toward an effective multivariate selection in biological experiments. *Bioinformatics*, 37(10), 1383–1389. <https://doi.org/10.1101/2020.07.23.217778>
- Olivoto, T., Diel, M.I., Schmidt, D., & Lúcio, A.D. (2022). MGIDI: a powerful tool to analyze plant multivariate data. *Plant Methods*, 18, 121. <https://doi.org/10.1186/s13007-022-00952-5>
- Peixoto, M. A., Coelho, I. F., Evangelista, J. S. P. C., Santos, S. S. de O., Alves, R. S., Pinto, J. F. N., Reis, E. F. dos., & Bhering, L. L. (2021). Selection of maize hybrids: an approach with multi-trait, multi-environment, and ideotype-design. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 21, e34582122. <https://doi.org/10.1590/1984-70332021v21n2a31>
- Piepho, H. P., Möhring, J., Melchinger, A. E. & Büchse, A. (2008). BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*, 161(1), 209–228. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9449-8>
- Pour-Aboughadareh, A., Barati, A., Gholipoor, A., Zali, H., Marzoughian, A., Koohkan, S. A., Shahbazi-Homonloo, K., & Houseinpour, A. (2023). Deciphering genotype-by-environment interaction in barley genotypes using different adaptability and stability methods. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 26(5), 547–562. <https://doi.org/10.1007/s12892-023-00199-z>
- Pour-Aboughadareh, A., & Pocza, P. (2021). A dataset on multi-trait selection approaches for screening desirable wild relatives of wheat. *Data in Brief*, 39, 107541. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2021.107541>
- 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. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2004.02.016>
- Resende, M. D. V. de. (2016). Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16, 330–339. <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>
- Rocha, J. R. do A. S. de C., Machado, J. C., & Carneiro, P. C. S. (2018). Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. *Gcb Bioenergy*, 10(1), 52–60. <https://doi.org/10.1111/gcbb.12443>
- Rocha, J. R. do A. S. de C., Nunes, K. V., Carneiro, A. L. N., Marçal, T. de S., Salvador, F. V., Carneiro, P. C. S., & Carneiro, J. E. S. (2019). Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. *Agronomy Journal*, 111(3), 1181–1189. <https://doi.org/10.2134/agronj2018.12.0761>
- Shayan, S., Vahed, M. M., Mohammadi, S. A., Ghassemi-Golezani, K., Sadeghpour, F., & Yousefi, A. (2020). Genetic diversity and grouping of winter barley genotypes for root characteristics and ISSR markers. *Plant Productions*, 43(3), 323–336. <https://doi.org/10.22055/ppd.2019.27840.1684> [In Persian]
- Shirzad, A., Asghari, A., Zali, H., Sofalian, O., & Mohammaddoust Chamanabad, H. (2022a). 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. <https://doi.org/10.52547/jcb.14.44.65> [In Persian]

- Shirzad, A., Asghari, A., Zali, H., Sofalian, O., & Mohammaddoust Chamanabad, H. (2022b). Selection of barley superior lines with desirable agronomic characteristics using the selection index of ideal genotype (SIIG). *Journal of Crop Production and Processing*, 12(1), 97-117. <https://doi.org/10.47176/jcpp.12.1.32902> [In Persian]
- Smith, H. F. (1936). A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7(3), 240-250. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>
- Stephens, M. J., Alspach, P. A., Beatson, R. A., Winefield, C., & Buck, E. J. (2012). Genetic parameters and development of a selection index for breeding red raspberries for processing. *Journal of the American Society of Horticultural Science*, 137, 236-242. <https://doi.org/10.21273/JASHS.137.4.236>
- Verma, A., Verma, R. P. S., Singh, J., Kumar, L., & Singh, G. P. (2022). Genotype $\times$ environment interactions of fodder barley genotypes as estimated by AMMI, Blup and non-parametric measures. *Current Agriculture Research Journal*, 2, 46-54. <http://dx.doi.org/10.12944/CARJ.10.2.02>
- Volpato, L., Rocha, J. R. do A. S. de C., Alves, R. S., Ludke, W. H., Borém, A., & Silva, F. L. da. (2020). Inference of population effect and progeny selection via a multi-trait index in soybean breeding. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 43, e44623. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v43i1.44623>
- Woyann, L. G., Meira, D., Zdziarski, A. D., Matei, G., Milioli, A. S., Rosa, A. C., Madella, L. A., & Benin, G. (2019). Multiple-trait selection of soybean for biodiesel production in Brazil. *Industrial Crops and Products*, 140, 111721. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2019.111721>
- 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. *Journal of Crop Breeding*, 12(34), 93-104. <https://doi.org/10.29252/jcb.12.34.93> [In Persian]
- Zali, H., Barati, A., & Pour-Aboughadareh, A. (2023). Screening of barley elite genotypes using different selection indices based on multi-traits. *Journal of Crop Production*, 15(4), 159-182. <https://doi.org/10.22069/ejcp.2023.20071.2498> [In Persian]
- Zali, H., Hassanloo, T., Sofalian, O., Asghari, A., & Zeinalabedini, M. (2017). Appropriate strategies for selection of drought tolerant genotypes in canola. *Journal of Crop Breeding*, 8(20), 77-90. [In Persian]
- Zali, H., & Pour-Aboughadareh, A.R. (2023) Identification of superior genotypes of barley for cultivation in the south regions of Fars province using MGIDI, FAI-BLUP indices. *Plant Productions*, 46(3), 335-351. <https://doi.org/10.22055/ppd.2024.45295.2134> [In Persian]
- Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asgharii, 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*, 7(2), 703.