Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 18, Issue 3, 2026 p: 29-42

OPEN ACCESS

Research Paper

Selection of Superior Durum Wheat (*Triticum turgidum* L.) Genotypes Based on Yield and Some Agronomic Traits Using the Selection Index of Ideal Genotype (SIIG) and a Genotype × Trait Biplot (GT)

Mahnaz Rahmati[1], Reza Mohammadi[2], and Mahmood Nasrollahi [3]

1- Assistant Professor, Department of Agricultural and Horticultural Research, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Khorramabad, Iran, (Corresponding author: m.ghaedrahmati@areeo.ac.ir)
2- Associate Professor, Sararood Branch, Dryland Agricultural Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Kermanshah, Iran
3- Instructor of the Plant Protection Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Borujerd, Iran

Received: 10 December, 2025 Revised: 25 April, 2026 Accepted: 11 May, 2026

Extended Abstract

Background: In wheat breeding programs, breeders need to increase productivity and increase wheat tolerance to multiple stresses by developing new genotypes with improved traits, including high yield and tolerance to multiple stresses. Genotype selection is an important step in breeding programs aiming to identify superior genotypes with high yield and desirable agronomic traits. Therefore, it is essential to use effective and efficient selection techniques that can classify genotypes based on multiple traits. The SIIG (Selection Index of Ideal Genotype) is one of the indicators for selecting superior genotypes in terms of performance and various traits simultaneously. GT biplot analysis examines the relationship between genotypes and traits and evaluates genotypes based on multiple traits. In this study, 21 durum wheat genotypes, along with four control cultivars, were evaluated based on the SIIG index and the GT method. This study aimed to rank genotypes and select superior genotypes based on the SIIG index and identify relationships between traits. The results of this study will help identify suitable durum wheat genotypes for rainfed conditions and use them for future breeding programs or as candidate lines for cultivar introduction.

Methods: In this study, 21 selected lines from the wheat breeding programs of the Rainfed Agricultural Research Institute and submitted by the ICARDA International Research Center, along with four control cultivars (Saji, Zahab, Dehdasht, and Saverz), were evaluated at the Sarab Changaei Research Station in Khorramabad County for two cropping years, 2020-2022. The genotypes were evaluated in a randomized complete block design with three replications under dryland conditions. Data related to phenological and morphological traits were recorded and measured during the growing season and after harvest. In this study, all evaluated traits were analyzed by analysis of variance (ANOVA), and the means of genotypes were compared using the LSD method. Correlation analysis was performed using Pearson's method. The best genotypes in terms of yield and other agronomic traits were selected using the SIIG index and a genotype × trait biplot (GT). Cluster analysis method was used to group the studied genotypes. GGEBiplot was used for the biplot analysis of the genotype × trait. Data were grouped using cluster analysis with SPSS software. The correlation between traits was calculated by Pearson's method using R software (GGALLY package). The SIIG was calculated in Excel.

Results: The results of ANOVA showed significant differences between the genotypes for days to heading and days to maturity, plant height, spike length, peduncle length, the number of spikelets per spike, the number of grains per spike, grain weight per spike, and thousand-kernel weight. This indicates genetic diversity among the genotypes for the evaluated traits. The highest grain yields were obtained for genotypes G8, G10, and G22, with average values of 3522, 3362, and 3258 kg/ha, respectively. The correlation results of traits revealed a positive and highly significant correlation between grain yield and grain filling rate (r = 0.90**). The SIIG index was positively and significantly correlated with peduncle length (r = 0.63**), grain weight per spike (r = 0.54**), grain yield (r = 0.48*), and thousand-kernel weight (r = 0.41*). The results of the SIIG index showed that G8 and G16 were the best genotypes with the highest SIIG index values of 0.62 and 0.61, respectively. G14 with the lowest index value (0.32) was the weakest genotype

Copyright ©2026. Rahmati et al. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 Unported License, which allows users to read, copy, distribute, and make derivative works for non-commercial purposes from the material, as long as the author of the original work is cited properly.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1631]

for the evaluated traits. In cluster analysis, the genotypes were divided into three groups, and the high-yielding genotypes G8, G10, G16, and G22 were placed in Group 1. The genotypes of the third group produced the lowest grain yield and the other agronomic traits. Based on the GT biplot results, genotypes G4, G8, G10, G11, and G22 were the best for grain yield. The mentioned genotypes produced high 1000-kernel weight, panicle length, peduncle length, plant height, and grain-filling period.

Conclusion: Based on the results obtained from the mean comparison, SIIG index, and GT biplot, the G8 genotype is recommended for use in breeding programs or as a promising line for the cultivar introduction program. According to the positive and highly significant correlation between grain yield and grain filling rate, the latter trait is suggested as a valuable marker for identifying high-yielding durum wheat genotypes.

Keywords: Cluster analysis, Correlation heat map, Grain yield, Multi-trait selection

How to Cite This Article: Rahmati, M., Mohammadi, R., & Nasrollahi, M. (2026). Selection of Superior Durum Wheat (*Triticum turgidum* L.) Genotypes Based on Yield and Some Agronomic Traits Using the Selection Index of Ideal Genotype (SIIG) and a Genotype × Trait Biplot (GT). *J Crop Breed*, 18(3), 29-42. DOI: 10.66224/jcb.2026.1631

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1631]

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

مقاله پژوهشی

گزینش ژنوتیپ‌های برتر گندم دوروم (*Triticum turgidum* L.) برای عملکرد و برخی صفات زراعی با استفاده از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) و بای‌پلات ژنوتیپ × صفت (GT)

مهناز رحمتی[۱]، رضا محمدی[۲] و محمود نصرالهی[۳]

۱- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران، (نویسنده مسوول: m.ghaedrahmati@areeo.ac.ir)

۲- دانشیار پژوهش، معاونت سرارود، موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه، ایران

۳- مربی، بخش تحقیقات گیاهپزشکی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، بروجرد، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۹/۱۹ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۵/۰۲/۰۵ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۲/۲۱
صفحه ۲۹ تا ۴۲

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: در برنامه‌های اصلاحی گندم، به‌نژادگران ملزم به افزایش بهره‌وری و افزایش تحمل گندم در برابر تنش‌های متعدد از طریق توسعه ژنوتیپ‌های جدید با خصوصیات بهبود یافته شامل عملکرد بالا و تحمل به تنش‌های متعدد هستند. انتخاب ژنوتیپ یک گام مهم در برنامه‌های به‌نژادی با هدف شناسایی ژنوتیپ‌های برتر، با عملکرد بالا همراه با صفات زراعی مطلوب است. بنابر این، استفاده از تکنیک‌های انتخاب مؤثر و کارا که بتوانند بر اساس چندین صفت ژنوتیپ‌ها را طبقه‌بندی نمایند، ضروری است. شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) یکی از شاخص‌های انتخاب ژنوتیپ برتر از نظر عملکرد و صفات مختلف به‌طور همزمان است. همچنین، تجزیه بای‌پلات ژنوتیپ × صفت (GT) به بررسی ارتباط بین ژنوتیپ و صفت و ارزیابی ژنوتیپ‌ها بر اساس چندین صفت می‌پردازد. در این مطالعه، ۲۱ ژنوتیپ گندم دوروم همراه با چهار رقم شاهد بر اساس شاخص SIIG و روش GT مورد ارزیابی قرار گرفتند. هدف این مطالعه، رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بر اساس شاخص SIIG و شناسایی روابط بین صفات بود. نتایج این مطالعه به ما کمک می‌کنند تا ژنوتیپ‌های مناسب گندم دوروم در شرایط دیم شناسایی و برای برنامه‌های اصلاحی آینده و یا به‌عنوان لاین‌های کاندیدا برای معرفی رقم استفاده شوند.

مواد و روش‌ها: در این پژوهش، ۲۱ لاین گزینشی از برنامه‌های به‌نژادی گندم مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم و ارسالی از مرکز تحقیقات بین‌المللی ایکاردا به‌همراه چهار رقم شاهد (ساجی، ذهاب، دهدشت و ساورز) در ایستگاه تحقیقات سراب چنگایی شهرستان خرم‌آباد به‌مدت دو سال زراعی (۱۳۹۹-۱۴۰۱) ارزیابی شدند. ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در شرایط دیم ارزیابی شدند. در طول فصل رشد و پس از برداشت، داده‌های مربوط به صفات فنولوژیکی و مورفولوژیکی ثبت و اندازه‌گیری شدند. در این مطالعه، کلیه صفات مورد ارزیابی تجزیه واریانس و مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها به روش LSD انجام شد. تجزیه همبستگی به روش پیرسون انجام پذیرفت. به‌منظور گزینش بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد و سایر صفات زراعی از شاخص SIIG و روش GT و برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از روش تجزیه خوشه‌ای استفاده شد. برای محاسبه شاخص SIIG از نرم‌افزار Excel، برای تجزیه خوشه‌ای از نرم‌افزار SPSS، تجزیه همبستگی (استفاده از بسته تجزیه GGALLY) از نرم‌افزار R و دیاگرام بای‌پلات GT از نرم‌افزار GGE-biplot ver.6.3 استفاده شد.

یافته‌ها: نتایج تجزیه واریانس نشان دادند که بین ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی از نظر روز تا سنبله‌دهی و روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، طول سنبله، طول ریشک، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، وزن هزار دانه تفاوت‌های معنی‌داری وجود داشتند. این امر بیانگر تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد نظر است. بیشترین عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های G8، G10 و G22 به‌ترتیب با میانگین عملکرد دانه ۳۵۲۲، ۳۳۶۲ و ۳۲۵۸ کیلوگرم در هکتار به‌دست آمد. نتایج همبستگی صفات نشان داد که همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری بین عملکرد دانه با سرعت پرشدن دانه (r=۰/۹۰**) وجود داشت. شاخص SIIG با صفات طول پدانکل (r =۰/۶۳**)، وزن دانه در سنبله (r =۰/۵۴**)، عملکرد دانه (r =۰/۴۸*) و وزن هزار دانه (r =۰/۴۱*) همبستگی مثبت و معنی‌داری نشان داد. نتایج شاخص SIIG نشان دادند که ژنوتیپ‌های G8 و G16 با بیشترین مقدار شاخص SIIG و به‌ترتیب به‌میزان ۰/۶۲ و ۰/۶۱ جزو برترین ژنوتیپ‌ها بودند. ژنوتیپ G14 با کمترین مقدار شاخص (۰/۳۲) ضعیف‌ترین ژنوتیپ از نظر اکثر صفات مورد ارزیابی بود. در تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها به سه گروه تقسیم شدند و ژنوتیپ‌های G8، G10، G16 و G22 با عملکرد بالا در گروه ۱ قرار گرفتند. ژنوتیپ های گروه سوم کمترین عملکرد دانه و سایر صفات زراعی را داشتند. بر اساس نتایج بای‌پلات GT، ژنوتیپ‌های G4، G8، G10، G11 و G22 از نظر عملکرد دانه بهترین بودند. همچنین، ژنوتیپ‌های مذکور از وزن هزاردانه، طول ریشک، طول پدانکل، ارتفاع بوته و مدت پرشدن بالایی برخوردار بودند.

نتیجه‌گیری: بر اساس نتایج به‌دست آمده از مقایسه میانگین، شاخص SIIG و بای‌پلات GT، ژنوتیپ G8 برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی و یا به‌عنوان لاین امیدبخش برای برنامه معرفی رقم پیشنهاد می‌شود. با توجه به همبستگی مثبت و بسیار معنی‌دار بین عملکرد دانه با سرعت پرشدن دانه، صفت سرعت پرشدن دانه به‌عنوان نشانگر ارزشمندی برای شناسایی ژنوتیپ‌های گندم دوروم با عملکرد بالا پیشنهاد شد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، عملکرد دانه، گزینش چندصفتی، نمودار دمایی همبستگی

مقدمه

علی‌رغم این‌که گندم دوروم تقریبا پنج درصد از تولید جهانی گندم را شامل می‌شود، پس از گندم معمولی دومین گونه مهم تجاری گندم است (Dimitrois, 2023). گندم دوروم فاقد ژنوم D است که این امر موجبات گلوتن سفت و غیر ارتجاعی را فراهم می‌کند و به‌همین دلیل، گندم دوروم سخت‌ترین نوع گندم است. بیشترین مصرف دانه گندم دوروم برای تهیه پاستا است. همچنین، برای تولید بلغور، کوسکوس و نان‌های سنتی کاربرد دارد. آرد گندم دوروم سمولینا است که برای تهیه پاستا و کوسکوس ایده‌آل است (Dimitrois, 2023). کمبود آب همراه با تغییرات اقلیمی، چالشی برای تولید محصولات و امنیت غذایی در جهان است (Mansour *et al*., 2017). در میان

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1631]

تنش‌های غیر زنده، خشکی بیشترین اثر مخرب را بر بهره‌وری گندم دارد و اثر منفی تنش خشکی باعث کاهش عملکرد تا ۴۰ درصد می‌شود (Zampieri *et al*., 2017). انجمن بین‌الدول تغییرات اقلیمی (IPCC) افزایش ۱/۵ درجه سانتی‌گراد گرم شدن زمین و کاهش ۲۷-۴ درصدی بارندگی را در یک دهه آینده پیش‌بینی نموده است (IPCC, 2021). حدود ۲۰-۲۵ درصد از مناطق تولید گندم در معرض خشک‌سالی قرار دارند که بسته به مرحله رشد و شدت تنش منجر به کاهش ۱۰-۷۶ درصدی عملکرد دانه می‌شود (Grzesiak *et al*., 2019). کاهش در عملکرد دانه تحت شرایط خشکی می‌تواند به‌علت کاهش مؤلفه‌های عملکرد دانه شامل وزن دانه (Mary *et al*., 2001)، تعداد دانه در سنبله (Monneveux *et al*., 2006) و تعداد سنبله در مترمربع (Garcia de Moral *et al*., 2003) باشد. روند دمایی در سال‌های گذشته نشان می‌دهد که در بازه زمانی سال‌های ۲۰۱۰-۱۹۸۰، به‌دلیل افزایش دما به‌میزان ۰/۱۳ درجه سانتی‌گراد در هر دهه، عملکرد گندم حدود ۵/۵ درصد کاهش یافت (Lobell *et al*., 2011). در این شرایط تغییرات اقلیمی و گرم‌شدن زمین، توسعه ارقام مقاوم به خشکی یک استراتژی کارآمد و مقرون به صرفه برای مبارزه با تنش خشکی در محیط‌های سخت است (Abou-Elwafa, 2016). اگرچه افزایش عملکرد مهم‌ترین هدف اصلاحی گندم است، عملکرد به‌عنوان یک صفت پلی‌ژنی و پیچیده شناخته شده است (Roudbari *et al*., 2017). تفکیک یک صفت ثانویه منحصر به فرد تاثیرگذار بر عملکرد دانه مشکل است و از طرفی توجه به‌نژادگران به انتخاب غیر مستقیم مجموعه‌ای از صفات ثانویه معطوف شده است. صفات ثانویه با وارثت بالا و همبستگی قوی با عملکرد دانه به‌عنوان راهنمای مفید برای برنامه‌های اصلاح نباتات در نظر گرفته شده‌اند و همچنین اطلاعات مهمی را برای غربال‌گری ژنوتیپ‌های گندم فراهم می‌کنند (Araus *et al*., 2008). صفات زراعی، هم‌چون طول ریشک، ارتفاع بوته، روز تا سنبله‌دهی و رسیدگی، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه، شاخص برداشت و تولید بیوماس به‌طور معنی‌داری بر عملکرد دانه تاثیر می‌گذارند (Flohr *et al*., 2018).

سه چالش کلیدی در فرایند ارزیابی ژنوتیپ‌ها وجود دارند که موفقیت به‌نژادگران را محدود می‌نمایند. این چالش‌ها شامل اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، رابطه معکوس یا نامطلوب بین صفات کلیدی و پیچیدگی بالای صفات کلیدی مانند عملکرد هستند (Sofi *et al*., 2021). مدل‌های مختلفی برای غلبه بر این چالش‌ها توسعه یافته‌اند. یکی از این مدل‌ها، شاخص انتخاب است که ژنوتیپ‌ها بر اساس مقادیر شاخص یک ترکیب خطی از صفات رتبه‌بندی می‌شوند. شاخص‌های انتخاب به‌عنوان یکی از روش‌های مؤثر در انتخاب برای بهبود هم‌زمان چندین صفت هستند (Abu-Ellail *et al*., 2020). شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل[1] (SIIG) یکی از انواع شاخص‌های انتخاب است که امکان انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بر اساس چندین صفت، به دور از هم‌راستایی چندگانه و وزن‌دهی صفات که در مورد شاخص اسمیت-هزل و شاخص‌های مشتق شده از آن صادق است، را فراهم می‌نماید (Zali *et al*., 2023). تلفیق چندین صفت می‌تواند اطلاعات مفیدی در فرایند انتخاب فراهم نماید (Hebbache *et al*., 2024). با استفاده از شاخص SIIG می‌توان صفات مختلف را به یک شاخص واحد تبدیل کرد و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر را با اطمینان و دقت بیشتری انجام داد. از شاخص SIIG به‌منظور انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها در گندم دوروم (Rahmati *et al*., 2024; Dastfal *et al*., 2022) استفاده شده است.

در این مطالعه، ۲۱ ژنوتیپ گندم دوروم همراه با چهار رقم شاهد بر اساس روش بای‌پلات ژنوتیپ × محیط (GT)[2] و شاخص SIIG مورد ارزیابی قرار گرفتند. هدف این مطالعه، رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بر اساس شاخص SIIG، گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از تجزیه خوشه‌ای و شناسایی روابط بین صفات بود. نتایج این مطالعه به ما کمک می‌کنند تا ژنوتیپ‌های مناسب گندم دوروم در شرایط دیم شناسایی و برای برنامه‌های اصلاحی آینده و یا به‌عنوان لاین کاندیدا برای معرفی رقم استفاده شوند.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش، ۲۱ لاین گزینشی از برنامه‌های به‌نژادی گندم مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم و ارسالی از مرکز تحقیقات بین‌المللی ایکاردا به‌همراه چهار رقم شاهد (ساجی، ذهاب، دهدشت و ساورز) در ایستگاه تحقیقات سراب چنگایی شهرستان خرم‌آباد به‌مدت دو سال زراعی (۱۴۰۱-۱۳۹۹) ارزیابی شدند. فهرست ارقام و لاین‌ها در جدول ۱ ارائه شده است. اطلاعات هواشناسی مکان اجرای آزمایش در شکل ۱ ارائه شده است. مزرعه مکان اجرای آزمایش در سال قبل از اجرای آزمایش زیر کشت نخود بود. ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در شرایط دیم در ۸ ردیف به طول ۶ متر با فاصله ردیف ۱۵ سانتی‌متر کاشته شدند. کاشت با استفاده از بذرکار آزمایشی انجام پذیرفت. برای ضدعفونی بذر علیه بیماری‌های قارچی از سموم سیستمیک (دیفنوکونازول) استفاده شد. عمق کاشت ۵-۴ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. کودهای اوره (نیترات آمونیوم)، فسفاته (از منبع کود سوپرفسفات تریپل) و پتاس (سولفات پتاسیم) به‌میزان ۱۰۰، ۵۰ و ۵۰ کیلوگرم در هکتار و به‌طور یکنواخت در کرت‌های آزمایشی مصرف شدند. در مرحله پنجه‌زنی از علف‌کش‌های تاپیک و گرانستار به‌ترتیب به‌میزان ۱ لیتر و ۲۰ گرم در هکتار برای کنترل علف‌های هرز باریک برگ و پهن برگ استفاده شد. صفات مورد ارزیابی شامل روز تا سنبله‌دهی و رسیدگی، طول مدت پر شدن دانه، ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک، تعداد سنبلچه در سنبله، تراکم سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، وزن هزار دانه، سرعت پرشدن دانه و عملکرد دانه بودند. عملکرد دانه از وزن دانه در هر کرت به‌دست آمد و به کیلوگرم در هکتار تبدیل شد. تعداد روز تا سنبله‌دهی از تاریخ سبز شدن تا ظهور سنبله ۵۰ درصد بوته‌ها در کرت و تعداد روز تا رسیدگی

[1] Selection Index of Ideal Genotype

[2] Genotype × trait biplot

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1631]

از تاریخ سبز شدن تا زردشدن کامل پدانکل ۵۰ درصد بوته‌ها در کرت محاسبه شد. سرعت پرشدن دانه از تقسیم عملکرد دانه به طول مدت پرشدن دانه، طول مدت پرشدن دانه از تفاوت روز تا رسیدگی و روز سنبله‌دهی، و تراکم سنبله از تعداد سنبلچه در سنبله به طول سنبله (بر حسب میلی‌متر) محاسبه شد. وزن هزار دانه پس از محاسبه وزن ۲۰۰ دانه و ضرب آن در عدد ۵ به‌دست آمد. در این مطالعه، کلیه صفات مورد ارزیابی تجزیه واریانس شدند و مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها به روش LSD انجام شد. تجزیه همبستگی به روش پیرسون انجام پذیرفت. به‌منظور گزینش بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد و سایر صفات زراعی، از شاخص SIIG و بای‌پلات GT استفاده شد. تجزیه خوشه‌ای با روش Ward و ضریب فاصله مربع اقلیدسی انجام شد.

نحوه محاسبه شاخص SIIG:

تشکیل ماتریس داده‌ها

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

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

در این ماتریس، xij مقدار صفت i ام (i=1,2,….n) در رابطه با ژنوتیپ j ام (j=1,2,….m) است.

تبدیل ماتریس داده‌ها به یک ماتریس نرمال (ماتریس R)

از رابطه ذیل برای نرمال کردن داده‌ها استفاده شد:

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

ماتریس R به‌صورت زیر تشکیل شد:

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

پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ غیر ایده‌آل (ضعیف)

در این مرحله برای هر صفت به‌طور جداگانه، بهترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها گزینش شدند.

محاسبه فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ ضعیف

در این مرحله برای هر صفت، فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل (d_i^+) و ژنوتیپ ضعیف (d_i^-) به‌ترتیب از روابط زیر محاسبه شدند:

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

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

در روابط فوق، rij مقدار نرمال شده شاخص (صفت) iام (i=1,2,…. n) در رابطه با ژنوتیپ j ام (j=1,2…..m) است. r_i^+ و r_i^- به‌ترتیب مقدار نرمال شده ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ ضعیف برای هر شاخص (صفت) i ام (i=1,2,……n) هستند. هم‌چنین، d_i^+ فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و d_i^- فاصله از ژنوتیپ ضعیف هستند.

محاسبه شاخص گزینش ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)

شاخص گزینش ژنوتیپ ایده‌آل از رابطه زیر محاسبه شد:

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

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

برای محاسبه شاخص SIIG از نرم‌افزار Excel، برای تجزیه خوشه‌ای از نرم‌افزار SPSS، تجزیه همبستگی (استفاده از بسته تجزیه GGALLY) از نرم‌افزار R و دیاگرام بای‌پلات GT از نرم افزار GGE-biplot ver.6.3 استفاده شد.

مقادیر بارش در دو سال زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹ و ۱۴۰۱- ۱۴۰۰ به‌ترتیب ۳۰۴/۹ و ۳۰۷/۰ میلی‌متر بودند. میزان بارش در دو سال زراعی اجرای آزمایش کمتر از میانگین بلندمدت (۴۵۵ میلی‌متر) بود. روند بارندگی‌های ماهانه در سال‌های زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹ و ۱۴۰۱- ۱۴۰۰ متفاوت و غیر نرمال بود. در دو سال زراعی، اجرای آزمایش غالب بارش‌ها در پاییز و زمستان اتفاق افتاد و بارش مؤثری در مرحله گلدهی و پرشدن دانه اتفاق نیفتاد که باعث افزایش تنش انتهایی خشکی همراه با افزایش درجه حرارت و در نهایت به کاهش عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها منجر شد.

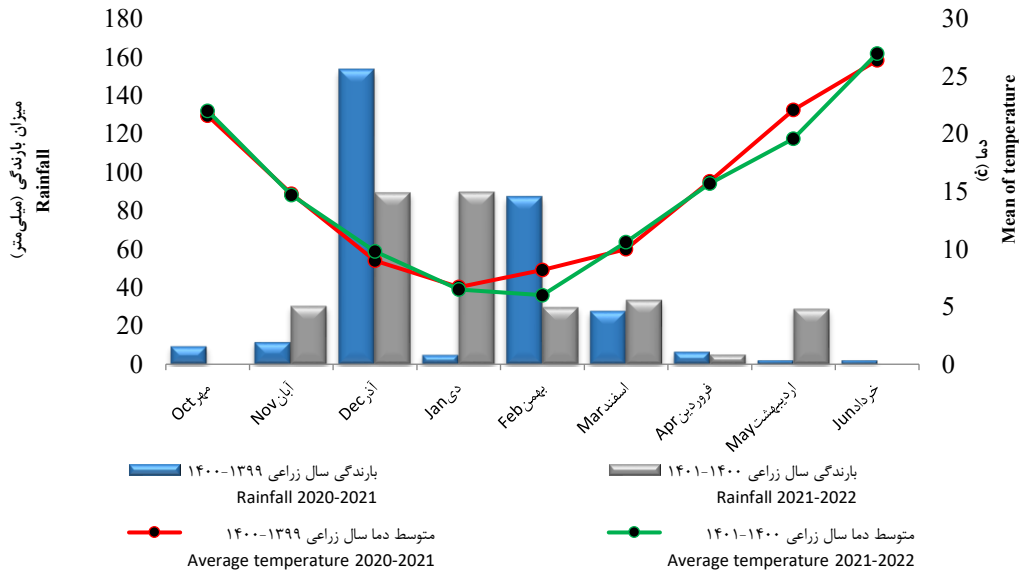
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1631]

جدول ۱- نام و شجره ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی گندم دوروم

Table1. Names and pedigrees of the evaluated durum wheat genotypes

نام ژنوتیپ Genotype code	نام رقم/ شجره لاین Cultivar name/ line pedigree
G1	Saji
G2	Zahab
G3	Dehdasht
G4	Saverz
G5	CEMEXI C 2008/5/GUAYACAN INIA/POMA_2//SNITAN/4/D86135/ACO89//PORRON_4/3/SNITAN/7/ADAMAR_15//ALBIA_1/ALTAR 84/3/SNITAN/4/SOMAT_4/INTER_8/5/SOOTY_9/RASCON_37/6/BICHENA/AKAKI_7/4/LIS_8/FILLO_6/3/FUUT//HO RA/JOR/5/YAZI_1/AKAKI_4//SOMAT_3/3/AUK/GUIL//GREEN
G6	CM829/CandocrossH25//Icajihan7/3/ICAPIO
G7	Ouasbar1/Jamile2
G8	Ouasloukos1/5/Azn1/4/BEZAIZSHF//SD19539/Waha/3/Gdr
G9	T.Aeg.Crosses/Atlas2
G10	TpolonicumIG45271//IcamorTA463/Terbol975/3/Mgnl3/Ainzen1/6/Ossl1/Stj5/5/Bicrederaa1/4/BezaizSHF//SD19539/Wah a/3/Stj/Mrb3
G11	Icarasha1/5/Ombit1/Cak79//Gd1/3/Wbch2/Mna1/4/Azeghar2/3/Mrf2//Bcr/Gro1
G12	GUAYACAN INIA/GUANAY/8/GEDIZ/FGO//GTA/3/SRN_1/4/TOTUS/5/ENTE/MEXI
G13	JUPARE C 2001*2/RBC/6/STORLOM/3/RASCON_37/TARRO_2//RASCON_37/4/
G14	BHA/3/SORA/2*PLATA_12//SRN_3/NIGRIS_4/4/AG 1-22/2*ACO89//2*UC1113/8/2*STOT//ALTAR
G15	CBC 509 CHILE/6/ECO/CMH76A.722//BIT/3/ALTAR 84/4/AJAIA_2/5/KJOVE_1/7/AJAIA_12/F3LOCAL(SEL.ETHIO.135.85)
G16	SILVER_14/MOEWE//BISU_1/PATKA_3/3/PORRON_4/YUAN_1/9/USDA595/3/D67.3/RABI//CRA/4/ALO/5/HUI/YA V_1/6/ARDENTE/7/HUI/YAV79/8/POD_9/10/TARRO_1/2*YUAN_1//AJAIA_13/YAZI/4/ARMENT//SRN_3/NIGRIS_4 /3/CANELO_9.1/11/GUAYACAN INIA/2*SNITAN
G17	BYBLOS/6/TOPDY_18/FOCHA_1//ALTAR84/3/AJAIA_12/F3LOCAL(SEL.ETHIO.135.85)//PLATA_13/4/SOMAT_3/G REEN_22/5/VRKS_3/3/AJAI
G18	CF420S/4/YAZI_1/AKAKI_4//SOMAT_3/3/AUK/GUIL//GREEN/5/CANELO_9.1//SHAKE_3/2*AJAIA_2/6/GUAYACA NINIA/GUANAY//PORRON_4/BEJAH_7/3/VANRRIKSE_12/SNITAN CDSS10Y00164S-099Y-030M-5Y-3M-06Y-0B
G19	TUNSYR-2/4/AJAIA/LOTUS_4/3/SOMAT_3/PHAX_1//TILO_1/LOTUS_4/5/ GUAYACANINIA/2*SNITANCDSS11Y00610T-099Y-023M-12Y-0M-06Y-
G20	ALTAR84/BINTEPE85/3/STOT//ALTAR84/ALD/4/POD_11/YAZI_1/5/VANRRIKSE_12/SNITAN/6/SOOTY_9/RASCO N_37//WODUCK/CHAM_3/10
G21	CBC514CHILE/3/AUK/GUIL//GREEN/10/CHEN_1/TEZ/3/GUIL//CIT71/CII/4/SORA/PLATA_12/5/STOT//ALTAR84/A LD/9/USDA595/3/D67.3/RABI//CRA/4/ALO/5/HUI/YAV_1/6/ARDENTE/7/HUI/YAV79/8/POD_9CDSS09Y00314S-099Y-029M-24Y-0M-04Y-0B
G22	TUNSYR-2/4/AJAIA/LOTUS_4/3/SOMAT_3/PHAX_1//TILO_1/LOTUS_4/5/ GUAYACANINIA/2*SNITAN-CDSS11Y00610T-099Y-023M-12Y-0M-06Y-
G23	Quarmal/Gbch2//Terbol974ICD04-1055-TA-4AP-0AP-1AP-0AP-0SDS-0TR-1SAN-0AREC
G24	SIMETO/3/SORA/2*PLATA_12//SRN_3/NIGRIS_4/5/TOSKA_26/RASCON_37//SNITAN/4/ARMENT//SRN_3/NIGRIS 4/3/CANELO_9.1CDSS06B00488T-099Y-099M-5Y-3M-04Y-0B
G25	MOHAWK/6/LOTUS_5/F3LOCAL(SEL.ETHIO.135.85)/5/CHEN/ALTAR 84/3/HUI/POC//BUB/RUFO/4/FNFOOT/7/SORA/2*PLATA_12/3/SORA/2*PLATA_12//SOMAT_3/4/AJAIA_13/YAZI// DIPPER_2/BUSHEN_3-CDSS11Y00431S-099Y-032M-13Y-0M-06Y-0B



شکل ۱- متوسط بارندگی و متوسط دمای ماهانه در دو سال زراعی ۱۳۹۹-۱۴۰۱ در شهرستان خرم‌آباد

Figure 1. Average rainfall and monthly temperature in two cropping years, 2020-2022, in Khorramabad county

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1631]

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس نشان دادند که بین ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی از نظر روز تا سنبله‌دهی و روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، طول سنبله، طول ریشک، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، وزن هزار دانه تفاوت‌های معنی‌داری وجود داشتند (جدول ۲). این امر بیانگر تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد نظر است. بیشترین تنوع را طول پدانکل با ضریب تغییرات ۲۵ درصد و کمترین تنوع را روز تا سنبله‌دهی با ضریب تغییرات ۰/۳۷ درصد نشان دادند. میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها بین ۳۵۲۲-۲۶۸۳ کیلوگرم در هکتار متغیر بود (جدول ۳). بیشترین عملکرد دانه در ژنوتیپ G8 به میزان ۳۵۲۲ کیلوگرم در هکتار و سپس برای ژنوتیپ‌های G10 و G22 به‌ترتیب با میانگین عملکرد دانه ۳۳۶۲ و ۳۲۵۸ کیلوگرم در هکتار به‌دست آمد. با توجه به عملکرد بالای ژنوتیپ G8 در شرایط دیم می‌توان آن را به‌عنوان متحمل‌ترین ژنوتیپ به شرایط خشک در بین ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی تعیین نمود. هباچه و همکاران (Hebbache *et al*., 2024) تحمل به خشکی یک ژنوتیپ را به توانایی آن برای نگهداری عملکرد بالا در شرایط خشک نسبت دادند. میانگین وزن هزار دانه ژنوتیپ‌ها بین ۴۳-۳۱ گرم متغیر بود. ژنوتیپ‌های G8 و G22 با عملکرد دانه بالا از وزن هزار دانه بالایی (۴۳ گرم) برخوردار بودند. از نظر ارتفاع بوته، ژنوتیپ G8 با ارتفاع بوته ۷۴ سانتی‌متر بلندترین ژنوتیپ بود. تعداد دانه در سنبله ژنوتیپ‌ها بین ۵۳-۳۵ دانه متغیر بود. ژنوتیپ G8 با عملکرد دانه بالا از تعداد دانه در سنبله نسبتا بالایی (۴۵ دانه در سنبله) برخوردار بود. ژنوتیپ‌های متحمل به خشکی مکانیسم‌هایی دارند که تامین آب برای سنبله را حفظ می‌کند و به تعداد دانه بالایی منجر می‌شود (Hebbache *et al*., 2024). بررسی سرعت پرشدن دانه ژنوتیپ‌ها نشان داد که این صفت بین ۷۶-۵۸ کیلوگرم در هکتار در روز متغیر بود. ژنوتیپ G8 با عملکرد دانه بالا از سرعت پرشدن دانه بالاتری (۷۶ کیلوگرم در هکتار در روز) نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برخوردار بود. بیشترین طول پدانکل در ژنوتیپ G10 (۱۵ سانتی‌متر) مشاهده شد.

نتایج همبستگی صفات نشان داد که همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری بین عملکرد دانه با سرعت پرشدن دانه (r =۰/۹۰**) وجود داشت (شکل ۲). نتایج مقایسه میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی با نتیجه به دست آمده هم‌خوانی داشت. به‌طوری‌که ژنوتیپ G8 با بیشترین عملکرد دانه از سرعت پرشدن دانه بالایی برخوردار بود. در بررسی انجام شده بر ۱۶ ژنوتیپ گندم دوروم در شرایط دیم، عملکرد دانه همبستگی مثبت بالایی با سرعت پرشدن دانه نشان داد (Rahmati *et al*., 2024). صفاتی که همبستگی مثبت و معنی‌داری با عملکرد دانه دارند می‌توانند به‌عنوان افزایش دهنده عملکرد در شرایط تنش خشکی در نظر گرفته شوند (Rollins *et al*., 2013). در تحقیق انجام شده بر ۶۰ ژنوتیپ جو نیز بیشترین همبستگی مثبت و معنی‌دار عملکرد دانه با سرعت پرشدن دانه (۰/۹۶**) گزارش شده است (Jafari Zare *et al*., 2025). به این ترتیب، صفت سرعت پرشدن دانه می‌تواند به‌عنوان نشانگر ارزشمندی برای شناسایی ژنوتیپ‌های گندم دوروم با عملکرد بالا پیشنهاد شود. همبستگی مثبت و معنی‌داری بین طول پدانکل و ارتفاع بوته (r=۰/۴۳*) مشاهده شد. محمدی و همکاران (Mohammadi *et al*., 2007) ارتفاع بوته بیشتر و در نتیجه طول پدانکل بلندتر را یکی از دلایل عملکرد بالای ارقام در شرایط تنش دانستند. همبستگی مثبت و معنی‌داری بین روز تا سنبله‌دهی و روز تا رسیدگی (r =۰/۴۹*) مشاهده شد. رابطه مثبت و معنی‌دار بین روز تا رسیدگی و روز تا سنبله‌دهی بیانگر این است که ژنوتیپ‌هایی که دیرتر سنبله می‌دهند، دیررس‌تر هستند که با نتایج پژوهش گذشته مطابقت دارد (Rahmati *et al*., 2023).

شاخص SIIG با صفات طول پدانکل (r =۰/۶۳**)، وزن دانه در سنبله (r =۰/۵۴**)، عملکرد دانه (r =۰/۴۸*) و وزن هزار دانه (r =۰/۴۱*) همبستگی مثبت و معنی‌دار نشان داد. در برخی مطالعات، شاخص SIIG به عنوان یکی از شاخص‌های مهم برای گزینش ژنوتیپ‌های متحمل به تنش خشکی گندم با عملکرد بالا معرفی شده است (Rahmati *et al*., 2022; Rahmati *et al*., 2024). وزن هزار دانه با طول ریشک همبستگی مثبت و معنی‌داری (r =۰/۴۵*) نشان داد. طول ریشک نشان‌دهنده‌ی یکی از مکان‌های ذخیره آب و اسیمیلات‌های فتوسنتزی مورد استفاده در طول مدت پرشدن دانه و تحمل به خشکی است (Hebbache *et al*., 2024). همبستگی مثبت بین وزن دانه در سنبله با تعداد دانه در سنبله (r =۰/۶۵) و همچنین بین طول ریشک با وزن هزار دانه (r =۰/۴۵) مشاهده شد. هباچه و همکاران (Hebbache *et al*., 2024) گزارش نمودند که وزن دانه در سنبله و طول ریشک نقش مهمی در افزایش تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه ژنوتیپ‌ها داشتند و می‌توانند به‌عنوان ملاک انتخاب برای بهبود عملکرد دانه استفاده شوند. همبستگی منفی بین وزن هزار دانه و تعداد دانه در سنبله (-۰/۴۸*) مشاهده شد. عملکرد دانه همبستگی مثبتی با وزن هزار دانه و همبستگی منفی با تعداد دانه در سنبله نشان داد. رابطه منفی بین عملکرد دانه با تعداد دانه در سنبله و همبستگی مثبت آن با وزن هزار دانه در ژنوتیپ‌های گندم گزارش شد (Rahmati *et al*., 2020b). در برخی مطالعات، وزن هزار دانه به‌عنوان یکی از شاخص‌های مهم برای گزینش ژنوتیپ‌های متحمل به تنش خشکی گندم معرفی شده است (Rahmati, 2020a). همبستگی منفی بین وزن هزار دانه با تعداد روز تا سنبله‌دهی و رسیدگی مشاهده شد. در شرایط دیم با کاهش تعداد روز تا سنبله‌دهی، احتمال برخورد مرحله دانه‌بندی با تنش خشکی آخر فصل کمتر می‌شود (مکانیزم فرار از خشکی) و این موضوع به افزایش بیشتر وزن دانه کمک خواهد نمود (Dolatpanah *et al*., 2013).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-23]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1631]

جدول ۲- تجزیه واریانس مرکب صفات مورد ارزیابی در ژنوتیپ‌های گندم دوروم در دو سال زراعی ۱۴۰۱-۱۳۹۹

Table 2. Combined analysis of variance for evaluated traits in durum wheat genotypes during cropping years 2020-2022

منابع تغییرات Source of variation	میانگین مربعات صفات Traits mean square													
	DHE	DMA	GFP	GFR	PLH	PL	SL	AL	NSPS	SD	NGPS	GWPS	TKW	GY
سال Year	50894	1404.5	35389.4	75560	3398.6	258.2	8.8	187.1	1990.7	0.35	35.2	1.8	811.7	3787911
خطای a Error (a)	0.26	1.63	1.15	239.6	4.3	3.98	1.2	2.2	3.47	0.0012	134.3	0.63	18.5	342282
ژنوتیپ Genotype	7.74*	3.24*	6.06	95.7	37.8*	17.2	2.3**	2.6*	2.85**	0.0017	123**	0.15**	60.5**	227427
ژنوتیپ × سال Genotype ×Year	3.69*	1.32*	5.79**	132.4	15.31	10.1	0.51	0.98	1.03	0.001	35.2	0.05	16.9	277633
خطای b Error (b)	0.22	0.73	0.87	109.2	13.25	8.5	0.46	0.82	1.2	0.0009	37.5	0.12	14.7	236240
ضریب تغییرات (٪) Coefficiet of variation (CV%)	0.37	0.48	1.8	15.9	5.3	25	10.7	10.3	8.3	14.8	13.8	20.3	10	15.8

علائم اختصاری: DHE: روز تا سنبله‌دهی، DMA: روز تا رسیدگی، GFP: مدت پرشدن دانه، GFR: سرعت پرشدن دانه، PLH: ارتفاع بوته، PL: طول پدانکل، SL: طول سنبله، AL: طول ریشک، NSPS: تعداد سنبلچه در سنبله، SD: تراکم سنبله، NGPS: تعداد دانه در سنبله، GWPS: وزن دانه در سنبله، TKW: وزن هزار دانه، GY: عملکرد دانه

Abbreviations: Days to heading (DHE), Days to mature (DMA), Grain filling period (GFP), Grain filling rate (GFR), Plant height (PLH), Peduncle length (PL), Spike length (SL), Awn length (AL), Number of spikelets per spike (NSPS), Spike density (SD), Number of grains per spike (NGPS), Grain weight per spike (GWPS), 1000-kernel weight (TKW), Grain yield (GY)

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1631]

جدول ۳- میانگین صفات مورد ارزیابی در ۲۵ ژنوتیپ گندم دوروم و شاخص گزینش ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)

Table 3. Average values of evaluated traits in 25 wheat genotypes and the selection index of ideal genotype (SIIG)

SL	PL	PLH	GFR	GFP	DMA	DHE	ژنوتیپ Genotype
6.3	10.3	71	67	53	180	127e	G1
6.4	13.6	73	58	51	179	128c	G2
7.8	10.3	66	61	52	179	127f	G3
6.6	9.0	72	66	51	178	128c	G4
5.9	10.4	67	60	51	178	127g	G5
5.8	10.6	70	63	51	178	127d	G6
6.3	12.8	69	66	52	177	125n	G7
6.6	14.3	74	76	52	178	126k	G8
7.3	12.7	70	64	53	178	125	G9
5.7	15.0	72	69	53	179	126	G10
5.6	12.1	67	68	53	178	125	G11
7.7	10.4	70	68	51	179	128	G12
6.4	9.8	67	66	52	179	126	G13
5.8	11.4	65	69	51	178	128	G14
5.7	11.1	69	68	51	178	127	G15
5.9	13.7	72	70	52	180	128	G16
6.0	9.4	65	65	53	179	126	G17
6.0	9.4	66	62	52	179	127	G18
6.1	14.2	67	66	53	180	127	G19
5.5	13.3	68	67	53	179	126	G20
7.0	10.8	67	60	55	179	124	G21
6.5	12.1	68	69	53	179	126	G22
6.9	11.7	67	66	53	178	125	G23
6.4	10.8	68	69	52	180	128	G24
6.3	12.2	68	61	52	178	126	G25
6.3	11.64	68.7	65.8	52	178.5	126.5	میانگین (Mean)
5.5	9	64.5	58.2	50.5	177	124	حداقل (Min)
7.8	15	73.5	76.5	54.8	180	128	حداکثر (Max)

ادامه جدول ۳

Table 3 (Continued)

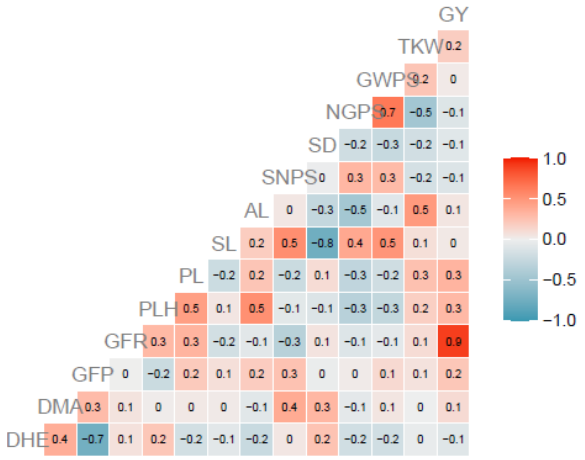
SIIG	GY	TKW	GWPS	NGPS	SD	NSPS	AL	ژنوتیپ Genotype
0.40	3150	31	1.5	44	0.22	14	9.3	G1
0.47	2683	41	1.6	39	0.20	13	9.8	G2
0.51	3003	40	1.9	47	0.18	14	8.7	G3
0.39	3138	42	1.7	38	0.19	13	9.4	G4
0.43	2790	37	1.8	47	0.23	14	8.5	G5
0.37	2846	43	1.6	35	0.22	12	9.4	G6
0.58	3008	39	2.0	49	0.19	12	9.5	G7
0.62	3523	42	1.7	45	0.18	12	9.3	G8
0.58	3124	41	1.8	45	0.18	14	9.8	G9
0.51	3363	38	1.5	36	0.21	13	9.3	G10
0.46	3258	40	1.7	42	0.21	12	8.7	G11
0.53	3154	37	1.9	50	0.18	14	8.8	G12
0.42	3030	36	1.9	49	0.19	12	8.2	G13
0.32	3089	35	1.4	40	0.21	12	7.4	G14
0.42	3083	34	1.6	48	0.22	13	8.2	G15
0.61	3238	39	1.8	43	0.25	13	8.7	G16
0.41	3060	40	1.8	46	0.21	13	8.8	G17
0.40	2842	37	1.8	46	0.22	13	9.0	G18
0.57	3042	42	1.8	42	0.21	13	8.8	G19
0.49	3044	41	1.6	40	0.23	13	9.0	G20
0.46	2893	38	1.8	46	0.20	14	8.9	G21
0.55	3347	43	1.8	41	0.21	13	9.3	G22
0.57	3158	38	1.9	47	0.20	14	9.0	G23
0.55	3242	41	2.0	49	0.22	14	7.7	G24
0.46	2849	33	1.7	53	0.21	13	7.5	G25
	3078.2	38.6	1.73	44.2	0.21	13.04	8.8	میانگین (Mean)
	2683	30.9	1.41	35	0.18	11.8	7.4	حداقل (Min)
	3522	43.1	20.1	53	0.25	14.1	9.8	حداکثر (Max)

برای اختصارات به جدول ۲ مراجعه شود.

Refer to Table 2 for abbreviations.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1631]



شکل ۲- همبستگی فنوتیپی بین صفات مورد ارزیابی در ژنوتیپ‌های گندم دوروم. رنگ هر سلول شدت و جهت همبستگی و رنگ‌های تیره‌تر همبستگی‌های قوی را نشان می‌دهند. (برای اختصارات به جدول ۲ مراجعه شود)

Figure 2. Phenotypic correlations among traits evaluated in bread wheat genotypes. The color of each cell represents the strength and direction of the correlation, with darker colors indicating strong correlations. (Refer to Table 2 for abbreviations)

در تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها به سه گروه تقسیم شدند (شکل ۳). در اولین، دومین و سومین گروه به ترتیب تعداد ۸، ۶ و ۱۱ ژنوتیپ قرار گرفتند. به این ترتیب که ژنوتیپ‌های ۸، ۱۰، ۱۱، ۱۶، ۱۹، ۲۰، ۲۲ و ۲۴ در گروه اول، ژنوتیپ‌های ۳، ۷، ۹، ۱۲، ۲۱ و ۲۳ در گروه دوم و سایر ژنوتیپ‌ها در گروه سوم قرار گرفتند. به‌منظور مقایسه گروه‌های مختلف از نظر صفات مورد ارزیابی، مقادیر کلیه صفات به نمره Z تبدیل شدند و سپس مقایسه انجام پذیرفت. اولین گروه بیشترین تعداد روز تا رسیدگی، مدت و سرعت پرشدن دانه، ارتفاع بوته و طول پدانکل بالا، کمترین طول سنبله و تعداد سنبلچه در سنبله، تراکم سنبله بالا، تعداد دانه در سنبله پایین، بیشترین وزن هزار دانه و عملکرد دانه را نشان داد. گروه دوم کم‌ترین تعداد روز تا سنبله‌دهی و رسیدگی، طول مدت پرشدن دانه بالا، سرعت پرشدن دانه پایین، طول پدانکل و ارتفاع بوته پایین، طول ریشک و تعداد سنبلچه در سنبله بالا، کمترین تراکم سنبله، بیشترین تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله و عملکرد دانه نسبتاً متوسط را نشان داد. گروه سوم بیشترین روز تا سنبله‌دهی، روز تا رسیدگی پایین، کمترین مدت و سرعت پرشدن دانه، طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک، ارتفاع بوته، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن هزار دانه، وزن دانه در سنبله و عملکرد دانه را نشان داد. ژنوتیپ‌های گروه سوم در زمره ژنوتیپ‌های زودرس هستند که از کمترین مدت پرشدن دانه و عملکرد دانه برخوردار بودند. باید به این موضوع توجه داشت که زودرسی زمانی مفید خواهد بود که دوره پرشدن دانه محدود نباشد و گیاه فرصت لازم برای تکمیل این دوره را داشته باشد تا از چروکیدگی و کاهش وزن دانه و در نهایت کاهش عملکرد جلوگیری شود. بر اساس نتایج به‌دست آمده از تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا در گروه ۱ می‌توانند به‌عنوان ژنوتیپ‌های امیدبخش برای کاشت در اراضی دیم یا استفاده در برنامه‌های اصلاحی آینده در نظر گرفته شوند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1631]

شکل۳- تجزیه خوشه‌ای برای صفات مورد ارزیابی در ۲۵ ژنوتیپ گندم دوروم. شکل سمت چپ تجزیه خوشه‌ای به‌روش WARD و شکل سمت راست مقایسه سه گروه تجزیه خوشه‌ای از نظر صفات مورد ارزیابی برای ۲۵ ژنوتیپ گندم دوروم را نشان می‌دهند. (برای اختصارات به جدول ۲ مراجعه شود)

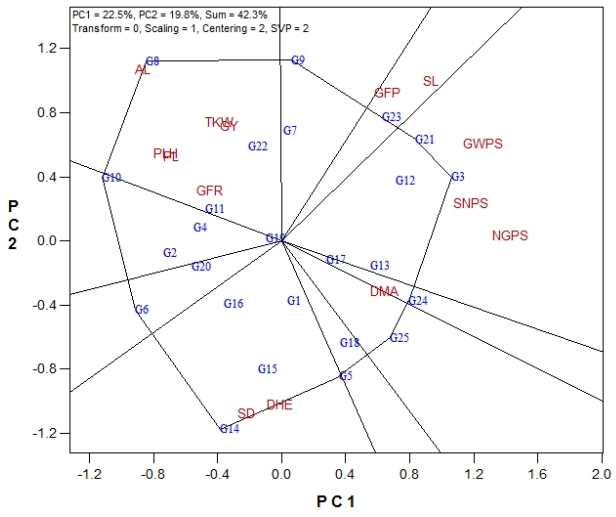
Figure 3. Cluster analysis for traits evaluated in 25 durum wheat genotypes. The left figure shows the cluster analysis using the WARD method, and the right figure compares three classes of cluster analysis for traits evaluated in 25 durum wheat genotypes. (Refer to Table 2 for abbreviations)

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1631]

نتایج شاخص SIIG نشان دادند که ژنوتیپ‌های G8 و G16 با بیشترین مقدار شاخص SIIG و به‌ترتیب به میزان ۰/۶۲ و ۰/۶۱ جزو برترین ژنوتیپ‌ها بودند (جدول ۳). در تجزیه خوشه‌ای نیز ژنوتیپ‌های G8 و G16 در یک گروه واحد (شکل ۳) قرار گرفتند. رحمتی و همکاران (Rahmati *et al*., 2024) برای ارزیابی پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های گندم دوروم از شاخص SIIG استفاده نمودند و بر مبنای شاخص SIIG دو لاین امیدبخش به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند. زالی و همکاران (Zali *et al*., 2025) از شاخص SIIG برای انتخاب بهترین لاین‌های جو از بین ۱۰۸ لاین بر اساس عملکرد و برخی صفات زراعی استفاده نمودند. در نهایت، ۱۶ لاین جو به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند. زارعی و همکاران (Zareei *et al*., 2023) برای گزینش ژنوتیپ‌های جو بر اساس صفات زراعی از شاخص SIIG استفاده نمودند. آن‌ها شاخص SIIG را به‌عنوان پتانسیل ایده‌آل برای شناسایی ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و صفات مطلوب معرفی نمودند و استفاده از این شاخص را برای غربال‌گری ژنوتیپ‌ها در مراحل اولیه برنامه‌های اصلاحی محصولات مفید دانستند. همان طور که از نتایج مشخص است، ژنوتیپ G8 از بیشترین عملکرد دانه، ارتفاع بوته، سرعت پرشدن دانه، وزن هزار دانه و تعداد دانه در سنبله بالا (۴۵ دانه در سنبله) نسبت به میانگین سایر ژنوتیپ‌ها (۴۴ دانه در سنبله) برخوردار بود. ژنوتیپ G16 با عملکرد دانه ۳۲۳۸ کیلوگرم در هکتار از میانگین عملکرد بالاتری نسبت به میانگین عملکرد کل ژنوتیپ‌ها (۳۰۷۸ کیلوگرم در هکتار) برخوردار بود. سایر ویژگی‌های این ژنوتیپ شامل بیشترین سرعت پرشدن دانه، ارتفاع بوته و تراکم سنبله بودند. نتایج شاخص SIIG نشان دادند که ژنوتیپ G14 با کمترین مقدار شاخص (۰/۳۲) ضعیف‌ترین ژنوتیپ از نظر اکثر صفات مورد ارزیابی بود. ژنوتیپ مذکور از ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن دانه درسنبله و وزن هزار دانه نسبتاً پایینی برخوردار بود.

همان‌طور که از شکل بای‌پلات GT مشخص است (شکل ۴)، در ناحیه یک بای‌پلات (بالا سمت راست) ژنوتیپ‌های G3، G7، G12، G9، G21 و G23 قرار گرفتند که از نظر صفات طول سنبله، مدت پرشدن دانه، وزن دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، و تعداد دانه در سنبله از مقادیر بیشتری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برخوردار بودند. در ناحیه دوم بای‌پلات (بالا سمت چپ)، صفات عملکرد دانه، وزن هزار دانه، طول ریشک، طول پدانکل، ارتفاع بوته و مدت پرشدن دانه قرار داشتند. قرارگیری این صفات در کنار یکدیگر بیانگر وجود ارتباط نزدیک بین آن‌ها است. همچنین، در این ناحیه ژنوتیپ‌های G4، G8، G10، G11 و G22 قرار گرفتند که نشان می‌دهد ژنوتیپ‌های مذکور از عملکرد دانه، وزن هزار دانه، طول ریشک، طول پدانکل، ارتفاع بوته و مدت پرشدن دانه بالاتری در مقایسه با دیگر ژنوتیپ‌ها برخوردار بودند. همچنین، ژنوتیپ‌های مذکور در نقطه مقابل صفت روز تا رسیدگی قرار گرفتند که بیانگر پایین بودن مقادیر روز تا رسیدگی و زودرسی ژنوتیپ‌های واقع در بای‌پلات ناحیه دو است. در ناحیه سوم بای‌پلات (پایین سمت راست)، ژنوتیپ‌های G1، G5، G13، G17، G18، G24 و G25 در مجاورت صفت روز تا رسیدگی قرار گرفتند که بیانگر دیررسی این ژنوتیپ‌ها است. در ناحیه چهارم بای‌پلات (پایین سمت چپ)، ژنوتیپ‌های G2، G6، G14، G15، G16 و G20 از مقادیر بالاتر صفات روز تا سنبله‌دهی و تراکم سنبله برخوردار بودند و از نظر صفات قرار گرفته در ناحیه یک بای‌پلات شامل طول سنبله، مدت پرشدن دانه، وزن دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله از مقادیر کمتری در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌ها برخوردار بودند.



شکل ۴- بای‌پلات ژنوتیپ × صفت
Figure 4. The polygon view of the cultivar × trait biplot

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-23]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1631]

نتیجه‌گیری کلی

بر اساس نتایج این تحقیق، ژنوتیپ G8 با بیشترین مقدار SIIG و عملکرد دانه نسبت به سایر ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی به‌عنوان ژنوتیپ ایده‌آل گزینش شد. به این ترتیب، ژنوتیپ G8 برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی و یا به‌عنوان لاین امیدبخش برای برنامه معرفی رقم پیشنهاد می‌شود. نتایج همبستگی صفات نشان دادند که بیشترین همبستگی مثبت و معنی‌دار عملکرد دانه با سرعت پرشدن دانه (r=۰/۹۰**) بود.

تشکر و قدردانی

این مقاله از پروژه تحقیقاتی به شماره مصوب ۰-۱۵-۱۵-۰۶۰-۹۹۱۱۴۰ استخراج شده است. به این وسیله از مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان که امکانات لازم را برای اجرای این پروژه فراهم نمود، تشکر و قدردانی می‌شود.

References

Abou-Elwafa, S. F. (2016). Association mapping for drought tolerance in barley at the reproductive stage. *Comptes Rendus Biologies*, 339(2), 51–59.

Abu-Ellail, F. F. B., Hussein, E. M. A., & El-Bakry, A. (2020). Integrated selection criteria in sugarcane breeding programs using discriminant function analysis. *Bulletin of the National Research Center*, 44, 161.

Araus, J. L., Slafer, G. A., Royo, C., & Serret, M. D. (2008). Breeding for yield potential and stress adaptation in cereals. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 27(6), 377–412.

Dastfal, M., Aghaee-Sarbarzeh, M., & Zali, H. (2022). Genetic diversity and selection of durum wheat pure lines with desirable agronomy traits using SIIG index. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 53(1), 161-174. [In Persian]

Dimitrois, A. (2023). Durum wheat: uses, quality, characteristics, and applied tests. In book wheat. http://dx.doi.org/10.5772/intechopen.110613

Dolatpanah, T., Roostae, M., Ahakpaz, F., & Mohebali, N. (2013). Effect of drought stress on grain yield and yield components of winter and facultative barley genotypes in Maragheh region. *Seed and Plant Journal*, 29 (2), 257-276. [In Persian]

Flohr, B. M., Hunt, J. R., Kirkegaard, J. A., Evans, J. R., Swan, A., & Rheinheimer, B. (2018). Genetic gains in NSW wheat cultivars from 1901 to 2014 as revealed from synchronous flowering during the optimum period. *European Journal of Agronomy*, 98, 1–13.

Garcia del Moral, L. F., Rharrabti, Y., Villegas, D., & Royo, C. (2003). Evaluation of grain yield and its components in durum wheat under mediterranean conditions. *Agronomy Journal*, 95(2), 266–274. https://doi.org/10.2134/agronj2003.2660

Hebbache, H., Beukherbache, N., Bouchakour, M., Mefit, M., & Bekaddour, H. (2024). Assessment relationship between agro-morphological traits and grain yield in barley genotypes under drought stress conditions. *Cereal Research Communications*, 52, 267-275.

IPCC. (2021). Climate Change (2021) The physical science basis. Contribution of working group I to the sixth assessment report of the intergovernmental panel on climate Change. Masson.

Jafari Zare, M., Asghari, A., Zali, H., Sofalian, O., & Pour-Aboughadareh, A. (2025). Comparison of multiple-trait selection indices for promising barley genotypes. *Journal of Crop Breeding*, 17(3), 1-15. [In Persian]

Lobell, D. B., Schlenker, W., & Costa-Roberts, J. (2011). Climate trends and global crop production since. *Science*, 333, 616–620. DOI: 10.1126/science.1204531

Mansour, E., Abdul-Hamid, M. T., Yasin, M., Qabil, N., & Attia, A. (2017). Identifying drought-tolerant genotypes of barley and their responses to various irrigation levels in a Mediterranean environment. *Agricultural Water Management*, 194, 58.

Mary, J., Jeffrey, C., Katherine, O., & Edward, S. (2001). Relative sensitivity of spring wheat grain yield and quality parameters to moisture deficit. *Crop Science*, 41, 327–335. https://doi.org/10.2135/cropsci2001.412327x

Monneveux, P., Rekika, D., Acevedo, E., & Merah, O. (2006). Effect of drought on leaf gas exchange, carbon isotope discrimination, transpiration efficiency and productivity in field grown durum wheat genotypes. *Plant Science*, 170, 867–872. [In Persian]

Rahmati, M. (2020a). Assessment of relationships some traits and selection of superior bread wheat genotypes using genotype by yield × trait biplot method. *Cereal Research*, 10(1), 61-72. [In Persian]

Rahmati, M., Abdipour, M., & Sepahvand, M. (2024). Selection of durum wheat genotypes based on MGIDI and SIIG selection indexes. *Plant Production and Genetics*, 5(2), 299-312. [In Persian]

Rahmati, M., Ahmadi, A., Minapoor, A., & Hamidiyan, K. (2022). Grain yield potential of wheat genotypes on farmers' fields under rainfed conditions. *Journal of Crop Science Research in Arid Regions*, 4(1), 263-275. [In Persian]

Rahmati, M., Hosseinpour, T., & Ahmadi, A. (2020b). Assessment of interrelationships between agronomic traits of wheat genotypes under rainfed conditions using double and triple biplots of genotype, trait and yield. *Iranian Dryland Agronomy Journal*, 9(1), 1-20. [In Persian]

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1631]

Rollins, J. A., Habte, E., Templer, S. E., Colby, T., Schmidt, J., & von Korff, M. (2013). Leaf proteome alterations in the context of physiological and morphological responses to drought and heat stress in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Journal of Experimental Botany*, 64(11), 3201–3212.

Roudbari, Z., Mohammadi-Nejad, G., & Shahsavand-Hassani, H. (2017). Field screening of primary and secondary tritipyrum genotypes using selection indices based on BLUP under saline and normal conditions. *Crop Science*, 57(3),1495–1503. https://doi.org/10.2135/cropsci2016.09.0789

Zali, H., Barati, A., Pour-Aboughadareh, A., Gholipour, A., Kookkan, Sh., Marzoghiyan, A., Bocianowski, J., Bujak, H., & Nowosad, K. (2023). Identification of superior barley genotypes using selection index of ideal genotype (SIIG). *Plants*, 12, 1843. https://doi.org/10.3390/plants12091843

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. *Journal of Crop Breeding*. 17(2), 43-55. [In Persian]

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1631]