

Research Paper

Evaluation of Genetic Diversity in Two- and Six-Row Barley Genotypes with an Emphasis on the Selection of Superior Genotypes Using Multivariate Methods

Hassan Zali¹ , Alireza Pour-Aboughadareh² and Mitra Vanda³

1- Assistant Professor, Department of Crop and Horticultural Science Research, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran, (Corresponding author: hzasli90@yahoo.com)

2- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

3- Assistant Professor, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran

Received: 5 October, 2024

Revised: 12 November, 2024

Accepted: 2 February, 2025

Extended Abstract

Background: Barley (*Hordeum vulgare* L.) is an ancient and significant cereal crop, ranking fourth in production after wheat, rice, and maize globally. Barley is recognized from other crops due to characteristics such as resistance to various biotic stresses, broad adaptability, and short growth duration. Genetic improvement is accelerated through the investigation of genetic diversity in genetic materials across various environments. Since grain yield is a quantitative and inherited trait, it is largely influenced by genotypic and environmental factors. Hence, indirect selection using other agronomic traits may be useful in identifying superior genotypes. The selection index of ideal genotypes (SIIG) can be used to better rank and compare different genotypes, select the best genotypes, and determine distances between genotypes and their clustering. With the increase in the number of traits or indices, it becomes difficult to select the appropriate genotype. In the SIIG index, all indices or traits become one index, and it becomes easier to rank and identify superior genotypes.

Methods: To evaluate the genetic diversity and early screening of superior barley genotypes, an experiment was performed with 108 pure genotypes, along with four check genotypes (Armaghan, Rehan 03, Furat 03, and V Morales) in an augmented design in the Darab Agricultural and Natural Resources Research Station in the 2022-2023 cropping year. The SIIG index and principal component analysis (PCA) were used to select the superior genotypes in terms of grain yield and other measured traits. The genotypes tested were planted in three genotypes of 2.5 m long and 15 cm apart. Seed density was determined as 300 seeds per square. The measured traits included grain yield (GY), thousand-grain weight (TGW), grain filling rate (GFR), plant height (PLH), number of days to heading (DHE), and number of days to physiological maturity (DMA). ACBD software was used to estimate the variance components and the mean comparison test. The SIIG index and PCA were computed with R software.

Results: The results of restricted maximum likelihood (REML) analysis showed that the lowest heritability values belonged to TGW (60%) and DMA (66%), while the highest values were found for PLH (96%) and GFR (91%). The grain yield varied between 1600 and 7833 kg ha⁻¹ across investigated genotypes, indicating a significant difference and a high level of genetic diversity among them. The highest grain yield was recorded for genotypes 83, 57, and 27 with values of 7833, 7300, and 7100 kg ha⁻¹, respectively. The highest and lowest TGW values were measured for genotypes 17 (67.1 g) and 56 (36.2 g), respectively. As a result, two-row genotypes showed the highest TGW; thus, the average TGW varied between 52.6 g in two-row genotypes and 45.8 g in six-row genotypes. The average GFR in two-row genotypes (120.7 kg ha⁻¹) was higher than that in six-row barley (110.3 kg ha⁻¹). Moreover, DHE ranged from 131 to 144 days. On the other hand, the average of DMA was 139 days in two-row barley and 141 days in six-row barley. PCA was used to group genotypes and investigate the relationship among the measured traits. The first and second components justified 0.43 % and 29.7 % of the total phenotypic variation, respectively. In the first PC, the SIIG index and GY and GFP traits had the largest contribution, respectively. In the second PC, DMA, DHE, TGW, and PLH showed the largest contribution. As a result, GY and GFR showed a strong correlation with the SIIG index. Based on the PCA-based



biplot, all investigated genotypes were divided into four groups. The first group consisted of the superior genotypes (57, 83, 63, 66, 25, 68, 60, 61, 48, 27, 23, 1, 3, 34, 25, 12, and 20) with an SIIG index greater than 0.6. The fourth group consisted of genotypes with an SIIG index less than 0.4.

Conclusion: The results of this study revealed a high level of genetic diversity among the evaluated barley genotypes. The results show that the SIIG index is a suitable tool for the initial screening of genotypes in the preliminary tests of performance comparison using different traits. Based on the PCA results, the genotypes categorized in the first group (with SIIG values above 0.6) were identified as superior genotypes and can be used for additional tests. Moreover, a high association was found between the results of the SIIG index and PCA in grouping the genetic materials.

Keywords: Biplot, Heritability, Principal component analysis, REML analysis, SIIG index

How to Cite This Article: Zali, H., Pour-Aboughadareh, A., & Vanda, M. (2025). Evaluation of Genetic Diversity in Two- and Six-Row Barley Genotypes with an Emphasis on the Selection of Superior Genotypes Using Multivariate Methods. *J Crop Breed*, 17(2), 43-55. DOI: 10.61882/jcb.2024.1577

مقاله پژوهشی

ارزیابی تنوع ژنتیکی جوهای دو ردیفه و شش ردیفه با هدف گزینش ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از روش‌های چندمتغیره

حسن زالی^{۱*}، علیرضا پورابوقداره^۲ و میترا وند^۳

۱- استادیار پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران، (نویسنده مسؤل: hzali90@yahoo.com)

۲- استادیار پژوهشی، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
۳- استادیار پژوهشی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۱/۱۴

تاریخ ویرایش: ۱۴۰۲/۰۸/۲۲
صفحه: ۴۳ تا ۵۵

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۷/۱۴

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: در میان تمام غلات تولیدشده در جهان، جو (*Hordeum vulgare* L.) پس از گندم، برنج و ذرت، رتبه چهارم را دارد. جو دارای ویژگی‌های بسیار عالی مانند مقاومت به سرما، سازگاری قوی، دوره رشد کوتاه، مقاومت در برابر تنش بالا و عملکرد پایدار است. بهبود ژنتیکی با مطالعه مواد ژنتیکی متنوع در بسیاری از محیط‌ها سرعت می‌گیرد. از آنجایی که عملکرد دانه دارای وراثت کمی است و عمدتاً به عوامل ژنوتیپی و محیطی بستگی دارد، انتخاب غیر مستقیم از طریق سایر صفات زراعی می‌تواند در شناسایی ژنوتیپ‌های برتر مفید باشد. از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) برای رتبه‌بندی و مقایسه بهتر ژنوتیپ‌های مختلف و انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها و همچنین تعیین فاصله بین ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی آن‌ها استفاده می‌شود. با افزایش تعداد صفات یا شاخص‌ها، انتخاب ژنوتیپ مناسب دشوار می‌شود. در شاخص SIIG همه شاخص‌ها یا صفات به یک شاخص تبدیل می‌شوند و رتبه‌بندی و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر آسان‌تر می‌شود.

مواد و روش‌ها: به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی و غربال اولیه ژنوتیپ‌های برتر جو، آزمایشی با ۱۰۸ ژنوتیپ خالص به همراه چهار رقم شاهد (ارمغان، ریحان ۰۳، فرات ۰۳ و V Morales) در یک قالب طرح حجیم شده (آگمنت) در سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۱ در ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی داراب انجام شد. به منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و سایر صفات مورد بررسی، از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) استفاده شد. ژنوتیپ‌های مورد بررسی بر روی سه خط به طول ۲/۵ متر به فاصله ۱۵ سانتی‌متر از یک‌دیگر کشت شدند. تراکم بذر مصرفی ۳۰۰ بذر در متر مربع برای هر ژنوتیپ تعیین گردید. صفات مورد بررسی شامل عملکرد دانه (GY)، وزن هزار دانه (TGW)، سرعت پرشدن دانه (GFR)، ارتفاع بوته (PLH)، تعداد روز تا ظهور سنبله (DHE) و تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک (DMA) بودند. به منظور برآورد اجزای واریانس و مقایسه میانگین صفات از نرم‌افزار ACBD استفاده شد. برای محاسبه شاخص SIIG و انجام تجزیه به مؤلفه‌های اصلی از نرم‌افزار R استفاده شد.

یافته‌ها: نتایج تجزیه REML نشان دادند که کمترین میزان وراثت‌پذیری صفات به‌ترتیب مربوط به وزن هزار دانه (۶۰ درصد) و تعداد روز تا رسیدگی (۶۶ درصد) و بیشترین مقدار وراثت‌پذیری به‌ترتیب مربوط به ارتفاع بوته (۹۶ درصد) و سرعت پرشدن دانه (۹۱ درصد) بود. عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها بین ۱۶۰۰ تا ۷۸۳۳ کیلوگرم در هکتار بود که این نتایج نشان‌دهنده تفاوت چشمگیر میان ژنوتیپ‌ها و همچنین تنوع ژنتیکی بالا بین آن‌ها بودند. بیشترین عملکرد دانه به‌ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های شماره ۸۳، ۵۷ و ۲۷ به‌ترتیب با مقادیر ۷۸۳۳، ۷۳۰۰ و ۷۱۰۰ کیلوگرم در هکتار بود. بیشترین و کمترین وزن هزار دانه به‌ترتیب به ژنوتیپ‌های شماره ۱۷ (۶۷/۱ گرم) و ۵۶ (۳۶/۲ گرم) تعلق داشتند. بیشترین وزن هزار دانه در ژنوتیپ‌های دوردیفه مشاهده شد. در مجموع، نتایج نشان داد که میانگین وزن هزار دانه در ژنوتیپ‌های دوردیفه ۵۲/۶ گرم و در ژنوتیپ‌های شش‌ردیفه ۴۵/۸ گرم بود. میانگین سرعت پرشدن دانه در جوهای دوردیفه (۱۲۰/۷ کیلوگرم در هکتار) از میانگین سرعت پرشدن دانه در جوهای شش‌ردیفه (۱۱۰/۳ کیلوگرم در هکتار) بیشتر بود. تعداد روز تا رسیدگی ژنوتیپ‌ها بین ۱۳۱ تا ۱۴۴ روز بود. میانگین تعداد روز تا رسیدگی در جوهای دوردیفه ۱۳۹ روز و در جوهای شش‌ردیفه ۱۴۱ بود. به منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از شاخص SIIG و بررسی ارتباط صفات مورد بررسی، از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) استفاده شد. اولین و دومین مؤلفه به‌ترتیب ۴۳/۰ و ۲۹/۷ درصد تغییرات ارتباط بین صفات و دسته‌بندی ژنوتیپ‌ها را توجیه نمودند. در مؤلفه اول، شاخص SIIG و صفات GY و GFP به‌ترتیب بیشترین سهم را داشتند و صفات DMA، DHE، TGW و PLH به‌ترتیب دارای بیشترین سهم در دومین مؤلفه بودند. نتایج PCA نشان دادند که عملکرد دانه و سرعت پرشدن دانه بیشترین همبستگی را با شاخص SIIG داشتند. بر اساس نتایج PCA، ژنوتیپ‌های مورد بررسی در چهار گروه قرار گرفتند. گروه اول شامل ژنوتیپ‌های برتر (ژنوتیپ‌های شماره ۵۷، ۸۳، ۶۳، ۶۶، ۲۵، ۶۸، ۶۰، ۶۱، ۲۷، ۲۳، ۳۰، ۳۴، ۲۵، ۱۲ و ۲۰) با شاخص SIIG بزرگتر از ۰/۶ بودند. گروه چهارم شامل ژنوتیپ‌هایی با شاخص SIIG کمتر از ۰/۴ بودند.

نتیجه‌گیری کلی: در مجموع، نتایج این تحقیق نشان از تنوع ژنتیکی بالایی بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی دارند. بر اساس نتایج PCA، ژنوتیپ‌های گروه یک (با مقادیر SIIG بالای ۰/۶) جزو ژنوتیپ‌های برتر در این بررسی بودند و می‌توان از آن‌ها برای انجام آزمایشات تکمیلی استفاده نمود. همچنین انطباق بالایی بین نتایج شاخص SIIG و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه به پلات، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه REML، شاخص SIIG، وراثت‌پذیری

واژه‌های کلیدی: با‌پلات، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه REML، شاخص SIIG، وراثت‌پذیری

مقدمه

ردیفه، هر سه سنبلچه در گره محور سنبله بارور می‌شوند، اما در جو دوردیفه، فقط سنبلچه وسطی بارور می‌شود (Martin et al., 1991). لی گوئیس (Le Gouis, 1992) بیان کرد که انعطاف‌پذیری اجزای عملکرد در واکنش به تغییرات محیطی در جوهای دوردیفه بیشتر از جوهای شش‌ردیفه بود.

تنوع ژنتیکی و بررسی لاین‌های پیشرفته جو نقش مهمی در پیش‌برد اهداف برنامه‌های به‌زادگی دارند. بنابراین، بررسی لاین‌های جدید جو با خصوصیات مورفولوژیک مطلوب، از جمله

جو (*Hordeum vulgare* L.) پس از گندم، برنج و ذرت یکی از مهم‌ترین گیاهان خانواده غلات است و از نظر اهمیت اقتصادی در مقام چهارم جهان قرار گرفته است (Pour-Aboughadareh et al., 2023). جو با توجه به ساختار سنبله به دو گروه دوردیفه و شش‌ردیفه تقسیم می‌شود. جوهای دوردیفه و شش‌ردیفه دو گروه متمایز و مشخص ژنتیکی و مورفولوژیکی در درون گونه *H. vulgare* هستند. در جو شش

شش‌ردیفه بیشترین فراوانی (به‌ترتیب ۴۹ و ۴۶ درصد) و جوهای دوردیفه کمترین فراوانی (۴/۵ درصد) را داشتند.

در ارزیابی تنوع ژنتیکی ۲۷۸ اکوتیپ جو زراعی بومی مناطق گرم و خشک، مشخص شد که طول سنبله و تعداد سنبله در جوهای دوردیفه (*H. vulgare* subsp. *distichum*) و ژنوتیپ‌های شش‌ردیفه (*H. vulgare* subsp. *hexastichum*) وجه تمایز این دو گونه بودند که در اکوتیپ‌های دوردیفه کمیت بالاتری داشتند (Shahmoradi et al., 2011).

در یک بررسی توسط شاهمرادی و همکاران (Shahmoradi et al., 2022) بر روی صفات آگرونومیک، مورفولوژیک و فنولوژیک در ۷۰۷ ژنوتیپ جو زراعی دوردیفه و شش‌ردیفه، مشخص گردید که دامنه متغیر تنوع ژنتیکی در صفات متفاوت بود. براساس نتایج این تحقیق، تیپ‌های دوردیفه و شش‌ردیفه دارای واکنش متفاوتی در کنترل فرایندهای نموی بودند و این امر باعث تفاوت در صفات

کاربرد شاخص SIIG در گیاهان مختلف از جمله گندم دوروم (Dastfall et al., 2022)، آفتابگردان (Golestani, 2024)، کاملینا (Amiri et al., 2023)، کلزا (Sadat, 2023)، پنبه (Vanda et al., 2022) و جو (Zali et al., 2023a; Sabzi et al., 2024) (Barati et al., 2021; Shirzad et al., 2022) گزارش شده است.

روش حداکثر درست‌نمایی محدودشده (REML)^۴ یکی از روش‌های مهم برای تجزیه داده‌ها است. در این روش، محدودیت تجزیه واریانس به روش کمترین مربعات برای داده‌های نامتعادل و همچنین نامتجانس برطرف می‌شود (Holland, 2006). مدل‌های مخلوط مانند REML روش‌هایی مناسب برای محاسبه اجزای واریانس و بهترین پیش‌بینی نارایب خطی (BLUP)^۵ هستند که برای پیش‌بینی مقادیر ژنتیکی و اجزای واریانس استفاده می‌شوند (Resende, 2016). یکی از مزایای BLUP، تخمین میانگین‌ها با دقت بالا در مدل‌های مخلوط است و زمانی که اثر مخلوط خطی وجود داشته باشد این روش پیش‌بینی دقیق‌تری از اثرات تصادفی را فراهم می‌کند (Smith et al., 2015).

هدف از این تحقیق، بررسی تنوع ژنتیکی در جوهای دوردیفه و شش‌ردیفه و غربال اولیه ژنوتیپ‌های برتر جو براساس تعدادی از صفات مورفولوژیک با استفاده از شاخص SIIG و تجزیه به مولفه‌های اصلی (PCA) بود.

مواد و روش‌ها

به‌منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی جوهای دو و شش‌ردیفه و غربال اولیه ژنوتیپ‌های برتر جو، تهیه شده از مرکز تحقیقات بین‌المللی کشاورزی برای مناطق خشک (ایکارد) و در قالب بیست و سومین خزانه بین‌المللی مشاهده‌ای جو بهاره (23-IBON; 23- International Spring Barely Observation Nursery)، آزمایشی با ۱۰۸ ژنوتیپ خالص (جدول ۱) در قالب طرح بدون تکرار آگمنت همراه با چهار

روش‌های مناسب برای دستیابی به معیارهای انتخاب در جهت بهبود عملکرد و اصلاح و معرفی ارقام تجاری است که نهایتاً منجر به افزایش تولید جو خواهد شد (Zali et al., 2021). روش‌های مختلفی برای برآورد تنوع ژنتیکی در گونه‌های گیاهی وجود دارند. از آنجایی که روش‌های چندمتغیره به‌طور همزمان چندین اندازه‌گیری را مدنظر قرار می‌دهند، لذا در تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی بر پایه داده‌های مورفولوژیک، بیوشیمیایی و مولکولی کاربرد وسیعی دارند (Mohammadi & Prasanna, 2003).

هدادو و همکاران (Hadado et al., 2009) طی تحقیقی هشت صفت مورفولوژیک سنبله را در ۱۳۰ جمعیت محلی بررسی کردند. نتایج آنها نشان دادند که تنوع در جو دیم رابطه‌ای پیچیده با گستردگی در محیط اکوسیستم زراعی داشت. در این تحقیق، جوهای با تعداد ردیف نامنظم و فنولوژیک و آگرونومیک این دو گونه جو زراعی شد که قابلیت سازگاری آن‌ها را در شرایط مختلف محیطی تحت تأثیر قرار می‌دهد.

در سال‌های اخیر، شاخص‌های انتخاب جدیدی معرفی شده‌اند که بر پایه انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عملکرد و صفات مختلف به‌طور هم‌زمان هستند. از آن جمله می‌توان به شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)^۱ (Zali et al., 2015)، شاخص پایداری چند صفتی (MTSI)^۲ (Olivoto et al., 2019)، شاخص فاصله ژنوتیپ ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI)^۳ (Olivoto and Nardino, 2020) و شاخص تحلیل عاملی و طراحی ایدئوتیپ از طریق پیش‌بینی نارایب بهترین خط (FAI-BLUP)^۴ (Rocha et al., 2018) اشاره کرد.

شاخص SIIG یک شاخص چندصفتی است که توسط زالی و همکاران (Zali et al., 2015) برای اولین بار به‌منظور ادغام شاخص‌های مختلف تحمل به خشکی معرفی شد. در این شاخص، صفات مختلف یا شاخص‌های مختلف در قالب یک آماره جدید ترکیب می‌شوند و می‌توان بر اساس آن روند بهتری برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها ارائه داد (Zali et al., 2023b). شاخص SIIG ژنوتیپ‌های برتر را براساس کمترین فاصله از ژنوتیپ برتر و بیشترین فاصله از ژنوتیپ غیر برتر شناسایی می‌کند. از آنجایی که مقدار SIIG بین ۰ تا ۱ است، این شاخص قادر است فاصله بین ژنوتیپ‌ها را از نظر صفات مورد بررسی نشان دهد (Zali et al., 2015).

زالی و براتی (Zali & Barati, 2020) از شاخص SIIG برای دسته‌بندی و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر جو با استفاده از تعدادی از صفات مورفولوژیک استفاده نمودند. در نهایت، آنها ۳۳ ژنوتیپ جو را با استفاده از شاخص SIIG انتخاب و برای آزمایشات تکمیلی معرفی نمودند. آن‌ها روش SIIG را در دسته‌بندی و تعیین فاصله بین ژنوتیپ‌ها موثر معرفی نمودند.

^۴- Factor analysis and ideotype design via best linear unbiased prediction

^۵- Restricted maximum likelihood

^۶- Best linear unbiased prediction

^۱- Selection index of ideal genotype

^۲- Multi-trait stability index

^۳- The multi-trait genotype-ideotype distance index

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

۳- پیداکردن ژنوتیپ برتر و ژنوتیپ غیر برتر (ضعیف) برای هر شاخص یا صفت: در این مرحله، با توجه به نوع شاخص مشخص شد که مقدار بالای یک شاخص برتر است یا مقادیر پایین آن.

۴- محاسبه فاصله از ژنوتیپ‌های برتر (d_i^+) و ژنوتیپ‌های ضعیف (d_i^-): در این مرحله برای هر ژنوتیپ، فاصله از ژنوتیپ‌های برتر (d_i^+) و ژنوتیپ‌های ضعیف (d_i^-) به ترتیب با استفاده از روابط ۴ و ۵ محاسبه شد.

$$d_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^+)^2} \quad i = 1, 2, \dots, n \quad \text{رابطه (۴)}$$

$$d_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^-)^2} \quad i = 1, 2, \dots, n \quad \text{رابطه (۵)}$$

در روابط ۴ و ۵، r_{ij} مقدار استاندارد شده ژنوتیپ i ام ($i = 1, 2, \dots, n$) در رابطه با شاخص j ام ($j = 1, 2, \dots, m$) است. r_j^+ و r_j^- به ترتیب مقادیر استاندارد شده ژنوتیپ‌های برتر و ژنوتیپ‌های ضعیف برای هر شاخص j ام ($j = 1, 2, \dots, m$) است.

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

$$\text{SIIG}_i = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \quad i = 1, 2, \dots, n, \quad 0 \leq \text{SIIG}_i \leq 1 \quad \text{رابطه (۶)}$$

مقدار SIIG_i بین صفر تا یک تغییر می‌کند و هرچه گزینه موردنظر به ژنوتیپ برتر نزدیک‌تر باشد مقدار SIIG_i آن به یک نزدیک‌تر خواهد بود. بر اساس این روش، بهترین ژنوتیپ، نزدیک‌ترین ژنوتیپ به ژنوتیپ‌های برتر و دورترین از ژنوتیپ‌های ضعیف است (Zali et al., 2015; Zali et al., 2023b).

به منظور محاسبه مدل‌های خطی و اجزای واریانس از مدل‌های زیر استفاده شد:

$$Y_{ij} = \mu + \text{Block}_i + \text{Entry}_j + \varepsilon_{ij} \quad \text{رابطه (۷)}$$

$$Y_{ij} = \mu + \text{Block}_i + \text{IDCheck} + \text{Gen} + \text{Check} + \varepsilon_{ij} \quad \text{رابطه (۸)}$$

در این روابط، μ میانگین صفت مربوطه، Block_i اثر بلوک i ام، و Entry_j اثر اینترنتی j ام هستند (رابطه ۷). در رابطه ۸، تفاوت در اثر اینترنتی j ام است که به IDCheck ، Gen ، و Check که به ترتیب مربوط به اثر شناسه شاهدها، ژنوتیپ‌های بدون تکرار و شاهدهایی که در هر بلوک تکرار می‌شوند تقسیم می‌شود. اثر بلوک به عنوان اثر ثابت فرض شده است. هنگام محاسبه Blue ها، اثرات Entry ، IDCheck ، Gen و Check به عنوان اثرات ثابت در نظر گرفته می‌شوند و هنگام محاسبه

ژنوتیپ شاهد (ارمغان، ریحان ۰۳، فرات ۰۳ و V Morales) در چهار بلوک در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۲ در ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی داراب انجام شد. اطلاعات هواشناسی در شکل ۱ نشان داده شده است.

زمین مورد کشت تحت تناوب غلات آیش بود و عملیات تهیه زمین شامل یک نوبت شخم بهاره، یک نوبت شخم قبل از کاشت، دو نوبت دیسک، دو بار لولر عمود برهم، کودپاشی و ایجاد فارو بود. بذور آزمایشی قبل از کاشت به منظور جلوگیری از سیاهک پنهان و بیماریهای بذرزاد با قارچ کش کاربوکسین تیرام به نسبت سه در هزار ضد عفونی گردیدند. میزان بذر مصرفی با در نظر گرفتن وزن هزار دانه و بر اساس ۳۰۰ بذر در متر مربع برای هر ژنوتیپ تعیین گردید. ژنوتیپ‌های مورد بررسی در پانزدهم آذر ماه بر روی سه خط به طول ۲/۵ متر به فاصله ۱۵ سانتی متر از یک دیگر کشت و به صورت تیپ آبیاری شدند. کودهای مورد استفاده شامل سولفات پتاس (۵۰ کیلوگرم در هکتار)، فسفات آمونیوم (۱۰۰ کیلوگرم در هکتار) و اوره (۱۵۰ کیلوگرم در هکتار) بودند. کودهای پتاس و فسفر به صورت پایه و کود اوره به صورت سرک به مصرف رسید. برای مبارزه با علف‌های هرز پهن برگ و باریک برگ، مخلوطی از علف کش‌های 2-4-D و اکسیال در مرحله شروع پنجه زنی استفاده شد. صفات مورد بررسی شامل عملکرد دانه، وزن هزار دانه، سرعت پرشدن دانه، ارتفاع بوته، تعداد روز تا ظهور سنبله و تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک بودند.

محاسبه شاخص SIIG

به منظور ادغام شاخص‌های مختلف تحمل به خشکی در جدول ۲، از شاخص SIIG استفاده شد که نحوه محاسبه این شاخص به شرح ذیل است (Zali et al., 2015; Zali et al., 2023b):

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

$$D = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & \dots & x_{1m} \\ x_{21} & x_{22} & & x_{2m} \\ \vdots & & \ddots & \vdots \\ x_{n1} & x_{n2} & \dots & x_{nm} \end{bmatrix} \quad \text{رابطه (۱)}$$

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

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

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

در رابطه ۲، بعد از استاندارد نمودن داده‌های اولیه (ماتریس D)، ماتریس R به صورت رابطه ۳ تعریف گردید:

اصلی استفاده شد. به منظور برآورد اجزای واریانس و مقایسه میانگین صفات از نرم افزار ACBD استفاده شد (Rodríguez *et al.*, 2017). برای محاسبه شاخص SIIG از برنامه تهیه شده در محیط برنامه نویسی R (Zali *et al.*, 2023) و برای رسم نمودار شاخص SIIG نیز از برنامه تهیه شده در محیط برنامه نویسی R استفاده شد. برای انجام تجزیه به مؤلفه های اصلی و ترسیم بای پلات از بسته factoextra در محیط برنامه نویسی R استفاده شد (Kassambara & Mundt, 2020).

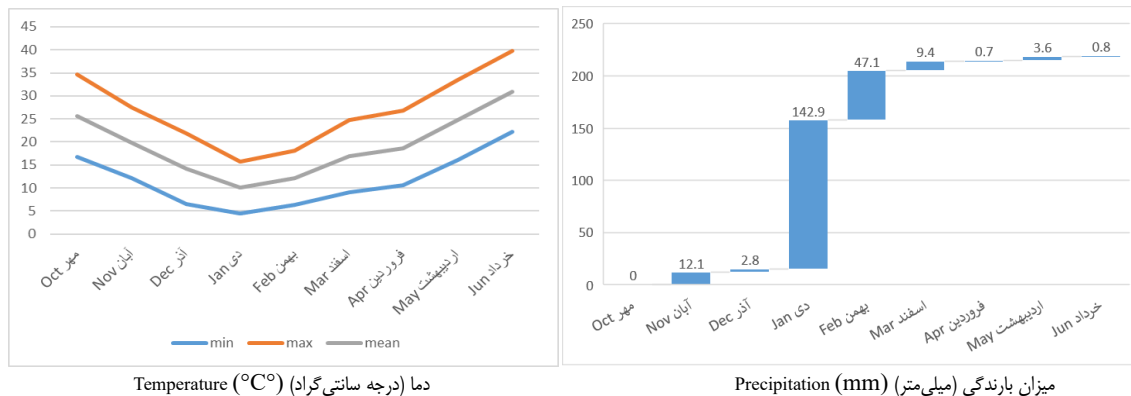
Blupها و وراثت پذیری عمومی، این اثرات تصادفی در نظر گرفته می شوند (Rodríguez *et al.*, 2017).

برای محاسبه LSD در سطح احتمال ۰/۰۵ از رابطه ۹ استفاده شد:

$$LSD = t_{(1-0.05, df_{error})} \times ASED \quad \text{رابطه (۹)}$$

در رابطه ۹، t توزیع t استودنت تجمعی و $ASED$ میانگین خطای استاندارد بین دو جفت میانگین هستند (Rodríguez *et al.*, 2017).

به منظور بررسی تنوع ژنتیکی و انتخاب ژنوتیپهای برتر جو از شاخص SIIG (Zali *et al.*, 2015) و تجزیه به مؤلفه های



دما (درجه سانتی گراد) (Temperature (°C))

میزان بارندگی (میلی متر) (Precipitation (mm))

شکل ۱- داده های هواشناسی ماهیانه در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۲ در داراب

Figure 1. Monthly meteorological data in the 2022-2023 cropping year in Darab

جدول ۱- شجره های ژنوتیپ های مورد بررسی دوردیفه و شش ردیفه جو در فصل زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۲

Table 1. Pedigrees of two-row and six-row barley genotypes studied in the 2022-2023 cropping season

ردیف Row type	شجره Pedigree	کد ژنوتیپ ها Genotypes code	شماره ژنوتیپ ها Genotypes no.
1	11MQ31/MP30	L2	1
2	11MQ71/UC1322/MP103MQ	L3	2
3	29IBON20//COORS 393 /ND 22202-C	L4	3
4	29IBON20//ORCA/ND 22202	L5	4
5	Bodrga/Nawair-01	L6	5
6	BUTTA12/MP179	L7	6
7	Cocktail/Alanda-01	L8	7
8	Frontier/RD2668	L9	8
9	HB120/DWR28	L11	9
10	HB120/Harmal	L12	10
11	Mauritia/DWRUB52	L13	11
12	MP103MQ/MP30	L14	12
13	MP103R/MP6	L15	13
14	MP30/UC1323	L16	14
15	MSEL /ND 22202	L17	15
16	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA 1/6/BRS180/7/MSEL//LIMON/BICHY2000	L18	16
17	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA1/6/CIRU/7/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/P	L19	17
18	ETUNIA1/6/ IBTA80/8/LIMON/BICHY2000//CANELA/3/MSEL	L21	18
19	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA 1/6/LEGACY/7/MADRE SELVA	L22	19
20	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA 1/6/LEGACY/7/MERIT.B//CLE150/W89.11369/3/CANELA	L23	20
21	ROLAND-BAR/RD2668	L24	21
22	SHYRI X LAUREL 5 (Both parents BYDV-RMV resistant)	L25	22
23	SLO/ROBUST//QUINA/3/CALI92/4/LEGACY/7/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA1/6/M9846//	L26	23
24	CCXX14.ARZ3/PACO/3/PALTON	L27	24
25	STANDER-BAR//CALI92/ROBUST/3/ESTANZUELA JACARANDA/LOGAN-BAR//CANELA	L28	25
26	Tocada/DWRUB52	L29	26
27	Z068R05551 /CIMMYT 7862 (BUSCH AG CROSS)	L31	27
28	ZARZA//ATAH92/GOB/3/JACARANDA/ENCINO/TOCTE	L32	28
29	ZARZA//ATAH92/GOB/3/KASKADE/LEGACY	L33	29
30	29IBON20/CB122	L34	30
31	Arta/3/Legia/Laurel'S//Aleli/4/Arar/H.spont.19-15//Hml/3/H.spont.41-1/Tadmor/5/Zanbakian/6/Arta/WI3167	L35	31
32	BEKA/PL 172	L36	32
33	Butta12//11MQ51/MP20	L37	33
34	Cerise/Shyri//Aleli/3/Mpyt169-1Y/Laurel/Olmo/4/Canela/5/Harmal	L38	34
35	DWR28/RD2668	L39	35
36	Frontier/RD2668	L41	36
37	Gobernadora/Nawair-1	L42	37
38	H.spont.41-1/NT 113//Hml/4/Weeah11//WI2291/Bgs/3/ER/Apm//AC253	L43	38
39	Kny/K-273/5/WI2291/Tadmor/4/ChiCm/An57//Albert/3/Alger/Ceres362-1-1	L44	39
40	Leb71/CBB37//Leb71/CBB29/3/Lignee527/Chn-01/6/WI2291/4/7028/2759/3/69-82//Ds/Apro/5/Zanbaka/3/ER/Apm//Lignee131	L45	40
41	Moroc9-75/Hml/5/Roho/4/Zanbaka/3/ER/Apm//Lignee131/6/WI2291/3/CI03309/Attiki/Hja33/4/Gustoe/5/Arar/H.spont.19-15//	L46	41
42	Hml/3/H.spont.41-1/Tadmor	L47	42
43	Onslow/Tipper/5/Roho//Alger/Ceres362-1-1/3/Kantara/4/Tipper	L48	43
44	San cristobal/DWR28	L49	44
45	SHYRI X LAUREL 5 (Both parents BYDV-RMV resistant)	L51	45
46	Soffet no.9//SLB21-81/SLB22-74	L52	46
47	T-6669//Arda/Moroc9-75	L53	47
48	T-6669//Moroc9-75/ArabiAswad/6/CI07117-9/DeirAlla106/Bda/3/Arar/5/11012-2/Impala/Birence/3/ArabiAbiad/4/5604/1025	L54	48
	WI2198/Hml-02//INRA55-86-2/Rt1703/3/Hml/4/Weeah11//WI2291/Bgs/3/ER/Apm//AC253		

شماره	کد	شجره	تعداد
ژنوتیپها	ژنوتیپها	ردیف	
Genotypes	Genotype	Row	
no.	s code	type	
49	L55	WI2291/Nawair-1	2
50	L56	22IBYT7 / UC 1047 // UC 1108	6
51	L57	22IBYT7 // UC 1116 / UC 1047	6
52	L58	22IBYT7 // UC 1116 / YUMA	6
53	L59	22IBYT7 // UC 1134 / UC 1047	6
54	L61	LEGACY/3/PETUNIA1/CHEVRON-BAR//TOCTE/4/PENCO/CHEVRON-BAR/5/STANDER-	6
55	L62	BAR/CAL192/ROBUST/6/JACARANDA// ENCINO/TOCTE	6
56	L63	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLU/5/PETUNIA 1/6/BRS180/7/CIRU/BLU	6
57	L64	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLU/5/PETUNIA 1/6/BRS180/7/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLU/5/PETUNIA1/6/ CIRU	6
58	L65	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLU/5/PETUNIA1/6/CIRU/7/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLU/5/PETUNIA1/6/ IBTA80/8/CABUYA	6
59	L66	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLU/5/PETUNIA 1/6/LEGACY/7/DOÑA JOSEFA	6
60	L67	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLU/5/PETUNIA 1/6/LEGACY/7/MADRE SELVA	6
61	L68	SLO/ROBUST//QUINA/3/CAL192/4/LEGACY/5/MSEL//LIMON/BICHY2000	6
62	L69	UC 1116 / UC 1047	6
63	L71	UC 1116 / UC 1047	6
64	L72	UC 1134 / UC 1047	6
65	L73	UC1118 // UC1116 / YUMA	6
66	L74	UC1134/UC1231	6
67	L75	UC933 / BELLA UNION	6
68	L76	X // INDIAN BBARLEY/3*NK 1272	6
69	L77	ZACATECAS 4 (LEGACY/CHAMICO)/5/EXCEL-BAR/4/GLORIA-BAR/COME//LIGNEE640/3/S.P-B	6
70	L78	ZARZA/ATAH92/GOB/7/GLORIA-BAR/COPAL/6/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLU/5/PETUNIA 1	6
71	L79	ZARZA/ATAH92/GOB/7/GLORIA-BAR/COPAL/6/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLU/5/PETUNIA 1	6
72	L81	ZARZA/ATAH92/GOB/7/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLU/5/PETUNIA 1/6/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLU/5/PETUNIA 1	6
73	L82	Alanda//Lignee527/Arar/6/Multan/M23/4/HopRo/3/Md/AT//CM/5/24569/7/U.Sask.1766/Api/Cel/3/Weeah/4/Arar/5/Aths	6
74	L83	Arig8/Imperial/M7/3/Rt013/4/Alanda-01/5/Lignee527/NK1272/JLB70-063/3/IPA99	6
75	L84	Aths/Lignee686/4/Avt/Attiki//Aths/3/Giza121/Pue/6/Lignee527/Chn-01//Alanda/5/Arizona5908/Aths//Avt/Attiki/3/S.T.Barley/4/	6
76	L85	Aths/Lignee686	6
77	L86	Avt/Attiki//M-Att-73-337-1/3/Aths/Lignee686/4/Kabaa/5/Alanda-01/3/Alanda//Lignee527/Arar	6
78	L87	AwBlack/Aths//Arar/3/9C279-07/Roho/6/Alanda-01/5/Ci01021/4/CM67/U.Sask.1800/Pro/CM67/3/DL70/7/ArabiAbiad/Arar//	6
79	L88	H.spont.41-5/ Tadmor/3/Sara	6
80	L89	Bda/4/SICB-105935/3/Hma-02//11012-2/CM67/5/Lignee527/NK1272/4/Avt/Attiki//Aths/3/Giza121/Pue	6
81	L91	H.spont.41-3/SLB34-40/7/Lignee527//Bahtim/DL71/3/Api/CM67//Mzq/5/Alanda-01/4/WI2291/3/Api/CM67//L2966-69/6/Lignee527/Chn-01// Arar/Rhn-03	6
82	L92	Hma-02//11012-2/CM67/3/Alanda/5/Rhn-03//Lignee527/NK1272/4/Lignee527/Chn-01/3/Alanda/6/Rhn-03/Eldorado/5/Rhn-03//Lignee527/ NK1272/4/Lignee527/Chn-01/3/Alanda	6
83	L93	Lignee527//Bahtim/DL71/3/Api/CM67//Mzq/5/Alanda-01/4/WI2291/3/Api/CM67//L2966-69/6/Lignee527/Chn-01//Arar/Rhn-03/7/Run/4/Rhn-03/3/Mr25-84/Att/Mari/Aths*3-02	6
84	L94	Lignee527/Chn-01//Alanda/3/As57/Kc/6/Lignee527/Chn-01//Alanda/5/Arizona5908/Aths//Avt/Attiki/3/S.T.Barley/4/Aths/Lignee686	6
85	L95	Lignee527/NK1272/JLB70-063/3/IPA99/5/Arig8/Imperial/M7/3/Rt013/4/Alanda-01	6
86	L96	Lignee527/NK1272/JLB70-063/3/Rhn-03/6/Rhn-03/Eldorado/5/Rhn-03//Lignee527/NK1272/4/Lignee527/Chn-01/3/Alanda	6
87	L97	QB813-2/5/Aths/Lignee686/4/Rhn-03/3/Bc/Rhn/Ky63-1294/7/Rhn-03/3/Mr25-84/Att/Mari/Aths*3-02/6/Lignee527//Bahtim/DL71/3/Api/CM67//Mzq/5/Alanda-01/4/WI2291/3/Api/CM67//L2966-69	6
88	L98	Rhn-03/Eldorado/5/Rhn-03//Lignee527/NK1272/4/Lignee527/Chn-01/3/Alanda/6/Rhn-03/Eldorado/5/Rhn-03//Lignee527/NK1272/4/ Lignee527/Chn-01/3/Alanda	6
89	L99	Rihane-03/3/As46/Aths*2//Aths/Lignee686/6/Rhn-03/Eldorado/5/Rhn-03//Lignee527/NK1272/4/Lignee527/Chn-01/3/Alanda	6
90	L101	Run/4/Rhn-03/3/Mr25-84/Att/Mari/Aths*3-02/6/Arig8/Imperial/M7/3/Rt013/5/Aths/Lignee686/3/DeirAla106//Sv.Asa/Attiki/4/Cen/Bglo/S	6
91	L102	SLB21-81/SLB22-74//Soffet no.9	6
92	L103	Tadmor/Roho/Mazurka/3/Tadmor/5/Arig8/Imperial/M7/3/Rt013/4/Martin	6
93	L104	Zanbaka/H.spont.41-2/4/Arar/H.spont.19-15/Hml/3/H.spont.41-1/Tadmor/5/Zanbakian/7/Lignee527//Bahtim/DL71/3/Api/CM67	6
94	L105	//Mzq/5/Alanda-01/4/WI2291/3/Api/CM67//L2966-69/6/Lignee527/Chn-01//Arar/Rhn-03	6
95	L106	10HBSN26 // MADERA / UC937	6
96	L107	11HB13 // UC 1134/ UC 1047	6
97	L108	11HB13//UC1134/1047	6
98	L109	Atahualpa/ICNB93-369	6
99	L110	BF891M-617//Aths/Lignee 686/4/Ssn/Badia//Arar/3/Gloria'S//Copal'S	6
100	L111	Giza130/4/Alanda-01//Gerbel/Harma/3/Gloria'S/Celo'S//Teran78	6
101	L112	ISHI / 11HBSN44	6
102	L113	NB1054/Aleli//Gairdnaer/3/DD-21/WI3257	6
103	L114	TAMALPAIS / 11HBSN44	6
104	L115	UC 1047 / 11HB44	6
105	L116	UC 1134 / UC 1047	6
106	L117	UC1115 / 11HBSN44	6
107	L118	UC1134/11HB44	6
108	L119	WI3167/4/ALISO/Ci3909-2//HB602/3/MOLA/SHYRI//ARUPO*2/JET/5/NB1054/Aleli//Gairdnaer	6
109	L120	WI3167/6/ANCA/2469//TOJI/3/SHYRI/4/ATACO/5/ALELI/7/BKFMaguelone1604/3/Apro//Sv.02109/Mari/4/Giza119/5/Shyri	6
110	L121	WI3167/6/ANCA/2469//TOJI/3/SHYRI/4/ATACO/5/ALELI/7/Hml/Tadmor	6
111	L122	WI3167/6/ANCA/2469//TOJI/3/SHYRI/4/ATACO/5/ALELI/7/Hml/Tadmor	6
112	L123	شاهد Check	6
113	L124	شاهد Check	6
114	L125	شاهد Check	2
115	L126	شاهد Check	6
116	L127	شاهد Check	6
117	L128	شاهد Check	6
118	L129	شاهد Check	6
119	L130	شاهد Check	6
120	L131	شاهد Check	6
121	L132	شاهد Check	6
122	L133	شاهد Check	6
123	L134	شاهد Check	6
124	L135	شاهد Check	6
125	L136	شاهد Check	6
126	L137	شاهد Check	6
127	L138	شاهد Check	6
128	L139	شاهد Check	6
129	L140	شاهد Check	6
130	L141	شاهد Check	6
131	L142	شاهد Check	6
132	L143	شاهد Check	6
133	L144	شاهد Check	6
134	L145	شاهد Check	6
135	L146	شاهد Check	6
136	L147	شاهد Check	6
137	L148	شاهد Check	6
138	L149	شاهد Check	6
139	L150	شاهد Check	6
140	L151	شاهد Check	6
141	L152	شاهد Check	6
142	L153	شاهد Check	6
143	L154	شاهد Check	6
144	L155	شاهد Check	6
145	L156	شاهد Check	6
146	L157	شاهد Check	6
147	L158	شاهد Check	6
148	L159	شاهد Check	6
149	L160	شاهد Check	6
150	L161	شاهد Check	6
151	L162	شاهد Check	6
152	L163	شاهد Check	6
153	L164	شاهد Check	6
154	L165	شاهد Check	6
155	L166	شاهد Check	6
156	L167	شاهد Check	6
157	L168	شاهد Check	6
158	L169	شاهد Check	6
159	L170	شاهد Check	6
160	L171	شاهد Check	6
161	L172	شاهد Check	6
162	L173	شاهد Check	6
163	L174	شاهد Check	6
164	L175	شاهد Check	6
165	L176	شاهد Check	6
166	L177	شاهد Check	6
167	L178	شاهد Check	6
168	L179	شاهد Check	6
169	L180	شاهد Check	6
170	L181	شاهد Check	6
171	L182	شاهد Check	6
172	L183	شاهد Check	6
173	L184	شاهد Check	6
174	L185	شاهد Check	6
175	L186	شاهد Check	6
176	L187	شاهد Check	6
177	L188	شاهد Check	6
178	L189	شاهد Check	6
179	L190	شاهد Check	6
180	L191	شاهد Check	6
181	L192	شاهد Check	6
182	L193	شاهد Check	6
183	L194	شاهد Check	6
184	L195	شاهد Check	6
185	L196	شاهد Check	6
186	L197	شاهد Check	6
187	L198	شاهد Check	6
188	L199	شاهد Check	6
189	L200	شاهد Check	6
190	L201	شاهد Check	6
191	L202	شاهد Check	6
192	L203	شاهد Check	6
193	L204	شاهد Check	6
194	L205	شاهد Check	6
195	L206	شاهد Check	6
196	L207	شاهد Check	6
197	L208	شاهد Check	6
198	L209	شاهد Check	6
199	L210	شاهد Check	6
200	L211	شاهد Check	6
201	L212	شاهد Check	6
202	L213	شاهد Check	6
203	L214	شاهد Check	6
204	L215	شاهد Check	6
205	L216	شاهد Check	6
206	L217	شاهد Check	6
207	L218	شاهد Check	6
208	L219	شاهد Check	6
209	L220	شاهد Check	6
210	L221	شاهد Check	6
211	L222	شاهد Check	6
212	L223	شاهد Check	6
213	L224	شاهد Check	6
214	L225	شاهد Check	6
215	L226	شاهد Check	6
216	L227	شاهد Check	6
217	L228	شاهد Check	6
218	L229	شاهد Check	6
219	L230	شاهد Check	6
220	L231	شاهد Check	6
221	L232	شاهد Check	6
222	L233	شاهد Check	6
223	L234	شاهد Check	6
224	L235	شاهد Check	6
225	L236	شاهد Check	6
226	L237	شاهد Check	6
227	L238	شاهد Check	6
228	L239	شاهد Check	6
229	L240	شاهد Check	6
230	L241	شاهد Check	6
231	L242	شاهد Check	6
232	L243	شاهد Check	6
233	L244	شاهد Check	6
234	L245	شاهد Check	6
235	L246	شاهد Check	6
236	L247	شاهد Check	6
237	L248	شاهد Check	6
238	L249	شاهد Check	6
239	L250	شاهد Check	6
240	L251	شاهد Check	6
241	L252	شاهد Check	6
242	L253	شاهد Check	6
243	L254	شاهد Check	6
244	L255	شاهد Check	6
245	L256	شاهد Check	6
246	L257	شاهد Check	6
247	L258	شاهد Check	6
248	L259	شاهد Check	6
249	L260	شاهد Check	6
250	L261	شاهد Check	6
251	L262	شاهد Check	6
252	L263	شاهد Check	6
253	L264	شاهد Check	6
254	L265	شاهد Check	6
255	L266	شاهد Check	6
256	L267	شاهد Check	6
257	L268	شاهد Check	6
258	L269	شاهد Check	6
259	L270	شاهد Check	6
260	L271	شاهد Check	6
261	L272	شاهد Check	6
262	L273	شاهد Check	6
263	L274	شاهد Check	6
264	L275	شاهد Check	6
265	L276	شاهد Check	6
266	L277	شاهد Check	6
267	L278	شاهد Check	6
268	L279	شاهد Check	6
269	L280	شاهد Check	6
270	L281	شاهد Check	6
271	L282	شاهد Check	6
272	L283	شاهد Check	6
273	L284	شاهد Check	6
274	L285	شاهد Check	6
275	L286	شاهد Check	6
276	L287	شاهد Check	6
277	L288	شاهد Check	6
278	L289	شاهد Check	6
279	L290	شاهد Check	6
280	L291	شاهد Check	6
281	L292	شاهد Check	6
282	L293	شاهد Check	6
283	L294	شاهد Check	6
284	L295	شاهد Check	6
285	L296	شاهد Check	6
286	L297	شاهد Check	6
287	L298	شاهد Check	6
288	L299	شاهد Check	6
289	L300	شاهد Check	6
290	L301	شاهد Check	6
291	L302	شاهد Check	6
292	L303	شاهد Check	6
293	L304	شاهد Check	6
294	L305	شاهد Check	6
295	L306	شاهد Check	6
296	L307	شاهد Check	6
297	L308	شاهد Check	6
298	L309	شاهد Check	6
299	L310	شاهد Check	6
300	L311	شاهد Check	6
301	L312	شاهد Check	6
302	L313	شاهد Check	6
303	L314	شاهد Check	6
304	L315	شاهد Check	6
305	L316	شاهد Check	6
306	L317	شاهد Check	6
307	L318	شاهد Check	6
308	L319	شاهد Check	6
309	L320	شاهد Check	6
310	L321	شاهد Check	6
311	L322	شاهد Check	6
312	L323	شاهد Check	6
313	L324	شاهد Check	6
314	L325	شاهد Check	6
315	L326	شاهد Check	6
316	L327	شاهد Check	6
317	L		

جدول ۲- برآورد اجزای واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدودشده برای صفات مورفولوژیک
Table 2. Estimated variance components for morphological traits using the Restricted Maximum Likelihood (REML) method.

SIIG	Morphological traits صفات مورفولوژیک						Statistics	آماره‌ها
	TGW	GY	GFR	PLH	DMA	DHE		
0.927	0.60	0.84	0.91	0.96	0.66	0.84	Heritability Gen	وراثت‌پذیری ژنوتیپ‌ها
0	0.75	0.75	0.73	0.98	0.90	0.92	Heritability Check	وراثت‌پذیری شاهدها
0.013	8	972630	632.21	8.611	71.0	5.94	Genotype Variance	واریانس ژنوتیپ‌ها
0	10.84	131973	76.12	3.948	223.4	5.23	Check Variance	واریانس شاهدها
0.027	8.48	219396	1562	0.784	38.6	1.105	Avg Std Err (BLUP/BLUE)	خطای استاندارد میانگین (BLUP/BLUE)
0.045	3.24	611	11.234	0.828	8.545	1.506	Avg Std Err Difference Gen	اختلاف خطای استاندارد میانگین ژنوتیپ‌ها
0	2.68	295	7.46	0.45	7.19	0.96	Avg Std Err Difference Check	اختلاف خطای استاندارد میانگین شاهدها

DHE: Number of days to heading; DMA: Number of days to maturity; PLH: Plant height; TGW: Thousand-grain weight; GFR: Grain filling rate; GY: Grain yield

به جو شش‌ردیفه کاملاً منطقی است و با گزارشات سایر محققان هم مطابقت دارد (Le Gouie *et al.*, 1999؛ Shahmoradi, 2022). در این تحقیق، بیش از نیمی از ژنوتیپ‌ها، که بیشتر آن‌ها دوردیفه بودند، میانگین وزن هزار دانه بیشتری نسبت به هر چهار شاهد آزمایش داشتند (جدول ۲).

بیشترین مقدار سرعت پرشدن دانه به ترتیب در ژنوتیپ‌های شماره ۸۳، ۲۷، ۵۷، ۴۸، ۱، ۳، ۲۳، ۶۳، ۲۵، ۳۴، ۸۲، ۶۶، ۶۰، ۶۵ و ۶۸ با مقادیر ۱۹۶، ۱۸۲، ۱۷۸، ۱۷۴، ۱۷۲، ۱۶۵، ۱۶۴، ۱۶۱، ۱۵۶، ۱۵۱، ۱۴۸، ۱۴۷، ۱۴۵، ۱۴۴ و ۱۴۲ کیلوگرم در روز برآورد شد که از میانگین همه ژنوتیپ‌های شاهد بالاتر بود. کمترین مقادیر سرعت پرشدن دانه به ترتیب در ژنوتیپ‌های ۹۹، ۹۰، ۷۲، ۱۰۸، ۹۱، ۹۴ و ۷۶ با مقادیر ۴۶، ۴۶، ۴۸، ۵۰، ۵۴، ۶۱ و ۶۲ کیلوگرم در روز مشاهده شدند. از طرفی، میانگین سرعت پرشدن دانه در جوهای دوردیفه (۱۲۰/۷) کیلوگرم در هکتار) از میانگین سرعت پرشدن دانه در جوهای شش‌ردیفه (۱۱۰/۳) کیلوگرم در هکتار) بیشتر بود (جدول ۲).

نتایج نشان دادند که تعداد روز تا رسیدگی ژنوتیپ‌ها بین ۱۳۱ تا ۱۴۴ روز بود. از طرفی میانگین تعداد روز تا رسیدگی در جوهای دوردیفه ۱۳۹ روز و در جوهای شش‌ردیفه ۱۴۱ بود. بنا بر این، در مجموع جوهای دوردیفه کمی زودتر از جوهای شش‌ردیفه بودند (جدول ۲). یکی از چالش‌های مهم در برنامه‌های اصلاح نباتات، توجه به زودرسی ژنوتیپ‌ها است (Barati *et al.*, 2022). زودرسی به‌منظور فرار از تنش دمایی بالا به‌عنوان یک روش سازگار عالی در مناطقی که با گرمای انتهایی فصل مواجه هستند، مورد توجه است (Mondai *et al.*, 2016). زمان ظهور سنبله و رسیدگی از مهمترین صفات مرتبط با سازگاری ژنوتیپ‌های مختلف با محیط‌های خاص هستند که نقش مهمی در میزان عملکرد دانه گیاهان زراعی در مناطق تحت تنش دارند (Bavei *et al.*, 2011). دمای بالا ممکن است طول دوره‌های فنولوژیک را با کاهش دوره زندگی گیاه کاهش دهد، که در نتیجه آن تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا رسیدگی و دوره‌های پرشدن دانه کاهش می‌یابد و تأثیر منفی بر عملکرد دانه خواهد داشت (Nahar *et al.*, 2010). ژنوتیپ‌هایی که با تنظیم مراحل فنولوژیک و با رسیدگی زودتر، دوره‌ی پر شدن دانه را زودتر آغاز کنند، در دوره پرشدن دانه

نتایج مقایسه میانگین صفات مختلف ژنوتیپ‌های مورد بررسی با استفاده از روش LSD در سطح احتمال ۰/۰۵ در جدول ۲ ارائه شده‌اند. نتایج نشان دادند که دامنه عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها بین ۱۶۰۰ تا ۷۸۳۳ کیلوگرم در هکتار بود که بیانگر تفاوت چشمگیر میان ژنوتیپ‌ها به‌واسطه تنوع ژنتیکی بین آن‌ها است. بیشترین عملکرد دانه به‌ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های شماره ۹۳، ۶۴، ۳۱، ۵۴، ۲، ۴، ۳۸، ۷۱، ۲۶، ۷۶ و ۶۷ با مقادیر ۷۸۳۳، ۷۳۰۰، ۷۱۰۰، ۶۸۰۰، ۶۴۰۰، ۶۵۳۳، ۶۴۰۰، ۶۴۰۰، ۶۱۰ کیلوگرم و ۶۰۶۷ و ۶۰۳۳ کیلوگرم در هکتار بود. در این میان، اختلاف میانگین ژنوتیپ‌های شماره ۹۳، ۶۴، ۳۱، ۵۴ و ۲ نسبت به همه ژنوتیپ‌های شاهد معنی‌دار بود. همچنین، ژنوتیپ‌های شماره ۹۳، ۶۴، ۷۱، ۷۶ و ۶۷ شش‌ردیفه و ژنوتیپ‌های شماره ۳۱، ۵۴، ۲، ۴، ۳۸ و ۲۶ دوردیفه بودند. در مجموع، میانگین عملکرد دانه جوهای دوردیفه ۴۶۹۳ کیلوگرم در هکتار و میانگین عملکرد جوهای شش‌ردیفه ۴۴۲۴ بود. همچنین، ژنوتیپ‌های مورد بررسی شامل ۵۰ ژنوتیپ دوردیفه و ۶۲ ژنوتیپ شش‌ردیفه بودند که در این میان، نیمی از ژنوتیپ‌های دوردیفه (۲۵ ژنوتیپ) دارای عملکرد دانه بالاتر از متوسط کل (یعنی ۴۶۱۰ کیلوگرم در هکتار) و تنها ۲۲ ژنوتیپ شش‌ردیفه دارای عملکرد دانه بالاتر از متوسط کل بودند (جدول ۲). در مجموع، این اختلاف میانگین، پتانسیل بالای جوهای دوردیفه را در تولید ژنوتیپ‌های پر محصول نشان می‌دهد.

بیشترین و کمترین وزن هزار دانه به‌ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های شماره ۵۶ (۶۷/۱ گرم) و ۱۷ (۳۶/۲ گرم) بودند. بیشترین وزن هزار دانه در ژنوتیپ‌های دوردیفه مشاهده شد. در این میان، تعداد کمی از ژنوتیپ‌های شش‌ردیفه (مانند ژنوتیپ‌های شماره ۸۲ و ۷۴) دارای وزن هزار دانه بیشتر از ژنوتیپ‌های دوردیفه بودند. در مجموع، نتایج نشان دادند که میانگین وزن هزار دانه در ژنوتیپ‌های دوردیفه ۵۲/۶ گرم و در ژنوتیپ‌های شش‌ردیفه ۴۵/۸ گرم بود (جدول ۲). جو دوردیفه معمولاً با قابلیت پهنه‌زنی بیشتر و وزن هزار دانه بالاتر، تعداد دانه در سنبله کمتر را تعدیل می‌کند (Le Gouie *et al.*, 1999). از طرفی، وزن دانه در جو شش‌ردیفه، یکنواختی کمتری دارد، چرا که گلچه‌های جانبی در سنبله‌ها، دانه کوچکتری نسبت به گلچه‌های وسطی تولید می‌کنند (Maidl *et al.*, 1996). بنا بر این، وزن هزار دانه بیشتر در جو دوردیفه نسبت

۹۴، ۷۶، ۱۰۲، ۳۸، ۸۰ و ۸۶ به ترتیب با کمترین مقدار شاخص SIIG جزو ضعیف ترین ژنوتیپ ها در این تحقیق بودند. در ضمن، عملکرد دانه و سرعت پرشدن دانه در همه این ژنوتیپ ها از ژنوتیپ های شاهد و سایر ژنوتیپ ها پایین تر بودند. میانگین شاخص SIIG در ژنوتیپ های دوردیفه (۰/۴۹۰) بیشتر از میانگین ژنوتیپ های شش ردیفه (۰/۴۳۵) بود که این مطلب حاکی از پتانسیل ژنوتیپ های دوردیفه نسبت به ژنوتیپ های شش ردیفه است.

زالی و براتی (Zali & Barati, 2020) از شاخص SIIG برای دسته بندی و انتخاب برترین لاین های جو از بین ۱۰۸ لاین با استفاده از تعدادی از صفات مورفولوژیک استفاده نمودند. در نهایت، ۳۳ لاین جو را با استفاده از شاخص SIIG انتخاب و برای آزمایشات بعدی معرفی نمودند. آن ها روش SIIG را موثر در دسته بندی و تعیین فاصله بین لاین ها معرفی نمودند. کارایی انتخاب ژنوتیپ های برتر در سایر گیاهان مانند گندم دوروم (Najafi Mirak *et al.*, 2018)، چغندر قند (Mirzaei Haghighatnia and Hemayati, 2021)، آفتابگردان (Abdollahi Hesar *et al.*, 2020) و کلزا (Alhani, 2020) گزارش شده است.

کمتر در معرض عوامل نامساعد آخر فصل به ویژه گرما و خشکی قرار می گیرند و در نتیجه از عملکرد بالاتری برخوردار خواهند بود (Blum, 2005).

به منظور انتخاب ژنوتیپ های برتر از نظر عملکرد دانه و سایر صفات مورد بررسی از شاخص SIIG (Zali *et al.*, 2015; Zali *et al.*, 2023) استفاده شد. شاخص SIIG بر مبنای بالا بودن مقدار عملکرد دانه، وزن هزار دانه و سرعت پرشدن و از طرفی کمترین مقدار تعداد روز تا رسیدگی، تعداد روز تا گل دهی و ارتفاع بوته محاسبه شد. در جدول ۳، نتایج مقادیر شاخص SIIG نشان می دهند که بیشترین و کمترین مقادیر SIIG به ترتیب مربوط به ژنوتیپ های شماره ۵۷ (۰/۷۵۴) و ۹۹ (۰/۱۳۵) هستند. این مقدار اختلاف شاخص SIIG نشان از تنوع موجود بین ژنوتیپ ها از نظر صفات مورد بررسی دارد. در مجموع، ژنوتیپ های شماره ۵۷، ۸۳، ۴۸، ۲۷، ۲۳، ۱، ۳، ۶۳، ۳۴، ۶۶، ۶۵، ۲۵، ۱۲، ۶۸ و ۶۰ با بیشترین مقدار SIIG (بیشتر از ۰/۶) جزو ژنوتیپ های برتر در این تحقیق بودند. در ضمن، عملکرد دانه و سرعت پرشدن دانه در این ژنوتیپ ها از سایر ژنوتیپ ها و همچنین ژنوتیپ های شاهد بالاتر بودند. از طرفی، ژنوتیپ های شماره ۹۹، ۷۲، ۹۰، ۱۰۸، ۹۲، ۹۱

جدول ۳- مقایسه میانگین صفات مورفولوژیک و شاخص SIIG در ژنوتیپ های دوردیفه و شش ردیفه و ژنوتیپ های شاهد جو

Table 3. Mean comparisons of morphological traits and the SIIG index in two-row and six-row barley genotypes

شماره ژنوتیپ ها Genotype no.	کد ژنوتیپ ها Genotype code	صفات مورفولوژیک Morphological traits							SIIG
		GFP	GY	TGW	DHE	DMA	PLH	RT	
1	L2	165	6600	49.2	99	111	139	2	0.697
2	L3	107	4267	56.3	100	107	140	2	0.452
3	L4	172	6533	50.3	100	118	138	2	0.695
4	L5	111	4333	58.0	99	128	138	2	0.442
5	L6	139	5433	42.7	99	117	138	2	0.547
6	L7	97	3300	48.9	108	108	142	2	0.342
7	L8	112	4833	47.7	98	95	141	2	0.493
8	L9	113	4767	48.3	101	65	143	2	0.533
9	L11	117	4800	60.4	100	123	141	2	0.498
10	L12	104	3933	50.2	99	124	137	2	0.380
11	L13	126	4933	47.8	99	103	138	2	0.522
12	L14	135	5533	49.3	99	72	140	2	0.626
13	L15	129	5300	43.9	100	80	141	2	0.571
14	L16	121	4367	49.2	102	115	138	2	0.458
15	L17	139	5567	48.0	99	110	139	2	0.583
16	L18	133	5067	55.6	99	105	137	2	0.568
17	L19	88	3433	67.1	98	111	137	2	0.397
18	L21	117	4667	49.8	101	108	141	2	0.480
19	L22	80	3200	55.5	100	113	140	2	0.317
20	L23	142	5267	52.8	100	99	137	2	0.604
21	L24	128	4867	52.9	97	110	135	2	0.528
22	L25	106	3933	58.7	101	105	138	2	0.440
23	L26	165	6100	55.8	101	104	138	2	0.708
24	L27	101	4133	44.1	101	114	142	2	0.381
25	L28	161	5800	56.8	98	126	134	2	0.643
26	L29	95	3600	56.1	97	125	135	2	0.358
27	L31	182	7100	45.8	104	115	143	2	0.717
28	L32	104	3967	56.4	99	104	137	2	0.432
29	L33	127	4833	56.8	99	105	137	2	0.542
30	L34	138	5400	51.8	101	125	140	2	0.557
31	L35	132	5533	51.5	100	122	142	2	0.555
32	L36	93	3533	50.6	100	114	138	2	0.344
33	L37	93	3700	60.5	101	138	141	2	0.360
34	L38	156	6400	52.2	99	125	140	2	0.653
35	L39	83	3467	57.0	99	122	141	2	0.331
36	L41	88	3267	46.1	105	114	142	2	0.299
37	L42	124	5067	52.4	100	124	141	2	0.507
38	L43	72	2800	52.3	102	122	141	2	0.250
39	L44	104	4067	58.1	104	125	143	2	0.411
40	L45	103	3800	59.0	96	121	133	2	0.405
41	L46	139	5267	54.0	101	133	139	2	0.545
42	L47	111	4567	50.0	102	108	143	2	0.459
43	L48	123	4433	41.3	103	127	139	2	0.429
44	L49	132	4500	51.4	103	134	137	2	0.473
45	L51	115	4033	62.7	97	130	132	2	0.447
46	L52	109	4667	53.3	98	112	141	2	0.466
47	L53	88	3533	53.4	99	112	139	2	0.346
48	L54	174	6800	50.4	99	115	138	2	0.718
49	L55	119	4633	52.9	99	112	138	2	0.487
50	L56	111	4333	50.6	104	94	143	6	0.467
51	L57	117	4667	48.1	104	93	144	6	0.497
52	L58	112	4367	44.6	105	80	144	6	0.476
53	L59	116	4633	45.3	103	98	143	6	0.477
54	L61	118	4500	42.6	101	105	139	6	0.456
55	L62	133	5200	45.9	103	110	142	6	0.537
56	L63	113	4733	36.2	100	96	142	6	0.457

شماره ژنوتیپها Genotype no.	کد ژنوتیپها Genotype code	صفات مورفولوژیک Morphological traits							SIIG
		GFP	GY	TGW	DHE	DMA	PLH	RT	
57	L64	178	7300	45.1	100	95	141	6	0.754
58	L65	119	4533	46.7	100	102	138	6	0.477
59	L66	107	4167	40.9	104	100	143	6	0.411
60	L67	147	6033	38.7	97	97	138	6	0.613
61	L68	134	5633	44.2	99	87	141	6	0.595
62	L69	123	4933	43.4	102	80	142	6	0.532
63	L71	164	6400	46.3	105	113	144	6	0.666
64	L72	133	5200	47.2	104	101	143	6	0.554
65	L73	145	5800	49.2	104	86	144	6	0.647
66	L74	148	5900	52.8	104	103	144	6	0.648
67	L75	102	4400	47.2	100	113	143	6	0.411
68	L76	144	6067	46.0	99	105	141	6	0.624
69	L77	135	5267	42.6	101	104	140	6	0.546
70	L78	102	4500	43.1	94	90	138	6	0.446
71	L79	94	3933	37.0	99	105	141	6	0.353
72	L81	48	1967	40.2	99	116	140	6	0.149
73	L82	104	4367	45.0	98	118	140	6	0.401
74	L83	125	5267	57.2	100	127	142	6	0.531
75	L84	98	4100	46.6	100	102	142	6	0.399
76	L85	62	2600	47.9	99	113	141	6	0.223
77	L86	116	5000	47.4	97	107	140	6	0.495
78	L87	121	4733	46.2	99	118	138	6	0.470
79	L88	136	5433	46.8	97	117	137	6	0.554
80	L89	83	3233	43.1	102	120	141	6	0.267
81	L91	100	3900	46.8	98	135	137	6	0.344
82	L92	151	5300	61.0	98	135	133	6	0.588
83	L93	196	7833	50.9	100	133	140	6	0.730
84	L94	133	5467	45.8	100	113	141	6	0.550
85	L95	138	5367	46.0	99	119	138	6	0.548
86	L96	73	3133	46.8	101	108	144	6	0.275
87	L97	115	4700	43.0	101	100	142	6	0.470
88	L98	136	5700	49.1	98	115	140	6	0.579
89	L99	97	3967	49.7	99	128	140	6	0.357
90	L101	46	1933	48.4	100	125	142	6	0.156
91	L102	54	2200	54.6	98	125	139	6	0.208
92	L103	68	2600	42.4	105	125	143	6	0.181
93	L104	100	4000	39.3	100	109	140	6	0.368
94	L105	61	2433	41.2	99	107	139	6	0.208
95	L106	97	3600	44.8	100	109	137	6	0.349
96	L107	85	3333	43.0	99	98	138	6	0.323
97	L108	138	5367	43.8	102	133	141	6	0.519
98	L109	98	4100	42.8	101	117	143	6	0.364
99	L111	46	1600	49.3	96	145	131	6	0.135
100	L112	113	4867	40.1	101	115	144	6	0.446
101	L113	122	5233	41.0	101	118	144	6	0.488
102	L114	70	2867	42.0	103	106	144	6	0.245
103	L115	119	4767	42.3	104	125	144	6	0.444
104	L116	83	3567	41.4	100	119	143	6	0.287
105	L117	101	3533	49.6	96	150	131	6	0.321
106	L118	122	4400	51.5	96	114	132	6	0.474
107	L119	106	4033	54.8	102	150	140	6	0.375
108	L120	50	2033	46.2	102	116	143	6	0.170
109	Armaghan	117	4778	45.3	103	130	143	6	0.442
110	Rihan 03	127	5078	49.0	102	128	142	6	0.499
111	Furat 03	93	3811	48.8	98	95	139	2	0.390
112	V Morales	134	5367	38.7	101	110	141	6	0.521
میانگین جوهای دور ردیفه	Mean of two-row barley	120.7	4693	52.6	100.1	113.4	139	2	0.490
میانگین جوهای شش ردیفه	Mean of six-row barley	110.3	4424	45.8	100.4	111.6	141	6	0.435
میانگین ژنوتیپها	Mean genotypes	102.1	4610	47.5	100.3	112.9	140.2		0.398
میانگین شاهد برای LSD	Mean check	105.7	4713	46.8	100.8	116.5	140.9		0.403
ژنوتیپها برای LSD	LSD for genotypes	22.25	1210	6.42	2.98	16.93	1.64		0.09
ژنوتیپها برای LSD	LSD for checks	14.77	585	5.30	1.90	14.23	0.90		-

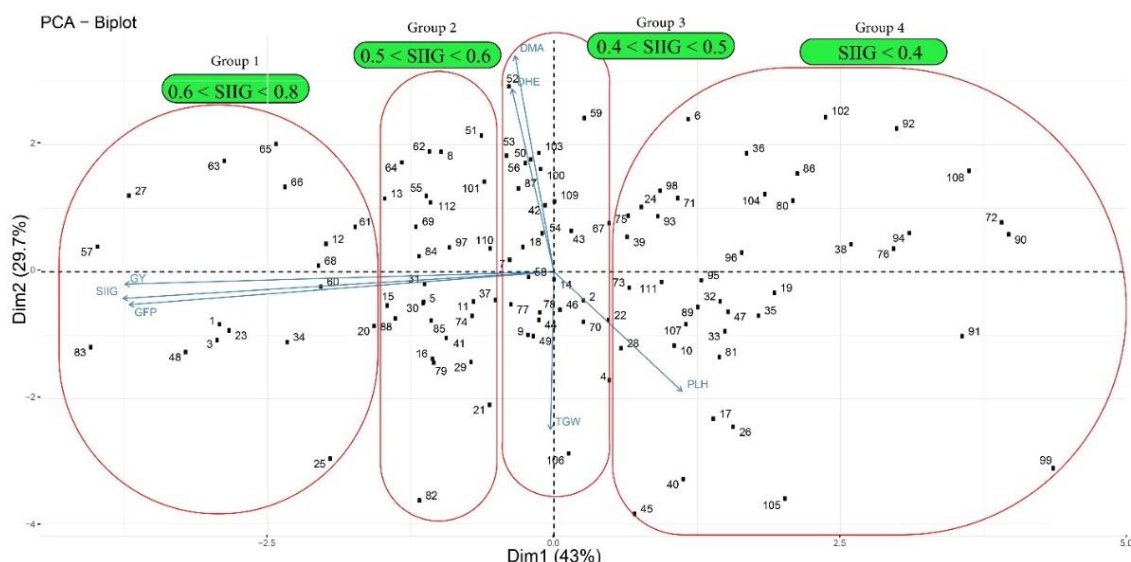
DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TGW: وزن هزار دانه؛ GFR: سرعت پرشدن دانه؛ GY: عملکرد دانه؛ RT: تعداد ردیف
DHE: Number of days to heading; DMA: Number of days to maturity; PLH: Plant height; TGW: Thousand-grain weight; GFR: Grain filling rate; GY: Grain yield; RT: Row type

دانه و سرعت پرشدن دانه بیشترین همبستگی را با شاخص SIIG داشتند (شکل ۲). بنابراین، در شرایط این تحقیق، شاخص SIIG ژنوتیپها را بیشتر بر اساس مقدار بالای عملکرد دانه و سرعت پرشدن دانه رتبه‌بندی نموده‌است. بر اساس نتایج PCA، ژنوتیپها در چهار گروه قرار گرفتند. گروه اول شامل ژنوتیپهایی بودند که مقدار شاخص SIIG آنها بزرگتر از ۰/۶ و کوچکتر از ۰/۸ بود. ژنوتیپهای شش ردیفه در این گروه شامل ژنوتیپهای شماره ۵۷، ۸۳، ۶۳، ۶۶، ۲۵، ۶۸، ۶۰ و ۶۱ بودند و ژنوتیپهای دور ردیفه این گروه شامل ژنوتیپهای شماره ۴۸، ۲۷، ۲۳، ۱، ۳، ۳۴، ۲۵، ۱۲ و ۲۰

به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپها با استفاده از شاخص SIIG و بررسی ارتباط صفات مورد بررسی از روش تجزیه به مولفه‌های اصلی (PCA) استفاده شد. اولین و دومین مولفه به‌ترتیب ۴۳/۰ و ۲۹/۷ درصد تغییرات ارتباط بین صفات و دسته‌بندی ژنوتیپها را توجیه نمودند. در مولفه اول، شاخص SIIG و صفات عملکرد دانه (GY) و سرعت پرشدن دانه (GFP) به‌ترتیب بیشترین سهم را داشتند و صفات تعداد روز تا رسیدگی (DMA)، تعداد روز تا گل‌دهی (DHE)، وزن هزار دانه (TGW) و ارتفاع بوته (PLH) به‌ترتیب دارای بیشترین سهم در دومین مولفه بودند. نتایج PCA نشان دادند که عملکرد

این گروه شامل ژنوتیپ‌های شماره ۵۱، ۷۷، ۱۰۱، ۵۸، ۵۳، ۵۲، ۱۰۶، ۴۴، ۷۸، ۵۰، ۵۶، ۵۴، ۷۰، ۱۰۰، ۱۰۳، ۱۰۹، ۶۷، ۵۹، ۳۹ و ۷۳ بودند و ژنوتیپ‌های شماره ۹، ۷، ۴۹، ۱۸، ۸۷، ۴۶، ۴۲، ۱۴، ۲، ۴۵، ۴، ۲۲، ۲۸، ۴۳ و ۴۰ جزو ژنوتیپ‌های دوردیفه این گروه بودند. گروه چهارم مربوط به ژنوتیپ‌هایی بود که مقدار شاخص SIIG آن‌ها کمتر از ۰/۴ بود. از ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌های این گروه می‌توان به ژنوتیپ‌های شماره ۹۹، ۷۲، ۹۰، ۱۰۸، ۹۲، ۹۱ و ۹۴ اشاره کرد (شکل ۱).

بودند. ژنوتیپ‌هایی که مقدار شاخص SIIG آن‌ها بین ۰/۵ تا ۰/۶ بود در گروه دو قرار داشتند. ژنوتیپ‌های شماره ۸۲، ۸۸، ۶۴، ۷۹، ۸۴، ۸۵، ۶۹، ۵۵، ۶۲، ۷۴، ۱۱۲، ۹۷ و ۱۱۰ جزو ژنوتیپ‌های شش‌دیفه بودند و در گروه دو قرار داشتند و ژنوتیپ‌های دوردیفه گروه دو شامل ژنوتیپ‌های ۱۵، ۱۳، ۱۶، ۳۰، ۳۱، ۵، ۴۱، ۲۹، ۸، ۲۱، ۱۱ و ۳۷ بودند. ژنوتیپ‌های گروه سه شامل ژنوتیپ‌هایی بودند که مقدار شاخص SIIG آن‌ها بزرگ‌تر از ۰/۴ و کوچک‌تر از ۰/۵ بود. ژنوتیپ‌های شش‌دیفه



شکل ۲- بای‌پلات تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص SIIG در ژنوتیپ‌های جو.
Figure 2. (A) The biplot of principal component analysis and grouping of genotypes based on the SIIG index in barley genotypes.

DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع پوت؛ TGW: وزن هزار دانه؛ GFR: سرعت پرشدن دانه؛ GY: عملکرد دانه؛ Grain yield

بالای ۰/۶) جزو ژنوتیپ‌های برتر در این بررسی بودند و می‌توان از آن‌ها برای انجام آزمایشات تکمیلی مانند آزمایشات مقدماتی مقایسه عملکرد استفاده نمود. همچنین، ژنوتیپ‌های گروه چهار (با مقادیر پایین‌تر از ۰/۴) جزو ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد بررسی مخصوصاً صفات عملکرد دانه و سرعت پرشدن دانه بودند. در ضمن، شاخص SIIG روش مناسبی برای بررسی تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی بود. از طرفی، شاخص SIIG ابزاری مناسب برای غربال اولیه ژنوتیپ‌ها در آزمایشات مقایسه عملکرد با استفاده از صفات مختلف است. همچنین، انطباق بالایی بین نتایج شاخص SIIG و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی مشاهده شد.

سپاسگزاری

پژوهش حاضر حاصل نتایج پروژه مصوب موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر به شماره ۰۰۸۴۶-۰۰۱-۱۲۱-۰۳-۰۳ است. نویسندگان مقاله از موسسه مزبور به دلیل حمایت‌های مالی و معنوی در اجرای پروژه فوق و همچنین همکاران ایستگاه داراب که در اجرای این پروژه یاری نمودند، کمال تشکر و قدردانی را دارند.

امامی و همکاران (Emami et al., 2019) به‌منظور بررسی تحمل تنش اسمزی در لاین‌های پیشرفته گندم دوروم از شاخص SIIG استفاده کردند و بیان نمودند که نتایج شاخص SIIG با نتایج تجزیه خوشه‌ای انطباق بالایی داشت. شیرزاد و همکاران (Shirzad et al., 2022) در بررسی ژنوتیپ‌های امیدبخش جو با استفاده از شاخص SIIG بیان نمودند که یک انطباق نسبی بین شاخص SIIG و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی وجود داشت.

نتایج نشان دادند که در مجموع میانگین عملکرد دانه، وزن هزار دانه و سرعت پرشدن دانه در ژنوتیپ‌های دوردیفه بیشتر از ژنوتیپ‌های شش‌دیفه بود. در ضمن، شاخص SIIG در ژنوتیپ‌های دوردیفه (۰/۴۹۰) بیشتر از میانگین ژنوتیپ‌های شش‌دیفه (۰/۴۳۵) بود که این مطلب حاکی از پتانسیل بالای ژنوتیپ‌های دوردیفه نسبت به ژنوتیپ‌های شش‌دیفه است.

نتیجه‌گیری کلی

نتایج این تحقیق نشان از تنوع ژنتیکی بالایی بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی دارند، به‌طوری که ژنوتیپ‌ها بر مبنای شاخص SIIG و PCA در چهار گروه دسته‌بندی شدند. بر اساس نتایج PCA، ژنوتیپ‌های گروه یک (با مقادیر SIIG

References

- Amiri, R., Rostami-Ahmadvandi, H., & Sayyahfar, M. (2023). Evaluation of the genetic variation of oil-rich camelina advanced lines under rainfed conditions. *Journal of Crop Breeding*, 15(47), 152-164. <https://doi.org/10.52547/jcb.15.47.152>. [In Persian]
- 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]
- Barati, A., Zali, H., Koohkan, Sh., Marzoqian, A., & Golipor, A. (2022). Evaluation of the application of SIIG index in the selection of barley pure lines with high yield and desirable agronomic characteristics in warm areas of Iran. *Environmental Stresses in Crop Science*, 15(3), 801-815. <https://doi.org/20.1001.1.22287604.1401.15.3.18.6>. [In Persian]
- Bavei, V., Vaezi, B., Abdipour, M., Kamali, M.R.J., & Roustaii, M. (2011). Screening of tolerant spring barleys for terminal heat stress: Different importance of yield components in barleys with different row type. *International Journal of Plant Breeding and Genetic*, 5, 175-193. <https://doi.org/10.3923/ijpb.2011.175.193>
- Blum, A. (2005). Drought resistance, water-use efficiency, and yield potential: Are they compatible, dissonant, or mutually exclusive? *Australian Journal of Agricultural Research*, 56, 1159-1168. <https://doi.org/10.1071/AR05069>
- 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. <https://doi.org/10.22059/IJFCS.2021.298388.654691>. [In Persian]
- Golestani, M. (2024). Selection index of ideal genotype (SIIG) in order to evaluate drought stress tolerance in some sunflower cultivars. *Journal of Crop Breeding*, 15(48), 31-39. <https://doi.org/10.61186/jcb.15.48.31>. [In Persian]
- Hadado, T., Rau, D., Bitocchiani, E., & Pado, R. (2009). Genetic diversity of barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces from the central highlands of Ethiopia: comparison between the Belg and Meher growing seasons using morphological traits. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 56, 1131-1148. <https://doi.org/10.1007/s10722-009-9437-z>
- 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]
- Jalata, Z., Ayana, A., & Zeleke, H. (2011). Variability, heritability and genetic advance for some yield and yield related traits in Ethiopian barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces and crosses. *International Journal of Plant Breeding and Genetics*, 5(1), 44-52. <https://doi.org/10.3923/ijpb.2011.44.52>
- Kassambara, A., & Mundt, F. (2020). Factoextra: extract and visualize the results of multivariate data analyses. R Package Version 1.0.7.
- Le Gouis, J. (1992). A comparison between two-and six-row winter barley genotypes for above-ground dry matter production and distribution. *Agronomy*, 12(2), 163-171.
- Maidl, F. X., Panse, A., Dennert, J., Ruser, R., & Fischbeck, G. (1996). Effect of varied N rates and N timings on yield, N uptake and fertilizer N use efficiency of a six-row and a two-row winter barley. *Journal of Agronomy*, 5, 247-257. [https://doi.org/10.1016/S1161-0301\(96\)02023-0](https://doi.org/10.1016/S1161-0301(96)02023-0)
- Martin, J.M., Blake, T.K., & Hockett, E.A. (1991). Diversity among North American spring barley cultivars based on coefficients of parentage. *Crop Science*, 31, 1131-1137. <https://doi.org/10.2135/cropsci1991.0011183X003100050009x>
- Mohammadi, S. A., & Prasanna, B. M. (2003). Analysis of genetic diversity in crop plants- Salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, 43, 1235-1248. <https://doi.org/10.2135/cropsci2003.1235>
- Nahar, K., Ahamed, K. U., & Fujita, M. (2010). Phenological variation and its relation with yield in several wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars under normal and late sowing mediated heat stress condition. *Notulae Scientia Biologicae*, 2, 51-56. <https://doi.org/10.15835/nsb.2.3.4723>
- 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. *Bioinformatics*, 1-22. <https://doi.org/10.1101/2020.07.23.217778>
- Pour-Aboughadareh, A., Barati, A., Gholipour, A., Zali, H., Marzoghian, 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 Breeding and Biotechnology*, 26, 547-562. <https://doi.org/10.1007/s12892-023-00199-z>
- Resende, M.D.Vd. (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. *Global Change Biology Bioenergy*, 10(1), 52-60. <https://doi.org/10.1111/gcbb.12443>

- Rodríguez, F., Alvarado, G., Pacheco, Á., & Burgueño, J. (2017). ACBD-R. Augmented complete block design with R for windows. Version 3.0. <https://hdl.handle.net/11529/10855>. CIMMYT Research Data & Software Repository Network.
- Sabzi, Z., Fazeli, A., & Vaezi, B. (2024). Application of drought tolerance indices for grouping advanced barley cultivars and lines. *Journal of Crop Breeding*, 15(48), 189-200. <https://doi.org/10.61186/jcb.15.48.189>. [In Persian]
- Sadat Hashemi, P., Mohammadi, A., Alizadeh, B., Mostafavi, K., & Amiri Oghan, H. (2023). Simultaneous selection of oil yield and other agronomic characteristics in winter rapeseed hybrids. *Journal of Crop Breeding*, 15(45), 60-68. <https://doi.org/10.61186/jcb.15.45.60>. [In Persian]
- Shahmoradi, S., Shafaoddin, S., & Yousefi, A. (2011). Phenotypic diversity of arid- zone ecotypes in barley collection of national plant gene bank of Iran. *Seed and Plant Improvement Journal*, 1(4), 495-515. <https://doi.org/10.22092/SPIJ.2017.111079>. [In Persian]
- Shahmoradi Sh. (2022). Analysis of traits of two-row and six-row barley with emphasis on climatic conditions of origin. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 52(4), 35-44. <https://doi.org/10.22059/IJFCS.2020.292355.654657>. [In Persian]
- Shirzad, A., Asghari, A., Zali, H., Sofalian, O., & Mohammaddoust Chamanabad, H. (2022). 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, A.B., Cullis, B.R., & Thompson, R. (2005). The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: An overview of current mixed model approaches. *Journal of Agriculture Science*, 143(1), 449-462. <https://doi.org/10.1017/S0021859605005587>
- Vanda, M., Hekmat, M., & Alishah, O. (2022). Investigation of genetic diversity and identification of superior cotton cultivars (*Gossypium Hirsutum* L.) using SIIG index. *Journal of Crop Breeding*, 14(44), 181-189. <https://doi.org/10.52547/jcb.14.44.181>
- Zali, H., & A. Barati. (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., Jabari, M. (2021). Evaluation of variation at barley inbred lines (*Hordeum vulgare* L.) using SIIG index. *Journal of Crop Breeding*, 13(39), 179-194. <https://doi.org/10.52547/jcb.13.39.179>. [In Persian]
- Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asghari, A., & Hoseini, S. M. (2015). Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method. *Biological Forum – An International Journal*, 7(2), 703-711.
- Zali, H., Barati, A., & Pour-Aboughadareh, A. (2023a). 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., Barati, A., Pour-Aboughadareh, A., Gholipour, A., Koohkan, S., Marzoghiyan, A., Bocianowski, J., Bujak, H., & Nowosad, K. (2023b). Identification of superior barley genotypes using selection index of ideal genotype (SIIG). *Plants*, 12, 1843. <https://doi.org/10.3390/plants12091843>