Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 17, Issue 2, 2025 p: 29-42

OPEN ACCESS

Research Paper

Assessment of the Interrelationship between Agronomic Traits of Faba Bean Genotypes using Double and Triple Biplots of the Genotype, Trait, and Yield

Fatemeh Sheikh

Associate professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran, (Corresponding author: sheikhfatemeh@yahoo.com)

Received: 02 November, 2024 Revised: 28 December, 2024 Accepted: 18 February, 2025

Extended Abstract

Background: Faba bean (*Vicia faba* L.) is grown worldwide as a protein source for food and feed. It is a very valuable legume crop that contributes to the sustainability of cropping systems by its ability to fix biological N2. Genetic control of yield is directly affected by parameters correlated with yield. Recognizing the correlation of yield and its components and finding the type of relationships between them can increase yield. The selection of genotypes based on multiple traits is a critical challenge in plant breeding and is important for improving stable crop varieties. In this study, the genotype × trait biplot (GT biplot) and the genotype × yield-trait biplot (GYT biplot) methods were used in combination with cluster analysis to investigate the relationships between grain yield and simultaneous improvement of quantitative traits and select the best faba bean genotypes. Also, the strengths and weaknesses of each genotype were determined by combining yield and other target traits with the GYT biplot method.

Methods: To select suitable genotypes, genotypes were evaluated in the field, based on a simple lattice design (6 × 6) with two replications in Gorgan research stations in the 2021-2022 cropping season. Plant materials included 36 faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes. The phonological traits, plant height (PH) and lowest pod height (HLP), were calculated before harvesting. In each plot, plants were harvested by hand at the harvest maturity stage, and seed number/pod (NS), pod number/plant (NP), and hundred-seed weight (100SW) were measured on ten plants selected randomly from all plots. Data were analyzed using SAS software, and the means were compared using the LSD test at 1% and 5% probability levels. Two graphical multipurpose selection procedures, GT biplot and GYT biplot, were conducted in combination with cluster analysis for the simultaneous improvement of quantitative traits. The genotypes and traits were clustered separately in each experiment using the Ward method and Square Euclidean Distance, and the corresponding heat map was plotted using MetaboAnalyst 3. 0 software.

Results: Based on the analysis of variance, there were significant differences ($P \leq 0.01$) in all parameters. Clustering and heat map graphical mapping assigned the faba bean genotypes to five groups. The different groups obtained can be useful for deriving the genotypes with diverse features and diversifying the heterotic pools. According to the mean grain yield of the genotypes, the maximum grain yield was obtained for G25 (12TER-115-S2008, 058-4), G26 (12TER-124-S2009, 039-3), and G4 (ILB1814× WRB 1-5) genotypes, with mean grain yields of 6251.7, 5965.6, and 5815.6 $kgha^{-1}$, respectively. Results of the GT biplot in the present study indicated that G26, G25, G23, G21, and G16 were identified as superior genotypes. The GT biplot vector view indicated a strong positive association between pod yield, the number of branches, plant height, and days to flowering with seed yield. The GT biplot vector view indicated that the number of seeds per pod, 100-seed weight, plant height, and early maturity traits could be used as a selection criterion for improving seed yield in faba bean. Findings suggested that the genotype by trait (GT) biplot explained less total variation (47%) than the GYT biplot (87.5%). The which-won-where view of the GYT biplot divided the GYT polygon into five parts, out of which only two parts had combinations of traits. The first part harbored the combination of the yield trait with phenological traits, plant height (PH), lowest pod height (HLP), pod number/plant (NP), biomass, harvest index, and 100-seed weight, and nine genotypes (G4, G6, G13, G16, G21, G23, G25, G26, and G27), for which G25 and G26 were the winner genotypes. In the second part of the GYT polygon, genotype G32 (Feyz cultivar) was placed with yield × number of grains per pod (NG) and yield × length of pod (LP). Based on the results of the GYT biplot, G25 (12TER-115-

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1566]

Copyright ©2025 Sheikh. 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.

S2008, 058-4) and G26 (12TER-124-S2009, 039-3) were the best genotypes in combining grain yield with valuable traits. The average tester coordinate (ATC) view of the GYT biplot identified genotypes G25, G26, and G4 with all positive yield-trait combinations as the best genotypes and genotypes G35, G7, and G12 as the weakest genotypes.
Conclusion: The study shows that the GYT biplot is a very good technique, by which the ideal and stable genotypes can be detected visually, and it can be used to define the best candidate based on combining yield and trait selection in breeding programs. Overall, these findings indicated that the genotypes G25 (12TER-115-S2008, 058-4), G26 (12TER-124-S2009, 039-3), and G4 (ILB1814 × WRB 1-5) had the right combination of traits of interest required to produce higher yield and hence are potentially valuable candidates to be tested in multi-location trials for stable performance prior to release as new commercial faba bean cultivars.

Keywords: GT biplot, GYT biplot, GYT Index, Heat map

How to Cite This Article: Sheikh, F. (2025). Assessment of the Interrelationship between Agronomic Traits of Faba Bean Genotypes using Double and Triple Biplots of the Genotype, Trait, and Yield. *J Crop Breed,* 17(2), 29-42. DOI: 10.61882/jcb.2024.1566

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1566]

مقاله پژوهشی

ارزیابی روابط بین صفات زراعی ژنوتیپ‌های باقلا با استفاده از بای‌پلات‌های دوگانه و سه‌گانه ژنوتیپ، صفت و عملکرد

فاطمه شیخ

دانشیار، بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران،
(نویسنده مسوول: sheikhfatemeh@yahoo.com)

تاریخ دریافت ۱۴۰۳/۰۸/۱۲ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۳/۱۰/۰۸ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۱/۳۰
صفحه ۲۹ تا ۴۲

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: باقلا در سراسر جهان به‌عنوان یک منبع غنی از پروتئین قابل استفاده برای انسان و دام شناخته شده است. این گیاه یک لگوم زراعی ارزشمند است که با تثبیت بیولوژیک نیتروژن به پایداری سیستم‌های زراعی کمک می‌کند. کنترل ژنتیکی عملکرد مستقیماً توسط پارامترهای مرتبط با عملکرد تحت تأثیر قرار می‌گیرد. شناخت روابط بین صفات و همبستگی آن‌ها با عملکرد و درک نوع روابط بین این مولفه‌ها، بازده انتخاب برای عملکرد را افزایش خواهد داد. انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات متعدد یک چالش حیاتی در اصلاح نباتات است و برای بهبود واریته‌های زراعی پایدار حائز اهمیت است. در این مطالعه، برای بررسی روابط بین صفات مختلف، ارتقا صفات کمّی و انتخاب بهترین ژنوتیپ‌های باقلا از روش بای‌پلات ژنوتیپ × صفت و بای‌پلات ژنوتیپ × عملکرد × صفت در ترکیب با تجزیه خوشه‌ای استفاده شد. همچنین، نقاط قوت و ضعف هر ژنوتیپ با ترکیب عملکرد و سایر صفات هدف با روش GYT biplot تعیین شد.

مواد و روش‌ها: به‌منظور گزینش ژنوتیپ‌هایی با صفات عملکردی مطلوب، آزمایشی در قالب طرح لاتیس ساده (۶ × ۶) در دو تکرار در ایستگاه‌تحقیقات کشاورزی گرگان در سال زراعی ۰۱-۱۴۰۰ اجرا شد. مواد ژنتیکی مورد بررسی شامل ۳۶ ژنوتیپ باقلا بود. صفات فنولوژیک، ارتفاع بوته و ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین قبل از برداشت اندازه‌گیری شدند. برداشت در مرحله رسیدگی کامل انجام و تعداد دانه در غلاف، تعداد غلاف در بوته و وزن صد دانه در ده بوته به‌صورت تصادفی در هر کرت اندازه‌گیری شدند. داده‌ها با استفاده از نرم افزار SAS مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند و میانگین‌ها با استفاده از آزمون LSD در سطح احتمال یک و پنج درصد مقایسه شدند. همچنین، روش‌های گزینش گرافیکی بای‌پلات ژنوتیپ × صفت و بای‌پلات ژنوتیپ × عملکرد × صفت، در ترکیب با تجزیه خوشه‌ای برای ارتقاء چندین صفت کمّی به‌طور همزمان انجام شدند. خوشه‌بندی ژنوتیپ‌ها و صفات به تفکیک در هر آزمایش با استفاده از روش Ward و فاصله مربع اقلیدسی انجام شد و نقشه گرافیکی هیت‌مپ با استفاده از نرم‌افزار MetaboAnalyst 3.0 ترسیم شد.

یافته‌ها: نتایج تجزیه واریانس نشان دادند که تفاوت بسیار معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد بین ژنوتیپ‌های باقلا برای صفات زراعی وجود داشت. بر اساس نتایج خوشه‌بندی و تجزیه گرافیکی هیت‌مپ، ژنوتیپ‌های باقلا در پنج گروه قرار گرفتند. گروه‌های متمایز به‌دست‌آمده برای استخراج ژنوتیپ‌هایی با ویژگی‌های متنوع و شناسایی تنوع خزانه ژنی مفید هستند. ژنوتیپ‌های G25 (12TER-115-S2008, 058-4)، G26 (12TER-124-S2009, 039-3) و G4 (ILB1814× WRB 1-5) به‌ترتیب با میانگین عملکرد دانه ۶۲۵۱/۷، ۵۹۶۵/۶ و ۵۸۱۵/۶ کیلوگرم در هکتار بیشترین عملکرد دانه را داشتند. بر اساس نتایج حاصل از GT بای‌پلات، ژنوتیپ‌های G26، G25، G23، G21 و G16 به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند. نمایش برداری بای‌پلات GT، همبستگی مثبت بالای عملکرد غلاف، تعداد شاخه، ارتفاع بوته و روز تا گلدهی با عملکرد دانه را نشان داد. بردارهای موجود در بای‌پلات نشان دادند که زودرسی، ارتفاع بوته، تعداد دانه در غلاف و وزن صد دانه معیاری جهت بهبود عملکرد دانه در برنامه اصلاحی هستند. یافته‌ها نشان دادند که بای‌پلات ژنوتیپ صفت (GT) تنوع کل کمتری (۴۷٪) را در مقایسه با بای‌پلات ژنوتیپ × عملکرد × صفت (۸۷/۵٪) توجیه کرد. نمای کدام ژنوتیپ در کجا biplot GYT چند ضلعی را به پنج بخش تقسیم کرد که از این میان فقط دو بخش دارای ترکیب صفات بودند. بخش اول حاوی ترکیب صفت عملکرد با صفات روز تا گلدهی، روز تا غلاف‌دهی، روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، ارتفاع اولین غلاف، تعداد غلاف در بوته، بیومس، شاخص برداشت و وزن صد دانه و نه ژنوتیپ (G4، G6، G13، G16، G21، G23، G25، G26 و G27) بود که G25 و G26 ژنوتیپ‌های برتر بودند. در بخش دوم چند ضلعی، ژنوتیپ G32 (رقم فیض) با عملکرد × تعداد دانه در غلاف (NG) و عملکرد × طول غلاف (LP) قرار گرفتند. بر اساس نمای چند ضلعی بای‌پلات ژنوتیپ در عملکرد × صفت (GYT)، ژنوتیپ‌های G25، G23 و G32 دارای بهترین ترکیب عملکرد دانه با سایر صفات بودند. نمایش مختصات تستر متوسط ATC بای پلات GYT ژنوتیپ‌های G25، G26 و G4 با کلیه ترکیبات مثبت عملکرد– صفت به‌عنوان بهترین ژنوتیپ و ژنوتیپ‌های G35، G7 و G12 کمترین عملکرد دانه را داشتند.

نتیجه‌گیری: این مطالعه نشان می‌دهد که بای‌پلات ژنوتیپ در عملکرد × صفت (GYT) ابزار گرافیکی قدرتمندی جهت نمایش ژنوتیپ‌های برتر و پایدار است و با استفاده از آن می‌توان بهترین ژنوتیپ‌ها را بر اساس ترکیب عملکرد و صفات در برنامه‌های اصلاحی شناسایی کرد. در نهایت، ژنوتیپ‌های G25 (12TER-115-S2008, 058-4)، G26 (12TER-124-S2009, 039-3) و G4 (ILB1814× WRB 1-5) با توجه به عملکرد بالاتر و صفات مطلوب به‌عنوان ارقام برتر باقلا جهت بررسی در آزمایشات سازگاری و معرفی شناسایی شدند.

واژه‌های کلیدی: بای‌پلات ژنوتیپ × صفت، بای‌پلات ژنوتیپ× صفت × عملکرد، شاخص GYT، هیت‌مپ

مقدمه

باقلا (*Vicia faba* L.) با 2n = 2x = 12 کروموزوم از گیاهان مهم خانواده بقولات است. کشت و مصرف آن به‌عنوان یک منبع پروتئینی و تثبیت‌کننده نیتروژن توصیه می‌شود (Bangar & Kajla, 2022; Sheikh *et al.,* 2022b). باقلا منبع خوبی از پروتئین‌های غنی از اسید آمینه لیزین، مواد معدنی، ویتامین‌ها و بسیاری از ترکیبات فعال زیستی، به‌ویژه لوودوپا[1] (L-dopa) (پیش‌ساز دوپامین)، است. به‌طور معمول، تداوم کشت غلات باعث افزایش جمعیت نماتدهای خاک می‌شود، و قراردادن باقلا در تناوب باعث کاهش جمعیت نماتدها خواهد شد (Shojaee *et al.,* 2020; Xiao *et al.,* 2021 & Sheikh *et al.,* 2022a). میانگین عملکرد دانه باقلا از یک تن در هکتار در سال ۲۰۰۳ به ۱/۹ تن در هکتار در سال ۲۰۲۰ افزایش یافت (Bangar & Kajla, 2022). افزایش عملکرد به‌دلیل اصلاح ارقام متحمل به تنش‌های غیر زیستی و زیستی بوده است (Minguez & Rubiales, 2021). سطح

1. Levodopa

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1566]

زیر کشت باقلا در ایران حدود ۳۵ هزار هکتار است. معرفی رقم اصلاح شده جدید فیض و ارقام دومنظوره و قابل برداشت ماشینی مهتا و شادان، سطح زیر کشت آن رو به افزایش است (Sheikh *et al.,* 2022a; Sheikh *et al.,* 2022b). شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب از لحاظ چند صفت یکی از اهداف اولیه برنامه‌های اصلاح نبات است. به این‌منظور، صفات مورد استفاده در انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب از نظر صفات کمی و کیفی باید به‌وضوح مشخص باشند. چنین صفاتی در ترکیب با صفات مهم اقتصادی می‌توانند برای به حداکثر رساندن عملکرد ژنوتیپ‌های انتخاب شده به‌کار گرفته شوند (Fadakar Navrood *et al.,* 2024). یکی از روش‌های طبقه‌بندی تعداد زیادی رقم، فرد و یا جمعیت از نظر تعداد زیادی صفت، روش تجزیه کلاستر است (Elshafei *et al.,* 2019).

تجزیه هیت‌مپ به‌عنوان یک آنالیز گرافیکی جهت تسهیل در پیداکردن نقطه برش در تجزیه کلاستر، میزان فاصله ژنتیکی و تفاوت بین ارقام و استفاده از تنوع موجود و پیداکردن رابطه منطقی و آماری بین صفات اندازه‌گیری‌شده مورد استفاده قرار می‌گیرد (Xia & Wishart, 2016). عملکرد مهم‌ترین صفت و هدف بسیاری از برنامه‌های اصلاحی باقلا محسوب می‌شود. کنترل ژنتیکی عملکرد مستقیماً توسط پارامترهای مرتبط با عملکرد تحت تأثیر قرار می‌گیرد. شناخت روابط بین صفات و همبستگی آن‌ها با عملکرد و درک نوع روابط بین این مؤلفه‌ها، بازده انتخاب برای عملکرد را افزایش خواهد داد (Tiwari & Singh, 2019). انتخاب ژنوتیپ برتر بر اساس ترکیب صفات موضوع پیچیده‌ای است. از سوی دیگر، عملکرد دانه صفتی کمّی با وراثت‌پذیری پایین و تحت تأثیر عوامل زراعی، آب و هوا و شرایط محیطی است. بنا بر این، باید از صفات مرفولوژیک و ارتباط آن با عملکرد دانه به‌علت اندازه‌گیری راحت و وراثت‌پذیری بیشتر جهت بهبود عملکرد استفاده کرد (Welderufael *et al.,* 2023; Wen *et al.,* 2023)، انتخاب بر اساس صفات مورفولوژیکی و اجزای عملکرد با وراثت‌پذیری بالا، روشی سریع و دقیق برای گزینش ژنوتیپ‌هایی با عملکرد زیاد در جوامع گیاهی محسوب می‌شود (Shojaei *et al.,* 2023). روش‌های متعددی برای بررسی رابطه بین عملکرد و سایر صفات با ژنوتیپ وجود دارند، و یکی از بهترین روش‌ها نمودار دو وجهی بای‌پلات است. روش بای‌پلات GGE در اصل برای تجزیه داده‌های آزمایش‌های چندمحیطی پیشنهاد شد، ولی به همان اندازه برای کلیه داده‌های دوطرفه مانند ژنوتیپ × صفت قابل استفاده است. استفاده از این روش امکان شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در هر صفت را فراهم می‌سازد (Sofi *et al.,* 2021; Faheem *et al.,* 2022; Ebrahimi, 2023). مطالعه گرافیکی روابط بین صفات و داده‌های ژنوتیپ × صفت به درک بهتر صفات و رابطه بین ژنوتیپ‌ها و صفات کمک می‌کند. در این روش، ارزیابی ژنوتیپ‌ها و انتخاب بر اساس صفات متعددی است، که همان اهداف اصلاحی هستند. مدل بای‌پلات GT مشابه بای‌پلات GGE است، با این تفاوت که داده‌ها باید مقیاس‌بندی شوند تا واحد صفات حذف شوند. مقیاس‌بندی با استفاده از انحراف استاندارد (SD) صفت رایج‌ترین روش مورد استفاده است (Oliveira *et al.,* 2018; Fadakar Navrood *et al.,* 2024). بای‌پلات ژنوتیپ در صفت (GT) برای تعیین رابطه بین صفات و ژنوتیپ در کلزا (El-Hussein *et al.,* 2022)، ذرت (Badu-Apraku & Akinwale, 2011; Shojaei *et al.,* 2020)، اسفناج (Sabaghnia *et al.,* 2016)، آفتابگردان (Sofi *et al.,* 2021)، سویا (Kocaturk *et al.,* 2019)،-لوبیا چشم بلبلی (Araújo *et al.,* 2021)، عدس (Sabaghnia *et al.,* 2008)، لوپین (Rubio *et al.,* 2008)، لوبیا سبز (Oliveira *et al.,* 2018) و باقلا (Koc *et al.,* 2018; Sheikh *et al.,* 2022a; Sheikh *et al.,* 2022b). استفاده شده است. عملکرد دانه دارای توارث پیچیده‌ای است، توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شود و تحت تاثیر محیط قرار می‌گیرد (Tiwari & Singh, 2019)، از این‌رو، انتخاب غیر مستقیم و گزینش از طریق صفات دیگر، صفات دارای وراثت‌پذیری زیاد و همبستگی قوی با عملکرد اقتصادی کارایی بیشتری نسبت به انتخاب مستقیم خواهد داشت. در صورتی ارزش اقتصادی یک صفت بالاتر است که با عملکرد بیشتر همراه باشد؛ در واقع، هدف به‌نژادی ترکیب عملکرد بالا و قابل‌قبول با سطوح مطلوب دیگر صفات در ژنوتیپ است (Araújo *et al.,* 2021)، به‌همین منظور، روش بای‌پلات ژنوتیپ × عملکرد × صفت (GYT) جهت بررسی ژنوتیپ‌ها بر اساس چندین صفت توسط یان و فرگورید (۲۰۱۸) ارائه شد (Yan & Fregeau-Reid, 2018). روش GYT ابزاری قدرتمند جهت ارزیابی ژنوتیپ‌ها از لحاظ چندین صفت است، بر اساس این شاخص عملکرد مهم‌ترین صفت است و سایر صفات در صورتی معیار انتخاب برای معرفی رقم خواهند بود که با عملکرد بالا همراه باشند (Yan *et al.,* 2019). در این روش، همبستگی بین صفات به‌صورت گرافیکی نمایش داده می‌شود. در واقع، همبستگی بین صفات بر اساس مقادیر ترکیبات صفت و عملکرد سنجیده می‌شود. ژنوتیپی برتر است که از لحاظ ترکیب عملکرد با سایر صفات نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برتری داشته باشد (Rahmati, 2020). بنا بر این، انتخاب بر اساس این شاخص مانع توصیه ژنوتیپ‌هایی با عملکرد پایین خواهد شد (Yan *et al.,* 2019). از شاخص GYT در جو (Wen *et al.,* 2023)، گندم دروم (Faheem *et al.,* 2022)، گندم نان (Rahmati, 2020)، سورگوم (Welderufael *et al.,* 2023)، کلزا (Bakhshi *et al.,* 2023)، سویا (Ebrahimi, 2023)، لوبیا چشم‌بلبلی (Araújo *et al.,* 2021) و لوبیا (Sofi *et al.,* 2021) برای گزینش ژنوتیپ‌های برتر استفاده شده است. هدف این مطالعه، ارزیابی و انتخاب همزمان ژنوتیپ‌های باقلا برای عملکرد و بازارپسندی با استفاده از بای‌پلات ژنوتیپ × صفت (GT) در ترکیب با تجزیه خوشه‌ای و بررسی روابط بین ترکیبات عملکرد– صفت با استفاده از روش GYT بای‌پلات است.

مواد و روش‌ها

به‌منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر باقلا از لحاظ عملکرد و بازارپسندی، این پروژه در ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان (طول جغرافیایی ۵۴ دقیقه و ۲۵ درجه شرقی، عرض جغرافیایی

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1566]

۳۶ درجه و ۵۴ دقیقه شمالی و ارتفاع از سطح دریا ۵ متر) در سال زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹ اجرا شد. بر اساس نتایج آزمون خاک، بافت خاک محل اجرای آزمایش سیلتی-کلی-لوم با هدایت الکتریکی ۱/۲۷ دسی‌زیمنس بر متر بود. در این مطالعه، تعداد ۱۱ ژنوتیپ از برنامه‌های ملی به‌نژادی باقلای کشور و ۲۰ ژنوتیپ ایکاردا به‌همراه پنج رقم (Ascot: مقاوم به برق‌زدگی، برکت: دانه‌درشت، Luzdeotono: زودرس، شادان: قابل برداشت مکانیزه و فیض: دانه‌درشت و غلاف‌بلند) به‌عنوان شاهد در نظر گرفته شدند. جمعاً ۳۶ ژنوتیپ در قالب طرح لاتیس ساده (۶ × ۶) در دو تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند (جدول ۱). تلاقی‌ها در سال ۱۳۸۶ انجام شدند، دورگه‌های حاصل با هدف افزایش عملکرد و تحمل تنش‌های زیستی و غیر زیستی طی نسل‌های F2-F8 به خلوص رسیدند و بعد از ارزیابی مشاهده‌ای جهت ارزیابی مقدماتی انتخاب شدند (Sheikh *et al.,* 2022b). هر کرت شامل شش ردیف چهارمتری به فواصل ۶۰ سانتی‌متر و فاصله بوته‌ها روی خط ۱۳ سانتی‌متر بود. کاشت آزمایش در نیمه دوم آبان به‌صورت دیم انجام شد. وجین علف‌های هرز بر اساس شرایط ۴-۳ بار به‌صورت دستی انجام شد. در طول دوره رشد، از سم حشره‌کش پریمیکارپ به‌میزان نیم لیتر در هکتار جهت کنترل شته سیاه باقلا استفاده شد. طی مراحل رشد و برداشت، یادداشت‌برداری و اندازه‌گیری صفات مورد بررسی شامل تعداد روز تا گلدهی (DTF[1])، روز تا غلاف‌دهی (DTP[2])، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک (DTR[3])، ارتفاع بوته (PH[4])، تعداد شاخه در زمان گلدهی (NB[5])، تعداد غلاف در بوته (NP[6])، طول غلاف (LP[7])، تعداد دانه در غلاف (NS[8]) و وزن صد دانه (100SW[9]) انجام شد. جهت اندازه‌گیری عملکرد دانه (Y)، ابتدا ۰/۵ متر از حاشیه ابتدا و انتهای هر خط حذف گردید. در ادامه پس از خشک شدن کامل، تمام بوته‌های هر کرت برداشت، خرمن‌کوبی و دانه‌های به‌دست آمده، با ترازوی دقیق توزین شدند. پس از تبدیل، عملکرد دانه بر حسب کیلوگرم در هکتار محاسبه شد. تجزیه واریانس و مقایسه میانگین داده‌ها با نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۱ انجام شد. ژنوتیپ‌های مورد بررسی بر اساس صفات مورفولوژیکی، عملکرد و اجزای عملکرد با استفاده از تجزیه هیت‌مپ و تجزیه کلاستر صفات و ژنوتیپ‌ها گروه‌بندی گردیدند. برای ترسیم پروفیل گرافیکی هیت‌مپ، ابتدا داده‌ها استاندارد شدند تا صفات با یکدیگر قابل مقایسه باشند و سپس توسط نرم‌افزار MetaboAnalyst3 نقشه گرافیکی ترسیم شد (Xia & Wishart, 2016). تجزیه کلاستر صفات و ژنوتیپ‌ها نیز به‌روش مربع فاصله اقلیدسی و روش Ward انجام شد (Sheikh *et al.,* 2022b). خط برش به‌کمک تشابه رنگ‌ها در پروفیل هیت‌مپ ترسیم شد. رابطه بین صفات و ژنوتیپ‌های مختلف با استفاده از نمودار دووجهی GT Biplot بر اساس دو مولفه اصلی اول و دوم مورد مطالعه قرار گرفت. از تجزیه بای پلات ژنوتیپ × صفت برای تشخیص الگوها و روابط بین ژنوتیپ‌ها و صفات مورد مطالعه استفاده شد. با توجه به این که صفات مورد بررسی دارای واحدها و مقیاس‌های متفاوتی بودند، قدم اول در تجزیه بای‌پلات GYT، استانداردسازی داده‌ها است، که با استفاده از رابطه (۱) انجام شد:

$$P_{ij} = \frac{T_{ij} - \bar{T}_j}{S_i} \qquad (۱)$$

در رابطه ۱، Pij عدد استانداردشده ژنوتیپ i برای ترکیب عملکرد- صفت j، Tij داده اولیه ژنوتیپ i برای ترکیب عملکرد- صفت j، $\bar{T}_j$ میانگین همه ژنوتیپ‌ها برای ترکیب عملکرد- صفت j و Sj انحراف معیار ترکیب عملکرد- صفت j در همه ژنوتیپ‌ها هستند. جدول GYT بر اساس ترکیب هر صفت و عملکرد دانه و شاخص GYT هر ژنوتیپ طبق روش یان و فرگورید (Yan & Fregeau-Reid) به‌دست آمد (جدول ۴).

بای‌پلات GYT بر مبنای دو مولفه اصلی اول و دوم (PC1 و PC2) حاصل از تجزیه به مقادیر منفرد (SVD) داده‌های استاندارد شده انجام شد. در نتیجه، داده‌های GYT به مقادیر ویژه ژنوتیپ، مقادیر ویژه ترکیب عملکرد- صفت و مقادیر منفرد تجزیه شدند. مدل آماری این روش به‌صورت رابطه ۲ است (Yan *et al.*, 2019; Welderufael *et al.,* 2023):

$$P_{ij} = (d\lambda_1^{\alpha}\zeta_{i1})(\lambda_1^{1-\alpha}\tau_{1j}/d) + (d\lambda_2^{\alpha}\zeta_{i2})(\lambda_2^{1-\alpha}\tau_{2i}/d) + \varepsilon_{ij} \qquad (۲)$$

در رابطه بالا ζi1 و ζ به‌ترتیب مقادیر ویژه مؤلفه‌های اصلی اول و دوم PC1 و PC2 برای ژنوتیپ i، τ1j و τ2j به‌ترتیب مقادیر ویژه PC1 و PC2 برای ترکیب عملکرد- صفت j، λ_1 و λ_2 به‌ترتیب مقادیر منفرد مؤلفه‌های اصلی اول و دوم، εij آثار باقیمانده مدل، α فاکتور تقسیم‌بندی مقادیر منفرد، در صورتی‌که $\alpha = 1$ (برای مثال SVD=1 در GGEBiplot)، بای‌پلات بر ژنوتیپ‌ها متمرکز شده و برای مقایسه ژنوتیپ‌ها سودمند است، در صورتی‌که $\alpha = 0 (SVD = 2)$، بای پلات بر ترکیب عملکرد − صفت متمرکز شده و برای نمایش همبستگی بین ترکیبات سودمند است. روابط ژنوتیپ × ترکیب عملکرد − صفت از انتخاب α تأثیر نگرفته است. مقیاس d به‌گونه‌ای انتخاب شده است که طول بلندترین بردار در بین ژنوتیپ‌ها با طول آن در ترکیب عملکرد- صفت برابر باشد. برای تجزیه تحلیل‌های آماری و رسم نمودارها از نرم‌افزارهای GGE Biplot V6.3 و SAS v9.2 استفاده شد.

1. Days to flowering
2. Days to podding
3. Days to ripening
4. Plant height
5. Number of branches
6. Pod number/plant
7. Length of pod
8. Length of pod
9. Hundred-seed weight

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1566]

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های مورد بررسی

Table 1. The characteristics of the investigated genotypes

ژنوتیپ	کد	شجره	منشاء	ژنوتیپ	کد	شجره	منشاء
G1	10042	ILB1814 × WRB 1-5	Iran	G19	G-faba-433	12TER-099-S2008, 034-3	ICARDA
G2	10075	ILB1814 × (ILB1266×ILB1814)	Iran	G20	G-faba-434	12TER-102-S2008, 036-1	ICARDA
G3	10084	F7/8986/05×Giza843	Iran	G21	G-faba-446	12TER-115-S2008, 058-1	ICARDA
G4	8436	ILB1814 × WRB 1-5	Iran	G22	G-faba-439	12TER-124-S2009, 036-2	ICARDA
G5	10137	Super Aquadulce × TW	Iran	G23	G-faba-444	12TER-115-S2008, 025-3	ICARDA
G6	11070	Histal × F6Latt7/08	Iran	G24	G-faba-445	12TER-115-S2008, 012-4	ICARDA
G7	G-faba-622	F6 ILB1814 × ZV1269-1505-40	Iran	G25	G-faba-438	12TER-115-S2008, 058-4	ICARDA
G8		Bar × ILB420	Iran	G26	G-faba-447	12TER-124-S2009, 039-3	ICARDA
G9		Flip06-011	Iran	G27	G-faba-448	12TER-115-S2009, 016-8	ICARDA
G10	G-faba-368	Histal × Luzdeotono	Iran	G28	G-faba-440	12TER-368TER-S2008, 042	ICARDA
G11	G-faba-369	Leofrontu × ILB3621	Iran	G29	G-faba-441	12TER-393TER-S2008, 084-1	ICARDA
G12	G-faba-371	12TER-003A-S02010,38-1	ICARDA	G30	G-faba-441	12TER-393TER-S2008, 084-1	ICARDA
G13	G-faba-371	12TER-003A-S02010,38-1	ICARDA	G31	G-faba-442	12TER-396TER-S2008, 084	ICARDA
G14	G-faba-372	12TER-003B-S02010,38-2	ICARDA	G32	Feyz	ILB 3621	Iran
G15	G-faba-372	12TER-003B-S02010,38-2	ICARDA	G33	Shadan		Iran
G16	G-faba-372	12TER-003B-S02010,38-2	ICARDA	G34	luzde otono		Spain
G17	G-faba-378	12TER-011/12-S02010,51	ICARDA	G35	Ascot	ILB 1593	Spain
G18	G-faba-433	12TER-099-S2008, 034-3	ICARDA	G36	Barkat		Iran

نتایج و بحث

با توجه به معنی‌دار نبودن بلوک‌های ناقص در طرح لاتیس و عدم مزیت نسبی این طرح نسبت به بلوک‌های کامل تصادفی در صفات تعداد دانه در غلاف، عملکرد غلاف، عملکرد دانه و ارتفاع بوته، این صفات به‌صورت بلوک‌های کامل تصادفی تجزیه گردیدند. نتایج تجزیه واریانس اختلافات معنی‌داری را بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از لحاظ صفات فنولوژیک، ارتفاع بوته، ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین، تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف، طول غلاف، وزن صد دانه، عملکرد دانه، عملکرد غلاف و شاخص برداشت (در سطح احتمال آماری یک درصد) نشان داد (جدول ۲). در عین حال، اختلاف معنی‌داری برای صفت شاخص برداشت مشاهده نشد. میانگین عملکرد ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی از ۳۱۳۱ کیلوگرم در هکتار برای رقم Ascot (ژنوتیپ G35) تا ۶۲۵۱/۷۸ برای ژنوتیپ G25 متغیر بود. دامنه تغییرات وزن صد دانه ژنوتیپ‌های مورد بررسی بین ۱۰۳ تا ۱۸۲ گرم متغیر بود (جدول ۳). ژنوتیپ G35 با وزن صد دانه ۱۰۳ گرم کمترین وزن صد دانه و ژنوتیپ‌های G11 و G16 با وزن صد دانه بالاتر از ۱۸۰ گرم بیشترین وزن صد دانه را داشتند. باقلا با دامنه تغییرات وزن صد دانه ۲۲۰-۳۰ گرم از لحاظ تنوع وزن صد دانه یک محصول زراعی منحصر به‌فرد محسوب می‌شود، و ژنوتیپ‌هایی با وزن صد دانه زیاد، از بازارپسندی بالاتری برخوردارند (Sheikh *et al.,* 2022b).

در این بررسی تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها از لحاظ عملکرد دانه، تعداد غلاف در بوته، ارتفاع بوته و وزن صد دانه، تعداد دانه در غلاف و طول غلاف وجود داشت. انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس این صفات منجر به افزایش عملکرد خواهد شد. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس این صفات به تصمیم‌گیری دقیق و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر کمک خواهد کرد. با توجه به تنوع رنگ موجود در نقشه هیت‌مپ، ژنوتیپ‌ها تنوع چشمگیری از نظر پارامترهای مورد بررسی نشان دادند (شکل ۱). در نقشه هیت‌مپ، شدت رنگ‌ها نشان‌دهنده میزان صفت مورد نظر در ستون ژنوتیپ‌های مربوطه است و هر چقدر به‌سمت رنگ آبی می‌رود از شدت صفت کاسته می‌شود.

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه ژنوتیپ‌های باقلا

Table 2. Analysis of variance of studied traits in faba bean genotypes

V.O.A منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات												
		DTF	DTP	DTR	PH	HLP	NB	NPP	LP	NSP	PY	SY	HI%	100SW
Block تکرار	1	4.01*	3.55**	4.50**	49.07**	12.58*	1.25*	0.39ns	1.77ns	0.11ns	105310ns	28098ns	1.43ns	12.74**
Genotype ژنوتیپ	35	7.46**	6.15*	8.23**	151.94**	37.29**	2.86**	14.13**	20.94**	0.81**	1867104**	1042082**	32.90**	575.07**
Error خطا	35	0.67	0.29	0.58	6.33	1.51	0.18	0.13	14.44	0.02	75638.15	26476.24	2.08	5.49
CV% ضریب تغییرات		0.82	0.38	0.45	2.61	4.8	7.32	2.92	5.84	3.34	6.91	5.46	7.35	1.55

**، * و ns: به‌ترتیب اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۱ و ۰/۰۵ و عدم معنی‌داری.

**,* and ns: respectively, significant difference at the probability level of 0.01 and 0.05 and non-significance.

DTF: روز تا گلدهی، DTP: روز تا غلاف‌دهی، DTR: روز تا رسیدگی، PH: ارتفاع بوته، HLP: ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین، NB: تعداد شاخه، NPP: تعداد غلاف در بوته، LP: طول غلاف، NSP: تعداد دانه در غلاف، PY: عملکرد غلاف، SY: عملکرد دانه، HI: شاخص برداشت(درصد)، 100SW: وزن صد دانه.

DTF: Days to flowering, DTP: Days to podding, DTR: Days to ripening,PH: Plant height, HLP: Lowest pod height, NB: Number of branch, NP: Pod number/plant, LP: Length of pod, NS: seed number/pod, PY: Pod yield, SY: Seed yield, HI: Harvest index%, 100SW: hundred seed weight.

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1566]

جدول ۳- میانگین صفات مورد مطالعه ژنوتیپ‌های باقلا

Table 3. Average of studied traits in 36 faba bean genotypes

Genotype	DTF	DTP	DTR	PH	HLP	NB	NPP	LP	NSP	BIO	SY(kgha-1)	HI%	100SW
G1	97.5	140	168.5	72.1	15.7	4.15	17.8	10.8	3.75	4936.5	3517.3	71.3	125.3
G2	100	140.5	168	92.5	27.2	6.5	23.7	13.9	4.25	6323.1	4659.6	73.7	153.6
G3	98	140.5	169	102	28.2	5.5	31.1	11.6	3.4	5504.8	4222.1	76.7	130.8
G4	97.5	140.5	169.5	89.3	20.2	5.3	29	13.4	3.7	7351.9	5368.3	73.0	135.4
G5	100	141.5	167	92.6	28.4	6.2	21.3	19.2	5.05	5625.0	4728.8	84.1	172.6
G6	101	141	169.5	81.5	17	4.6	20	10.3	3.9	6750.0	4778.8	70.8	150.0
G7	97.5	141.5	170.5	76.4	21.2	6.1	15.7	12.6	3.4	4373.1	3268.3	74.7	127.6
G8	101	142	169.5	98.5	25.8	6.8	25	16.9	3.9	6279.8	4483.7	71.4	163.1
G9	97.5	141	169.5	99	32	7.4	25.7	12.9	3.9	4477.9	3470.2	77.5	127.7
G10	101	141.5	171.5	96.5	25.3	8.2	41.5	10.8	3.3	5843.3	4094.2	70.1	108.0
G11	101	142	168	95.4	29.5	4.7	24.9	16.8	4	5422.1	4036.5	74.4	173.3
G12	101	141	167.5	96.2	31.5	6.2	18.6	18.3	4	4600.0	3279.8	71.3	175.9
G13	102	142	169	85.1	26.2	4.3	23.3	11.8	3.6	6203.8	4784.6	77.1	143.2
G14	101	141.5	169.5	76	23	6.1	23.9	14.9	3.05	4126.9	3300.0	80.0	177.7
G15	97.5	141.5	170	94.8	31.8	8	37.5	10.8	3.25	5715.4	4230.8	74.0	128.9
G16	102	142	167	109	30.3	7.5	31.4	14.6	3.7	5972.1	4493.3	75.2	170.4
G17	100	141.5	168.5	94	34	4.8	23.9	11.8	3.3	5504.8	3932.7	71.4	148.3
G18	101	141	168	98.9	34.7	4.1	25.6	16	4.25	5258.7	3788.5	72.0	144.7
G19	102	140.5	168.5	82	27.4	5.1	26.9	15.8	4.35	5978.8	4257.7	71.2	148.8
G20	98.5	141.5	167.5	89.3	28.1	8.3	31	15.5	4	5801.9	4091.3	70.5	138.3
G21	101	143	169.5	98.3	29.3	8.2	35.3	12	3.85	6342.3	4946.2	78.0	147.0
G22	99	142.5	169	97.1	27.4	7.4	34.7	15.9	4.5	6581.7	4402.9	66.9	152.0
G23	100	142.5	172.5	93.4	23.2	8.5	30	13	3.65	5744.2	4595.2	80.0	166.0
G24	102	142.5	169	95.2	25.3	4.15	29.2	10.6	3.5	6034.6	4488.5	74.4	132.5
G25	101	141	168	98	29.2	6.2	30	13.4	4	7013.5	5594.2	79.8	146.0
G26	100	142.5	170	99.3	19.9	6.8	34.6	12.6	3.75	6780.8	5322.1	78.5	149.1
G27	101	142	170	100	22.8	5.9	24.8	12.9	4	6613.5	4815.4	72.8	162.5
G28	97	141	169.5	96.2	29.7	6.1	35	10.2	3.35	6672.1	4121.2	61.8	143.0
G29	99	142	170.5	89.9	22.9	5.6	43.2	11.4	2.85	5131.7	3921.2	76.4	142.7
G30	90.3	141.5	169.5	96.9	32.8	4.1	24	11.2	3.95	4501.9	3690.4	82.0	120.2
G31	98	140.5	171	91.8	33	6	39.8	13.9	4.65	5654.8	4476.0	79.2	119.2
G32	99.5	140.5	167	93.5	27.2	5.7	20.2	23.4	6	6400.0	4691.3	73.3	147.9
G33	100	140.5	170.5	94.8	22.2	7.7	46.1	11.6	3.5	5322.1	3975.0	74.7	120.2
G34	101	140	169	102	21	6.6	31.3	11.9	3.95	5646.2	4160.6	73.7	130.5
G35	101	142.5	171	79.2	22.9	4.5	31.2	7.45	2.1	3675.1	2890.4	78.6	83.6
G36	98.3	142	167	82.3	14.8	5.1	10.6	23.6	4.9	4210.4	3156.4	75.0	141.1
mean	99.5	141.42	169.1	92.5	26.1	6.07	28.3	13.7	3.85	5677.1	4223.1	74.6	143.0
LSD5%	1.66	1.10	1.55	5.11	2.49	0.86	0.74	1.71	0.25	558.33	330.3	2.92	4.76
LSD1%	2.33	1.48	2.08	6.85	3.35	1.16	1.00	2.30	0.33	749.11	443.2	3.93	6.38

DTF: روز تا گلدهی، DTP: روز تا غلاف‌دهی، DTR: روز تا رسیدگی، PH: ارتفاع بوته، HLP: ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین، NB: تعداد شاخه، NP: تعداد غلاف در بوته، LP: طول غلاف، NSP: تعداد دانه در غلاف، PY: عملکرد غلاف، SY: عملکرد دانه، HI: شاخص برداشت(درصد)، 100SW: وزن صد دانه.

DTF: Days to flowering, DTP: Days to podding, DTR: Days to ripening,PH: Plant height, HLP: Lowest pod height, NB: Number of branch, NP: Pod number/plant, LP: Length of pod, NS: seed number/pod, PY: Pod yield, SY: Seed yield, HI: Harvest index%, 100SW: hundred seed weight.

از این آنالیز گرافیکی جهت گروه‌بندی صفات و ژنوتیپ‌ها در تحقیقات پیشین استفاده شده است (Ward & Hook, 1963; Sheikh *et al.,* 2022b). با برش دندروگرام در فاصله ۱۰ واحد، ژنوتیپ‌ها به پنج گروه تقسیم شدند. ژنوتیپ‌های G14، G8، G16، G12، G5 و G11 در گروه اول قرار گرفتند، و بیشترین مقادیر وزن صد دانه به این گروه اختصاص یافت. ژنوتیپ‌های این گروه می‌توانند برای انتقال صفت افزایش وزن صد دانه در برنامه‌های به‌نژادی به‌عنوان والد مادری استفاده شوند. ژنوتیپ‌های G13، G27، G25، G26، G21 و G23 در یک گروه جای گرفتند (شکل ۱). ژنوتیپ‌های این گروه با میانگین عملکرد ۵۵۰۵/۱ کیلوگرم در هکتار نسبت به میانگین کل ۱۷ درصد افزایش عملکرد نشان دادند (جدول ۳). گروه سوم شامل دو زیرگروه بود، و در زیر گروه اول ژنوتیپ‌های G4، G10، G19، G6 و G34 قرار داشتند که از لحاظ زودرسی، عملکرد، وزن صد دانه و طول غلاف بیشتر از حد متوسط بودند. این ژنوتیپ‌ها از لحاظ تعداد روز تا رسیدگی قابلیت معرفی در مناطقی را دارند که کشت باقلا به عنوان کشت دوم مطرح است و دیررسی عامل محدودکننده کشت باقلا است، بنابراین می‌توان کشت ژنوتیپ‌های این گروه را با توجه به عملکرد بالاتر از حد متوسط، زودرسی و بازارپسندی آن‌ها توصیه کرد. رقم

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1566]

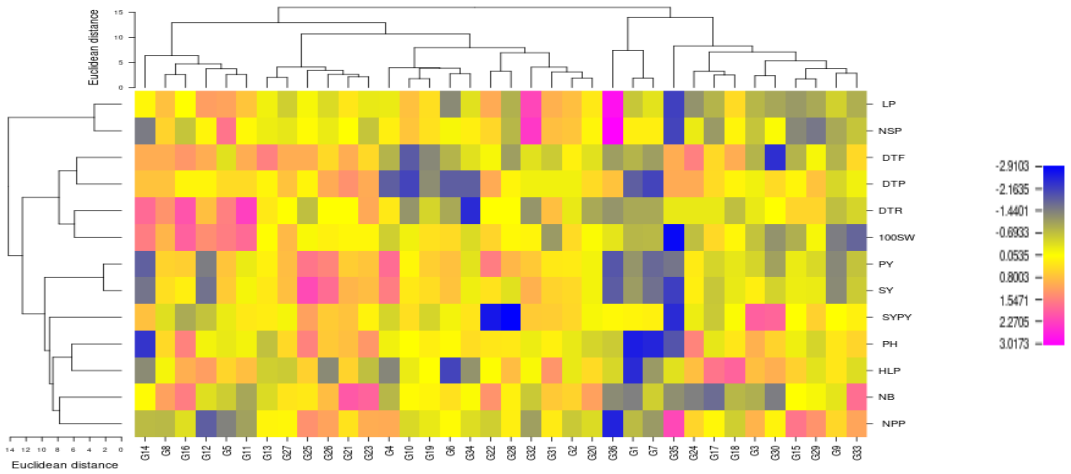
لوزدی اتونو (ژنوتیپ G34) در این گروه قرار دارد و استفاده از این ژنوتیپ در برنامه‌های به‌نژادی باقلا برای انتقال صفت زودرسی مؤثر خواهد بود. زیرگروه دوم از گروه سوم شامل ژنوتیپ‌های G22، G28، G32، G31، G2 و G20 بود که از لحاظ عملکرد و سایر خصوصیات در حد متوسط و از لحاظ طول غلاف و تعداد دانه در غلاف بالاتر از حد متوسط بودند. رقم شاهد فیض نیز در این گروه قرار گرفت. سایر ژنوتیپ‌ها در گروه چهارم و پنجم قرار گرفتند که از لحاظ عملکرد و اجزای عملکرد در سطح پایین‌تر از میانگین قرار داشتند.

ارزیابی ژنوتیپ‌ها با استفاده از بای‌پلات ژنوتیپ × صفت

این نوع بای‌پلات به درک روابط متقابل میان صفات و ارزیابی ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات کمک می‌کند. بای‌پلات ژنوتیپ–صفت (GT) ۲۵/۶ و ۲۱/۴ درصد از کل تنوع داده‌های استانداردشده را توجیه کرد (شکل ۲). این درصد متوسط نشان‌دهنده پیچیدگی روابط صفات مورد بررسی است (Rahmati *et al.,* 2020). در میان روش‌های متعدد برای ترسیم بای‌پلات ژنوتیپ در صفت (GT)، نمای چندضلعی (Polygon view) کمک می‌کند که ژنوتیپ‌های دارای بالاترین مقدار برای یک صفت یا بیشتر صفات قابل تشخیص باشند (شکل ۲)؛ این روش بهترین راه برای تجسم و تشخیص الگوها و روابط بین ژنوتیپ‌ها است (Oliveira *et al.,* 2018). صفات در شش بخش قرار گرفتند؛ در بخش اول چندضلعی صفات ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین، روز تا گلدهی، روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، عملکرد غلاف، عملکرد دانه و تعداد شاخه قرار داشتند که ژنوتیپ‌های G25، G23، G26، G21 و G16 در رأس قرار گرفتند، بیشترین مقادیر این صفات را داشتند و دیررس‌ترین ژنوتیپ‌ها بودند. در بخش دوم، صفات تعداد غلاف در بوته و طول غلاف قرار داشتند و ارقام برکت و فیض در رأس قرار داشتند. ژنوتیپ/ژنوتیپ‌هایی که در رئوس چند ضلعی قرار می‌گیرند، به‌عنوان بهترین ژنوتیپ‌ها برای بعضی از صفات یا همه صفات محسوب می‌شوند (Koc *et al.,* 2018; El-Hussein *et al.,* 2022). در بخش سوم، ژنوتیپ G5 قرار گرفت و بیشترین وزن صد دانه را داشت. در بخش چهارم، ژنوتیپ G35 یا همان رقم Ascot قرار داشت که بیشترین تعداد غلاف در بوته را به‌خود اختصاص داده بود. در گروه بعدی، صفت تعداد روز تا غلاف‌دهی قرار داشت که هیچ ژنوتیپی در این گروه قرار نگرفت. ژنوتیپ‌های G1، G7 و G14 در رئوس بخش‌هایی از چندضلعی فاقد صفت مشخص قرار گرفتند (شکل ۲). ژنوتیپ‌هایی که در رأس یک بخش از چندضلعی فاقد صفت مشخص قرار می‌گیرند، جهت انجام برنامه‌های به‌نژادی مناسب نیستند (Wen *et al.,* 2023). در چندضلعی بای‌پلات بر پایه نزدیکی ژنوتیپ‌های G4، G6، G13 و G18 به مبدأ بای‌پلات، آن‌ها به‌عنوان ژنوتیپ‌هایی با ترکیب مناسب صفات شناسایی شدند. درک روابط بین صفات مرفولوژیکی، اجزای عملکرد با عملکرد دانه به تصمیم‌گیری در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر کمک می‌کند. ژنوتیپ G16 در راس بخش دارای صفات عملکرد دانه، عملکرد غلاف و ارتفاع بوته قرار گرفت و به‌عنوان مطلوب‌ترین ژنوتیپ برای عملکرد دانه شناسایی شد (شکل ۲). در شکل ۳، بردارهایی که از مبدأ بای‌پلات سرچشمه می‌گیرند، به علائم صفات وصل می‌شوند، و روابط بین و درون صفات و تنوع داده‌های استانداردشده را توضیح می‌دهد (Sabaghnia *et al.,* 2016; Koc *et al.,* 2018). از آنجایی‌که کسینوس زاویه بین بردارهای هر دو صفت ضریب همبستگی بین آن‌ها را برآورد می‌کند، این شکل بای‌پلات بهترین راه برای نمایش گرافیکی روابط متقابل میان صفات است. کسینوس زاویه بین دو صفت همبستگی بین آن‌ها را برآورد می‌کند. اگر زاویه بین بردارهای دو صفت کمتر از ۹۰ درجه باشد، بین آن دو صفت همبستگی مثبت، اگر زاویه بیشتر از ۹۰ درجه باشد، همبستگی منفی و اگر زاویه ۹۰ درجه باشد، بین آن دو صفت همبستگی وجود ندارد (Sabaghnia *et al.,* 2016; Sheikh *et al.,* 2020a). طول بردارها پاسخ‌دهی صفات را به ژنوتیپ‌ها نشان می‌دهد به طوری که هر چه طول بردار یک صفت بیشتر باشد نشان‌دهنده آن است که آن صفت قدرت پاسخ‌دهی بیشتر به ژنوتیپ‌ها دارد و صفاتی که در منشأ بای‌پلات قرار می‌گیرند، هیچ پاسخی به ژنوتیپ‌ها نمی‌دهند (Bakhshi *et al.,* 2023; Shojaei *et al.,* 2023). در این بررسی، صفت تعداد دانه در غلاف بیشترین طول بردار و شاخص برداشت کمترین طول بردار را داشتند. با توجه به شکل ۳، همبستگی مثبت بالایی بین عملکرد دانه با عملکرد غلاف، تعداد شاخه، ارتفاع بوته و روز تا گلدهی وجود داشت که در توافق با نتایج یافته‌های سایر محققان است (Koc *et al.,* 2018). سایر محققان اظهار داشتند که صفات تعداد دانه در غلاف و وزن صد دانه از اجزای عملکرد باقلا محسوب می‌شوند و توارث‌پذیری بالایی دارند (Ammar *et al.,* 2015; Elshafei *et al.,* 2019)، بنابراین، گزینش بر اساس این صفات راه مطمئن و سریعی برای غربال ژنوتیپ‌های برتر باقلا به‌منظور بهبود عملکرد است. در این مطالعه، همبستگی بین تعداد غلاف در بوته و عملکرد دانه مشاهده نشد، که با توجه به تنوع بالای ژنوتیپ‌های مورد بررسی از لحاظ سایر اجزای عملکرد (تعداد دانه در غلاف و وزن صد دانه)، این نتیجه دور از انتظار نبود. میانگین صفات اندازه‌گیری شده ژنوتیپ‌ها با تعریف محور مختصات میانگین تستر (ATC) مورد بررسی قرار گرفت (شکل ۴).

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1566]



شکل ۱- نمایش گرافیکی اطلاعات با استفاده از نقشه هیت‌مپ
Figure 1. Graphical display of data using a heat map.
DTF: روز تا گلدهی، DTP: روز تا غلاف‌دهی، DTR: روز تا رسیدگی، PH: ارتفاع بوته، HLP: ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین، NB: تعداد شاخه، NPP: تعداد غلاف در بوته، LP: طول غلاف، NSP: تعداد دانه در غلاف، PY: عملکرد غلاف، SY: عملکرد دانه، HI: شاخص برداشت (درصد)، 100SW: وزن صد دانه.
DTF: Days to flowering, DTP: Days to podding, DTR: Days to ripening, PH: Plant height, HLP: Lowest pod height, NB: Number of branch, NP: Pod number/plant, LP: Length of pod, NS: seed number/pod, PY: Pod yield, SY: Seed yield, HI: Harvest index%, 100SW: Hundred-seed weight.

ژنوتیپی مطلوب و برتر است که ترکیبی از صفات خوب و کم‌ترین فاصله را با دایره مرکزی در این نمودار داشته باشد (Badu-Apraku & Akinwale, 2011; Sabaghnia *et al.*, 2016).

محور قائم ATC، محور افقی را به دو بخش تقسیم می‌کند، که در آن ژنوتیپ‌های G16، G25، G21، G23، G27، G22، G8، G11، G5، G31، G32، G13، G28، G24، G20، G4، G20، G19، G12، G1 و G2 در سمت چپ قرار داشتند؛ این ژنوتیپ‌ها از نظر کلیه صفات دارای مقادیر متوسط به بالا هستند. سایر ژنوتیپ‌ها در سمت راست قرار گرفتند. با توجه به شکل ۴، بهترین ژنوتیپ، کم‌ترین فاصله نسبت به دایره روی محور را دارد و می‌تواند به‌عنوان رقم برتر یا شاهد در آزمایشات بعدی قرار گیرد. در این بررسی، ژنوتیپ G16 به‌دلیل فاصله کم آن از محور افقی، مطلوب‌ترین ژنوتیپ از لحاظ صفات مورد بررسی بود و پس از آن ژنوتیپ‌های G21، G22 و G8 نزدیکترین ژنوتیپ به موقعیت رقم برتر هستند (شکل ۴).

ارزیابی ژنوتیپ‌ها با استفاده از بای‌پلات ژنوتیپ در عملکرد در صفت (GYT):

روش GT biplot (شکل‌های ۲، ۳ و ۴) اطلاعات مفیدی را ارائه کرد، اما با توجه به پیچیدگی ارتباط بین صفات و ژنوتیپ‌ها ابزار قدرتمندی برای انتخاب یا رد یک ژنوتیپ نیست. به‌دلیل محدودیت‌های بای‌پلات ژنوتیپ ×صفت از روش جدید ژنوتیپ در عملکرد × صفت (GYT) برای در نظر گرفتن صفات به‌طور همزمان با عملکرد استفاده شد. نتایج حاصل از روش بای‌پلات ژنوتیپ در عملکرد در صفت (GYT) نشان داد که دو مؤلفه اصلی اول و دوم به‌ترتیب ۷۷/۲ و ۱۰/۳ درصد در مجموع ۸۷/۵ درصد از کل تنوع داده‌های استاندارد شده را توجیه کرد (شکل ۵). این درصد بالا نشان دهنده اعتبار بالای این روش در توجیه تنوع کل می‌باشد.

نتایج مقایسه دو مدل نشان داد که دو مؤلفه اول (PC1 و PC2) بای‌پلات ژنوتیپ × صفت در مجموع ۴۷ درصد از تغییرات و بای‌پلات ژنوتیپ در عملکرد × صفت ۸۷/۵ درصد تغییرات را توجیه کردند که این خود نشان دهنده قدرت بالاتر مدل GYT است. به‌طور مثال در نمایش برداری GT بای‌پلات وزن صد دانه با سایر اجزای عملکرد همبستگی ضعیفی داشت که به‌دلیل درصد توجیه پایین این مدل نسبت به مدل GYT بود. ژنوتیپ‌های G25 و G26 در رأس چند ضلعی قرار گرفتند که برتری این ژنوتیپ‌ها در ترکیب عملکرد دانه /روز تا گلدهی(A)، ترکیب عملکرد دانه /روز تا غلاف‌دهی (B)، ترکیب عملکرد دانه/روز تا رسیدگی (C)، ترکیب عملکرد دانه × ارتفاع بوته(D)، ترکیب عملکرد دانه × ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین (E)، ترکیب عملکرد دانه × تعداد شاخه (F)، ترکیب عملکرد دانه × تعداد غلاف در بوته (G)، ترکیب عملکرد دانه × عملکرد غلاف (J)، ترکیب عملکرد دانه × شاخص برداشت (K)، ترکیب عملکرد دانه × وزن صد دانه (L) را نشان می‌دهد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1566]

جدول ۴- مقدار ژنوتیپ در عملکرد × صفت (GYT) استانداردشده در ۳۶ ژنوتیپ باقلا
Table 4. Standardized genotype × yield × trait (GYT) values in 36 faba bean genotypes

Genotype	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	GYT Index
	Y/DTF	Y/DTP	Y/DTR	Y×PH	Y×HLP	Y×NB	Y×NPP	Y×LP	Y×NSP	Y×PY	Y×HI%	Y×100SW	
G1	-0.92	-0.96	-0.99	-1.69	-1.64	-1.54	-1.64	-1.01	-0.81	-0.96	-1.05	-1.18	-1.20
G2	0.63	0.68	0.68	0.47	-0.42	0.60	-0.42	0.64	0.81	0.67	0.46	0.78	0.47
G3	0.12	0.05	0.01	0.45	0.13	-0.36	0.13	0.01	-0.53	-0.16	0.12	-0.37	-0.03
G4	1.88	1.71	1.64	1.06	0.75	0.35	0.75	1.66	0.83	2.02	1.25	0.90	1.23
G5	0.73	0.74	0.82	0.56	-0.66	0.46	-0.66	0.74	1.81	0.29	1.49	1.47	0.65
G6	0.77	0.83	0.79	-0.03	-0.79	-0.53	-0.79	0.81	0.53	1.05	0.38	0.79	0.32
G7	-1.29	-1.37	-1.40	-1.74	-0.92	-0.81	-0.92	-1.37	-0.84	-1.37	-1.15	-1.36	-1.21
G8	0.31	0.36	0.37	0.60	-0.37	0.62	-0.37	0.39	0.24	0.50	0.07	0.87	0.30
G9	-0.99	-1.06	-1.08	-0.59	-0.95	-0.03	-0.95	-1.07	-0.73	-1.20	-0.73	-1.17	-0.88
G10	-0.26	-0.18	-0.26	0.04	1.12	1.04	1.12	-0.18	-0.73	-0.07	-0.47	-1.13	0.00
G11	-0.34	-0.28	-0.22	-0.09	-0.66	-0.94	-0.66	-0.26	-0.09	-0.35	-0.25	0.62	-0.29
G12	-1.44	-1.34	-1.30	-0.93	-1.64	-0.76	-1.64	-1.35	-0.83	-1.26	-1.32	-0.27	-1.17
G13	0.68	0.79	0.82	0.18	-0.38	-0.72	-0.38	0.82	0.18	0.70	0.87	0.58	0.34
G14	-1.42	-1.32	-1.33	-1.72	-0.80	-0.78	-0.80	-1.32	-1.58	-1.46	-0.95	-0.20	-1.14
G15	0.16	0.02	-0.01	0.11	0.83	1.08	0.83	0.02	-0.67	-0.04	-0.04	-0.42	0.16
G16	0.29	0.37	0.48	1.20	0.38	1.06	0.38	0.40	0.03	0.32	0.40	1.11	0.53
G17	-0.44	-0.41	-0.39	-0.27	-0.83	-0.95	-0.83	-0.41	-0.86	-0.38	-0.56	-0.18	-0.54
G18	-0.70	-0.60	-0.58	-0.21	-0.75	-1.41	-0.75	-0.62	-0.10	-0.61	-0.70	-0.43	-0.62
G19	-0.05	0.10	0.08	-0.53	-0.30	-0.57	-0.30	0.06	0.50	0.13	-0.20	0.19	-0.07
G20	-0.11	-0.18	-0.12	-0.33	0.01	1.09	0.01	-0.18	-0.03	-0.10	-0.44	-0.29	-0.06
G21	0.98	0.97	1.03	1.15	1.24	1.99	1.24	1.05	0.63	0.93	1.15	0.87	1.10
G22	0.32	0.22	0.27	0.43	0.68	0.91	0.68	0.27	0.82	0.61	-0.26	0.44	0.45
G23	0.54	0.50	0.45	0.45	0.29	1.79	0.29	0.55	0.07	0.26	0.93	1.09	0.60
G24	0.25	0.34	0.40	0.43	0.12	-0.99	0.12	0.39	-0.19	0.35	0.30	-0.06	0.12
G25	2.36	2.45	2.47	2.26	1.29	1.45	1.29	2.42	1.74	2.28	2.95	1.85	2.07
G26	1.61	1.54	1.55	1.66	1.48	1.40	1.48	1.59	0.85	1.57	1.68	1.35	1.48
G27	0.79	0.84	0.82	1.11	1.88	0.34	1.88	0.86	0.68	1.00	0.58	1.24	1.00
G28	0.03	-0.12	-0.15	0.05	0.46	-0.10	0.46	-0.14	-0.66	0.41	-0.98	-0.13	-0.07
G29	-0.40	-0.45	-0.47	-0.48	1.10	-0.54	1.10	-0.42	-1.31	-0.59	-0.25	-0.34	-0.25
G30	-0.48	-0.76	-0.77	-0.42	-0.97	-1.46	-0.97	-0.76	-0.47	-1.06	-0.19	-1.15	-0.79
G31	0.50	0.42	0.30	0.23	1.33	0.13	1.33	0.37	1.06	0.11	0.66	-0.48	0.50
G32	0.71	0.73	0.77	0.57	-0.81	0.11	-0.81	0.69	2.86	0.75	0.45	0.63	0.55
G33	-0.37	-0.31	-0.39	-0.19	1.45	0.64	1.45	-0.35	-0.63	-0.45	-0.30	-0.90	-0.03
G34	-0.16	-0.02	-0.08	0.38	0.10	0.21	0.10	-0.08	-0.01	-0.13	-0.15	-0.44	-0.02
G35	-2.01	-1.94	-1.95	-1.99	0.43	-1.75	0.43	-1.91	-2.28	-1.70	-1.75	-2.51	-1.58
G36	-2.29	-2.35	-2.28	-2.18	-2.17	-1.00	-2.17	-2.34	-0.29	-2.08	-1.97	-1.76	-1.91

DTF: روز تا گلدهی، DTP: روز تا غلاف‌دهی، DTR: روز تا رسیدگی، PH: ارتفاع بوته، HLP: ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین، NB: تعداد شاخه، NP: تعداد غلاف در بوته، LP: طول غلاف، NSP: تعداد دانه در غلاف، PY: عملکرد غلاف، SY: عملکرد دانه، HI: شاخص برداشت(درصد)، 100SW: وزن صد دانه.
DTF: Days to flowering, DTP: Days to podding, DTR: Days to ripening, PH: Plant height, HLP: Lowest pod height, NB: Number of branch, NP: Pod number/plant, LP: Length of pod, NS: seed number/pod, PY: Pod yield, SY: Seed yield, HI: Harvest index%, 100SW: Hundred-seed weight.

این نتایج نشان می‌دهند که ژنوتیپ‌هایی که در این بخش قرار دارند به طور همزمان برای صفات فوق اصلاح شده‌اند. انتخاب برای هرکدام از این صفات به‌طور مستقیم و غیرمستقیم بر روی افزایش عملکرد تاثیر خواهد داشت (Yan & Fregeau-Reid, 2018; Sofi *et al.,* 2021). رقم فیض از بیشترین میزان ترکیب عملکرد دانه × طول غلاف (H) و ترکیب عملکرد دانه × تعداد دانه در غلاف (I) برخوردار بود که نشان‌دهنده برتری این ژنوتیپ از نظر این ترکیبات است. همبستگی بین ترکیبات مختلف وابسته به عملکرد نشان داد که صفات فنولوژیک، ارتفاع بوته، تعداد شاخه، عملکرد دانه و شاخص برداشت بیشترین همبستگی را داشتند (شکل ۶). در نمایش برداری GYT بای‌پلات در مقایسه با GT بای‌پلات، طول همه بردارها بلندتر بود، که نشان‌دهنده قدرت بالاتر این مدل است (Rahmati, 2020)، و همبستگی بالای بین ترکیبات عملکرد دانه و صفات فوق نشان‌دهنده اهمیت این صفات در افزایش عملکرد است. ترکیب صفت عملکرد دانه با صفات تعداد دانه در غلاف، طول غلاف، و تعداد غلاف در بوته بیشترین طول بردار و در نتیجه بیشترین نقش را در تمایز ژنوتیپ‌ها دارد.

یکی از مزایای بای‌پلات این است که می‌توان با استفاده از آن ترکیبات اضافی را به‌منظور کاهش هزینه اندازه‌گیری صفات آزمایشات مزرعه‌ای شناسایی نمود (Bakhshi *et al.,* 2023). با توجه به همبستگی بالای زودرسی، ارتفاع بوته، وزن صد دانه و عملکرد غلاف، می‌توان یکی از این صفات را معیار انتخاب

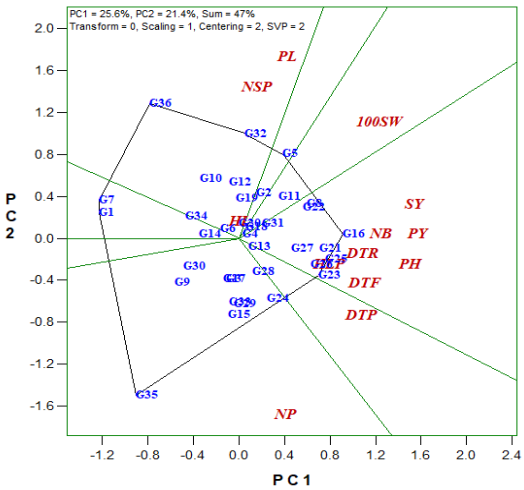
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1566]

قرار داد و بر اساس آن ژنوتیپ‌های برتر را انتخاب کرد. در این مطالعه از نمودار مختصات ATC (Average Tester Coordinate) برای رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس ترکیب عملکرد– صفت استفاده شد (شکل ۷). ژنوتیپ‌ها در طول محور ATC بر اساس ترکیب عملکرد—صفت رتبه‌بندی می‌شوند و جهت پیکان نشان‌دهنده مقادیر بالاتر است. بهترین ژنوتیپ‌ها بر اساس ترکیب عملکرد–صفت به‌ترتیب ژنوتیپ‌های G25، G26، G4 و G21 بودند (شکل ۷). ژنوتیپ G21 از لحاظ صفات مورد بررسی متعادل بود. این نمودار علاوه بر رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها، نقاط ضعف و قوت آن‌ها را نیز مشخص می‌کند. ژنوتیپ‌هایی که در بالای محور ATC قرار گرفته‌اند، دارای مقادیر نسبتاً بالاتری از صفات طول غلاف، تعداد دانه در غلاف، ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین و وزن صد دانه و مقادیر نسبتاً پایین ارتفاع بوته، تعداد غلاف در بوته، تعداد شاخه، و عملکرد غلاف بودند و نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها دیررس‌تر هستند.

شاخص GYT بر اساس میانگین کلیه ژنوتیپ‌ها به‌منظور رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها محاسبه شد (جدول ۴). بر اساس این شاخص، ژنوتیپ‌های G25، G26 و G4 برترین ژنوتیپ‌ها بودند. این ژنوتیپ‌ها مقادیر منفی برای ترکیب عملکرد با صفت نداشتند، که این موضوع مؤید برتری این سه ژنوتیپ در ترکیب عملکرد دانه با صفات مورد ارزیابی بود. ژنوتیپ‌های G20، G11، G24 و G18 به‌ترتیب با مقادیر شاخص GYT، ۰/۰۰۱، ۰/۰۲، ۰/۰۵ و ۰/۰۸ مقادیر متوسط صفات مورد ارزیابی را داشتند. ژنوتیپ‌های G35، G7 و G14 با داشتن مقادیر منفی برای همه ترکیبات عملکرد با صفت به‌عنوان ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند.

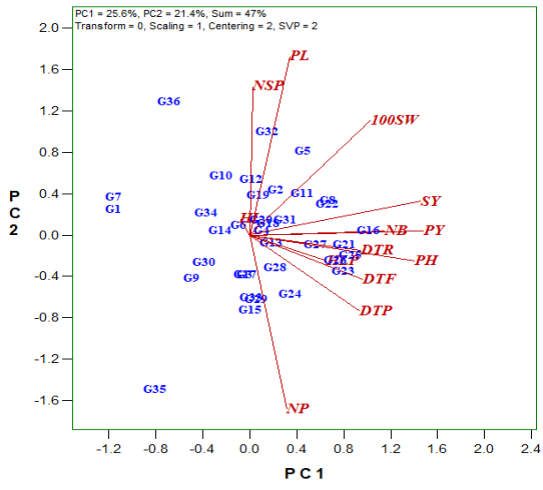
نتیجه‌گیری کلی

نتایج تجزیه واریانس و مقایسه میانگین نشان دادند که تنوع زیادی بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از لحاظ صفات فنولوژیک و زراعی وجود داشت. با استفاده از نقشه گرافیکی هیت‌مپ گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها انجام شد. ژنوتیپ‌های G13، G27، G25، G26، G21 و G23 در گروه دوم قرار گرفتند، و ژنوتیپ‌های این گروه از لحاظ عملکرد دانه و میانگین وزن صد دانه نسبت به ارقام شاهد و میانگین کل برتری داشتند. در این مطالعه، از روش‌های مبتنی بر بای‌پلات برای شناسایی صفات موثر در افزایش عملکرد و انتخاب غیر مستقیم برای افزایش عملکرد استفاده شد. در ابتدا، تکنیک بای‌پلات ژنوتیپ × صفت برای تجسم رابطه بین صفات و برای انتخاب کارآمد به‌کار گرفته شد، بر اساس نتایج GTبای‌پلات، ژنوتیپ G16 به‌عنوان ژنوتیپ برتر برای عملکرد دانه شناسایی شد. همبستگی مثبت بالایی بین عملکرد دانه با عملکرد غلاف، تعداد شاخه، ارتفاع بوته و روز تا گلدهی وجود داشت. اصلاح برای یک صفت زمانی ارزشمند است که با سطح قابل قبولی از عملکرد همراه باشد. تجزیه و تحلیل بای پلات GYT ژنوتیپ‌های پیشرفته باقلا را رتبه‌بندی کرد. ژنوتیپ‌های G25 (12TER-115-S2008, 058-4)، G26 (12TER-124-S2009, 039-3) و G4 (ILB1814× WRB 1-5) به‌عنوان بهترین ژنوتیپ‌ها برای ترکیب صفات عملکرد شناخته شدند. دو ژنوتیپ G25 و G26 حاصل دورگ‌گیری ژنوتیپ‌های مقاوم به خشکی و مقاوم به بیماری خزانه ۲۰۱۵ ایکاردا هستند. دورگه‌گیری والدین ژنوتیپ G4 با هدف افزایش عملکرد دانه، کیفیت، تحمل به خشکی و بازارپسندی در سال ۱۳۹۳ در ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان و انتخاب در جمعیت‌های در حال تفکیک این ژنوتیپ‌ها در دو ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان و صفی‌آباد دزفول انجام شده‌بود. بر اساس نتایج ارزیابی مقدماتی، این ژنوتیپ‌ها پس از ارزیابی سازگاری می‌توانند به‌عنوان رقم تجاری معرفی شوند. این مطالعه نشان می‌دهد که GYT بای‌پلات ابزار گرافیکی قدرتمندی برای تفسیر روابط پیچیده صفات است و با استفاده از آن می‌توان بهترین ژنوتیپ‌ها را بر اساس ترکیب عملکرد و صفت در برنامه‌های اصلاحی شناسایی کرد.



شکل ۲– نمودار چندضلعی GT biplot برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌های باقلا

Figure 2. The GT biplot polygon for grouping the faba bean genotypes

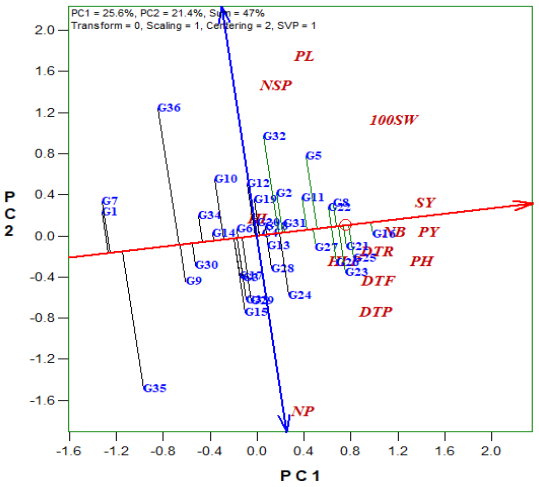


شکل ۳– نمای برداری نمودار دووجهی ژنوتیپ‌های باقلا

Figure 3. A biplot vector view of faba bean genotypes

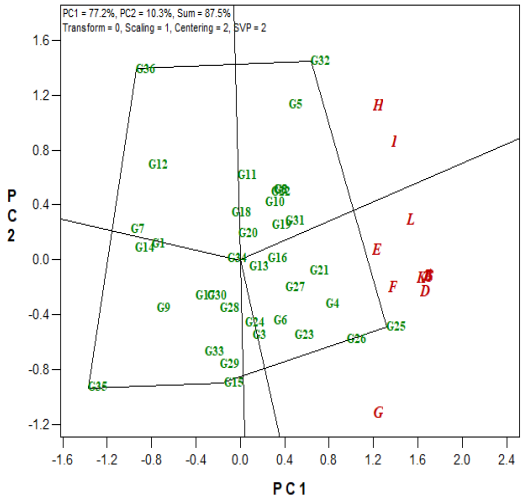
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1566]



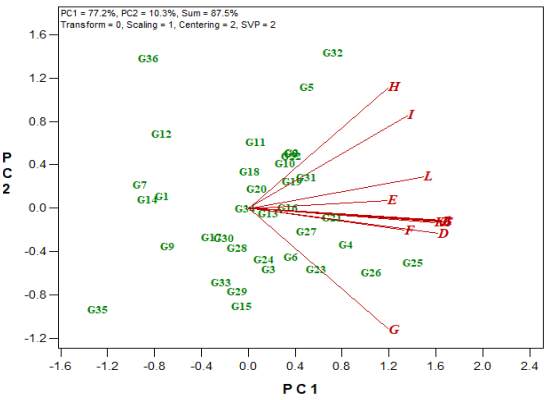
شکل ۴- رتبه‌بندی ژنوتیپ‌های باقلا بر اساس صفات مورد مطالعه

Figure 4. Ranking of faba bean genotypes based on the studied traits



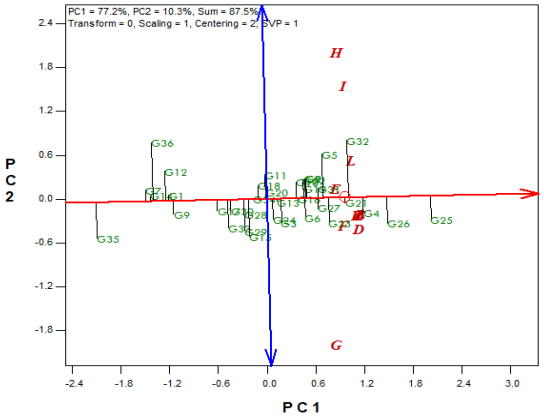
شکل ۵- نمایش چندضلعی بای‌پلات ژنوتیپ × عملکرد × صفت ژنوتیپ‌های باقلا

Figure 5. The polygon view of the genotype × yield × trait biplot of faba bean genotypes



شکل ۶- نمایش برداری بای‌پلات ژنوتیپ × عملکرد × صفت ژنوتیپ‌های باقلا

Figure 6. The vector view of the genotype × yield × trait biplot of faba bean genotypes



شکل ۷- مختصات تستر متوسط (ATC) بای‌پلات ژنوتیپ × عملکرد × صفت جهت رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها

Figure 7. The average tester coordinate (ATC) view of the genotype × yield × trait biplot to rank the genotypes

A: ترکیب عملکرد- روز تا گلدهی، B: ترکیب عملکرد- روز تا غلاف‌دهی، C: ترکیب عملکرد- روز تا رسیدگی، D: ترکیب عملکرد- ارتفاع بوته، E:ترکیب عملکرد- ارتفاع اولین غلاف از سطح زمین، F: ترکیب عملکرد-تعداد شاخه، G: ترکیب عملکرد-تعداد غلاف در بوته،H: ترکیب عملکرد-طول غلاف، I: ترکیب عملکرد- تعداد دانه در غلاف، J: ترکیب عملکرد-عملکرد غلاف، K: ترکیب عملکرد- شاخص برداشت، L: ترکیب عملکرد- وزن صد دانه

تشکر و قدردانی

مقاله حاضر مستخرج از پروژه شماره ۹۹۱۱۵۵- ۱۳۶-۰-۵۷-۰۳ مصوب موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر است. به این‌وسیله از حمایت مالی موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر و همکاری صمیمانه همکاران مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان سپاس‌گزاری می‌گردد.

References

Ammar, M.H., Alghamdi, S.S., Migdadi, H.M., Khan, H.M., El-Harty, E.H., & Al-Afifi. S.A. (2015). Assessment of genetic diversity among faba bean genotypes using agro-morphological and molecular markers. *Saudi Journal of Biological Sciences,* 22, 340 -350. https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2015.02.005

Araújo, M., Santos, S., Aragão, W., Damasceno-Silva, K., & Rocha, M. (2021). Selection of superior cowpea lines for multi-traits and adaptabilities to the Piauí semi-arid using genotype by yield×trait biplot analysis. *Ciencia e Agrotecnologia*, 45. 2021. https://doi.org/10.1590/1413-7054202145011921

Badu-Apraku, B., & Akinwale, R.O. 2011. Cultivar evaluation and trait analysis of tropical early maturing maize under Striga-infested and Striga-free environments. *Field Crops Research,* 121, 186-194. https://doi.org/10.1016/j.fcr.2010.12.011

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1566]

Bakhshi, B., Amiri Oghan, H., Rameeh, V., Zeinalzadeh-Tabrizi, H., Askari, A., Faraji, A., G. Ghodrati, G., Fanaei, H., Danaei, A., Kazerani, K.N., Payghamzadeh, K., Kiani, D., Sadeghi, H., Shariati, F., Dalili, A., & Aghajani, M.A. (2023). Trait profiling and genotype selection in oilseed rape using genotype by trait and genotype by yield×trait approaches. *Food Science & Nutrition,* 11, 1-13. https://doi.org/10.1002/fsn3.3290

Bangar, S.P., & Kajla, P. (2022). Introduction: Global Status and Production of Faba Bean. *In:* Punia Bangar, S., & Bala Dhull, S. (Eds) Faba Bean: Chemistry, Properties and Functionality. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-031-14587-2_1

Ebrahimi, L. (2023). Genotype by yield×trait (GYT) biplot approach to evaluate resistance of soybean cultivars to Helicoverpa armigera Hübner under natural infestation conditions. *Phytoparasitica,* 51, 909–918. https://doi.org/10.1007/s12600-023-01078-7

El-Hussein, M., El-Nenny, H. M., Ibrahim, E.A., Shawky, A.M., & Rehab, H.A. (2022). Graphic analysis of trait relations of canola genotypes using the biplot method. *Egyptian Journal of Applied Science,* 37(9), 17-29. https://doi. 10.21608/ejas.2022.275071

Elshafei, A.A.M., Amer, M.A.E., Elenany, M.A.M., & Abd Elhameed Helal, A.G. (2019). Evaluation of the genetic variability of faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes using agronomic traits and molecular markers. *Bulletin of the National Research Centre,* 43, 106-115. https://doi. org/10.1186/s42269-019-0145-3

Faheem, M., Arain, S., Mahboob, S., Laghari, K., & Qayyum, A. (2022). Genotype by yield*trait (GYT) biplot analysis: a novel approach for evaluating advance lines of durum wheat. *Cereal Research Communications,* 51. https://doi.org/10.1007/s42976-022-00298-7

Koc, S., Orak, A., Tenikecier, H.S., & Saglam, N. 2018. Relationship between seed yield and yield chracteristics in faba bean (*Vicia faba* L.) by GGE-biplot analysis. *Journal of Life Sciences*, 12, 105-110. https://doi.org/10.17265/1934-7391/2018.02.005

Kocaturk, M., Cubukcu, P., Goksoy, A. T., Sincik, M., Ilker, E., Kadiroglu, A., Vurarak, Y., Sahin, Y., Karakus, M., & Yildirim, U.A. (2019). GGE Biplot Analysis of Genotype × Envıronment Interactıon In Soybean Grown as a Second Crop. *Turkish Journal of Field Crops,* 24(2), 145-154. https://doi.org/10.17557/tjfc.615175

Minguez, M.I., & Rubiales, D. (2021). Faba bean. *In:* Sadras V.O. *et al.* (Eds.) Crop Physiology Case Histories for Major Crops. Academic Press, Amsterdam. The Netherlands. https://doi.org/10.1016/B978-0-12- 819194-1.00015-3

Fadakar Navrood, F., Asghari Zakaria, R., Mostafavi Rad, M., Zare, N., &Moghaddaszadeh Ahrabi, M. (2024). Evaluation of the genotype × environement interaction on agronomic traits and seed yield stability in peanut (*Arachis hypogaea* L.) genotypes using the GGE biplot method. *Journal of Crop Breeding, 16*(2), 29-41. doi:10.61186/jcb.16.2.29. [In Persian]

Oliveira, T.R., Gravina, G.A., Ferreira de Oliveira, G.H., Cordeiro Araújo, K., Cordeiro de Araujo, L., Figueiredo Daher, R., & Vivas, M. (2018). The GT biplot analysis of green bean traits. *Ciencia Rural, Santa Maria,* 48(6), 121-140. http://doi.org/10.1590/0103-8478cr20170757

Rahmati, M. (2020). Assessment of relationships among traits and selection of superior bread wheat genotypes using genotype by yield × trait biplot method. *Cereal Research*, 10, 61-72. http://doi.org/10.22124/CR.2020.15458.155172. [In Persian]

Rahmati, M., Hosseinpour, T., & Ahmadi, A. (2020). Assessment of interrelationship between agronomic traits of wheat genotypes under rain-fed conditions using double and triple biplots of genotype, trait and yield. *Iranian Dryland Agronomy Journal,* 9, 1-20. https://doi.org/10.22092/IDAJ.2020.122220.284. [In Persian]

Rubio, J., Cubero, J.,Martin, L., Suso, M., & Flores, F. (2004). Biplot analysis of trait relations of white lupin in Spain. *Euphytica,* 135, 217-224. https://doi.org/10.1023/B:EUPH.0000014911.70355.c9

Sabaghnia, N., Dehghani, H., & Sabaghpour, S. H. (2008). Graphic analysis of genotype by environment interaction for lentil yield in Iran. *Agronomy Journal*, 100, 760-764. https://doi.org/10.2134/agronj2006.0282. [In Persian]

Sabaghnia, N., Mohebodini, M., & Janmohammadi, M. (2016). Biplot analysis of trait relations of spinach (*Spinacia oleracea* L.) landraces. *Genetika,* 48, 675-690. https://doi.org/10.2298/GENSR1602675S.

Sheikh, F., Nazari, H., & Fanaei, H. (2022a). Graphic analysis of trait relations and stability of faba bean genotypes using the biplot method. *Journal of Crop Production,* 15(2), 117-135 https://doi.org/10.22069/ejcp.2022.19563.2457. [In Persian]

Sheikh. F., Sekhavat, R., & Aghajani, M.A. (2022b). Evaluation of resistance to leaf spot diseases and yield characteristics in faba bean genotypes through cluster analysis and Genotype by Trait Biplot. *Journal of Crop Breeding,* 14(44), 131-14. https://doi:10.52547/jcb.14.44.131. [In Persian]

Shojaei, S., Mostafavi, K., Ansarifard, I., Bihamta, M.R., Zeinalzadeh-tabrizi, H., Omrani, A., & Mousavi, G.M. (2023). Comparison of genotype × trait and genotype × yield-trait biplots in Sunflower cultivars. int. j. agric. environ. *Food Science,* 7(1), 136-147. https://doi:10.31015/jaefs.2023.1.17

Shojaei, S.H., Mostafavi, Kh., Khosroshahli, M., & Bihamta, M.R. (2020). Assessment of genotype-trait interaction in maize (*Zea mays* L.) hybrids using GGT biplot analysis. *Food Science and Nutrition,* 8, 5340-5351

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1566]

Sofi, P., Saba, I. Asmat, A., & Khalid, R. (2021). Comparative efficiency of GYT approach over gt approach in genotypic selection in multiple trait evaluations: case study of common bean (*phaseolus vulgaris*) grown under temperate Himalayan conditions. *Agricultural Research,* 11, 373-381 https://doi.org/10.1007/s40003-021-00577-5

Tiwari, J. K., & Singh, A. K. (2019). Principal component analysis for yield and yield traits in faba bean (*Vicia faba* L.). *Journal of Food Legumes,* 32(1), 13-15.

Ward, J. H., & Hook, M.E. (1963). Application of a hierarchical grouping procedure to a problem of grouping profiles. *Educational and Psychological Measurement,* 23(1), 69-81.

Welderufael, Sh., Aba, F., Ayana, A., & Tilahun, A. (2023). Genetic diversity, correlation and genotype by yield by trait (GYT) analysis of grain yield and nutritional quality traits in sorghum (*Sorghum bicolor* [L.] Moench) genotypes in tigray, northern Ethiopia. *Discover Agriculture,* 4, 2. https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-3251627/v1

Wen, G., Ma, B., Shi, Y., Liu, K., & Chen, W. (2023). Selection of oat (*Avena sativa* L.) drought-tolerant genotypes based on multiple yield-associated traits. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 103. https://doi.org/10.1002/jsfa.12504

Xia, J., & Wishart, D.S. (2016). Using metaboanalyst 3.0 for comprehensive metabolomics data analysis. *Current Protocols in Bioinformatics,* 34, 10–14. https://doi.org/10.1002/cpbi.11

Xiao, J. X., Zhu, Y. A., Bai, W. L., Liu, Z. Y., Li, T. A. N., & Zheng, Y. (2021). Yield performance and optimal nitrogen and phosphorus application rates in wheat and faba bean intercropping. *Journal of Integrative Agriculture,* 20(11), 3012–3025. https://doi.org/10.1016/S2095-3119(20)63489-X

Yan, W., & Fregeau-Reid, J. (2018). Genotype by yield×trait (GYT) Biplot: a novel approach for genotype selection based on multiple traits. *Scientific Reports,* 8, 8242. https://doi.org/10.1038/s41598-018-26688-8

Yan, W., Frégeau-Reid, J., Mountain, N., & Kobler, J. (2019). Genotype and management evaluation based on Genotype by Yield×Trait (GYT) analysis. *Crop Breeding, Genetics and Genomics,* 1, 1-21. https://doi.org/10.20900/cbgg20190002

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1566]