دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

"مقاله پژوهشی"

کاربرد شاخص فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI) در گزینش ژنوتیپ‌های برتر جو در منطقه گرم و خشک داراب

افسانه شیرزاد[۱]، علی اصغری[۲]، حسن زالی[۳]، امید سفالیان[۲] و حمیدرضا محمددوست چمن آباد[۲]

۱- دانشجوی ژنتیک و به‌نژادی، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی
۲- استاد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی
۳- استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران،
(نویسنده مسوول: Hzali90@yahoo.com)

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۱/۱۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۳/۱۱
صفحه: ۶۵ تا ۷۶

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: جو به‌عنوان یکی از گیاهان زراعی مهم بعد از گندم، ذرت و برنج می‌باشد. جو منبع غذایی بسیار خوبی برای انسان است و از آن برای تغذیه دام نیز استفاده می‌شود. هدف از این تحقیق، ارزیابی و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با عملکرد دانه بالا و خصوصیات زراعی مطلوب و همچنین بررسی کاربرد شاخص MGIDI در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر جو بر مبنای صفات مختلف مورفو-فنولوژیک در منطقه گرم و خشک جنوب فارس بود.

مواد و روش‌ها: به‌منظور گزینش ژنوتیپ‌های برتر جو در مناطق جنوبی استان فارس با استفاده از شاخص MGIDI، تعداد ۱۰۸ لاین خالص در قالب طرح حجیم‌شده بدون تکرار آگمنت همراه با چهار ژنوتیپ شاهد (نوروز، اکسین، نوبهار و WB-97-11) در مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس (ایستگاه داراب) طی سال زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹ ارزیابی شدند. شاخص MGIDI برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از ۱۳ صفت مورفو-فنولوژیک محاسبه شد. این صفات شامل عملکرد دانه، تعداد سنبله در متر مربع، تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، وزن هزار دانه، تراکم سنبله، طول دوره پر شدن دانه، طول پدانکل، طول ریشک، طول سنبله، ارتفاع بوته، تعداد روز تا ظهور سنبله و تعداد روز تا رسیدگی بود.

یافته‌ها: با توجه به نتایج تجزیه واریانس تفاوت معنی‌داری بین لاین‌های مورد مطالعه برای همه صفات (به‌جزء طول ریشک و وزن هزاردانه) در سطوح احتمال پنج و یک درصد مشاهده شد. همچنین نتایج نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین لاین‌ها و شاهدهای آزمایش در همه صفات (به‌جزء طول پدانکل) وجود داشت. نتایج تجزیه به عامل‌ها برای ۱۳ صفت مورد بررسی، پنج عامل پنهانی را شناسایی کرد که ۸۰/۲ درصد از تنوع کل داده‌ها را توجیه نمود. بر مبنای شاخص MGIDI ژنوتیپ‌های L110، L99، L88، L51، L56، L108، L63، L33، L50، L112، L52، L36، L20، L69، L68، L94 و L35 به‌ترتیب با کمترین مقدار این شاخص جزء برترین ژنوتیپ‌ها بودند. بیشترین و کمترین مقدار درصد دیفرانسیل گزینش شاخص MGIDI به‌ترتیب مربوط به صفات عملکرد دانه (۱۱/۵ درصد) و وزن هزار دانه (۳/۶۲- ٪) بود. نتایج نشان داد که مقدار پایین صفات تعداد دانه در سنبله و وزن سنبله و مقدار بالای تعداد سنبله در متر مربع عامل مؤثر در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عامل اول بود که بر مبنای این عامل ژنوتیپ‌های L20، L94، L110 و L88 برتر بودند. در عامل دوم، بالا بودن مقدار صفات تعداد روز تا رسیدگی، عملکرد دانه و طول دوره پر شدن عامل اصلی انتخاب ژنوتیپ‌ها بود و بر مبنای این عامل ژنوتیپ L112 برتر بود. عامل سوم ژنوتیپ‌ها را بر اساس مقدار بالای هر دو صفت ارتفاع بوته و طول پدانکل گزینش کرد که ژنوتیپ‌های L88 و L94 براساس عامل سوم ایده‌آل بودند. عامل چهارم ژنوتیپ‌ها را بر اساس طول ریشک و طول سنبله بالا گزینش کرد (ژنوتیپ L33 برتر بود) و عامل پنجم ژنوتیپ‌های با طول دوره ظهور سنبله و وزن هزار دانه پایین را انتخاب کرد و بر اساس این عامل ژنوتیپ‌های L50، L35 و L51 ایده‌آل بودند.

نتیجه‌گیری: درکل نتایج نشان داد که هیچ‌کدام از عامل‌ها، نتوانستند ژنوتیپ‌های برتر را بر اساس مقدار ایده‌آل همه صفات درونی خود دسته‌بندی نمایند. به همین دلیل نهایتاً ژنوتیپ‌هایی انتخاب شدند که کمترین مقدار MGIDI را داشته و علاوه بر آن، عملکرد دانه آن‌ها از متوسط عملکرد دانه ژنوتیپ‌های انتخاب‌نشده بالاتر بود. بنابراین، در بین ژنوتیپ‌های انتخابی با استفاده از شاخص MGIDI، ژنوتیپ‌های L99، L88، L51، L56، L108، L63، L20، L69 و L94 جزء ژنوتیپ‌های برتر در این تحقیق بودند. از طرفی اثبات کارایی و توسعه شاخص جدیدی مثل MGIDI نیاز به تحقیقات بیشتری در سایر گیاهان دارد.

واژه‌های کلیدی: اقلیم گرم، تجزیه به عامل‌ها، دیفرانسیل انتخاب، صفات مورفو- فنولوژیک

مقدمه

جو (*Hordeum vulgare* L.) از اولین گیاهان زراعی اهلی‌شده به شمار می‌رود که علاوه بر اهمیت تغذیه‌ای برای انسان و دام، گیاه با ارزشی برای تناوب محصولات زراعی بوده و مزایای زیادی از نظر تنوع گونه‌ای، کنترل آفات و بیماری‌ها دارد (۶). جو با سازگاری وسیع اکولوژیک، سطح زیر کشت وسیع و تولید ۱۵۹ میلیون تن، به‌عنوان یکی از گیاهان زراعی مهم بعد از گندم، ذرت و برنج مورد استفاده انسان و دام قرار می‌گیرد. در ایران نیز جو با تولید ۳/۶ میلیون تن دومین محصول بعد از گندم محسوب می‌شود (۷). مناطق عمده کشت جو در مناطق گرم کشور شامل کلیه اراضی استان‌های خوزستان، بوشهر، بندرعباس، هرمزگان، سیستان و بلوچستان و قسمت‌های عمده‌ای از استان‌های فارس، کرمان، کهگیلویه و بویراحمد و ایلام در منطقه گرم و خشک جنوب کشور و مناطقی از اراضی کشاورزی استان‌های مازندران، گلستان و تمام منطقه دشت مغان در منطقه گرم و مرطوب شمال کشور می‌باشند (۲).

با توجه به اهمیت محصول جو در مناطق گرم اجرای پروژه‌های تحقیقاتی و معرفی ارقام جدید با خصوصیات زراعی مطلوب می‌تواند سهم بسزایی در افزایش تولید این محصول در این اقلیم داشته باشد.

اصلاح‌گران اغلب سعی می‌کنند چندین صفت را در یک ژنوتیپ جدید ترکیب کنند تا عملکرد بالایی تولید کنند. هنگام بررسی صفات چندگانه، اغلب انتخاب یک ژنوتیپ از بین ژنوتیپ‌های ایده‌آل دشوار است. در این راستا، روش‌های چند متغیره مختلفی مانند تجزیه مؤلفه‌های اصلی، تحلیل عاملی و تجزیه خوشه‌ای به‌طور گسترده مورد استفاده قرار می‌گیرند (۳). محققین زیادی از روش‌های آماری چندمتغیره برای کاهش متغیرهای همبسته به تعداد کمتری عامل اصلی استفاده کرده‌اند. تجزیه عاملی اطلاعات بیشتری در مقایسه با یک ماتریس ساده در اختیار قرار می‌دهد. زیرا، در این روش گروهایی از عامل‌ها و نیز درصد سهم هر عامل نشان داده می‌شود (۲۰).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-19]

[DOI: 10.52547/jcb.14.44.65]

بهره ژنتیکی[1] جزء مهمی در اصلاح نباتات است و از این‌رو نقش کلیدی در توسعه برنامه‌های اصلاحی ایفا می‌کند. انتخاب تنها بر اساس یک صفت به‌طورکلی مناسب‌ترین استراتژی در نظر گرفته نمی‌شود؛ زیرا هیچ اطمینانی از دستاوردهای ژنتیکی در سایر صفات مهم وجود ندارد (۹). از این‌رو، اصلاح‌کنندگان اغلب سعی می‌کنند صفات مطلوب مختلف را در یک ژنوتیپ جدید جمع‌آوری کنند تا منجر به عملکرد بالا شود (۱۳). برای این منظور، چندین شاخص برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر پیشنهاد شده است (۵). در این رویکردها، بیان ارزش اقتصادی این گونه صفات و تبدیل آن‌ها به وزن دهی اقتصادی واقعی، چالش‌های اصلی است که اغلب اصلاح‌کنندگان را در انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها محدود می‌کند (۴).

برای انتخاب ژنوتیپ‌های پر محصول در برنامه‌های اصلاحی، ژنوتیپ‌های برتر باید با دقت بالایی انتخاب شوند. عملکرد تحت تأثیر محیط و اثر متقابل ژنوتیپ در محیط قرار می‌گیرد و از نظر بسیاری از محققین برای چنین صفاتی، انتخاب غیرمستقیم از طریق سایر صفات که همبستگی بالایی با عملکرد دارند، از کارایی مطلوبی برخوردار است (۱۸). چندین شاخص انتخاب خطی (۵) به اصلاح‌کنندگان در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر کمک می‌کنند. یک شاخص انتخاب فنوتیپی خطی پایه پرکاربرد، شاخص SH اسمیت–هیزل است (۸،۲۱). برای محاسبه شاخص SH، اصلاح‌کنندگان از ماتریس‌های واریانس–کوواریانس فنوتیپی و ژنوتیپی و همچنین بردار وزن‌های اقتصادی استفاده می‌کنند تا تعیین کنند که چگونه بردار ضرایب شاخص باید انتخاب شود تا همبستگی مقادیر ناشناخته ژنتیکی و ارزش‌های فنوتیپی را به حداکثر برسانند. از آنجایی که شاخص SH به معکوس کردن یک ماتریس کوواریانس فنوتیپی نیاز دارد (۸)، وجود چندخطی که مطمئناً هنگام ارزیابی چندین صفت ظاهر می‌شود، می‌تواند منجر به ماتریس‌های شرطی ضعیف و ضرایب شاخص اریب شود؛ بنابراین، بر تخمین دستاوردهای ژنتیکی تأثیر می‌گذارد.

در سال‌های اخیر شاخص‌های انتخاب جدیدی که بر پایه انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عملکرد و صفات مختلف به‌طور همزمان، معرفی شده است که از آن جمله می‌توان به شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)[2] (۲۲،۲۳)، شاخص پایداری مبتنی بر چند صفت (MTSI)[3] (۱۱)، شاخص فاصله ژنوتیپ–ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI)[4] (۱۳) و شاخص FAI-BLUP[5] (۱۹) اشاره کرد.

اولیوتو و ناردینو (۱۳) یک شاخص چند صفتی جدید بر اساس تجزیه و تحلیل عاملی و فاصله ژنوتیپ–ایدئوتیپ (MGIDI) معرفی کردند. این شاخص بر انتخاب ژنوتیپ‌های برتر که در آن صفات متعدد اندازه‌گیری شده است، تمرکز دارد. اولیوتو و ناردینو (۱۴)، پورابوقداره و پوکزای (۱۵) و پورابوقداره و همکاران (۱۷) به‌ترتیب از شاخص MGIDI برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در توت‌فرنگی، گندم‌های وحشی و جو زراعی استفاده کردند. آن‌ها هم‌چنین نشان دادند که این شاخص می‌تواند به‌طور هم‌زمان بسیاری از صفات و یا شاخص‌ها را در نظر بگیرد و هم‌چنین نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های مورد آزمایش را ارزیابی کند.

این تحقیق با هدف استفاده از شاخص MGIDI برای ارزیابی دقیق‌تر لاین‌ها و تنوع فنوتیپی آن‌ها و انتخاب لاین‌های برتر جو با استفاده از صفات مختلف و بررسی کاربرد این شاخص، انجام شد.

مواد و روش‌ها

به‌منظور بررسی کاربرد شاخص MGIDI و تنوع فنوتیپی لاین‌های خالص جو، تعداد ۱۰۸ لاین خالص (جدول ۱) در قالب طرح حجیم‌شده بدون تکرار (آگمنت) همراه با چهار ژنوتیپ شاهد (نوروز، اکسین، نوبهار و WB-97-11) در شش بلوک، در مزرعه ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی داراب، طی سال زراعی ۱۴۰۰–۱۳۹۹ ارزیابی شدند. ارقام و لاین‌های مورد بررسی در ۱۵ آذر در شش خط به‌طول شش متر (۷/۲ مترمربع) به فاصله ۱۵ سانتی‌متر از همدیگر کشت و عمق کاشت بین ۳–۴ سانتی‌متر و به‌صورت نشتی آبیاری شدند. میزان بذر مصرفی با در نظر گرفتن وزن هزار دانه و بر مبنای تراکم ۳۰۰ دانه در متر مربع برای هر لاین تعیین گردید. هم‌چنین قبل از برداشت نیم‌متر از ابتدا و انتهای هر کرت حذف و بقیه (۶ مترمربع) برداشت شد. زمین مورد کشت به‌صورت رسی لومی و تحت تناوب دو ساله غلات– آیش بوده و عملیات تهیه زمین شامل شخم بعد از برداشت محصول قبل، یک نوبت شخم بهاره، یک نوبت دیسک، دو بار لولر عمود بر هم، کودپاشی و ایجاد فارو بود. بذور آزمایشی قبل از کاشت به‌منظور جلوگیری از سیاهک پنهان با قارچ‌کش کاربوکسین تیرام[6] به نسبت دو در هزار ضدعفونی گردید. میزان کود مصرفی با توجه به نتایج تجزیه خاک به‌صورت ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار اوره (در دو نوبت پنجه‌زنی و ساقه رفتن) و کودهای دی آمونیوم فسفات و سولفات پتاسیم به‌ترتیب با مقادیر ۱۰۰ و ۵۰ کیلوگرم در هکتار (قبل از کاشت) بود. در طول فصل زراعی، کلیه عملیات زراعی مرسوم انجام شد. مبارزه با علف‌های هرز پهن‌برگ و نازک‌برگ به‌ترتیب با استفاده از علف‌کش‌های توفوردی[7] و اکسیال[8] با مقدار ۱/۵ لیتر در هکتار و هم‌چنین به‌صورت مکانیکی در مرحله پنجه‌زنی تا ساقه‌رفتن انجام شد. در طول دوره رشد علاوه بر مراقبت‌های زراعی، یادداشت‌برداری از صفات تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، درصد خوابیدگی، طول ریشک، طول پدانکل، طول سنبله، تراکم سنبله، وزن هزار دانه، تعداد خوشه در متر مربع، تعداد دانه در خوشه، وزن خوشه و در نهایت عملکرد دانه صورت گرفت.

ارتفاع منطقه مورد آزمایش از سطح دریا ۱۱۰۷ متر با اقلیم گرم و خشک و متوسط بارندگی ۲۴۸ میلی‌متر و زمستان‌های معتدل می‌باشد. مشخصات جغرافیایی آن به‌ترتیب ۵۴ درجه و ۳۰ دقیقه طول شرقی و ۵۰ درجه و ۲۸ دقیقه عرض شمالی است. سایر اطلاعات هواشناسی مربوط به سال زراعی در جدول ۲ نشان داده شده است.

1- Genetic gain 2- Selection index of ideal genotype 3- Multi-trait stability index
4- The multi-trait genotype-ideotype distance index
5- Factor analysis and ideotype design via best linear unbiased prediction 6- Carboxin Thiram 7- 2, 4D 8- Axial

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-19]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.65]

شاخص MGIDI

برای رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها از شاخص MGIDI استفاده شد. این شاخص بر اساس اطلاعات صفات مورد بررسی محاسبه می‌شود (۱۳). مراحل محاسبه آن به‌صورت زیر می‌باشد:

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

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

φ_{oj} و η_{oj} به‌ترتیب مقادیر اصلی حداقل و حداکثر برای صفت j هستند. φ_{nj} و η_{nj} به‌ترتیب مقادیر جدید حداقل و حداکثر برای صفت j پس از تغییر مقیاس[1] هستند و θ_{ij} مقدار اصلی برای صفت jام از ژنوتیپ iام است. برای تغییر مقیاس مقادیر η_{nj} و φ_{nj} به‌صورت زیر محاسبه شدند: برای صفاتی که در آن‌ها مقدار بالا مورد نظر است، φ_{nj} برابر با صفر و η_{nj} برابر با ۱۰۰ در نظر گرفته می‌شود. در حالی‌که، برای صفاتی که در آن‌ها مقدار پایین مورد نظر است، φ_{nj} برابر با ۱۰۰ و η_{nj} برابر با صفر در نظر گرفته می‌شود. در جدول دو طرفه تغییر مقیاس یافته (rX_{ij})، هر ستون دارای محدوده ۰-۱۰۰ است که مفهوم انتخاب مورد نظر (افزایش یا کاهش) را در نظر می‌گیرد و ساختار همبستگی مجموعه اصلی متغیرها را حفظ می‌کند.

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

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

که در آن F یک ماتریس g × f با مقادیر عامل‌ها است، Z یک ماتریس g × p با میانگین استانداردشده (تغییر مقیاس یافته) است، A یک ماتریس p × f از بارگذاری متعارف[2] است و R یک ماتریس همبستگی p × p بین صفات است. علاوه بر این g، f و p به‌ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها، عامل‌های باقیمانده (عامل‌هایی که مقدار ویژه آن‌ها از یک بیشتر است) و شاخص‌های محاسبه‌شده را نشان می‌دهند.

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

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

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

γ_{ij} امتیاز iامین ژنوتیپ در عامل jام است ($i = 1,2,\ldots,t$; $j = 1,2,\ldots,f$) که t و f به‌ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها و عامل‌ها است، γ_j نمره jام ژنوتیپ ایده‌آل است. ژنوتیپ‌هایی با کمترین مقدار MGIDI به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر هستند و بنابراین مقادیر مطلوب را برای همه صفات محاسبه شده نشان می‌دهد. دیفرانسیل انتخاب برای همه صفات با در نظر گرفتن شدت انتخاب ۱۵ درصد انجام شد. برای برآورد شاخص MGIDI از بسته تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی (metan)[3] در نرم‌افزار R استفاده شد (۱۲).

1- Rescaling
2- Canonical loadings
3- Multi environment trial analysis

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-19]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.65]

جدول ۱- منشأ ارقام و لاین‌های مورد بررسی جو در فصل زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹

Table 1. Origin of cultivars and lines of studied barley in the cropping season 2020-2021

لاین‌ها	منشأ	لاین‌ها	منشأ	لاین‌ها	منشأ	لاین‌ها	منشأ
L1	Iran	L29	ICARDA	L57	ICARDA	L85	Iran
L2	Iran	L30	ICARDA	L58	ICARDA	L86	Iran
L3	Iran	L31	ICARDA	L59	ICARDA	L87	Iran
L4	Iran	L32	ICARDA	L60	ICARDA	L88	Iran
L5	Iran	L33	ICARDA	L61	ICARDA	L89	Iran
L6	Iran	L34	ICARDA	L62	ICARDA	L90	Iran
L7	Iran	L35	ICARDA	L63	ICARDA	L91	Iran
L8	Iran	L36	ICARDA	L64	ICARDA	L92	Iran
L9	Iran	L37	ICARDA	L65	ICARDA	L93	Iran
L10	Iran	L38	ICARDA	L66	ICARDA	L94	Iran
L11	Iran	L39	ICARDA	L67	ICARDA	L95	Iran
L12	Iran	L40	ICARDA	L68	ICARDA	L96	Iran
L13	Iran	L41	ICARDA	L69	ICARDA	L97	Iran
L14	Iran	L42	ICARDA	L70	ICARDA	L98	Iran
L15	Iran	L43	ICARDA	L71	ICARDA	L99	Iran
L16	Iran	L44	ICARDA	L72	ICARDA	L100	Iran
L17	Iran	L45	ICARDA	L73	ICARDA	L101	Iran
L18	Iran	L46	ICARDA	L74	ICARDA	L102	Iran
L19	Iran	L47	ICARDA	L75	ICARDA	L103	Iran
L20	Iran	L48	ICARDA	L76	ICARDA	L104	Iran
L21	Iran	L49	ICARDA	L77	Iran	L105	Iran
L22	Iran	L50	ICARDA	L78	Iran	L106	Iran
L23	Iran	L51	ICARDA	L79	Iran	L107	Iran
L24	Iran	L52	ICARDA	L80	Iran	L108	Iran
L25	Iran	L53	ICARDA	L81	Iran	Norooze*	Iran
L26	Iran	L54	ICARDA	L82	Iran	Auxin*	Iran
L27	Iran	L55	ICARDA	L83	Iran	Nobahar*	Iran
L28	ICARDA	L56	ICARDA	L84	Iran	WB-97-11*	Iran

*: ژنوتیپ‌های شاهد

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-19]

[DOI: 10.52547/jcb.14.44.65]

جدول ۲- داده‌های هواشناسی ماهیانه داراب در فصل زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹
Table 2. Monthly meteorological data of Darab in the cropping season 2020-2021

ماه	بارندگی (میلی‌متر)	رطوبت نسبی (درصد)	دما (سانتی‌گراد)		
			حداقل	حداکثر	میانگین
مهر	۰	۲۵	۱۶/۰	۳۳/۴	۲۴/۷
آبان	۷	۳۸	۱۶/۲	۲۷/۳	۱۸/۷
آذر	۴۰/۶	۵۹	۷/۶	۲۰/۹	۱۴/۲
دی	۲	۴۲	۲/۲	۱۹/۴	۱۰/۸
بهمن	۴/۱	۳۷	۴/۵	۲۲/۸	۱۳/۷
اسفند	۱۷/۲	۴۶	۹/۹	۲۴/۶	۱۷/۲
فروردین	۰/۹	۳۱	۱۳/۶	۳۱/۵	۲۲/۶
اردیبهشت	۱/۹	۳۰	۱۸/۴	۳۴/۸	۲۲/۶
خرداد	۰	۲۰	۲۳/۳	۴۲	۳۲/۷

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس صفات مورد بررسی نشان داد که برای تمام صفات به‌جزء عملکرد دانه اختلاف معنی‌داری بین بلوک‌ها مشاهده نشد؛ بنابراین، این صفت تصحیح و تجزیه‌های بعدی با استفاده از داده‌های تصحیح‌شده انجام شد. تفاوت معنی‌داری بین لاین‌های مورد مطالعه برای همه صفات (به‌جزء طول ریشک و وزن هزاردانه) در سطوح احتمال پنج و یک درصد مشاهده شد که بیانگر وجود تنوع قابل توجه در بین لاین‌ها بود. همچنین نتایج نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین لاین‌ها و شاهدهای آزمایش در همه صفات (به‌جزء طول پدانکل) وجود داشت که احتمال وجود لاین‌هایی برتر نسبت به شاهدهای مورد بررسی را نشان می‌دهد (جدول ۳).

از آنجایی که شاخص MGIDI مبتنی بر تجزیه به عامل‌هاست، بنابراین تجزیه به عامل‌ها برای همه صفات انجام شد. نتایج تجزیه به عامل‌ها برای ۱۳ صفت مورد بررسی پنج عامل پنهانی را شناسایی کرد که ۸۰/۲ درصد از تنوع کل داده‌ها را توجیه نمودند. عامل اول تحت تأثیر صفات تعداد سنبله در متر مربع به‌طور منفی و تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله و تراکم سنبله به‌طور مثبت بود و ۲۹ درصد تنوع فنوتیپی صفات را تبیین نمود (جدول ۴). نتایج همبستگی بین صفات هم حاکی از همبستگی منفی تعداد سنبله در متر مربع با صفات نامبرده بود (شکل ۱). عامل دوم بیشتر تحت تأثیر تعداد روز تا رسیدگی، طول دوره پر شدن دانه و عملکرد دانه بود و ۱۶/۸ درصد از تغییرات کل مربوط به این عامل را تبیین نمود. بیشترین همبستگی با عملکرد دانه مربوط به صفات تعداد روز تا رسیدگی، طول دوره پر شدن دانه بود که تأییدکننده این مطلب است (شکل ۱). ارتفاع بوته به‌طور منفی و طول پدانکل به‌طور مثبت عامل سوم را تحت تأثیر قرار دادند و ۱۴/۲ درصد را توجیه نمودند. عامل چهارم که ۱۱/۲ درصد تغییرات کل را تبیین نموده بود به‌طور مثبت، بیشتر تحت تأثیر طول سنبله و طول ریشک بود. تعداد روز تا ظهور سنبله و وزن هزار دانه عامل پنجم را به‌ترتیب در جهت مثبت و منفی تحت تأثیر قرار دادند و ۹/۰۶ درصد تغییرات کل را تبیین کردند.

جدول ۳- تجزیه واریانس صفات مختلف مورد بررسی در ژنوتیپ‌های جو در فصل زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹
Table 3. Analysis of variance of different traits studied in barley genotypes in the cropping season 2020-2021

منابع تغییرات	درجه آزادی	DHE	DMA	GFP	PLH	LS	LAW	LP
بلوک	۵	۰/۴۷^{ns}	۰/۰۷^{ns}	۰/۸۰^{ns}	۰/۵^{ns}	۰/۱۵^{ns}	۲/۰۷^{ns}	۱/۴۰^{ns}
شاهد	۳	۶۷/۶**	۶/۰۰**	۳۹/۷۸**	۸۳۶/۲**	۴/۳۶**	۵/۵۰**	۷۳/۹۴**
لاین	۱۰۷	۸/۴۹**	۲۰/۰۶**	۹/۶۰**	۱۵۴**	۰/۴۷۶**	۱/۹۸^{ns}	۸/۸۳**
شاهد در مقابل لاین	۱	۵۸/۸۷**	۲۹۴/۲**	۸۹/۸۳**	۹۴/۶*	۸/۹۷**	۱۶/۸۳**	۱/۱۴^{ns}
خطا	۱۵	۰/۸۲	۰/۶۰	۰/۹۸	۱۲/۸	۰/۰۸۳	۱/۰۰	۲/۹۱
ضریب تغییرات (٪)		۰/۹۴	۰/۵۶	۲/۴۵	۳/۸۸	۴/۷۲	۵/۸۵	۱۵/۹۱

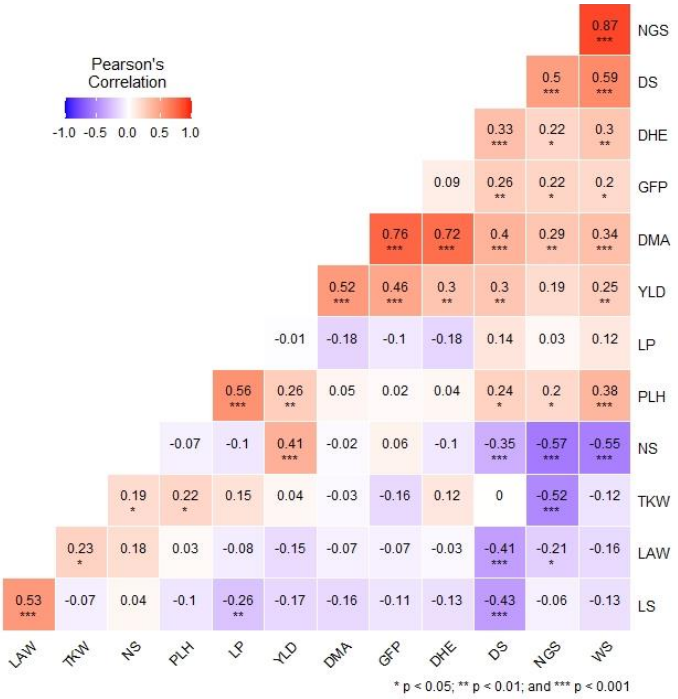
ادامه جدول ۳-
Continued Table 3.

منابع تغییرات	درجه آزادی	NSE	NGS	WS	SD	TGW	YLD
بلوک	۵	۹۱۴۰^{ns}	۴/۸^{ns}	۰/۰۰۰۱^{ns}	۰/۲۷^{ns}	۴/۵۱^{ns}	۴۱۳۱۷*
شاهد	۳	۱۱۶۲۰۳**	۴۱۳/۷**	۰/۳۸**	۱۱/۳۳**	۲۵۸/۶**	۷۴۷۹۳۸۹**
لاین	۱۰۷	۱۴۸۸۰*	۴۷/۳**	۰/۰۹**	۱/۴۹**	۱۸/۰۶^{ns}	۱۰۵۷۸۲۴**
شاهد در مقابل لاین	۱	۹۸۴۴۶۰**	۷۱۲/۶**	۱/۰۳**	۲۱/۱۲**	۱۰۱/۴۷**	۳۶۱۵۶۴۰۲**
خطا	۱۵	۶۰۸۱	۵/۸	۰/۰۰۳	۰/۲۶۷	۸/۶۹	۱۴۱۷۵۹
ضریب تغییرات (٪)		۲/۳	۹/۷۱	۵/۰۸	۱۲/۳	۶/۵۴	۶/۰۸

^{ns}، * و **: به‌ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۱ و ۵ درصد

DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله (روز)؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی (روز)؛ GFP: طول دوره پر شدن دانه (روز)؛ PLH: ارتفاع بوته (سانتی‌متر)؛ LS: طول سنبله؛ LAW: طول ریشک؛ LP: طول پدانکل؛ SD: تراکم سنبله؛ NSE: تعداد سنبله در متر مربع؛ NGS: تعداد دانه در سنبله؛ TGW: وزن هزار دانه (گرم)؛ WS: وزن سنبله؛ YLD: عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-19]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.65]



شکل ۱– نقشه حرارتی نشان‌دهنده روابط بین صفات مورفو–فنولوژیک بر اساس آزمون همبستگی رتبه پیرسون

Figure 1. Heatmap showing the relationships among morpho-phenologic traits based on Pearson’s rank correlation test

DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله (روز)؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی (روز)؛ GFP: طول دوره پر شدن دانه (روز)؛ PLH: ارتفاع بوته (سانتی‌متر)؛ LS: طول سنبله؛ LAW: طول ریشک؛ LP: طول پدانکل؛ SD: تراکم سنبله؛ NSE: تعداد سنبله در متر مربع؛ NGS: تعداد دانه در سنبله؛ TGW: وزن هزار دانه (گرم)؛ WS: وزن سنبله؛ YLD: عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)

جدول ۴– واریانس توجیه شده، مقادیر ویژه، بارهای عاملی پس از چرخش واریماکس و میزان اشتراک برآورد شده در تحلیل عاملی

Table 4. Explained variance, eigenvalues, factorial loadings after varimax rotation and communalities estimated in the factor analysis.

صفات	بار عامل‌ها					میزان اشتراک	واریانس خاص
	اول	دوم	سوم	چهارم	پنجم		
تعداد سنبله در مترمربع	−۰/۸۱	−۰/۳۸	۰/۰۴	۰/۰۹۰	۰/۰۶	۰/۸۲	۰/۱۸
تعداد دانه در سنبله	۰/۹۲	−۰/۲۳	۰/۰۴	−۰/۰۵	۰/۱۷	۰/۹۳	۰/۰۷
وزن سنبله	۰/۸۶	−۰/۲۲	۰/۲۵	۰/۰۶	−۰/۱۴	۰/۸۷	۰/۱۳
تراکم سنبله	۰/۵۲	−۰/۲۵	۰/۱۶	−۰/۵۲	−۰/۲۸	۰/۷۱	۰/۲۹
تعداد روز تا رسیدگی	−۰/۲۵	۰/۷۸	۰/۲	۰/۰۷	۰/۴۴	۰/۹۱	۰/۰۹
طول دوره پر شدن دانه	۰/۱۱	−۰/۸۳	−۰/۰۸	−۰/۰۵	۰/۱۰	۰/۷۱	۰/۲۹
عملکرد دانه	−۰/۰۷	−۰/۸۲	۰/۲۱	−۰/۱۲	−۰/۱۱	۰/۷۶	۰/۲۴
ارتفاع بوته	−۰/۱۹	۰/۱۵	−۰/۸۶	−۰/۰۶	۰/۱۰	۰/۸۲	۰/۱۸
طول پدانکل	۰/۰۳	۰/۱۳	۰/۸۲	−۰/۱۹	۰/۱۰	۰/۷۳	۰/۲۷
طول سنبله	۰/۲۰	۰/۰۸	−۰/۱۶	۰/۸۵	۰/۱۴	۰/۷۸	۰/۲۲
طول ریشک	−۰/۱۵	۰/۰۴	۰/۰۷	۰/۸۵	−۰/۱۷	۰/۷۹	۰/۲۱
تعداد روز تا ظهور سنبله	−۰/۲۷	۰/۳۱	۰/۲۱	۰/۰۶	۰/۷۷	۰/۸۱	۰/۱۹
وزن هزار دانه	−۰/۴	۰/۱۶	۰/۳۶	۰/۰۶	−۰/۶۹	۰/۸	۰/۲
مقدار ویژه	۳/۷۷	۲/۱۹	۱/۸۴	۱/۴۶	۱/۱۸	–	–
درصد واریانس توجیه شده	۲۹/۰	۱۶/۸	۱۴/۲	۱۱/۲	۹/۰۶	–	–
درصد تجمعی واریانس توجیه شده	۲۹/۰	۴۵/۸	۶۰/۰	۷۱/۲	۸۰/۲	–	–

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-19]

[DOI: 10.52547/jcb.14.44.65]

شاخص MGIDI برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از ۱۳ صفت مورفو-فنولوژیک مورد بررسی محاسبه شد (شکل ۲). در این شکل ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده بر اساس این شاخص با رنگ قرمز نشان داده شده‌اند. دایره قرمز مرکزی نقطه برش را با توجه به‌شدت انتخاب نشان می‌دهد.

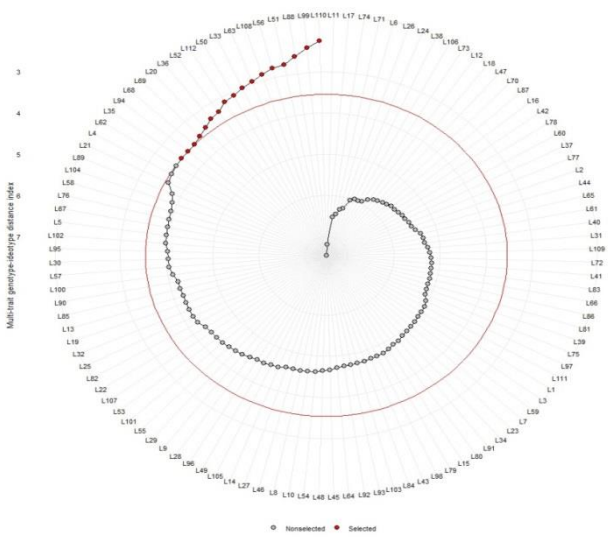
در واقع در این تحقیق، ارزش ژنوتیپ‌ها بر اساس بالا بودن مقدار صفات عملکرد دانه، تعداد سنبله در مترمربع، تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، وزن هزار دانه، تراکم سنبله، طول دوره پر شدن، طول پدانکل، طول ریشک و طول سنبله و از طرفی پایین بودن ارتفاع بوته، تعداد روز تا ظهور سنبله و تعداد روز تا رسیدگی تعیین شد (جدول ۴). در این شاخص ژنوتیپ‌هایی با کمترین مقدار، ایده‌آل‌ترین ژنوتیپ هستند؛ بنابراین، ژنوتیپ-های انتخاب‌شده با استفاده از شاخص MGIDI عبارت از ژنوتیپ‌های L110، L99، L88، L51، L56، L108، L63، L33، L50، L112، L52، L36، L20، L69، L68، L94 و L35 بودند. لازم به توضیح می‌باشد که ژنوتیپ‌های L110 (اکسین) و L112 (WB-97-11) جزء ژنوتیپ‌های شاهد بودند.

کاربرد شاخص MGIDI در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در سایر تحقیقات نیز گزارش شده است (۱۳،۱۴،۱۶). بناکاناهالی و همکاران (۱) در بررسی ۸۵ ژنوتیپ گوآر، شناسایی آسان نقاط قوت و هم‌چنین نقاط ضعف ژنوتیپ‌ها را بسته به چارچوب چند صفت انجام دادند و بیان کردند که ژنوتیپ‌های منتخب نه‌تنها با عملکرد دانه، بلکه با محتوای صمغ، پروتئین، فیبر و خاکستر محصول گوار، قابلیت تولید بالایی داشتند. در تحقیقی دیگری از شاخص MGIDI برای شناسایی ژنوتیپ‌های گندم وحشی متحمل به تنش خشکی استفاده شده است (۱۵).

دیفرانسیل انتخاب آماره MGIDI برای تمامی صفات، به‌جز تراکم سنبله، تعداد روز تا ظهور سنبله و وزن هزار دانه مثبت بود که احتمالاً بیانگر مؤثر بودن این آماره در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر می‌باشد (۱۱). بیشترین و کمترین مقدار درصد دیفرانسیل گزینش به‌ترتیب مربوط به صفات عملکرد دانه (۱۱٪/۵) و وزن هزار دانه (۳/۶۲-٪) بود (جدول ۵).

جدول ۵- دیفرانسیل انتخاب شاخص MGIDI برای ۱۳ صفت مورفو-فنولوژیک در ژنوتیپ‌های جو
Table 5. Selection differential of the MGIDI index for 13 morpho-phenological traits in barley genotypes

صفات	عامل	میانگین کل	میانگین ژنوتیپ‌های انتخابی	دیفرانسیل انتخاب	درصد دیفرانسیل انتخاب	هدف
تعداد سنبله در مترمربع	عامل اول	۴۳۷	۴۶۳	۲۵/۹	۵/۹۳	افزایش
تعداد دانه در سنبله	عامل اول	۲۸/۴	۳۱/۷	۳/۲۶	۱۱/۴	افزایش
وزن سنبله	عامل اول	۱/۲۸	۱/۳۳	۰/۰۵	۳/۷۹	افزایش
تراکم سنبله	عامل اول	۵/۱۷	۴/۸۲	-۰/۳۵	-۶/۷	افزایش
تعداد روز تا رسیدگی	عامل دوم	۱۳۳	۱۳۴	۰/۹۲	۰/۶۹	کاهش
طول دوره پر شدن دانه	عامل دوم	۳۸/۴	۴۰/۸	۰/۳۳۹	۶/۲۱	افزایش
عملکرد دانه	عامل دوم	۴۸۴۲	۵۳۹۹	۵۵۷	۱۱/۵	افزایش
ارتفاع بوته	عامل سوم	۹۰/۵	۹۶	۵/۵۴	۶/۱۲	کاهش
طول پدانکل	عامل سوم	۱۱	۱۲	۱/۰۲	۹/۲۷	افزایش
طول سنبله	عامل چهارم	۵/۴۷	۵/۸۵	۰/۳۷	۶/۸۱	افزایش
طول ریشک	عامل چهارم	۱۶/۲	۱۶/۸	۰/۵۷	۳/۵۱	افزایش
تعداد روز تا ظهور سنبله	عامل پنجم	۹۵	۹۳/۵	-۱/۴۶	-۱/۵۴	کاهش
وزن هزار دانه	عامل پنجم	۴۳/۱	۳۹/۵	-۳/۶۲	-۸/۴۱	افزایش



شکل ۲- الگوی رتبه‌بندی و ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده بر اساس شاخص MGIDI.
Figure 2. Genotype ranking in ascending order for the MGIDI index

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-19]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.65]

شکل ۳ نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخابی را نشان می‌دهد. سهم عامل‌ها در شاخص MGIDI به دو دسته عامل‌هایی با سهم کمتر و سهم بیشتر طبقه‌بندی می‌شوند. بر اساس این نمودار کمترین سهم توجیه شده توسط یک عامل (نزدیک به لبه خارجی) نشان‌دهنده نزدیک بودن صفات درون آن عامل به حالت ایده‌آل است. نقطه‌چین نشان‌دهنده ارزش نظری است، در صورتی که همه عوامل به یک اندازه نقش داشته باشند. با توجه به این‌که هر تیمار برای عامل‌هایی که سهم کمتری در آن‌ها دارد از لحاظ صفات درون آن عامل به تیمار ایده‌آل نزدیک‌تر است، نتایج نشان داد که مقدار پایین صفات تعداد دانه در سنبله و وزن سنبله و از طرفی مقدار بالای تعداد سنبله در متر مربع عامل مؤثر در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عامل اول بود. بنابراین ژنوتیپ‌های L20، L94، L110 و L88 با مقدار سنبله در متر مربع بالا، جزء ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عامل اول بودند (شکل ۳). ژنوتیپ L33 که ضعیف‌ترین ژنوتیپ با استفاده از عامل اول بود، دارای تعداد دانه در سنبله (۳۹) و وزن سنبله (۱/۶۱ گرم) بالا بود که این مقادیر بالاتر از متوسط کل ژنوتیپ‌های انتخاب‌نشده و حتی ژنوتیپ‌های شاهد بود. ولی تعداد سنبله در متر مربع آن (۳۴۸) از همه ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده و حتی میانگین ژنوتیپ‌های انتخاب‌نشده پایین‌تر بود (جدول ۶). نتایج همبستگی بین صفات (شکل ۱) همبستگی منفی و معنی‌داری بین دو صفات تعداد دانه در سنبله و وزن سنبله با تعداد سنبله در مترمربع نشان داد و به همین دلیل ژنوتیپ‌های انتخابی با تعداد سنبله در مترمربع بالا، تعداد دانه در سنبله و وزن سنبله پایینی داشتند؛ بنابراین، عامل اول نتوانسته ژنوتیپ‌هایی که هر سه صفت در آن بالا باشد را شناسایی کند.

در عامل دوم، بالا بودن مقدار صفات تعداد روز تا رسیدگی، عملکرد دانه و طول دوره پر شدن دانه عامل اصلی انتخاب ژنوتیپ‌ها بود. در واقع ژنوتیپ L52 که از نظر این عامل ضعیف‌ترین ژنوتیپ است (نزدیکی به مرکز شکل ۳) یکی از زودرس‌ترین ژنوتیپ‌ها (۱۲۸ روز) و از نظر عملکرد دانه جزء ژنوتیپ‌های ضعیف بود (جدول ۶). ژنوتیپ L112 (WB-97-11) با بیشترین فاصله از مرکز شکل ۳، جزء ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عامل دوم بود که یک ژنوتیپ دیررس اما با عملکرد بالا بود؛ بنابراین، عامل دوم از بین صفات تعداد روز تا رسیدگی، طول دوره پر شدن و عملکرد دانه، تنها ژنوتیپ‌های دیررس با عملکرد بالا را به‌عنوان ژنوتیپ ایده‌آل معرفی نموده است. نتایج همبستگی بین عملکرد دانه و تعداد روز تا رسیدگی مؤید این مطلب بود و نشان داد که دیررسی با عملکرد دانه همبستگی مثبت معنی‌داری دارد یعنی هر چه ژنوتیپ دیررس‌تر، عملکرد دانه آن نیز بیشتر است (شکل ۱).

عامل سوم ژنوتیپ‌ها را بر اساس مقدار بالای هر دو صفت ارتفاع بوته و طول پدانکل گزینش نموده است؛ بنابراین، از نظر عامل سوم ژنوتیپ‌های نزدیک به مرکز ارتفاع بوته و طول پدانکل آن‌ها کوتاه و بالعکس ژنوتیپ‌های دور از مرکز ارتفاع بوته و طول پدانکل بلندتر دارند. از این رو ژنوتیپ‌های L88 وL94 جزء ژنوتیپ‌های برتر بر اساس عامل سوم بودند و ژنوتیپ L50 (نزدیک به مرکز شکل ۳) ضعیف‌ترین ژنوتیپ بود. عامل چهارم ژنوتیپ‌ها را بر اساس طول ریشک و طول سنبله بالا گزینش کرد و ژنوتیپ L33 و L112 به‌ترتیب برترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ بر اساس این عامل بود. عامل پنجم ژنوتیپ‌های با طول دوره ظهور سنبله کمتر و وزن هزار دانه پایین را انتخاب نموده است؛ بنابراین ژنوتیپ های L50، L35 و L51 جزء ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از این عامل بودند که کمترین طول دوره ظهور سنبله و وزن هزار دانه را داشتند (شکل ۳).

داده‌های مربوط به صفات ژنوتیپ‌های منتخب در مقایسه با میانگین کلی صفات ژنوتیپ‌های انتخاب‌نشده و ژنوتیپ‌های شاهد در جدول ۶ ارائه شده است. می‌توان استنباط کرد که ژنوتیپ‌های انتخابی برای تعدادی از صفات در مقایسه با میانگین کلی صفات همه ژنوتیپ‌ها برتر بودند. البته در این تحقیق ژنوتیپ‌های انتخابی L50، L52، L36، L68 و L35 دارای عملکرد پایین از همه ژنوتیپ‌های شاهد و میانگین کل ژنوتیپ‌های انتخاب‌نشده بود و تنها لاین L108 دارای عملکرد بالا از همه ژنوتیپ‌های شاهد و میانگین کل ژنوتیپ‌های انتخاب‌نشده بود. این مطلب نتایج نشان‌دهنده توانایی نسبی روش ارائه‌شده در شناسایی ژنوتیپ‌های برتر است که می‌توانند به‌عنوان یک روش انتخاب مبتنی بر چند صفت برای اصلاح جو به سمت عملکرد دانه بالا با صفات مورفو–فنولوژیک برتر استفاده شود. بناکاناهالی و همکاران (۱) بیان نمودند شاخص MGIDI به‌دلیل جدید بودن و سهولت در تفسیر داده‌ها با حداقل مسائل چندخطی، به‌عنوان ابزار جدیدی برای فرآیند انتخاب ژنوتیپ مورد نظر به‌طور همزمان در برنامه‌های اصلاح نباتات در چندین محیط عمل می‌کند. کارایی انتخاب ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های اصلاحی اگر بر اساس صفات متعدد باشد می‌تواند مؤثرتر باشد، اما شناسایی ژنوتیپ‌هایی که عملکرد بالا را در بسیاری از صفات ترکیب می‌کنند، یک کار چالش‌برانگیز برای اصلاح‌کنندگان بوده است. MGIDI برای اصلاح‌کنندگانی که هدفشان انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات چندگانه است مفید می‌باشد؛ زیرا فرآیند انتخاب منحصربه‌فرد و قابل تفسیری را ارائه می‌دهد که ساختار همبستگی زیربنایی داده‌ها را در بر می‌گیرد و نیازی به ضریب وزنی دلخواه ندارد (۱۳).

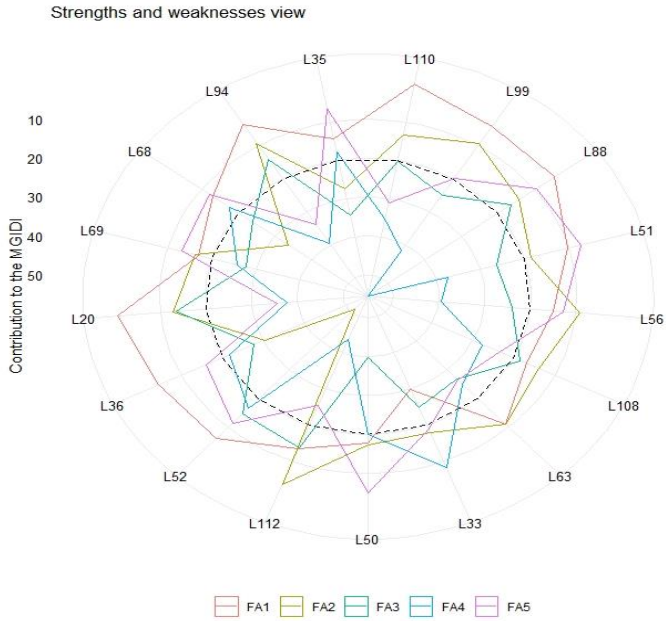
برای آسان‌تر کردن انتخاب ژنوتیپ‌هایی با چندین ویژگی، شاخص‌های MGIDI روش جدیدی برای انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس اطلاعات چند صفت است که در این تحقیق از آن استفاده شد. اهمیت شاخص MGIDI در ارزیابی ژنوتیپ‌ها در حال گسترش است. یکی از اهداف اصلاح‌کنندگان محصولات زراعی، کشف کاربرد تکنیک‌های چندمتغیره در انتخاب ژنوتیپ مناسب با بهره‌وری مؤثر در شرایط محیطی متنوع است. در تحقیق حاضر، ژنوتیپ‌های جو بر اساس اطلاعات چند صفت ارزیابی شدند (شکل ۲). ارزیابی نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخابی (شکل ۳) به‌عنوان یک ابزار جدید برای تدوین استراتژی‌های مدیریت بهتر محصول عمل می‌کند. استفاده از شاخص‌هایی مانند MGIDI در مطالعات ارزیابی ژنوتیپ‌ها برای به حداقل رساندن محاسبات غیرضروری، شناخته شده

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-19]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.65]

است؛ بنابراین، توصیه ارقام برتر در مطالعات اصلاح نباتات در مورد محصولات زراعی/تجاری ممکن است با استفاده از این شاخص آسان‌تر شود و البته این مطلب نیاز به بررسی‌های بیشتری دارد. به‌عنوان نمونه در بین ژنوتیپ‌های انتخابی، ژنوتیپ‌های L50، L52، L36، L68 و L35 دارای عملکرد پایین‌تر از ژنوتیپ‌های انتخاب‌نشده و ژنوتیپ‌های شاهد بود که این مطلب بیانگر این می‌باشد که استفاده از شاخص MGIDI لزوماً منجر به انتخاب ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا نخواهد شد.

در این تحقیق عامل‌های اول و دوم نسبت به سایر عامل‌ها از اهمیت بیشتری برخوردار بودند. عامل اول مربوط به اجزای عملکرد می‌باشد (به‌جزء وزن هزار دانه) و عامل دوم مربوط به دو صفت مهم یعنی عملکرد دانه و رسیدگی بود؛ بنابراین، ژنوتیپ‌های انتخابی آن‌ها نیز مهم‌تر از سایر عامل‌ها خواهد بود و انتخاب نهایی در درجه اول بر اساس این دو عامل صورت خواهد گرفت. در مورد عامل اول، ژنوتیپ‌های نزدیک به لبه خارجی شکل ۳، جزء ژنوتیپ‌های با تعداد دانه در سنبله و وزن سنبله پایینی هستند اما تعداد سنبله در متر مربع آن‌ها بالا بود. در ضمن در مورد عامل دوم ژنوتیپ‌های نزدیک به مرکز زودرس‌تر و ژنوتیپ‌های دور از مرکز عملکرد دانه بالایی داشتند؛ بنابراین، نتایج نشان داد که در این تحقیق ژنوتیپی که همه صفات مطلوب در آن جمع شده باشد، شناسایی نشد. درکل نتایج نشان داد که هیچ‌کدام از عامل‌ها، نتوانستند ژنوتیپ‌های برتر را بر اساس مقدار ایده‌آل همه صفات درونی خود دسته‌بندی نمایند. به‌همین دلیل نهایتاً ژنوتیپ‌هایی انتخاب می‌شوند که کمترین مقدار MGIDI را داشته باشند و علاوه بر آن عملکرد آن‌ها از متوسط عملکرد ژنوتیپ‌های انتخاب‌نشده بالاتر باشد.

در کل نتایج نشان داد که در بین ژنوتیپ‌های انتخابی با استفاده از شاخص MGIDI، ژنوتیپ‌های L99، L88، L51، L56، L108، L63، L20، L69 و L94 با عملکرد بالاتر از متوسط ژنوتیپ‌های انتخاب‌نشده و کمترین مقدار MGIDI، جزء ژنوتیپ‌های برتر در این تحقیق بودند. از طرفی اثبات کارایی و توسعه شاخص جدیدی مثل MGIDI نیاز به تحقیقات بیشتری در سایر گیاهان دارد. در بین ژنوتیپ‌های شاهد، اکسین (L110) و WB-97-11 (L112) جزء ژنوتیپ‌های برتر بودند. از آنجایی که ژنوتیپ WB-97-11 یک لاین امیدبخش می‌باشد و عملکرد بالایی هم داشت؛ بنابراین، یکی از ژنوتیپ‌هایی که باید مدنظر قرار داشت، همین ژنوتیپ می‌باشد. هم‌چنین رقم اکسین که برای مناطق گرم کشور معرفی شده است در رتبه اول ژنوتیپ‌های انتخابی در شرایط این تحقیق بود که این مطلب مزیت کشت این رقم را در مناطق گرم کشور نشان می‌دهد.



شکل ۳- نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده براساس شاخص MGIDI
Figure 3. The strengths and weaknesses view of the selected genotypes based on MGIDI index

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-19]
[DOI: 10.52547/jcb.14.44.65]

جدول ۶- مقایسه صفات ژنوتیپ‌های منتخب با مقادیر میانگین ژنوتیپ‌های انتخاب نشده و ژنوتیپ‌های شاهد

Table 6. Comparison of traits of selected genotypes with the average values of the not selected genotypes and check genotypes

ژنوتیپ	NSE	NGS	WS	SD	TGW	YLD	DHE	DMA	GFP	PLH	PL	SL	LAW
L99	۵۰۹	۲۸	۱/۳۵	۵	۴۲	۵۸۸۳	۹۲	۱۳۶	۴۴	۹۸	۱۲	۶	۱۶
L88	۶۲۸	۳۰	۱/۲۱	۵	۳۹	۵۶۰۰	۹۲	۱۳۴	۴۲	۹۸	۱۵	۵/۵	۱۶
L51	۴۲۱	۳۱	۱/۲۷	۵	۳۸	۵۳۲۰	۹۱	۱۳۴	۴۳	۹۱	۱۳	۵/۵	۱۷
L56	۶۱۰	۳۶	۱/۴۹	۵	۴۲	۵۹۹۷	۹۲	۱۳۶	۴۴	۹۵	۱۲	۶	۱۵
L108	۴۶۱	۳۷	۱/۶۳	۵	۴۰	۷۱۰۳	۹۵	۱۳۳	۳۸	۱۰۰	۱۰	۵/۵	۱۷
L63	۵۱۶	۳۲	۱/۳۸	۵	۳۹	۶۰۸۷	۹۷	۱۳۷	۴۰	۹۵	۱۲	۶/۵	۱۶
L33	۳۴۸	۳۹	۱/۶۱	۵	۳۸	۴۷۴۷	۹۴	۱۳۶	۴۲	۱۰۰	۱۰	۶/۵	۱۸
L50	۴۹۰	۳۶	۱/۲۷	۵	۳۴	۴۳۳۰	۹۳	۱۳۵	۴۲	۸۹	۱۰	۶/۵	۱۷
L52	۳۸۲	۲۵	۱/۲۳	۳	۴۱	۳۹۸۳	۹۰	۱۲۶	۳۶	۱۰۲	۱۲	۶	۱۸
L36	۳۸۲	۲۰	۱/۰۱	۳	۴۵	۳۱۷۰	۹۰	۱۳۴	۴۴	۸۹	۱۲	۶	۱۷
L20	۵۸۲	۲۹	۱/۲۲	۵	۳۹	۶۳۰۰	۹۹	۱۳۷	۳۸	۱۰۲	۱۵	۵	۱۷
L69	۳۷۹	۳۷	۱/۳۴	۵	۳۷	۵۱۱۰	۹۵	۱۳۶	۴۱	۹۰	۱۲	۶	۱۶
L68	۴۰۵	۳۳	۱/۲۷	۵	۳۹	۴۶۰۰	۹۲	۱۲۸	۳۶	۹۳	۱۰	۶/۵	۱۷
L94	۶۲۲	۳۱	۱/۴۲	۷	۴۲	۶۱۸۷	۹۶	۱۳۶	۴۰	۱۰۰	۱۲	۵	۱۷
L35	۳۹۲	۳۵	۱/۳۰	۳	۳۶	۴۲۷۰	۹۳	۱۳۲	۳۹	۸۷	۱۰	۶	۱۷
نوروز	۵۹۹	۱۸	۰/۹۰	۳	۵۰	۶۸۹۷	۱۰۱	۱۳۸	۳۷	۸۳	۷	۷/۰	۱۷
اکسین (L110)	۶۳۱	۲۷	۱/۲۰	۵	۴۲	۶۰۴۷	۹۳	۱۳۶	۴۳	۹۶	۱۴	۵/۷	۱۸
نوبهار	۴۳۰	۱۴	۰/۷۹	۳	۵۲	۴۶۱۱	۹۶	۱۳۶	۴۰	۸۲	۹	۶/۷	۱۸
WB-97-11 (L112)	۴۰۵	۳۲	۱/۳۳	۶	۳۸	۷۰۴۷	۹۶	۱۳۸	۴۲	۱۰۷	۱۳	۵/۲	۱۶
میانگین کل	۴۳۰	۲۸	۱/۲۸	۵	۴۴	۴۷۲۰	۹۵	۱۳۳	۳۸	۹۰	۱۱	۵	۱۶

DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله (روز)؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی (روز)؛ GFP: طول دوره پر شدن دانه (روز)؛ PLH: ارتفاع بوته (سانتی‌متر)؛ LS: طول سنبله؛ LAW: طول ریشک؛ LP: طول پدانکل؛ SD: تراکم سنبله؛ NSE: تعداد سنبله در متر مربع؛ NGS: تعداد دانه در سنبله؛ TGW: وزن هزار دانه (گرم)؛ WS: وزن سنبله؛ YLD: عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)

منابع

1. Benakanahalli, N.K., S. Sridhara, N. Ramesh, T. Olivoto, G. Sreekantappa, N. Tamam, A.M.M. Abdelbacki, H.O. Elansary and S.A.M. Abdelmohsen. 2021. A framework for identification of stable genotypes based on MTSI and MGDII Indexes: an example in guar (*Cymopsis tetragonoloba* L.). Agronomy, 11: 1221.
2. Barati, A., H. Zali, A. Pour-Aboughadareh, A. Gholipour, S. Koohkan, K. Shahbazi Homounlo, A. Marzoghian, M. Jabari, O. Podineh and M. Khirgo. 2021. Identification of irrigated barley genotypes with high and stable grain yield in warm regions of Iran. Journal of Crop Breeding, 13(40): 162-172 (In Persian).
3. Bhandari, H., A. Bhanu, K. Srivastava, M. Singh and H.A. Shreya. 2017. Assessment of genetic diversity in crop plants-an overview. Advances in Plants and Agricultural Research, 7(3): 279-286.
4. Bizari, E.H., B.H. Pedroso Val, E.M. Pereira, A.O. di Mauro and S. Uneda-Trevisoli. 2017. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. Revista Ciencia Agronomy, 48: 110–117.
5. Cerón-Rojas, J.J. and J. Crossa. 2018. Linear selection indices in modern plant breeding (pp. 1–256). Springer International Publishing. DOI: 10.1007/978-3-319-91223-3.
6. Chakraborty, S. and A.C. Newton. 2011. Climate change, plant diseases and food security: An overview. Plant Pathology, 60: 2-14.
7. FAO. 2019. Statistical data. www. Fao. org/faostat.
8. Hazel, L. 1943. The genetic basis for constructions selection indices. Genetics, 28: 476-490.
9. Jahufer, M.Z.Z. and M.D. Casler. 2015. Application of the Smith-Hazel selection index for improving biomass yield and quality of switch grass. Crop Science, 55: 1212–1222.
10. Olivoto, T., A.D.C. Licio, J.A.G. da Silva, B.G. Sari and M.I. Diel. 2019a. Mean performance and stability in multi-environment trials II: selection based on multiple traits. Agronomy Journal, 111: 2961-2969.
11. Olivoto, T., A.D.C. Licio, J.A.G. da Silva, V.S. Marchioro, V.Q. de Souza, and E. Jost. 2019b. Mean performance and stability in multi-environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. Agronomy Journal, 111: 2949-2960.
12. Olivoto, T. and A.D. Lucio. 2020. Metan: an R package for multi-environment trial analysis. Methods in Ecology and Evolution, 11: 783-789.
13. Olivoto, T. and M. Nardino. 2020. MGIDI: A novel multi-trait index for genotype selection in plant breeding. Bioinformatics, 1-22.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-19]

[DOI: 10.52547/jcb.14.44.65]

14. Olivoto, T. and M. Nardino. 2021. MGIDI: Toward an effective multivariate selection in biological experiments. Bioinformatics, 37: 1383–1389.
15. Pour-Aboughadareha, A. and P. Poczaib. 2021a. Dataset on the use of MGIDI index in screening drought-tolerant wild wheat accessions at the early growth stage. Data in Brief, 36: 107596.
16. Pour-Aboughadareha, A. and P. Poczaib. 2021b. A dataset on multi-trait selection approaches for screening desirable wild relatives of wheat. Data in Brief, 39: 107541.
17. Pour-Aboughadareh, A., S. Sanjani, H. Nikkhah-Chamanabad, M.R. Mehrvar, A. Asadi, A. Amini. 2021. Identification of salt-tolerant barley genotypes using multi-traits index and yield performance at the early growth and maturity stage. Bulletin of the National Research Centre, 45:1-16.
18. Rabiei, B., M. Valizdah, B. Ghareyazieand, M. Moghaddam. 2004. Evaluation of selection indices for improving rice grain shape. Field Crops Research, 89: 359-367.
19. Rocha, J.R.dA.S.dC., J.C. Machado and P.C.S. Carneiro. 2018. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. Global Change Biology and Bioenergy, 10(1): 52-60.
20. Seiler, G.J. and R.E. Stafford. 1985. Factor analysis of component of yield in guar. Journal Crop Science, 25: 905-908.
21. Smith, H.F. 1936. A discriminant function for plant selection. Annual Eugenics, 7: 240-250.
22. Zali, H., O. Sofalian, T. Hasanloo, A. Asghari and S.M. Hoseini. 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.
23. Zali, H., O. Sofalian, T. Hasanloo, A. Asghari, and M. Zeinalabedini. 2017. Appropriate strategies for selection of drought tolerant genotypes in canola. Journal of Crop Breeding, 78 (20): 77-90 (In Persian).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-19]

[DOI: 10.52547/jcb.14.44.65]

Application of the Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index in the Selection of top Barley Genotypes in the Warm and Dry Region of Darab

Afsaneh Shirzad[1], Ali Asghari[2], Hassan Zali[3], Omid Sofalian[2] and Hamidreza Mohammaddoust Chamanabad[2]

1- M.Sc. Student of Plant Breeding, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agricultural Sciences and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili
2- Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agricultural Sciences and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili
3- Assistant Prof., Crop and Horticultural Science Research Department, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran, (Corresponding author: hzali90@yahoo.com)
Received: 5 April, 2022 Accepted: 1 June, 2022

Extended Abstract

Introduction and Objective: Barley is one of the most important crops after wheat, corn, and rice. Barley is an excellent source of food for humans and is also used to feed livestock. The purpose of this study was to evaluate and select superior genotypes with high grain yield and desirable agronomic characteristics and also to investigate the application of MGIDI in selecting superior genotypes based on morpho-phenological different traits in the warm and dry region of southern Fars.

Material and Methods: To select the best barley genotypes in the southern regions of Fars using the MGIDI index, 108 pure lines in the non-repeating Augment design with four controls (Nowruz, Auxin, Nobahar, and WB-97-11) in the Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center (Darab station) were evaluated during the cropping year 2020-2021. MGIDI index was calculated to select superior genotypes using 13 morpho-phenological traits. These traits include grain yield, number of spikes per square meter, number of grain per spike, weight of spikes, 1000-grain weight, spike density, filling period length, peduncle length, awning length and spike length, plant height, days to flowering and days until the maturity.

Results: According to the results of variance analysis, a significant difference was observed between the studied lines for all traits (except awning length and 1000-grain weight) at the probability levels of 5 and 1%. Also, the results showed that there was a significant difference between the lines and experimental controls in all traits (except peduncle length). The results of factor analysis for the 13 studied traits identified five hidden factors that explained 80.2% of the total variance of the data. Based on the MGIDI index, L110, L99, L88, L51, L56, L108, L63, L33, L50, L112, L52, L36, L20, L69, L68, L94 and L35 genotypes, respectively, with the lowest value of this index were superior genotypes. The highest and lowest values of differential selection percentage of MGIDI index were related to grain yield (11.5%) and 1000-grain weight (-3.62%), respectively. The results showed that low values of the number of grain per spike and weight of spikes and high values of the number of spikes per square meter were effective factors in selecting superior genotypes using the first factor. Based on this factor, L20, L94, L110 and L88 were superior. In the second factor, high values of the number of days to maturity, grain yield, and grain filling period were the main factors in selecting genotypes, and based on this factor, L112 genotype was top. Third factor selected genotypes based on high values of both trait plant height and peduncle length. L88 and L94 genotypes were ideal based on the third factor. Fourth factor selected genotypes based on high awning length and spike length (L33 genotype was superior), and fifth factor selected genotypes with low values of spike emergence length and 1000-grain weight and based on this factor L50, L35 and L51 genotypes were ideal.

Conclusion: Overall, the results showed that none of the factors could classify the superior genotypes based on the ideal value of all their internal traits. Therefore, genotypes are selected that have the lowest MGIDI value, and also their grain yield is higher than the average grain yield of unselected genotypes. So the results showed that among the selected genotypes using the MGIDI index, L99, L88, L51, L56, L108, L63, L20, L69 and L94 genotypes were the top genotypes in this study. On the other hand, proving the efficiency and development of a new index such as MGIDI requires more research in other plants.

Keywords: Factor analysis, Morpho-phenological traits, Selection differential, Warm climate

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-19]

[DOI: 10.52547/jcb.14.44.65]