Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 17, Issue 2, 2025 p: 94-112 OPEN ACCESS

Research Paper

Identification of Tolerant Bread Wheat Genotypes to Seed Aging During Germination and Seedling Growth Stages

Sima Fatanatvash[1], Hadi Alipour[2], Reza Darvishzadeh[3] and Mahdi Ghiyasi[4]

1- Ph.D. Student, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran
2- Associate Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran, (Corresponding author: ha.alipour@urmia.ac.ir)
3- Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran
4- Associate Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran

Received: 11 October, 2024 Revised: 1 November, 2024 Accepted: 22 February, 2025

Extended Abstract

Background: Seed aging is considered a serious challenge in reducing seed quality, especially in developing countries where wheat plays a crucial role in providing food and where long-term seed storage is essential. Temperature and humidity are two very important factors during the seed storage process, significantly affecting seed vigor and quality (germination capacity). These two factors play a key role in determining the rate of seed aging by directly influencing the preservation or reduction of germination ability. The Accelerated Aging (AA) test is one of the most common tests used by the International Seed Testing Association (ISTA) to determine seed vigor under high temperature and humidity conditions, simulating natural seed aging during long-term storage. Considering the importance of genetic diversity and selecting superior genotypes in wheat breeding programs, this study aimed to identify and select genotypes with desirable germination and seedling traits under accelerated aging conditions. Selecting such genotypes not only enhances seed vigor and health during storage but also serves as an effective tool for breeders to develop new varieties with greater resistance to challenging environmental conditions. Consequently, this improvement in seed quality will lead to higher productivity, more economical production, and greater sustainability in wheat production.

Methods: In this study, 228 bread wheat genotypes were evaluated for seed aging tolerance during germination and seedling growth stages in the years 2022-2023. The experiment was conducted in a factorial arrangement within a completely randomized design with three replications. To induce seed aging, the Accelerated Aging method was applied at four levels: 0, 48, 72, and 96 hours. Subsequently, to assess germination and seedling growth, a standard germination test was performed according to the criteria of the International Seed Testing Association (ISTA). This test was conducted with three replications of 25 aged seeds for each genotype in Petri dishes using the "between paper" method at the optimal wheat growth temperature for 8 days. The studied parameters included germination percentage (GP), germination index (GI), viability index (VI), simplified viability index (SVI), mean germination time (MGT), mean daily germination (MDG), seedling length (SL), shoot length (SHL), root length (RL), shoot wet weight (SHWW), shoot dry weight (SHDW), root wet weight (RWW), root dry weight (RDW), and allometric coefficient (AL). Data analysis included variance analysis, correlation analysis, a cluster analysis dendrogram (heat map), and biplot representation of principal component analysis (PCA) using R software version 4.3.2 with the packages agricolae, corrplot, gplots, and factoextra. Additionally, to select superior genotypes, the MGIDI index was calculated using the metan package for multi-environment trials analysis in R software. A selection intensity of 10% (SI) was considered for the selection of genotypes.

Results: Based on the results of the analysis of variance, the effects of different levels of accelerated aging were significant for all traits at the 1% statistical level. Additionally, there was a significant difference between the genotypes studied for all traits at the 1% probability level. The interaction effect of aging × genotype was also significant at the 1% probability level. A strong positive correlation was observed between germination percentage, germination index, viability index, simplified viability index, and mean daily germination under different levels of accelerated aging. In contrast, a weak correlation of mean germination time was observed with most studied traits. Additionally, with increasing aging levels, a decreasing trend was observed in the mean of most traits. For example, the germination percentage decreased from 91.96% in the normal condition to 60.44%, 29.76%, and 6.11% at aging levels of 48, 72, and 96 hours,

Copyright ©2025 Fatanatvash et al. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 Unported License which allows users to read, copy, distribute and make derivative works for non-commercial purposes from the material, as long as the author of the original work is cited properly.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]

respectively. Meanwhile, the mean germination time increased from 1.59 days to 2.62 and 3.01 days at aging levels of 48 and 72 hours, respectively. Cluster analysis results under different levels of accelerated aging classified the studied genotypes into three main groups based on similarities and differences in germination and seedling growth traits. The genotypes in the first group were identified as the best performers in terms of all germination and seedling growth traits. The MGIDI index was used to identify superior genotypes (Aging-tolerant) based on all traits, and its results were in complete agreement with the findings of PCA and cluster analysis.
Conclusion: PCA and cluster analysis were used to further analyze the relationships between the studied bread wheat genotypes under different levels of accelerated aging. Additionally, the MGIDI index was employed more efficiently to identify superior genotypes based on all traits. According to the results, genotypes 624846, 627853, 623090, 627414, 624864, Fong, Alvand, and Koohdasht had the highest values for all traits related to germination and seedling growth under different levels of accelerated aging and were identified as aging-tolerant genotypes. In contrast, genotypes 621421, 627236, 624315, Omid, Takab, and VEE/NAC, with the lowest values for these traits, were classified as aging-sensitive. The superior identified genotypes could serve as genetic resources for breeding programs aimed at producing genotypes with high seed quality and rapid seedling emergence in the field.

Keywords: Genetic diversity, Multivariate Statistical Methods, Seed deterioration, Seed quality, Wheat

How to Cite This Article: Fatanatvash, S., Alipour, H., Darvishzadeh, R., & Ghiyasi, M. (2025). Identification of Tolerant Bread Wheat Genotypes to Seed Aging During Germination and Seedling Growth Stages. *J Crop Breed,* 17(2), 94-112. DOI: 10.61882/jcb.2024.1576

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]

مقاله پژوهشی

شناسایی ژنوتیپ‌های گندم نان متحمل به پیری بذر در مراحل جوانه‌زنی و رشد گیاهچه

سیما فطانت‌وش[۱]، هادی علی‌پور[۲]، رضا درویش‌زاده[۳] و مهدی قیاسی[۴]

۱- دانشجوی دکتری، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران
۲- دانشیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه. ارومیه، ایران، (نویسنده مسوول: ha.alipour@urmia.ac.ir)
۳- استاد، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران
۴- دانشیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۷/۲۰ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۳/۰۸/۱۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۲/۰۴
صفحه: ۹۴ تا ۱۱۲

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: پیری بذر به‌عنوان یک چالش جدی در کاهش کیفیت بذر مطرح است، به‌ویژه در کشورهای در حال توسعه که گندم نقش اساسی در تأمین غذای مردم دارد و ذخیره‌سازی طولانی‌مدت بذر این محصول ضروری است. دما و رطوبت دو فاکتور بسیار مهم در طول فرآیند ذخیره‌سازی بذر هستند که به‌شدت بر بنیه و کیفیت (قوه نامیه) بذر اثر می‌گذارند. این دو فاکتور با تأثیر مستقیم بر حفظ یا کاهش توانایی جوانه‌زنی، نقش کلیدی در تعیین سرعت پیری بذرها ایفا می‌کنند. آزمون پیری تسریع شده (Accelerated Aging) یکی از متداول‌ترین آزمون‌هایی است که توسط انجمن بین‌المللی آزمایش بذر (ISTA) برای تعیین قدرت بذر در دما و رطوبت بالا به‌منظور تقلید پیری طبیعی بذر در ذخیره‌سازی طولانی مدت مورد استفاده قرار می‌گیرد. با توجه به اهمیت تنوع ژنتیکی و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در برنامه‌های به‌نژادی گندم، هدف این مطالعه بررسی و انتخاب ژنوتیپ‌هایی با ویژگی‌های جوانه‌زنی و گیاهچه‌ای مطلوب در شرایط پیری تسریع‌شده بود. انتخاب چنین ژنوتیپ‌هایی نه‌تنها به ارتقای قدرت و سلامت بذر در دوره‌های ذخیره‌سازی منجر می‌شود، بلکه می‌تواند به‌عنوان ابزاری مؤثر برای اصلاح‌گران در توسعه رقم‌های جدید با مقاومت بیشتر در برابر شرایط محیطی چالش‌برانگیز به‌کار گرفته شود. در نهایت، این بهبود کیفیت بذر به بهره‌وری بالاتر، تولید اقتصادی‌تر و پایداری بیشتر در تولید گندم منجر خواهد شد.

مواد و روش‌ها: در این پژوهش، ۲۲۸ ژنوتیپ گندم نان از نظر تحمل به پیری تسریع‌شده بذر در مراحل جوانه‌زنی و رشد گیاهچه در سال ۱۴۰۱-۱۴۰۲ مورد بررسی قرار گرفتند. آزمایش به‌صورت فاکتوریل و در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار انجام شد. برای اعمال پیری بذر، از روش پیری تسریع‌شده در چهار سطح صفر، ۴۸، ۷۲ و ۹۶ ساعت استفاده شد. سپس، به‌منظور ارزیابی جوانه‌زنی و رشد گیاهچه، آزمون استاندارد جوانه‌زنی طبق معیارهای انجمن بین‌المللی آزمون بذر (ISTA) انجام شد. این آزمون به‌صورت سه تکرار ۲۵ تایی از بذور پیرشده تیمار مربوط به هر ژنوتیپ در پتری‌دیش و به‌روش بین کاغذ، در دمای بهینه رشد گندم به‌مدت ۸ روز صورت گرفت. شاخص‌های مورد مطالعه شامل درصد جوانه‌زنی (GP)، شاخص جوانه‌زنی (GI)، شاخص حیات (VI)، شاخص حیات ساده‌شده (SVI)، متوسط زمان جوانه‌زنی (MGT)، متوسط جوانه‌زنی روزانه (MDG)، طول گیاهچه (SL)، طول ساقه‌چه (SHL)، طول ریشه‌چه (RL)، وزن تر ساقه‌چه (SHWW)، وزن خشک ساقه‌چه (SHDW)، وزن تر ریشه‌چه (RWW)، وزن خشک ریشه‌چه (RDW) و ضریب آلومتریک (AL) بودند. تجزیه واریانس داده‌ها، تجزیه همبستگی، دندروگرام تجزیه خوشه‌ای (هیت‌مپ) و ترسیم نمودارهای بای‌پلات تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با استفاده از نرم‌افزار R نسخه ۴.۳.۲ به‌ترتیب با استفاده از پکیج‌های agricolae، corrplot، gplots و factoextra انجام شدند. به‌منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر، شاخص MGIDI با استفاده از پکیج تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی metan در نرم‌افزار R محاسبه شد. شدت انتخاب ۱۰٪ (SI) برای انتخاب ژنوتیپ‌ها در نظر گرفته شد.

یافته‌ها: بر اساس نتایج تجزیه واریانس، تأثیر سطوح مختلف پیری تسریع‌شده بر تمام صفات مورد بررسی در سطح آماری یک درصد معنی‌دار بود. همچنین تفاوت معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای همه صفات در سطح احتمال یک درصد مشاهده شد. اثر متقابل پیری × ژنوتیپ نیز در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود. در سطوح مختلف پیری تسریع شده، همبستگی مثبت و قوی بین درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی، شاخص حیات، شاخص حیات ساده شده و متوسط جوانه‌زنی روزانه مشاهده شد، در حالی‌که همبستگی متوسط زمان جوانه‌زنی با اکثر صفات مورد مطالعه ضعیف بود. با افزایش سطوح پیری، یک روند کاهشی در میانگین اکثر صفات مشاهده شد. به‌عنوان مثال، درصد جوانه‌زنی از ۹۱/۹۶ درصد در سطح نرمال به ۶۰/۴۴، ۲۹/۷۶ و ۶/۱۱ درصد به‌ترتیب در سطوح پیری ۴۸، ۷۲ و ۹۶ ساعت کاهش یافت، در حالی‌که متوسط زمان جوانه‌زنی از ۱/۵۹ روز به ۲/۶۲ و ۳/۰۱ روز در سطوح پیری ۴۸ و ۷۲ ساعت افزایش یافت. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای در سطوح مختلف پیری تسریع شده، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس شباهت‌ها و تفاوت‌هایشان از لحاظ صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه به سه گروه اصلی طبقه‌بندی شدند که ژنوتیپ‌های گروه اول، از لحاظ کلیه صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند. برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر (متحمل به پیری) بر اساس تمام صفات، از شاخص MGIDI استفاده شد که نتایج آن کاملاً با نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای مطابقت داشتند.

نتیجه‌گیری: به‌منظور تحلیل دقیق‌تر روابط بین ژنوتیپ‌های گندم نان مورد مطالعه در سطوح مختلف پیری تسریع شده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه خوشه‌ای و به‌طور کارآمدتر برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بر اساس تمام صفات از شاخص MGIDI استفاده شد. بر این اساس، ژنوتیپ‌های ۶۲۴۸۴۶، ۶۲۷۸۵۳، ۶۲۳۰۹۰، ۶۲۷۴۱۴، ۶۲۴۸۶۴ ، فونگ، الوند و کوهدشت دارای بیشترین مقادیر از نظر تمام صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه در سطوح مختلف پیری تسریع شده بودند و به‌عنوان ژنوتیپ‌های متحمل به پیری شناسایی شدند. در مقابل، ژنوتیپ‌های ۶۲۱۴۲۱، ۶۲۷۲۳۶، ۶۲۴۳۱۵، امید، تکاب و ویناک با کمترین مقادیر این صفات جزو ژنوتیپ‌های حساس به پیری بودند. ژنوتیپ‌های برتر شناسایی‌شده می‌توانند به‌عنوان منابع ژنتیکی برای تولید بذرهایی با قابلیت ذخیره‌سازی طولانی‌مدت و کیفیت بالای استفاده مجدد هدف برنامه‌های به نژادی قرار گیرند.

واژه‌های کلیدی: تنوع ژنتیکی، روش‌های آماری چندمتغیره، زوال بذر، کیفیت بذر، گندم

مقدمه

گندم به‌عنوان یکی از اصلی‌ترین غلات جهان نقش حیاتی در تأمین امنیت غذایی دارد. این محصول حدود ۳۰ درصد (۷۶۰ میلیون تن) از کل تولید غلات جهان را شامل می‌شود و بیشترین سطح زمین‌های زراعی را در دنیا تحت پوشش قرار داده است (FAO, 2021). در ایران نیز گندم یکی از محصولات استراتژیک به‌شمار می‌رود که توسعه اقتصادی و کشاورزی کشور به تولید پایدار آن وابسته است. با این حال، نرخ افزایش تولید سالانه گندم از ۳ درصد در طول دهه‌های ۱۹۷۰ و ۱۹۸۰ به ۰/۹ درصد در سال‌های اخیر کاهش یافته است که نگرانی‌هایی درباره آینده تولید این محصول ایجاد کرده است (Ray *et al*., 2013). از جمله عوامل مهم در بهره‌وری تولید گندم، کیفیت بذرها (قوه نامیه و قدرت بذر) یا توده‌های بذری است که به‌طور مستقیم بر جوانه‌زنی و رشد گیاهچه تأثیر

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]

می‌گذارد. جوانه‌زنی و رشد گیاهچه از مراحل کلیدی زندگی گیاه به شمار می‌روند که یکی از عومل تعیین‌کننده موفقیت سیستم‌های کشاورزی در تولید محصولات است (Forcella *et al*., 2000). این مراحل رشدی به‌شدت تحت تأثیر کیفیت بذر قرار می‌گیرند (Figueiredo e Albuquerque & Carvalho, 2003).

پیری بذر به‌عنوان یکی از چالش‌های اساسی در کشاورزی مدرن مطرح است که هر ساله حدود ۲۵ درصد از محصولات برداشت‌شده را تحت تأثیر قرار می‌دهد. این میزان زیان می‌تواند ارزش اقتصادی معادل میلیاردها دلار داشته باشد. این تلفات به‌ویژه در کشورهای کمتر توسعه‌یافته و مناطقی که بذرها طی دوره رسیدن و ذخیره‌سازی در معرض دمای بالا و رطوبت نسبی زیاد قرار دارند، بیشتر است (Oskouei & Sheidaei, 2017). دما و رطوبت از عوامل اصلی تأثیرگذار بر پیری بذر در ذخیره‌سازی طولانی‌مدت هستند و افزایش آنها به تسریع این فرآیند کمک می‌کند (Macdonald, 1999; Shi *et al*., 2020). هنگامی که پیری بذر افزایش می‌یابد قوه نامیه بذر، درصد جوانه‌زنی، سرعت جوانه‌زنی، یکنواختی جوانه‌زنی و تحمل به تنش‌های محیطی و در نتیجه رویش گیاهچه و رشد پس از سبز شدن گیاهچه کاهش می‌یابند که همه از نشانه‌های پیری بذر است (Macdonald *et al*., 2004; Basra *et al*., 2003; Figueiredo e Albuquerque & Carvalho, 2003).

مطالعه اثرات پیری بذر نیازمند استفاده از آزمون‌های پیشرفته‌ای هم‌چون پیری تسریع‌شده (Accelerated Aging; AA) است، که یک روش مصنوعی برای شبیه‌سازی شرایط پیری طبیعی بذر به شمار می‌آید (Delouche & Baskin, 1973; Hampton & TeKrony, 1995; Modarresi *et al*., 2002). این آزمون در ابتدا برای تعیین طول عمر بذر به‌منظور ذخیره‌سازی طراحی شده بود، ولی اکنون به‌عنوان شاخصی برای ارزیابی قدرت بذر مورد استفاده قرار می‌گیرد. در این آزمون، بذرها در معرض دوره‌ای کنترل‌شده از دما (بین ۴۱ تا ۴۵ درجه سانتی‌گراد) و رطوبت نسبی بالا (نزدیک به ۱۰۰ درصد) به‌مدت چند روز قرار می‌گیرند. پس از پایان این دوره، بذرها از محیط خارج می‌شوند و ارزیابی‌های جوانه‌زنی بر روی آن‌ها انجام می‌شود (Modarresi *et al*., 2002). مطالعات نشان دادند که پیری تسریع‌شده موجب کاهش کاهش قوه نامیه بذر، درصد جوانه‌زنی، سرعت جوانه‌زنی و در نهایت رشد گیاهچه می‌شود (TeKrony, 1995; Chauhan & Deswal, 2019; Shi *et al*., 2020).

این آزمایش‌ها به‌ویژه در فرآیند به‌نژادی و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر برای تولید ارقام مقاوم به تنش‌های محیطی اهمیت دارند. چرا که به‌نژادی فرآیند گزینش و ایجاد تغییرات ژنتیکی در گونه‌های گیاهی است که به‌منظور تولید ارقام بهبودیافته با عملکرد بالاتر و تحمل بیشتر به تنش‌های محیطی انجام می‌شود. بنا بر این، ارزیابی قدرت بذر از طریق آزمون‌های پیری تسریع‌شده به به‌نژادگران کمک می‌کند تا ژنوتیپ‌های متحمل را شناسایی و از آن‌ها برای بهبود عملکرد و تحمل ارقام استفاده کنند (Nejatnejad *et al*., 2024).

یکی از روش‌های مناسب برای توسعه ارقام متحمل به تنش‌های محیطی، بررسی تنوع ژنتیکی درون ژرم‌پلاسم به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌های با عملکرد برتر در شرایط تنش است (Mohammadi & Abdulahi, 2017; Valipour & Alipour, 2023). اصلاح‌گران اغلب سعی می‌کنند چندین صفت را در یک ژنوتیپ جدید ترکیب کنند تا عملکرد بالایی را تولید کنند. هنگام بررسی صفات چندگانه، اغلب انتخاب یک ژنوتیپ از بین ژنوتیپ‌های برتر دشوار است. در این راستا، روش‌های چندمتغیره مختلفی، مانند تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تحلیل عاملی و تجزیه خوشه‌ای، به‌طور گسترده مورد استفاده قرار می‌گیرند (Shirzad *et al*., 2022; Nourinejad *et al*., 2024). گزینش ژنوتیپ‌های برتر با افزایش تعداد صفات یا شاخص‌ها پیچیده‌تر می‌شود.

در سال‌های اخیر، برای بهبود کارایی انتخاب همزمان چندین صفت، از شاخص‌های انتخاب نوینی مانند شاخص فاصله چندمتغیره از ژنوتیپ ایده‌آل (MGIDI) (Olivoto & Nardino, 2020) که بر پایه انتخاب ژنوتیپ‌های برتر است، استفاده می‌شود که برای محاسبه آن می‌توان از صفات مورفوفیزیولوژیک و شاخص‌های مختلف استفاده کرد. از این شاخص برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در گیاهانی نظیر توت فرنگی، گندم‌های وحشی و جو زراعی استفاده شده است (Olivoto & Nardino, 2020; Pour Aboughadareha & Poczaib, 2021; Pour -Aboughadareha *et al*., 2021).

با توجه به اهمیت اقتصادی و زراعی گندم در جهان و ایران و ضرورت ذخیره‌سازی این محصول استراتژیک پس از برداشت، نیاز به انتخاب ژنوتیپ‌های مقاوم و با کیفیت بالا برای افزایش بهره‌وری تولید گندم بیشتر از پیش احساس می‌شود. در میان ارقام و توده‌های بومی گندم نان از نظر صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه و تحمل پیری تسریع‌شده تنوع خوبی وجود دارد که می‌تواند در برنامه‌های به‌نژادی مورد استفاده قرار گیرد.

پژوهش حاضر با هدف ارزیابی تنوع ژنتیکی و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر گندم نان از لحاظ صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه در میان ژنوتیپ‌های متفاوت گندم نان تحت شرایط پیری تسریع شده بذر انجام شد.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش، تعداد ۲۲۸ ژنوتیپ گندم نان، شامل ۱۶۱ توده بومی جمع‌آوری‌شده از مناطق مختلف و ۶۷ رقم زراعی (جدول تکمیلی ۱و ۲)، به‌منظور بررسی تحمل به پیری بذر در مراحل جوانه‌زنی و رشد گیاهچه، در قالب آزمایش فاکتوریل بر پایه طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار، در آزمایشگاه بذر دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه در سال ۱۴۰۱-۱۴۰۲ مورد ارزیابی قرار گرفتند. فاکتور اول آزمایش مربوط به ژنوتیپ‌های گندم نان و فاکتور دوم به تیمارهای پیری تسریع‌شده در چهار سطح صفر، ۴۸، ۷۲ و ۹۶ ساعت اختصاص داشت. به‌منظور اعمال پیری تسریع شده، ابتدا بذور به‌مدت ۲ دقیقه در محلول هیپوکلریت سدیم ۱۰ درصد (وایتکس) خیسانده، بعد از آن سه مرتبه با آب مقطر شستشو شدند. سپس ۳۰۰ عدد بذر از هر

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]

ژنوتیپ در پارچه توری بسته‌بندی و به‌طور جداگانه به داخل دسیکاتور، که کف آن با آب مقطر (۱۰ درصد حجم کل ظرف) برای اطمینان از حفظ رطوبت نسبی نزدیک به ۱۰۰ درصد پر شده بود، منتقل شدند (به‌طوری که بذرها با آب تماس نداشته باشند). درب دسیکاتور بسته شد و سپس با پارافیلم مسدود و غیرقابل نفوذ گردید. سپس دسیکاتور داخل ژرمیناتور به مدت ۴۸، ۷۲ و ۹۶ ساعت در دمای ۴۵ درجه سانتی‌گراد قرار گرفت. در نهایت، تیمارها پس از سپری شدن مدت زمان پیری از ژرمیناتور خارج شدند (Modarresi *et al*., 2002; Mondal & Bose, 2018).

به‌منظور اندازه‌گیری صفات جوانه‌زنی و رشد گیاهچه پس از پیری تسریع شده، آزمون جوانه‌زنی استاندارد بر اساس معیارهای انجمن بین‌المللی آزمون بذر (ISTA) انجام شد. به این منظور، سه تکرار ۲۵ تایی بذر از هر تیمار پیری تسریع شده مربوط به هر ژنوتیپ به‌طور یکنواخت در داخل پتری‌دیش‌هایی (قطر ۱۰ سانتی‌متر) با دو لایه کاغذ صافی (روش بین کاغذ) با فاصله مناسب از هم توزیع و با مقدار مناسبی آب مقطر آبیاری شدند. سپس پتری‌دیش‌ها در داخل ژرمیناتور و در دمای ۲۰ درجه سانتی‌گراد (به‌عنوان دمای بهینه جوانه‌زنی گندم) به‌مدت ۸ روز قرار گرفتند (ISTA, 2009). مشاهدات و شمارش تعداد بذرهای جوانه‌زده هر ۲۴ ساعت و در ساعت مشخص به‌مدت ۸ روز انجام گردید. ظهور ریشه‌چه به اندازه دو میلی‌متر یا بیشتر به‌عنوان معیاری برای جوانه‌زنی بذر در نظر گرفته شد (Tekrony & Hampton, 1995). پس از پایان ثبت اطلاعات آزمون جوانه‌زنی در روز ۸ام برای اندازه‌گیری ویژگی‌های رشد گیاهچه، ۱۰ گیاهچه عادی به‌صورت تصادفی از هر تکرار انتخاب و با استفاده از تیغ، گیاهچه‌ها از باقیمانده بذر (کوتیلیدون‌ها) با دقت جدا شدند. طول کامل گیاهچه، طول ساقه‌چه و طول ریشه‌چه با استفاده از خط‌کش مدرج بر حسب سانتی‌متر اندازه‌گیری شدند. وزن تر ساقه‌چه و ریشه‌چه با ترازوی حساس با دقت ۰/۰۰۰۱ و بر حسب گرم توزین شد. برای اندازه‌گیری وزن خشک، ریشه‌چه‌ها و ساقه‌چه‌ها به‌طور جداگانه در داخل پاکت قرار گرفتند. سپس نمونه‌ها در داخل آون و در دمای ۷۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲۴ ساعت خشک و سپس با ترازوی دقیق با دقت ۰/۰۰۰۱ گرم توزین شدند. برخی از شاخص‌های جوانه‌زنی مرتبط با بنیه بذر و گیاهچه به‌شرح زیر برآورد گردیدند:

درصد جوانه‌زنی (GP) با استفاده از رابطه ۱ محاسبه گردید (ISTA, 2008).

$$GP = \frac{\sum Gni}{N} \quad \text{(رابطه ۱)}$$

که در آن Gni تعداد بذور جوانه‌زده در روز i ام و N تعداد بذرهای واحد آزمایشی هستند.

شاخص جوانه‌زنی (GI) که به‌عنوان یک معیار برای ارزیابی سرعت جوانه‌زنی در نظر گرفته می‌شود از رابطه ۲ برآورد گردید (TeKrony & Egli, 1991).

$$GI = \sum\left(\frac{Gni}{di}\right) \quad \text{(رابطه ۲)}$$

در این رابطه Gni تعداد بذور جوانه‌زده در روز i ام و di شماره روز هستند.

شاخص حیات (VI) از رابطه ۳ و از حاصلضرب شاخص جوانه‌زنی در طول کامل گیاهچه به‌دست آمد و به‌عنوان معیاری از توان رشد گیاهچه‌ها مورد بررسی قرارگرفت (Wu *et al*., 2024).

$$VI = GI \times SL \quad \text{(رابطه ۳)}$$

در این رابطه GI شاخص‌جوانه‌زنی و SL طول گیاهچه هستند.

شاخص حیات ساده‌شده (SVI) نیز با استفاده از ضرب درصد جوانه‌زنی نهایی در طول گیاهچه از رابطه ۴ محاسبه شد و به‌عنوان معیاری برای ارزیابی توان رشد اولیه گیاهچه‌ها به‌کار رفت (Agrawal, 2003).

$$SVI = GP \times SL \quad \text{(رابطه ۴)}$$

در این رابطه GP درصد نهایی جوانه‌زنی و SL طول گیاهچه هستند.

متوسط زمان جوانه‌زنی (MGT) شاخصی است که برای ارزیابی یکنواختی و سرعت جوانه‌زنی بذرها در طول یک دوره زمانی مشخص استفاده می‌شود. مقدار کم این شاخص به این معنا است که اکثر بذرها به سرعت و در روزهای اولیه جوانه می‌زنند. برای محاسبه آن از رابطه ۵ استفاده شد (Ellis & Roberts, 1981).

$$MGT = \frac{\sum Gni \times di}{\sum Gni} \quad \text{(رابطه ۵)}$$

که در آن Gni تعداد بذرهای جوانه‌زده در روز i ام، di تعداد روز از شروع آزمایش و ∑Gni مجموع کل بذرهای جوانه‌زده در طول دوره هستند.

متوسط جوانه‌زنی روزانه (MDG)، که نشان‌دهنده تعداد بذرهای جوانه‌زده به‌صورت روزانه در طی دوره آزمایش است، از رابطه ۶ محاسبه شد (Ranal & Santana, 2006).

$$MDG = \frac{(\sum Gni)}{dT} \quad \text{(رابطه ۶)}$$

که در این رابطه ∑Gni مجموع کل بذرهای جوانه‌زده در طول دوره و dT تعداد کل روزهای اجرای آزمایش هستند.

و در نهایت، ضریب آلومتریک (AL) به‌عنوان شاخصی که نشان‌دهنده نسبت توزیع زیست‌توده بین قسمت‌های مختلف گیاه، مانند ساقه و ریشه، است، از رابطه ۷ محاسبه شد (Hoseini *et al*., 2011).

$$AL = \frac{\text{وزن خشک ریشه‌چه}}{\text{وزن خشک ساقه‌چه}} \quad \text{(رابطه ۷)}$$

جهت تجزیه و تحلیل داده‌ها، ابتدا نرمال بودن توزیع خطاها بررسی شد و پس از آن، تجزیه واریانس داده‌ها با استفاده پکیج agricolae در نرم‌افزار R نسخه ۴.۳.۲ انجام شد. برای تولید آماره‌های توصیفی از نرم‌افزار SPSS نسخه ۲۶ استفاده شد. تجزیه همبستگی، دندروگرام تجزیه خوشه‌ای (هیت مپ) و ترسیم نمودارهای بای‌پلات تجزیه به مولفه‌های اصلی با استفاده از نرم‌افزار R نسخه ۴.۳.۲ به‌ترتیب با استفاده از پکیج‌های corrplot، gplots و factoextra انجام شدند. شاخص MGIDI با استفاده از پکیج تجزیه آزمایش‌های چند محیطی metan (Olivoto & Lu´cio, 2020) در نرم‌افزار R محاسبه شد. هرچه مقدار MGIDI یک ژنوتیپ کمتر باشد، به ژنوتیپ برتر نزدیک‌تر است (Olivoto & Nardino, 2021).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]

همچنین، شدت انتخاب ۱۰٪ (SI) برای انتخاب ژنوتیپ‌ها در نظر گرفته شد.

نتایج و بحث

بر اساس نتایج تجزیه واریانس، تأثیر سطوح مختلف پیری تسریع‌شده بر تمام صفات مورد بررسی در سطح آماری یک درصد معنی‌دار بود. همچنین، تفاوت معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای همه صفات در سطح احتمال یک درصد مشاهده شد که بیانگر وجود تنوع ژنتیکی قابل توجهی در بین ژنوتیپ‌ها است. بنابراین، می‌توان از این تنوع در برنامه‌های گزینش برای بهبود صفات جوانه‌زنی و گیاهچه بهره برد (Kharf-Meskini *et al*., 2023). این فرآیند می‌تواند به تولید نسل‌های جدیدی از گیاهان با ویژگی‌های مطلوب‌تر منجر شود. اثر متقابل پیری × ژنوتیپ نیز باعث ایجاد اختلاف معنی‌داری در تمام صفات مورد مطالعه در سطح معنی‌داری یک درصد شد. معنی‌دار بودن اثر متقابل پیری و ژنوتیپ به این معنا است که تأثیر پیری بر صفات مورد بررسی به‌طور یکنواخت بر روی همه ژنوتیپ‌ها یکسان نیست. به بیان دیگر، برخی ژنوتیپ‌ها ممکن است به شرایط پیری بهتر یا بدتر پاسخ دهند و این تفاوت در پاسخ‌ها از نظر آماری مهم و قابل توجه است (جدول ۱).

نتایج حاصل از محاسبه پارامترهای آمار توصیفی (جدول ۲) نشان دادند که در میان صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه، شاخص حیات (درصد ضریب تنوع: سطح نرمال ۲۴/۲۲، سطح پیری ۴۸ ساعت ۵۲/۲۱، سطح پیری ۷۲ ساعت ۹۷/۷۹، سطح پیری ۹۶ ساعت ۲۴۷/۹۶)، متوسط زمان جوانه‌زنی (ضریب تنوع ۱۹/۶۶ درصد در سطح نرمال تا ۱۰۹/۱۸ درصد در سطح پیری ۹۶ ساعت)، شاخص جوانه‌زنی (ضریب تنوع ۱۹/۷۳ درصد در سطح نرمال تا ۱۹۵/۳۸ درصد در سطح پیری ۹۶ ساعت)، وزن تر ریشه‌چه (ضریب تنوع ۲۵/۴۳ درصد در سطح نرمال تا ۱۳۳/۰۷ درصد در سطح پیری ۹۶ ساعت) و وزن تر ساقه‌چه (ضریب تنوع ۱۹/۶۵ درصد در سطح نرمال تا ۱۳۶/۸ درصد در سطح پیری ۹۶ ساعت) دارای بیشترین ضرایب تنوع در سطوح مختلف پیری تسریع‌شده بودند. بالا بودن ضریب تنوع برای صفات ذکر شده به این معنا است که تغییرات این صفات بین ژنوتیپ‌ها گسترده‌تر است. این اطلاعات می‌تواند برای انتخاب صفات مناسب در برنامه‌های به‌نژادی و گزینش ژنوتیپ‌های برتر مورد استفاده قرار گیرد، چرا که صفاتی با تنوع بالا ممکن است برای بهبود و اصلاح ژنتیکی پتانسیل بیشتری داشته باشند (Hallauer *et al*., 2010). مقایسه مقدار عددی میانگین صفات نشان داد که بالاترین میانگین‌ها مربوط به صفاتی بودند که به‌طور مستقیم با توانایی جوانه‌زنی و رشد گیاهچه‌ها ارتباط دارند، از جمله شاخص حیات ساده‌شده، شاخص حیات، درصد جوانه‌زنی و طول گیاهچه. همچنین، با افزایش سطوح پیری، یک روند کاهشی در میانگین اکثر صفات مشاهده شد. به‌عنوان مثال، درصد جوانه‌زنی از ۹۱/۹۶ درصد در سطح نرمال به ۶۰/۴۴، ۲۹/۷۶ و ۶/۱۱ درصد به ترتیب در سطح پیری ۴۸، ۷۲ و ۹۶ ساعت کاهش یافت، در حالی که متوسط زمان جوانه‌زنی از ۱/۵۹ روز به ۲/۶۲ و ۳/۰۱ روز در سطح پیری ۴۸ و ۷۲ ساعت افزایش یافت. این نتایج با یافته‌های بیلی و همکاران (Bailly *et al*., 2000)، محمدزاده و همکاران (Mohammadzadeh *et al*., 2019) و نهفته استرآباد و همکاران (Nahofte Esterabad *et al*., 2016) که نشان دادند مدت زمان لازم برای تکمیل فرآیند جوانه‌زنی در بذرهای پیر افزایش یافت و منجر به کاهش سرعت جوانه‌زنی شد، کاملاً هم‌خوانی دارند. جالب است که در سطح پیری ۹۶ ساعت، متوسط زمان جوانه‌زنی کاهش یافت و به ۱/۵۲ روز رسید که ممکن است به‌دلیل تغییرات پیچیده در ویژگی‌های بذر یا اثرات فیزیولوژیکی خاص ناشی از پیری طولانی‌مدت باشد. از آنجا که این صفات با توانایی رشد و بقای گیاه در مراحل اولیه مرتبط هستند، انتخاب ژنوتیپ‌هایی که در این آزمون نسبت به بقیه ژنوتیپ‌ها برتر هستند، می‌تواند به بهبود کیفیت بذرها و افزایش تولیدات کشاورزی منجر شود.

تجزیه همبستگی صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه در سطوح مختلف پیری تسریع شده

براساس نتایج تجزیه همبستگی صفات مورد مطالعه در سطح نرمال (صفر ساعت؛ شکل 1A) درصد جوانه‌زنی همبستگی مثبت و بالایی با صفات شاخص جوانه‌زنی (r= ۰/۵۶۱)، شاخص حیات (r= ۰/۵۳۷)، شاخص حیات ساده شده (r= ۰/۶۰۹) و میانگین جوانه‌زنی روزانه (r= ۱) داشت. همچنین، همبستگی شاخص حیات ساده شده با طول گیاهچه (r= ۰/۹۱۷)، طول ساقه‌چه (r= ۰/۶۵۲) و طول ریشه‌چه (r= ۰/۶۸۳) مثبت و بالا بود. طول گیاهچه نیز با طول ساقه‌چه و طول ریشه‌چه همبستگی مثبت و بالایی داشت. در مقابل، متوسط زمان جوانه‌زنی همبستگی منفی و قوی با شاخص جوانه‌زنی (r= −۰/۹۴۵) و شاخص حیات (r= −۰/۸۶) نشان داد. سی و همکاران (Si *et al*., 2022) رابطه میان تنوع ژنتیکی و خصوصیات مرتبط با جوانه‌زنی بذر در پنبه را مورد مطالعه قرار دادند و مشاهده کردند که درصد جوانه‌زنی به‌طور معنی‌داری با شاخص جوانه‌زنی و شاخص حیات همبستگی مثبت داشت. این یافته‌ها می‌توانند در شناسایی ژن‌های پلیوتروپیک مؤثر در فرآیند جوانه‌زنی کمک کننده باشند. همچنین، این شاخص‌ها می‌توانند سطح قدرت بذر را بازتاب دهند، به‌طوری که هرچه انرژی جوانه‌زنی، درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی، شاخص حیات و شاخص حیات ساده‌شده بالاتر باشند، قدرت بذر نیز بیشتر است (Wu *et al*., 2024).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]

جدول ۱- تجزیه واریانس صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه ژنوتیپ‌های مختلف گندم نان تحت تأثیر سطوح مختلف پیری تسریع‌شده (AA)

Table 1. Variance analysis of traits related to germination and seedling growth of different bread wheat genotypes under the influence of different levels of accelerated aging (AA)

میانگین مربعات (MS)														df	S.O.V
AL	RDW	SHDW	RWW	SHWW	RL	SHL	SL	MDG	MGT	SVI	VI	GI	GP	درجه آزادی	منبع تغییرات
0.27**	0.0000131**	0.000012 **	0.014**	0.0019**	40.62**	29.90**	115.51**	1.73**	0.62**	869006.87 **	26103.26**	49.15**	1773.62**	227	Genotype ژنوتیپ
60.64 **	0.00343 **	0.00356 **	3.50**	0.4538 **	13037.82**	11834.09**	49708.30**	928.85**	115.08**	565074528.2**	20486291.53**	35333.57**	951144.74 **	3	Aging پیری
0.190**	0.00000415*	0.0000042*	0.0061 **	0.00059*	10.42**	8.01**	31.81**	0.46**	0.71**	233197.63**	7220.95**	10.10 **	472.290 **	681	Genotype*Aging ژنوتیپ * پیری
0.04	0.00000127	0.00000128	0.0014	0.00015	2.29	1.88	7.17	0.05	0.13	27044.11	790.13	1.16	52.92	1824	Error خطا
26.28	25.37	25.16	22.86	25.26	20.64	19.72	18.75	15.45	27.81	17.25	19.57	15.99	15.45	-	ضریب تغییرات cv

* و ** به‌ترتیب عدم معنی‌داری، معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۵ و معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۱ را نشان می‌دهند.

درصد جوانه‌زنی (GP)، شاخص جوانه‌زنی (GI)، شاخص حیات (VI)، شاخص حیات ساده‌شده (SVI)، متوسط زمان (MGT)، متوسط جوانه‌زنی روزانه (MDG)، طول گیاهچه (SL)، طول ساقه‌چه (SHL)، طول ریشه‌چه (RL)، وزن تر ساقه‌چه (SHWW)، وزن خشک ساقه‌چه (SHDW)، وزن تر ریشه‌چه (RWW)، وزن خشک ریشه‌چه (RDW)، ضریب آلومتریک (AL)

ns, * and ** indicate non-significance and significance at the levels of five percent and one percent, respectively.

Germination percentage (GP), germination index (GI), vitality index (VI), simplified vitality index (SVI), mean germination time (MGT), mean daily germination (MDG), seedling length (SL), shoot length (SHL), root length (RL), shoot wet weight (SHWW), shoot dry weight (SHDW), root wet weight (RWW), root dry weight (RDW), allometric coefficient (AL)

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]

در سطح پیری ۴۸ ساعت نیز درصد جوانه‌زنی و شاخص جوانه‌زنی همبستگی مثبت بسیار قوی (r = ۰/۹۱۱) داشتند که منطقی است زیرا افزایش درصد جوانه‌زنی معمولاً به افزایش شاخص جوانه‌زنی منجر می‌شود. شاخص جوانه‌زنی با شاخص حیات و شاخص حیات ساده‌شده همبستگی مثبت قوی داشت. این نشان می‌دهد که جوانه‌زنی موفق به‌طور مستقیم بر روی کیفیت کلی گیاهچه‌ها تاثیر می‌گذارد. همچنین، همبستگی مثبت بین سه شاخص طول گیاهچه، طول ساقه‌چه و طول ریشه‌چه مشاهده شد. در مقابل، همبستگی منفی قوی بین متوسط زمان جوانه‌زنی با شاخص جوانه‌زنی (r=-۰/۶۸۴)، شاخص حیات (r =-۰/۶۵۵) و طول ساقه‌چه (r =-۰/۵۳۴) مشاهده شد. این نشان می‌دهد که متوسط زمان جوانه‌زنی می‌تواند سطح قدرت بذر را بازتاب دهد، به‌طوری‌که هرچه متوسط زمان جوانه‌زنی بذر کمتر باشد، قدرت بذر بیشتر است و بالعکس. زمانی که بذرها زمان بیشتری برای جوانه‌زنی نیاز دارند، عملکرد در سایر شاخص‌ها مانند درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی، و طول گیاهچه کاهش می‌یابد (Verma *et al*., 2003; Gebeyehu, 2020). همچنین، همبستگی منفی بین ضریب آلومتریک و بسیاری از شاخص‌ها مانند درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی و شاخص حیات ساده شده مشاهده شد (شکل B1).

جدول ۲- آماره‌های توصیفی صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه در سطوح مختلف پیری تسریع شده
Table 2. Descriptive statistics of germination and seedling growth traits under different levels of accelerated aging

CV ضریب تنوع	Variance واریانس	Std. Deviation انحراف معیار	Mean میانگین	Maximum حداکثر	Minimum حداقل	Range دامنه	Level سطح	Trait صفت
5.45	25.17	5.01	91.96	100	74.67	25.33	0 hour نرمال	GP (%)
35.95	472.29	21.73	60.44	97.33	1.33	96	48 hour ۴۸ ساعت	
70.62	441.74	21.07	29.76	81.33	0	81.33	72 hour ۷۲ ساعت	
182.43	124.28	11.14	6.11	60	0	60	96 hour ۹۶ ساعت	
19.73	10.86	3.29	16.69	23.67	8.91	14.76	0 hour نرمال	GI
45.06	10.16	3.18	7.07	14.67	0.08	14.58	48 hour ۴۸ ساعت	
79.33	4.72	2.17	2.73	8.86	0	8.86	72 hour ۷۲ ساعت	
195.38	0.85	0.056	0.43	4.86	0	4.86	96 hour ۹۶ ساعت	
24.22	8886.17	94.26	389.19	630.79	152.07	478.72	0 hour نرمال	VI
52.21	5193.09	72.06	138.00	312.17	0.42	311.75	48 hour ۴۸ ساعت	
97.79	1677.84	40.96	41.88	181.03	0	181.03	72 hour ۷۲ ساعت	
247.96	164.93	12.84	5.17	80.55	0	80.55	96 hour ۹۶ ساعت	
13.03	77305.04	278.03	2132.82	2755.2	1051.9	1703.23	0 hour نرمال	SVI
43.94	263096/00	512.92	1167.23	2163.35	6.67	2156.68	48 hour ۴۸ ساعت	
89.02	155355.9	394.15	442.76	1706.47	0	1706.47	72 hour ۷۲ ساعت	
236.15	27109.63	164.65	69.72	1023.55	0	1023.55	96 hour ۹۶ ساعت	
19.96	0.102	0.319	1.59	2.81	1.03	1.78	0 hour نرمال	MGT (Day)
22.82	0.36	0.59	2.62	5	1.33	3.67	48 hour ۴۸ ساعت	
31.74	0.91	0.95	3.01	5.79	0	5.79	72 hour ۷۲ ساعت	
109.18	2.76	1.66	1.52	5.72	0	5.72	96 hour ۹۶ ساعت	
5.45	0.025	0.15	8.87	3.13	2.33	0.79	0 hour نرمال	MDG (Day)
35.95	0.46	0.67	1.88	3.04	0.04	3	48 hour ۴۸ ساعت	
70.63	0.43	0.65	0.93	2.54	0	2.54	72 hour ۷۲ ساعت	
182.39	0.12	0.34	0.19	1.88	0	1.88	96 hour ۹۶ ساعت	
10.78	6.24	2.49	23.16	28.7	14.14	14.55	0 hour نرمال	SL (cm)
22.16	16.44	4.05	18.29	26.52	1.66	24.87	48 hour ۴۸ ساعت	
40.73	25.03	5.00	12.28	22.91	0	22.91	72 hour ۷۲ ساعت	

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]

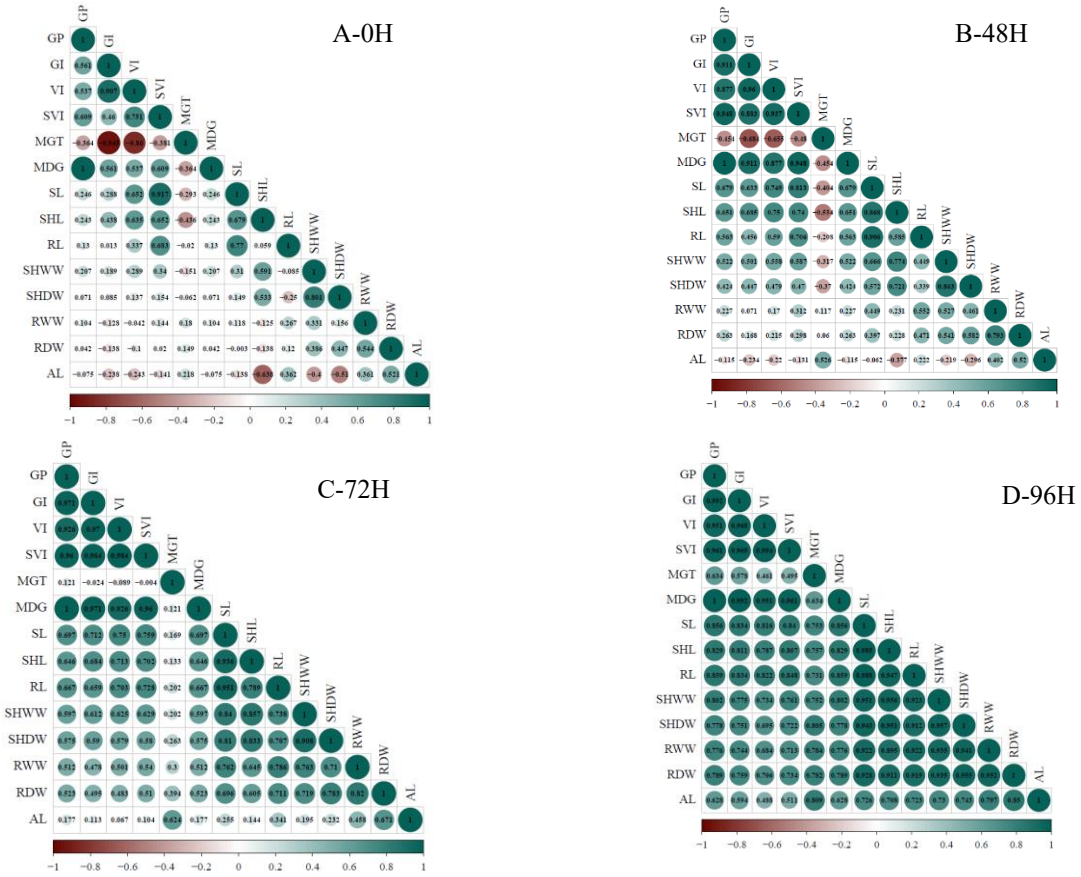
CV ضریب تنوع	Variance واریانس	Std. Deviation انحراف معیار	Mean میانگین	Maximum حداکثر	Minimum حداقل	Range دامنه	Level سطح	Trait صفت
140.99	22.59	4.75	3.37	21.44	0	21.44	96 hour ۹۶ ساعت	
14.10	2.56	1.60	11.35	15.13	7.24	7.89	0 hour نرمال	
23.21	4.18	2.04	8.81	12.99	0.83	12.15	48 hour ۴۸ ساعت	
40.98	6.10	2.47	6.03	11.89	0	11.89	72 hour ۷۲ ساعت	SHL (cm)
137.85	5.12	2.26	1.64	9.02	0	9.02	96 hour ۹۶ ساعت	
15.60	3.40	1.84	11.82	16.42	5.98	10.44	0 hour نرمال	
26.33	6.21	2.49	9.46	15.19	0	15.19	48 hour ۴۸ ساعت	
44.39	7.81	2.79	6.29	12.64	0	12.64	72 hour ۷۲ ساعت	RL (cm)
147.52	6.53	2.55	1.73	12.41	0	12.41	96 hour ۹۶ ساعت	
19.65	0	0.014	0.074	0.117	0.038	0.08	0 hour نرمال	
26.82	0	0.016	0.061	0.098	0.001	0.097	48 hour ۴۸ ساعت	
								SHWW (g)
41.47	0	0.018	0.045	0.088	0	0.088	72 hour ۷۲ ساعت	
136.80	0	0.019	0.014	0.08	0	0.08	96 hour ۹۶ ساعت	
17	0	0.0011	0.0067	0.011	0.004	0.007	0 hour نرمال	
21.50	0	0.0012	0.0056	0.01	0.001	0.009	48 hour ۴۸ ساعت	SHDW (g)
30.35	0	0.0015	0.0042	0.007	0	0.007	72 hour ۷۲ ساعت	
126.57	0	0.0018	0.0014	0.007	0	0.007	96 hour ۹۶ ساعت	
25.43	0	0.012	0.050	0.095	0.0237	0.0713	0 hour نرمال	
31.70	0	0.014	0.044	0.0947	0.0061	0.088	48 hour ۴۸ ساعت	RWW (g)
43.31	0	0.014	0.034	0.07	0	0.07	72 hour ۷۲ ساعت	
133.07	0	0.015	0.011	0.07	0	0.07	96 hour ۹۶ ساعت	
17.40	0	0.0011	0.0064	0.0103	0.0036	0.0067	0 hour نرمال	
23.50	0	0.0012	0.0056	0.0097	0.0009	0.0088	48 hour ۴۸ ساعت	RDW (g)
35.60	0	0.0015	0.0043	0.0076	0	0.0076	72 hour ۷۲ ساعت	
129.70	0	0.0017	0.0013	0.0073	0	0.0073	96 hour ۹۶ ساعت	
18.77	0.034	0.185	0.98	1.61	0.590	1.0229	0 hour نرمال	
24.47	0.061	0.247	1.013	2.25	0.29	1.96	48 hour ۴۸ ساعت	
40.39	0.15	0.39	0.98	2.70	0	2.70	72 hour ۷۲ ساعت	AL
122.04	0.23	0.48	0.39	2.39	0	2.39	96 hour ۹۶ ساعت	

درصد جوانه‌زنی (GP)، شاخص جوانه‌زنی (GI)، شاخص حیات (VI)، شاخص حیات ساده‌شده (SVI)، متوسط زمان (MGT)، متوسط جوانه‌زنی روزانه (MDG)، طول گیاهچه (SL)، طول ساقه‌چه (SHL)، طول ریشه‌چه (RL)، وزن تر ساقه‌چه (SHWW)، وزن خشک ساقه‌چه (SHDW)، وزن تر ریشه‌چه (RWW)، وزن خشک ریشه‌چه (RDW)، ضریب آلومتریک (AL)

Germination percentage (GP), germination index (GI), vitality index (VI), simplified vitality index (SVI), mean germination time (MGT), mean daily germination (MDG), seedling length (SL), shoot length (SHL), root length (RL), shoot wet weight (SHWW), shoot dry weight (SHDW), root wet weight (RWW), root dry weight (RDW), allometric coefficient (AL)

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]



شکل ۱- همبستگی صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه در سطوح مختلف پیری تسریع شده: سطح نرمال (A)، سطح پیری ۴۸ ساعت (B)، سطح پیری۷۲ ساعت (C) و سطح پیری ۹۶ ساعت (D)

Figure 1. Correlations of germination and seedling growth traits under different levels of accelerated aging: normal level (A), 48- hour aging level (B), 72- hour aging level (C), and 96- hour aging level (D)

درصد جوانه‌زنی (GP)، شاخص جوانه‌زنی (GI)، شاخص حیات (VI)، شاخص حیات ساده‌شده (SVI)، متوسط زمان (MGT)، متوسط جوانه‌زنی روزانه (MDG)، طول گیاهچه (SL)، طول ساقه‌چه (SHL)، طول ریشه‌چه (RL)، وزن تر ساقه‌چه (SHWW)، وزن خشک ساقه‌چه (SHDW)، وزن تر ریشه‌چه (RWW)، وزن خشک ریشه‌چه (RDW)، ضریب آلومتریک (AL)

Germination percentage (GP), germination index (GI), vitality index (VI), simplified vitality index (SVI), mean germination time (MGT), mean daily germination (MDG), seedling length (SL), shoot length (SHL), root length (RL), shoot wet weight (SHWW), shoot dry weight (SHDW), root wet weight (RWW), root dry weight (RDW), allometric coefficient (AL)

در سطح پیری ۷۲ ساعت نیز همبستگی مثبت قوی بین دو شاخص درصد جوانه‌زنی و شاخص جوانه‌زنی (r = ۰/۹۷۱) مشاهده شد. همچنین همبستگی مثبت طول گیاهچه با طول ساقه‌چه (r = ۰/۹۳۶) و طول ریشه‌چه (r = ۰/۹۵۱) مشاهده شد که نشانگر ارتباط قوی بین اجزای مختلف رشد گیاهچه بود. نتایج تحقیقات نشان می‌دهند که در غلات، عملکرد رشد گیاهان به طور مثبت با سیستم‌های ریشه‌ای که به‌خوبی توسعه یافته‌اند و همچنین با بنیه اولیه گیاهچه‌ها مرتبط است (Sayed, 2011; Chloupek *et al*., 2010)، که این دو عامل می‌توانند به بهبود تحمل گیاه در برابر تنش‌های محیطی کمک کنند. همبستگی منفی متوسط زمان جوانه‌زنی با شاخص جوانه‌زنی، شاخص حیات و شاخص حیات ساده‌شده نیز در شرایط پیری ۷۲ ساعته مشاهده شد (شکل ۱C).

در سطح پیری ۹۶ ساعت (شکل ۱D)، همبستگی مثبت و قوی بین اکثر صفات مورد مطالعه مشاهده شد. برخلاف شرایط نرمال، پیری ۴۸ و ۷۲ ساعت در سطح پیری ۹۶ ساعت همبستگی منفی بین متوسط زمان جوانه‌زنی و شاخص‌هایی مانند درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی، شاخص حیات و شاخص حیات ساده‌شده مشاهده نشد. این وضعیت ممکن است نشان‌دهنده تاثیرات خاص شرایط پیری یا مقاومت بذرها در این شرایط باشد که باعث شود که بذرها علی‌رغم زمان بیشتر جوانه‌زنی، کیفیت بالاتری داشته باشند. به‌طور کلی، افزایش

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]

همبستگی‌های مثبت و قوی بین شاخص‌ها در شرایط پیری طولانی‌تر (مانند ۹۶ ساعت) نشان‌دهنده این است که بذرها تحت تاثیر پیری شدید به شکل مشابهی واکنش نشان می‌دهند و عملکرد آنها در تمام شاخص‌ها به‌طور یکنواخت کاهش می‌یابد. این پدیده می‌تواند ناشی از کاهش تنوع ژنتیکی، افزایش تأثیرات مشابه فیزیولوژیکی، و افزایش یکنواختی پاسخ بذرها به پیری باشد. شی و همکاران (Shi *et al*., 2020) طی مطالعه‌ای که بر روی جمعیت دابل هاپلوئید گندم در شرایط پیری تسریع‌شده انجام دادند، دریافتند که در سطوح مختلف پیری درصد جوانه‌زنی، انرژی جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی، شاخص حیات و شاخص حیات ساده‌شده بطور معنی‌داری همبستگی مثبت داشتند. همچنین، وزن گیاهچه، طول گیاهچه و طول ریشه‌چه در اکثر شرایط پیری به‌طور معنی‌داری همبستگی داشتند.

به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مختلف گندم نان بر اساس صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه در سطوح مختلف پیری تسریع‌شده از دو روش استفاده شد: الف) تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و ب) تحلیل خوشه‌ای.

الف) تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

در تجزیه به مولفه‌های اصلی مهمترین اطلاعات از میان داده‌ها استخراج و نتایج به‌صورت گرافیکی بیان می‌شوند، به‌گونه‌ای که نخستین مولفه بیشترین مقدار پراکندگی داده‌ها را در کل مجموعه‌ی داده‌ها در نظر می‌گیرد. مولفه‌ی دوم هم بیشترین واریانس مجموعه داده‌ها که توسط مولفه‌ی اول محاسبه نشده است را در بر می‌گیرد (Shaviklo, 2018).

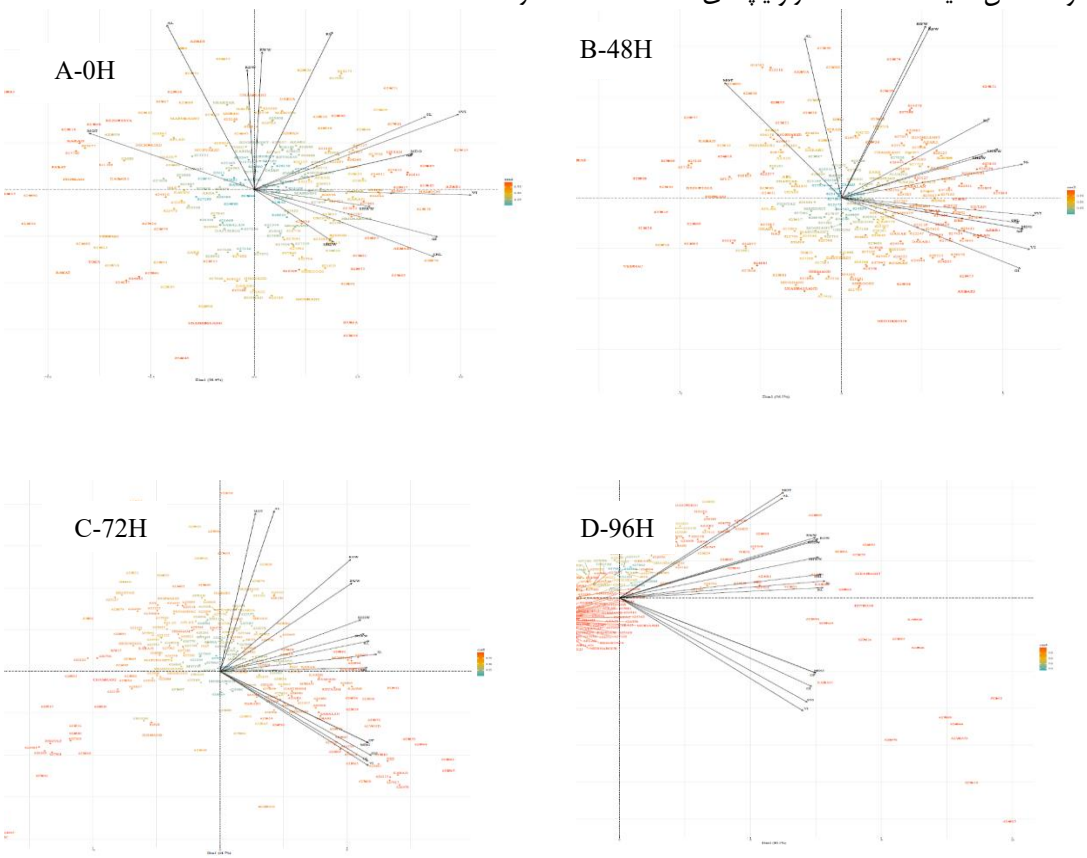
شکل ۲A پراکنش ژنوتیپ‌ها و صفات مورد مطالعه را در سطح نرمال (صفر ساعت پیری) بر اساس بای‌پلات تجزیه به مولفه‌های اصلی نشان می‌دهد. مؤلفه‌های اول و دوم به‌ترتیب ۳۸/۴ و ۱۷/۸ درصد از تغییرات موجود در داده‌ها را توجیه کردند. توجیه درصد پایین تنوع توسط مؤلفه اول ناشی از همبستگی پایین بین صفات مورد مطالعه است. از آنجایی که کوسینوس زاویه بین بردار صفات تقریبی از ضریب همبستگی است، می‌توان نتیجه‌گیری کرد که صفاتی مانند درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی، شاخص حیات، شاخص حیات ساده‌شده و متوسط جوانه‌زنی روزانه با همدیگر همبستگی مثبت بالایی دارند. این نتیجه به دلیل آن است که زاویه بین تمام بردارها کمتر از ۹۰ درجه است. با این حال، چنین همبستگی میان شاخص‌های متوسط زمان جوانه‌زنی و ضریب آلومتریک با سایر شاخص‌ها تقریبا پایین بود، زیرا از زاویه بیشتری برخوردار بودند. بر اساس الگوی پراکنش صفات و ژنوتیپ‌ها، ژنوتیپ‌های ۶۲۲۸۹۴، ۶۲۷۹۰۸، ۶۲۳۹۰۹، ۶۲۴۸۶۴، ۶۲۵۱۲۷، ۶۲۴۸۰۴، ۶۲۷۴۱۴، ۶۲۷۰۶۱ و سیستان در ارتباط با صفات درصد جوانه‌زنی، متوسط جوانه‌زنی روزانه، شاخص حیات ساده‌شده و طول گیاهچه، ژنوتیپ‌های ۶۲۳۹۵۳، ۶۲۷۰۶۱ و دریا در ارتباط با طول ریشه‌چه، ژنوتیپ‌های ۶۲۶۹۷۸ و اکبری با طول ساقه‌چه، ژنوتیپ ۶۲۷۷۸۷ در ارتباط با شاخص جوانه‌زنی، ژنوتیپ‌های ۶۲۷۸۴۹، ۶۲۷۷۸۷، ۶۲۴۹۴۴، ۶۲۷۸۵۳ و ۶۲۶۹۷۸ در ارتباط با وزن تر و خشک ساقه‌چه، برخی از ژنوتیپ‌ها مانند ۶۲۷۹۹۰، ۶۲۳۲۷۴، ۶۲۶۸۵۵، ۶۲۷۸۴۹، آزادی، البرز و ریحانی در ارتباط با وزن تر و خشک ریشه‌چه، ژنوتیپ‌های ۶۲۶۵۶۵، ۶۲۷۰۹۹، ۶۲۷۵۵۱، ۴۸۲۰ و آزادی از لحاظ ضریب آلومتریک و ژنوتیپ‌های ۶۲۷۸۵۶، مغان۳ و هما از لحاظ متوسط زمان جوانه‌زنی (کمترین مقدار این صفت مطلوب است) بیشترین مقادیر را داشتند. در سوی مقابل، ژنوتیپ‌های ۶۲۱۴۲۱ ، ۶۲۶۵۶۵ و پنجامو کمترین مقادیر صفات فوق را داشتند.

در سطح پیری ۴۸ ساعت، مؤلفه‌های اول و دوم به‌ترتیب ۵۶/۵ و ۱۸/۷ درصد از تغییرات موجود در داده‌ها را توجیه نمودند. موقعیت‌های ژنوتیپ‌ها نسبت به بردارهای صفات مختلف در نمودار بای‌پلات نشان دادند که ژنوتیپ‌های ۶۲۴۸۶۴، ۶۲۳۴۲۱، ۶۲۷۴۱۴، ۶۲۷۷۸۷، ۶۲۷۴۱۰، ۶۲۷۸۴۹، ۶۲۶۹۷۸، دز، کرج۱ و آذر۱ همگی در نزدیکی بردارهای صفات درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی، شاخص حیات و شاخص حیات ساده‌شده قرار داشتند و از نظر این صفات دارای عملکرد بهتری بودند. همچنین، ژنوتیپ‌هایی مانند ۶۲۷۷۲۳، ۶۲۶۹۲۳، ۶۲۲۳۱۱، ۶۲۲۸۹۴، ۶۲۷۳۸۵، مغان۱، سیستان، فونگ و البرز در نزدیکی بردارهای صفات طول گیاهچه، طول ساقه‌چه، طول ریشه‌چه، وزن تر و خشک ساقه‌چه، و ژنوتیپ‌های ۶۲۳۲۷۴، ۶۲۴۳۷۸، ۶۲۴۲۵۱، ۶۲۷۰۹۹ و ۶۲۲۸۱۸۹ در نزدیکی صفات وزن تر و خشک ریشه‌چه قرار داشتند که نشان می‌دهد این ژنوتیپ‌ها از نظر این صفات عملکرد بهتری داشتند. در مقابل، ژنوتیپ‌های فلات، تکاب و امید در ارتباط با صفات مورد بررسی مقادیر کمتری داشتند (شکل B ۲).

در سطح پیری ۷۲ ساعت، مؤلفه اول ۶۴/۷ درصد و مؤلفه دوم ۱۶ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه کردند. این نشان می‌دهد که این دو مؤلفه اصلی بخش عمده‌ای از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کنند و برای تحلیل پراکنش ژنوتیپ‌ها و صفات مهم هستند. بردارهای مربوط به صفات درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی، شاخص حیات، شاخص حیات ساده‌شده و میانگین جوانه‌زنی روزانه در این نمودار به هم نزدیک بودند، که نشان‌دهنده همبستگی مثبت بالای این صفات با یکدیگر است. با این وجود، زاویه بیشتری برای شاخص‌های متوسط زمان جوانه‌زنی و ضریب آلومتریک با سایر شاخص‌ها مشاهده شد که نشانگر همبستگی نسبتا پایین آنها بود. بر اساس الگوی پراکنش صفات و ژنوتیپ‌ها، ژنوتیپ‌های ۶۲۳۴۲۱، ۶۲۷۷۸۷، ۶۲۴۷۱۰، ۶۲۴۷۱۷، ۶۲۶۲۱۵، ۶۲۷۴۱۰، ۶۲۶۹۷۸، ۶۲۱۵۶۵، ۶۲۴۸۶۴، ۶۲۷۸۴۹، کرج۱ و دز از لحاظ صفات درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی، متوسط جوانه‌زنی روزانه، شاخص حیات و شاخص حیات ساده‌شده، ژنوتیپ‌های ۶۲۴۸۶۴، ۶۲۴۲۵۱، ۶۲۲۸۹۴، مغان۱، کوهدشت، فونگ، الوند و کاوه از لحاظ طول گیاهچه، طول ساقه‌چه و طول ریشه‌چه، ژنوتیپ‌های۶۲۳۹۰۵، ۶۲۳۴۲۸، ۶۲۵۱۲۷ و آذر۲ از نظر وزن تر و خشک ساقه‌چه، و وزن تر و خشک ریشه‌چه، ژنوتیپ‌های ۶۲۳۵۱۰، ۶۲۴۹۹۰، ۶۲۱۶۵۰ و ۶۲۷۹۹۰ از نظر ضریب آلومتریک و ژنوتیپ‌های ۶۲۷۷۶۰، ۶۲۳۱۶۹، ۶۲۳۹۰۸ و ۶۲۵۶۶۱ از لحاظ متوسط زمان جوانه‌زنی بیشترین مقادیر را داشتند. در مقابل، ژنوتیپ‌های ۶۲۴۳۱۵، ۶۲۴۹۴۷، ۶۲۳۳۳۸، ۶۲۷۲۳۶ امید، تکاب و ویناک در ارتباط با صفات مورد بررسی مقادیر کمتری را نشان دادند (شکل 2C).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]

در سطح پیری ۹۶ ساعت، مؤلفه‌های اول و دوم به‌ترتیب ۸۳/۱ و ۹/۸ درصد از تغییرات موجود در داده‌ها را توجیه نمودند. توجیه درصد بالای تنوع توسط مؤلفه اول ناشی از همبستگی شدید بین صفات است که پیش از این مشاهده شد. با توجه به کوسینوس زاویه بین بردار صفات در سطوح شدید پیری، تمام صفات باهمدیگر همبستگی مثبت بالایی داشتند. شاخص‌های متوسط زمان جوانه‌زنی و ضریب آلومتریک در این نمودار همچنان زاویه بیشتری نسبت به سایر صفات داشتند که نشان‌دهنده همبستگی منفی یا ضعیف این شاخص‌ها با سایر صفات است. بر اساس بای‌پلات پراکنش ژنوتیپ‌ها و صفات، ژنوتیپ‌هایی مانند ۶۲۶۲۱۵، ۶۲۴۹۴۴، ۶۲۴۷۱۰، ۶۲۶۹۷۸، ۶۲۷۸۴۹، الوند، فونگ و کرج ۱ از لحاظ صفات درصد جوانه‌زنی، متوسط جوانه‌زنی روزانه، شاخص جوانه‌زنی، شاخص حیات و شاخص حیات ساده‌شده، ژنوتیپ‌های ۶۲۱۷۸۵، ۶۲۴۸۶۴، کریم، کوهدشت و آذر۱ در ارتباط با صفات طول ساقه‌چه، طول ریشه‌چه و طول گیاهچه، ژنوتیپ‌های ۶۲۶۸۹۵، ۶۲۳۱۳۹، ۶۲۲۸۹۴ و هما در ارتباط با وزن تر و خشک ساقه‌چه و وزن تر و خشک ریشه‌چه، ژنوتیپ‌های ۶۲۲۸۹۴، ۶۲۷۴۱۴ و ۶۲۳۰۹۰ از لحاظ ضریب آلومتریک و ژنوتیپ‌های روشن و مغان ۱ از نظر متوسط زمان جوانه‌زنی بیشترین مقادیر را داشتند (شکل 2D). به طور کلی، در سطح نرمال، همانند سطوح مختلف پیری، ژنوتیپ‌هایی که در نزدیکی بردارهای مربوط به صفات کلیدی جوانه‌زنی و رشد گیاهچه قرار داشتند، به عنوان ژنوتیپ‌های برتر شناسایی شدند. تفاوت اصلی در میزان واریانس توضیح داده‌شده توسط مؤلفه‌ها است که در سطح نرمال کمتر از سطوح پیری است. این موضوع نشان می‌دهد که در سطح نرمال، تنوع بیشتری در بین ژنوتیپ‌ها و صفات وجود دارد.



شکل ۲- نمودار بای‌پلات صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه و ژنوتیپ‌های مختلف گندم نان در سطوح مختلف پیری تسریع‌شده: سطح نرمال (A) ، سطح پیری ۴۸ ساعت (B)، سطح پیری۷۲ ساعت (C) و سطح پیری ۹۶ ساعت (D) .

Figure 2. The biplot diagram of traits related to germination and seedling growth and different genotypes of bread wheat under different levels of accelerated aging: normal level (A), 48-hour aging level (B), 72-hour aging level (C), and 96- hour aging level (D)

درصد جوانه‌زنی (GP)، شاخص جوانه‌زنی (GI)، شاخص حیات (VI)، شاخص حیات ساده‌شده (SVI)، متوسط زمان (MGT)، متوسط جوانه‌زنی روزانه (MDG)، طول گیاهچه (SL)، طول ساقه‌چه (SHL)، طول ریشه‌چه (RL)، وزن تر ساقه‌چه (SHWW)، وزن خشک ساقه‌چه (SHDW)، وزن تر ریشه‌چه (RWW)، وزن خشک ریشه‌چه (RDW)، ضریب آلومتریک (AL)

Germination percentage (GP), germination index (GI), vitality index (VI), simplified vitality index (SVI), mean germination time (MGT), mean daily germination (MDG), seedling length (SL), shoot length (SHL), root length (RL), shoot wet weight (SHWW), shoot dry weight (SHDW), root wet weight (RWW), root dry weight (RDW), allometric coefficient (AL)

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]

ب) تحلیل خوشه‌ای

برای تعیین تنوع بین ژنوتیپ‌های مختلف و تعیین نزدیکی یا قرابت ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی آنها برمبنای صفات مورد بررسی، تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش Ward انجام شد. این روش به دلیل کاهش واریانس درون‌گروهی در هر مرحله از خوشه‌بندی، یکی از روش‌های مؤثر برای تجزیه خوشه‌ای به‌شمار می‌رود و به‌خوبی می‌تواند گروه‌های مشابه را شناسایی و دسته‌بندی کند. با توجه به دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای در سطح نرمال (شکل 3A، جدول تکمیلی۳)، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس شباهت‌ها و تفاوت‌هایشان در صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه به سه گروه اصلی طبقه‌بندی شدند. در گروه اول ژنوتیپ‌هایی قرار گرفتند که برای تمامی صفاتی که بیشتر بودن آنها مطلوب است، مانند درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی، شاخص حیات، شاخص حیات ساده، متوسط جوانه‌زنی روزانه، طول گیاهچه، طول ساقه‌چه و ریشه‌چه، وزن‌تر و خشک ساقه‌چه و ریشه‌چه، ضریب آلومتریک و از طرفی برای صفاتی که کمتر بودن آنها مطلوب است، مانند متوسط زمان جوانه‌زنی، به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند. به ویژه، ژنوتیپ‌های ۶۲۴۸۶۴، ۶۲۷۳۸۵، ۶۲۷۴۱۴، ۶۲۴۸۴۹، ۶۲۲۳۱۱، ۶۲۳۴۱۷ آذر۱، سیستانی و کرج۱ در ارتباط با صفات مرتبط با جوانه‌زنی، ژنوتیپ‌های ۶۲۷۲۹۹، ۶۲۶۹۷۸ و آکوا از لحاظ وزن تر و خشک ساقه‌چه، ژنوتیپ‌های ۶۲۷۹۹۰، ۶۲۶۸۵۵، ۶۲۴۸۴۶، ۶۲۷۴۱۴ و البرز از لحاظ وزن تر و خشک ریشه‌چه و ژنوتیپ‌های ۶۲۴۸۴۶، ۶۲۷۴۱۴، ۶۲۴۲۵۱، مغان۳، هامون و آذر۱ در ارتباط با متوسط زمان جوانه‌زنی بهترین عملکرد را داشتند. بعد از گروه اول، گروه دوم شامل ژنوتیپ‌هایی بودند که برای برخی صفات برتری داشتند اما در سایر صفات دارای عملکرد متوسطی بودند. در نهایت، ژنوتیپ‌های گروه سوم شامل ۶۲۶۸۹۵، مرودشت، ۶۲۳۴۲۸، بزوستایا، افلاک، MV17، شهریار، ۶۲۷۵۵۱، ۴۸۲۰، آزادی، ۶۲۷۰۹۹، داراب۲، نیک‌نژاد، ۶۲۱۷۰۶، پیشگام، ۶۲۱۴۹۲، شاهی، ۶۲۳۱۲۳، ۶۲۷۳۹۹ کرج۳، ۶۲۳۳۱۸، ۶۲۶۵۶۵، پنجامو، ۶۲۷۷۶۰، فلات، ۶۲۴۳۱۵، ۶۲۴۹۹۰، ۶۲۳۳۷۷، ۶۲۱۶۵۰ تکاب، ۶۲۱۷۱۶، ۶۲۷۴۲۳ ویناک، ۶۲۳۳۳۸، ۶۲۳۹۰۸، ۶۲۴۸۳۷، ۶۲۴۹۸۵، ۶۲۴۹۴۱، ۶۲۵۶۶۱، ۶۲۴۲۴۰، شاهپسند، ۶۲۱۶۶۸، بیات، توس، ۶۲۲۰۸۴ و ۶۲۱۴۲۱ بودند که دارای عملکرد ضعیفی برای اکثر صفات جوانه‌زنی بودند. با این حال، برای صفاتی مانند وزن تر و خشک ریشه‌چه، طول ریشه‌چه و ضریب آلومتریک عملکرد متوسطی داشتند.

در سطح پیری ۴۸ ساعت نیز ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در سه گروه اصلی جای گرفتند. گروه اول شامل ژنوتیپ‌هایی بودند که عملکرد بالایی برای صفات کلیدی جوانه‌زنی و رشد گیاهچه که بیشتر بودن آنها مطلوب است داشتند. اما برای صفاتی مانند متوسط زمان جوانه‌زنی که کمتر بودن آنها مطلوب است، عملکرد متوسطی داشتند. ژنوتیپ‌های گروه دوم ژنوتیپ‌هایی بودند که ضعیف‌ترین عملکرد را برای اکثر صفات جوانه‌زنی و رشد گیاهچه داشتند. با این حال، برخی ژنوتیپ‌ها مانند ۶۲۴۳۱۵، ۶۲۵۶۶۱ و ۶۲۱۷۱۶ که برای صفت متوسط زمان جوانه‌زنی که کمترین مقدار آن مد نظر است، عملکرد خوبی داشتند. در نهایت، در گروه سوم ژنوتیپ‌هایی جای گرفتند که عملکرد متوسط رو به ضعیف برای اکثر صفات داشتند. با این حال، ژنوتیپ‌هایی مانند ۶۲۷۹۹۰ مشاهده شدند که برای برخی صفات مانند وزن تر و خشک ریشه‌چه عملکرد خوبی داشتند (شکل 3B، جدول تکمیلی۳).

در سطح پیری ۷۲ ساعت، همچنان ژنوتیپ‌ها در ارتباط با صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه در سه گروه تقسیم‌بندی شدند. گروه اول شامل ژنوتیپ‌هایی مانند ۶۲۳۴۷۵، ۶۲۴۸۰۵، ۶۲۵۰۴۷، ۶۲۷۱۰۳، ۶۲۳۱۳۹ اکبری، ۶۲۱۷۳۵، ۶۲۶۲۳۴، ۶۲۷۰۷۲، ۶۲۷۸۴۹، ۶۲۷۸۵۳، ۶۲۴۲۵۱ کوهدشت، ۶۲۴۸۴۶ کریم، هامون، ریحانی، ۶۲۲۸۹۴، کاوه، مغان، ۶۲۷۴۱۰، ۶۲۷۴۱۴، ۶۲۱۵۶۵، ۶۲۳۴۲۱ دز، کرج۱، ۶۲۷۴۱۷، ۶۲۶۲۱۵، ۶۲۳۰۹۰ فونگ، ۶۲۶۸۹۵ الوند، ۶۲۴۸۶۴، ۶۲۷۷۸۷، ۶۲۴۹۴۴ و ۶۲۶۹۷۸ بودند که در ارتباط با اکثر صفات جوانه‌زنی و رشدگیاهچه که مقادیر بیشتر آنها مطلوب است عملکرد بالا و برای صفت متوسط زمان جوانه‌زنی که مقدار پایین آن مطلوب است عملکرد قابل قبولی داشتند. در گروه دوم ژنوتیپ‌هایی جای گرفتند که برای تمام صفات مورد مطالعه عملکرد بسیار ضعیفی داشتند، اما برای صفت متوسط زمان جوانه‌زنی که مقدار پایین آن مطلوب است، ژنوتیپ‌هایی مانند ۶۲۳۱۶۹، ۶۲۷۷۶۰، ۶۲۱۷۱۶، ۶۲۵۶۶۱ و ۶۲۶۷۴۷ عملکرد مطلوبی نشان دادند. در نهایت، در گروه سوم ژنوتیپ‌هایی با عملکرد متوسط جای گرفتند (شکل 3C، جدول تکمیلی ۳).

در سطح پیری ۹۶ ساعت نیز ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس شباهت‌ها و تفاوت‌هایشان در صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه به سه گروه اصلی طبقه‌بندی شدند. ژنوتیپ‌های گروه اول شامل ۶۲۴۸۶۴ کریم، سیستان، ۶۲۷۴۱۴ ریحانی، ۶۲۳۰۹۰، ۶۲۷۸۵۳، ۶۲۳۱۳۹ کوهدشت، هما، ۶۲۱۷۳۵، ۶۲۲۸۹۴، ۶۲۶۸۹۵ کاوه، ۶۲۷۷۸۷، ۶۲۶۹۷۸ کرج۱، ۶۲۷۴۱۰ الوند، ۶۲۶۲۱۵ فونگ، ۶۲۴۹۴۴ و ۶۲۷۸۴۹ بودند که از نظر تمامی صفات مهم مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه عملکرد بسیار مطلوبی داشتند. در گروه دو ژنوتیپ‌هایی جای گرفتند که عملکرد متوسط رو به پایین و در گروه سوم ژنوتیپ‌هایی با عملکرد نسبتاً ضعیف در ارتباط با صفات یادشده قرار گرفتند (شکل 3D، جدول تکمیلی۳). این نمودار به وضوح نشان می‌دهد که برخی ژنوتیپ‌ها در شرایط پیری تسریع شده شدید (۹۶ ساعت) توانستند در اکثر صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه عملکرد بسیار مطلوبی داشته باشند و برخی دیگر در این صفات عملکرد ضعیف‌تری نشان دادند. این گروه‌بندی می‌تواند برای انتخاب ژنوتیپ‌های مناسب در برنامه‌های اصلاح نژاد و بهبود بذرها مورد استفاده قرار گیرد. در مطالعه‌ای که توسط پوستینی (Poustini, 2002) با هدف بررسی واکنش ژنوتیپ‌های مختلف گندم به شرایط تحت تنش انجام شد، ژنوتیپ‌های مختلف گندم مورد بررسی قرار گرفتند تا تحمل آنها به عوامل استرس‌زا مانند شوری ارزیابی شود. نتایج نشان دادند که برخی از ارقام گندم، از جمله الوند، در گروه ژنوتیپ‌های

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]

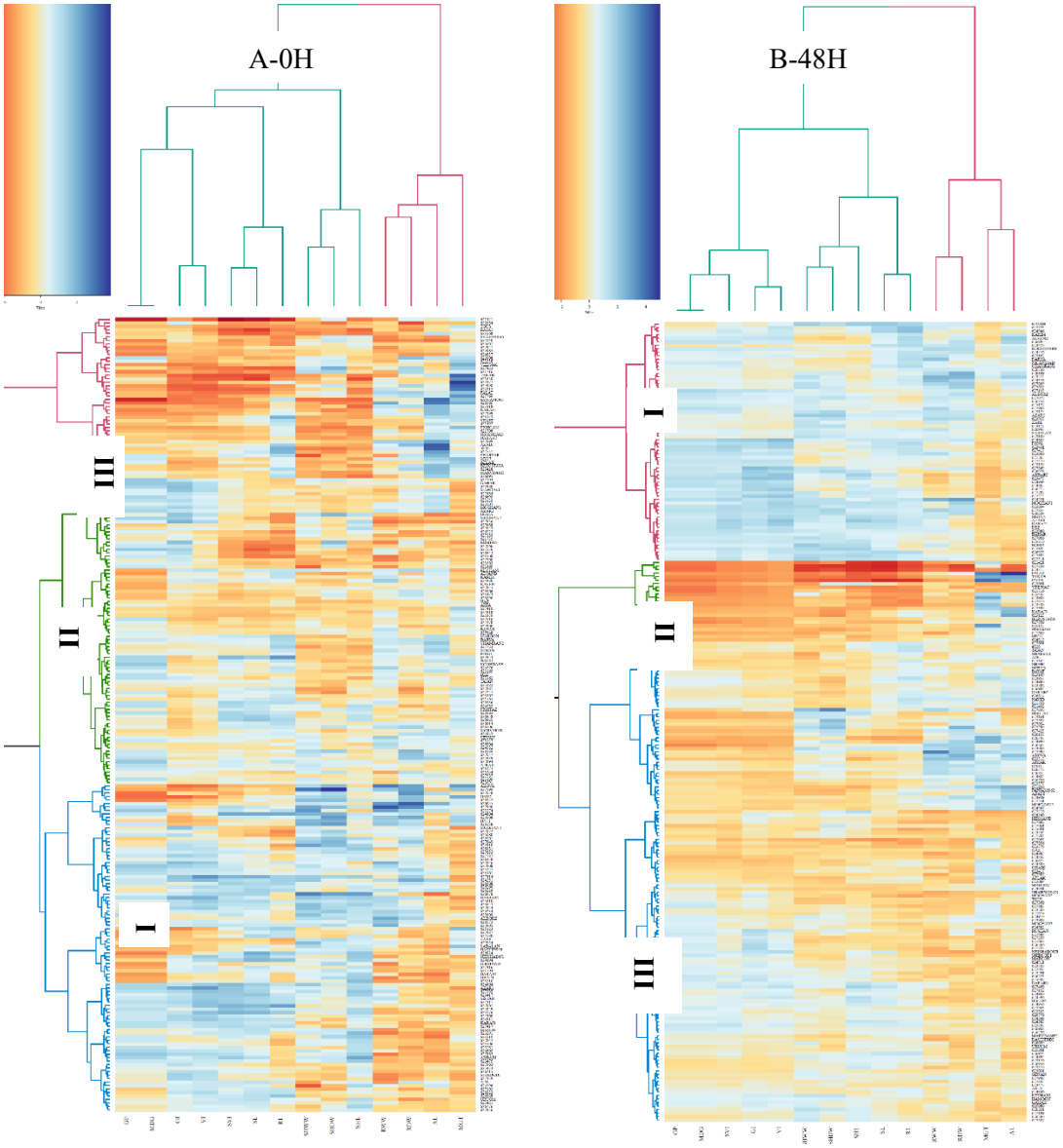
مقاوم طبقه‌بندی شدند. در پژوهش حاضر نیز رقم الوند به عنوان رقم متحمل به پیری بذر شناسایی شد.

انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با شاخص MGIDI

به‌منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بر اساس تمامی صفات مورد مطالعه از شاخص MGIDI استفاده شد. شکل ۴ رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس این شاخص را نشان می‌دهد. در این روش، ژنوتیپ‌هایی با کمترین مقدار MGIDI، در حقیقت فاصله کمتری تا ایدئوتیپ یا ژنوتیپ هدف دارند و بنابراین برترترین ژنوتیپ‌ها از لحاظ صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه هستند. ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده با دایره‌های قرمز رنگ نشان داده شده‌اند. خط دایره‌ای قرمزرنگ در مرکز نمودار، نقطه برش را با توجه به‌شدت انتخاب ۱۰ درصد نشان می‌دهد (Nardino and Olivoto, 2021.) در سطح نرمال (صفر ساعت پیری) با شدت انتخاب ۱۰ درصد، ژنوتیپ‌های ۱۰۶، ۲۴۳، ۲۶۳، ۲۶۲، ۲۵۷، ۱۰۱، ۱۲۱، ۱۳۲، ۱۱۳، ۹۶، ۲۵۱، ۱۶۱، ۱۸۲، ۱۷۴، ۱۰۰، ۲۶۸، ۷۹، ۱۱۴، ۱۶۷، ۸۱، ۲۵۰، ۱۱۵، ۸۹، ۲۵۴، ۲۳۶، ۲۰۰، ۱۶۰، ۱۰۴، ۱۵۶، ۲۴۴، ۱۰۸، ۱۵۳، ۱۳۲ و ۲۸۳ انتخاب شدند که به‌ترتیب کمترین مقادیر MGIDI را به‌خود اختصاص دادند و به‌عنوان بهترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند. به‌طور کلی، هر چه ژنوتیپ‌ها به سمت داخلی و مرکز دایره نزدیک می‌شوند، با داشتن مقادیر بالاتر MGIDI ژنوتیپ‌های ضعیف‌تر هستند. بر این اساس، ژنوتیپ‌های ۲۲، ۱۱۰، ۱۹۳، ۲۳ و ۱۴جزء ضعیف‌ترین‌ها بودند (شکل 4A). در سطح پیری ۴۸ ساعت، ژنوتیپ‌های ۲۵۱، ۲۴۳، ۱۶۱، ۲۴۰، ۲۱۶، ۲۴۶، ۸۹، ۲۱۴، ۱۰۶، ۱۱۸، ۱۵۴، ۲۴۷، ۲۰۰، ۲۶۸، ۱۱۶، ۲۴۴، ۱۵۱، ۱۷۳، ۱۱۵، ۲۲۱، ۱۶۹، ۱۹۸، ۲۵۴، ۱۴۳، ۱۱۳، ۲۶۳، ۲۰۱، ۲۳۲، ۹۵، ۷۹، ۲۷۸، ۹۷و ۱۰۴به عنوان برترین ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های ۳۱، ۲۸ و ۲۲ با داشتن مقادیر بالای MGIDI به‌عنوان ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند (شکل 4B). در سطح پیری ۷۲ ساعت، ژنوتیپ‌های ۱۱۶، ۵۹، ۵۳، ۹۷، ۱۵۹، ۱۴۵، ۱۱۱، ۱۱۸، ۹۸، ۱۰۰، ۱۱۳، ۱۶۷، ۱۷۴، ۲۴۶، ۱۱۴، ۲۱۴، ۹۶، ۱۱۵، ۵۶، ۱۶۳، ۸۹، ۲۵۴، ۲۵۱، ۴۳، ۹۵، ۹۰، ۱۵۳، ۱۶۶، ۱۰۵، ۸۰، ۱۶۰، ۵۴ و ۱۴۲ به‌عنوان بهترین ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های ۱۲، ۱۲۴، ۱۲۷ و ۲۸ ضعیف‌ترین بودند (شکل 4C). در سطح پیری ۹۶ ساعت، ژنوتیپ‌های ۱۴۵، ۱۵۸، ۸۷، ۱۵۹، ۸۰، ۸۸، ۱۵۶، ۱۴۶، ۱۸۰، ۱۶۵، ۲۱۹، ۱۶۷، ۲۳۹، ۱۶۳، ۹۷، ۲۵۰ و ۲۴۶ به‌عنوان مطلوب‌ترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند، در حالی که ژنوتیپ‌های ۷۹، ۵۲، ۲۳۲ و ۷۸ با داشتن مقادیر بالاتر MGIDI ژنوتیپ‌های ضعیف‌تر بودند. نتایج این روش کاملا با نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای مطابقت داشتند، با این تفاوت که روش MGIDI شناسایی ژنوتیپ‌های برتر را بسیار تسهیل می‌کند (شکل 4D) (شماره و نام ژنوتیپ در جدول تکمیلی۴). این روش در پژوهش‌های زیادی مورد استفاده قرار گرفته است. به‌عنوان مثال، صابر و همکاران (Saber *et al*., 2022) ژنوتیپ‌های مختلف گندم دوروم را از نظر تحمل به شوری در مراحل جوانه‌زنی و رشد گیاهچه با استفاده از شاخص‌های چندصفتی بررسی کردند. نتایج نشان دادند که تنوع ژنتیکی زیادی بین ژنوتیپ‌های گندم از نظر تحمل به شوری در مرحله جوانه‌زنی وجود داشت. بر اساس شاخص MGIDI و با شدت انتخاب ۳۰ درصد، ژنوتیپ‌های ۶، ۲۳، ۵، ۳۰، ۳۴، ۲۹، ۳۱، ۲، ۱۰، ۳۹، ۱۳، ۹، ۴۷، ۱۲، ۵۲ و ۱ با داشتن مقادیر کم این شاخص به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر از نظر تحمل به شوری شناسایی شدند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]



شکل ۳- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای (هیت‌مپ) ژنوتیپ‌های مختلف گندم نان در سطوح مختلف پیری تسریع‌شده: سطح نرمال (A) ، سطح پیری ۴۸ ساعت (B)، سطح پیری۷۲ ساعت (C) و سطح پیری ۹۶ ساعت (D).

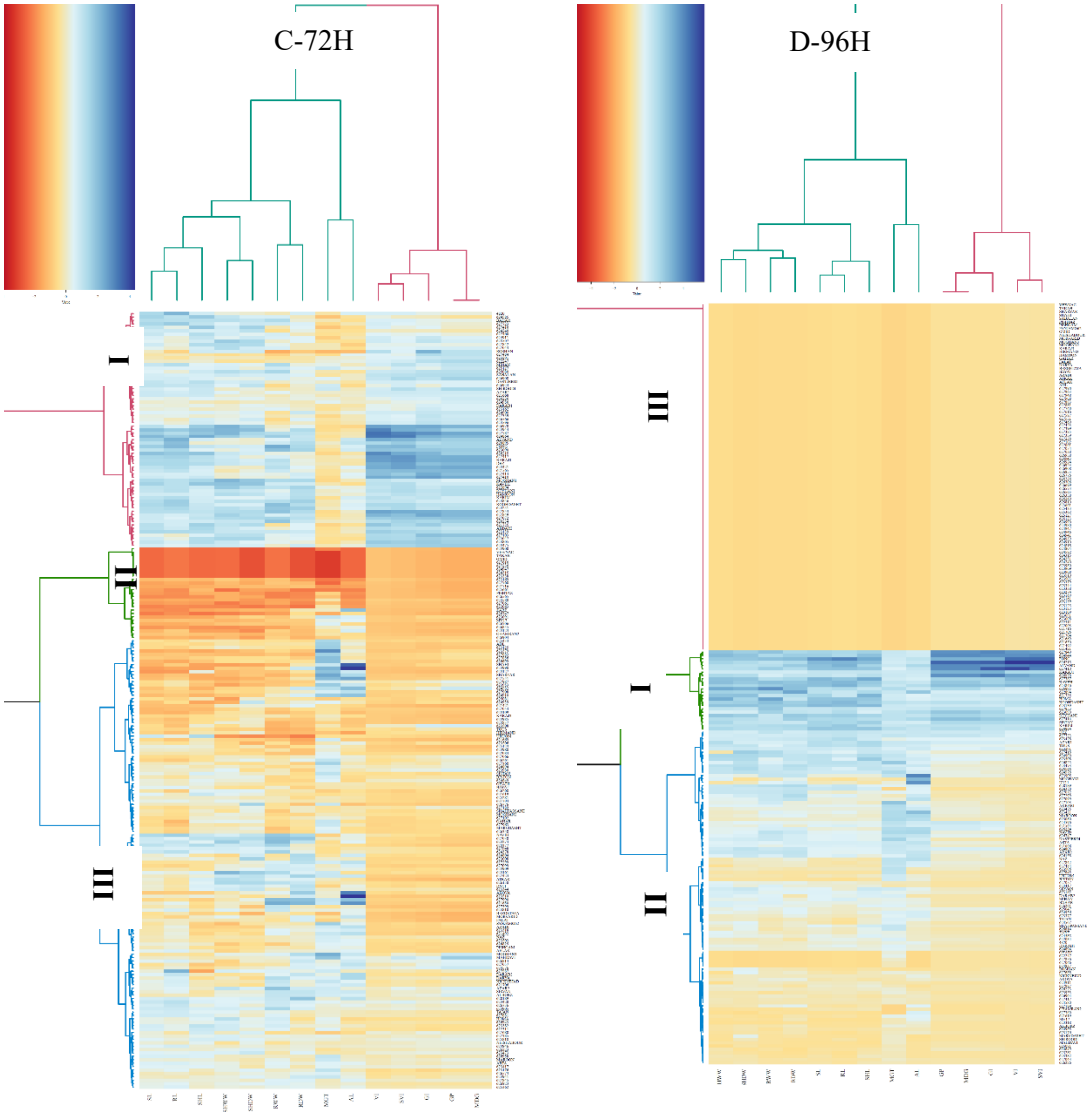
Figure 3. Cluster analysis dendrogram (heat map) of different bread wheat genotypes at different accelerated aging levels: normal level (A), 48-hour aging level (B), 72-hour aging level (C), and 96-hour aging level (D).

درصد جوانه‌زنی (GP)، شاخص جوانه‌زنی (GI)، شاخص حیات (VI)، شاخص حیات ساده‌شده (SVI)، متوسط زمان (MGT)، متوسط جوانه‌زنی روزانه (MDG)، طول گیاهچه (SL)، طول ساقه‌چه (SHL)، طول ریشه‌چه (RL)، وزن تر ساقه‌چه (SHWW)، وزن خشک ساقه‌چه (SHDW)، وزن تر ریشه‌چه (RWW)، وزن خشک ریشه‌چه (RDW)، ضریب آلومتریک (AL)

Germination percentage (GP), germination index (GI), vitality index (VI), simplified vitality index (SVI), mean germination time (MGT), mean daily germination (MDG), seedling length (SL), shoot length (SHL), root length (RL), shoot wet weight (SHWW), shoot dry weight (SHDW), root wet weight (RWW), root dry weight (RDW), allometric coefficient (AL)

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]



ادامه شکل ۳- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای (هیت‌مپ) ژنوتیپ‌های مختلف گندم نان در سطوح مختلف پیری تسریع‌شده: سطح نرمال (A) ، سطح پیری ۴۸ ساعت (B)، سطح پیری۷۲ ساعت (C) و سطح پیری ۹۶ ساعت (D)

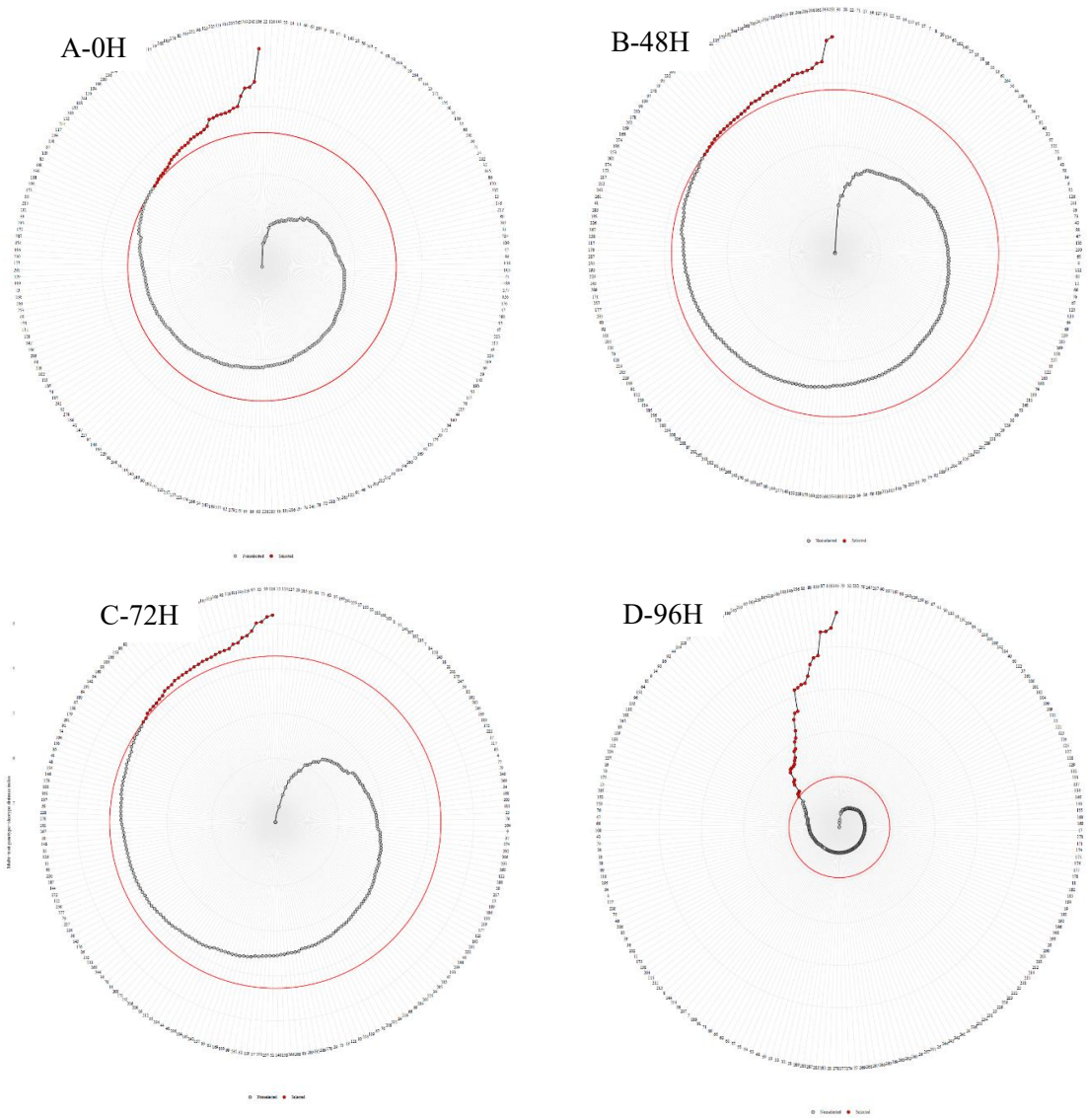
Continued Figure 3. Cluster analysis dendrogram (heat map) of different bread wheat genotypes at different accelerated aging levels: normal level (A), 48-hour aging level (B), 72-hour aging level (C), and 96-hour aging level (D).

درصد جوانه‌زنی (GP)، شاخص جوانه‌زنی (GI)، شاخص حیات (VI)، شاخص حیات ساده‌شده (SVI)، متوسط زمان (MGT)، متوسط جوانه‌زنی روزانه (MDG)، طول گیاهچه (SL)، طول ساقه‌چه (SHL)، طول ریشه‌چه (RL)، وزن تر ساقه‌چه (SHWW)، وزن خشک ساقه‌چه (SHDW)، وزن تر ریشه‌چه (RWW)، وزن خشک ریشه‌چه (RDW)، ضریب آلومتریک (AL)

Germination percentage (GP), germination index (GI), vitality index (VI), simplified vitality index (SVI), mean germination time (MGT), mean daily germination (MDG), seedling length (SL), shoot length (SHL), root length (RL), shoot wet weight (SHWW), shoot dry weight (SHDW), root wet weight (RWW), root dry weight (RDW), allometric coefficient (AL)

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]



شکل ۴- الگوی رتبه‌بندی ژنوتیپ‌های گندم نان بر اساس شاخص فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI) در سطوح مختلف پیری تسریع شده: سطح نرمال (A) ، سطح پیری ۴۸ ساعت (B)، سطح پیری۷۲ ساعت (C) و سطح پیری ۹۶ ساعت (D). ژنوتیپ‌های انتخاب شده با کمترین MGIDI با رنگ قرمز نشان داده شده‌اند. هر چه ژنوتیپ‌ها به مرکز دایره نزدیک‌تر باشند، از لحاظ مطلوبیت صفات مورد بررسی در سطح پایین‌تری قرار دارند.

Figure 4. The ranking pattern of bread wheat genotypes based on the multi-trait genotype-ideotype distance index (MGIDI) at different accelerated aging levels: normal level (A), 48-hour aging level (B), 72-hour aging level (C), and 96-hour aging level (D). Selected genotypes with the lowest MGIDI values are shown in red. The closer the genotypes are to the center of the circle, the lower their desirability in terms of the investigated traits.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]

نتیجه‌گیری کلی

نتایج پژوهش حاضر نشان دادند که تنوع ژنتیکی قابل‌توجهی بین ژنوتیپ‌های گندم نان از نظر صفات مرتبط با جوانه‌زنی و رشد گیاهچه در سطوح مختلف پیری تسریع‌شده وجود داشت. این تنوع می‌تواند به‌طور مؤثری در برنامه‌های اصلاح نژاد و تولید بذرهایی با قابلیت ذخیره‌سازی طولانی‌مدت و کیفیت بالا مورد استفاده قرار گیرد. با افزایش سطوح پیری، بیشتر شاخص‌های جوانه‌زنی و رشد گیاهچه کاهش یافتند، اما متوسط زمان جوانه‌زنی (MGT) روند افزایشی نشان داد که این رفتار در سطح ۹۶ ساعت به دلیل تخریب بیش‌ازحد بذرها کاهش یافت.

تحلیل همبستگی نشان داد که صفاتی نظیر درصد جوانه‌زنی، شاخص جوانه‌زنی، و شاخص حیات ساده‌شده، همبستگی مثبت و قوی با یکدیگر و با رشد گیاهچه داشتند. برای تحلیل دقیق‌تر روابط بین صفات و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر، از شاخص MGIDI استفاده شد که بر اساس آن، ژنوتیپ‌های ۶۲۴۸۴۶، ۶۲۷۸۵۳، ۶۲۳۰۹۰، ۶۲۷۴۱۴، ۶۲۴۸۶۴، فونگ، الوند، و کوهدشت به‌عنوان متحمل‌ترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند، در حالی که ژنوتیپ‌های ۶۲۱۴۲۱، ۶۲۷۲۳۶، ۶۲۴۳۱۵، امید، تکاب و ویناک حساس‌ترین ژنوتیپ‌ها بودند.

ژنوتیپ‌های متحمل شناسایی‌شده در این پژوهش می‌توانند به‌عنوان منابع ژنتیکی ارزشمند در برنامه‌های اصلاح نژاد، به‌ویژه برای تولید بذرهایی با قابلیت استقرار موفق در شرایط تنش‌های محیطی و انبارداری طولانی‌مدت، مورد استفاده قرار گیرند. همچنین، این ژنوتیپ‌ها نقش مهمی را در مدیریت ذخایر بذر و بهبود بهره‌وری کشاورزی ایفا می‌کنند. برای تکمیل نتایج این پژوهش، پیشنهاد می‌شود که ژنوتیپ‌های شناسایی‌شده در آزمایش‌های مزرعه‌ای تحت شرایط تنش‌های مختلف محیطی بررسی شوند و عملکرد نهایی آن‌ها ارزیابی شود. این بررسی می‌تواند ارتباط بین صفات اولیه آزمایشگاهی و عملکرد محصول در شرایط واقعی را تأیید کند.

References

Agrawal, R. (2003). Seed Technology. Pub. Co. PVT. LTD. New Delhi. India.

Basra, S. M. A., Ahmad, N., Khan, M. M., Iqbal, N., & Cheema, M. A. (2003). Assessment of cottonseed deterioration during accelerated ageing. *Seed Science and Technology,* 31(3), 531-540.

Bailly, C., Benamar, A., Corbineau, F., & Côme, D. (2000). Antioxidant systems in sunflower (Helianthus annuus L.) seeds as affected by priming. *Seed Science Research,* 10(1), 35-42.

Chauhan, D. S., & Deswal, D. P. (2019). effect of accelerated ageing variables on various seeds quality parameter in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Journal of Plant Development Sciences*, 11(9), 511-517.

Chloupek, O., Dostál, V., Středa, T., Psota, V., & Dvořáčková, O. (2010). Drought tolerance of barley varieties in relation to their root system size. *Plant Breeding,* 129(6), 630-636.

Figueiredo e Albuquerque, M. D., & Carvalho, N. D. (2003). Effect of the type of environmental stress on the emergence of sunflower (*Helianthus annus* L.), soybean (*Glycine max* L.) Merril) and maize (Zea mays L.) seeds with different levels of vigor. *Seed Science and Technology*, 31(2), 465-479.

Bailly, C., Benamar, A., Corbineau, F., & Côme, D. (2000). Antioxidant systems in sunflower (Helianthus annuus L.) seeds as affected by priming. *Seed Science Research,* 10(1), 35-42.

Delouche, J. C., & Baskin, C. C. (1973). Accelerated aging techniques for predicting the relative storability of seed lots. *Seed Science and Technology,* 1, 427–452.

Ellis, R. H., & Roberts, E. H. (1981). The quantification of ageing and survival in orthodox seeds. *Seed Science and Technology (Netherlands)*, 9(2), 373–409.

Food and Agriculture Organization of the United Nations (2021). World Food Situation. Available online at: http://www.fao.org/worldfoodsituation/csdb/en/(accessed August 11, 2021).

Forcella, F., Arnold, R. L. B., Sanchez, R., & Ghersa, C. M. (2000). Modeling seedling emergence. *Field Crops Research,* 67(2), 123-139.

Gebeyehu, B. (2020). Review on: Effect of seed storage period and storage environment on seed quality. *International Journal of Applied Agricultural Sciences,* 6(6), 185-190.

Hallauer, A. R., Carena, M. J., & Miranda Filho, J. D. (2010). Quantitative genetics in maize breeding (Vol. 6). Springer Science & Business Media.

Hampton, J. G., & TeKrony, D. M. (1995). Handbook of vigour test methods, (International Seed Testing Association: Zürich, Switzerland).

Hoseini, F., Siadat, S. A., Bakhshandeh, A. M., & Chab, A. N. (2011). Evaluate the effect of oxygen tension on germination and seedling growth of five components of wheat. *Iranian Journal of Field Crops Research,* 9(4), 631-638. [In Persian]

ISTA. (2008). International rules for seed testing. International Seed Testing Association, Bassersdorf.

ISTA. (2009). International Rules for Seed Testing. Bassersdorf, Switzerland. International Seed Testing Association.

Kharf-Meskini, M., Sabouri, A., Olivoto, T., & Fallahi, H. A. (2023). Evaluation of wheat recombinant inbred lines compared to control cultivars in terms of different germination components based on multi-trait indices. *Iranian Journal of Seed Sciences and Research,* 10(4), 1-17. [In Persian]

Macdonald, C. M., Floyd, C. D., & Waniska, R. D. (2004). effect of accelerated aging on azie, sorghum and sorghum. *Journal of Cereal Science*, 39(3), 351-361

McDonald, M. B. (1999). Seed deterioration: physiology, repair and assessment.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]

Modarresi, R., Rucker, M., & Tekrony, D. M. (2002). Accelerating ageing test for comparing wheat seed vigour. *Seed Science and Technology,* 30(3), 683-687.
Mohammadi, R., & Abdulahi, A. (2017). Evaluation of durum wheat genotypes based on drought tolerance indices under different levels of drought stress. *Journal of Agricultural Sciences, Belgrade,* 62(1), 1-14.
Mohammadzadeh, A., Majnon Hoseini, N., Asadi, S., Moghadam, H., & Jamali, M. (2019). Effects of artificial seed ageing on germination indices, seedling establishment and yield of two red kidney bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivars. *Iranian Journal of Seed Science and Technology,* 7(2), 75-94.
Mondal, S., & Bose, B. (2018). Accelerated Aging Affects the Germination Physiology of Wheat Seeds. *International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology,* 11(1), 209-216.
Nahofte Esterabad, A., Rahemi Karizaki, A., & Nakhzari Moghadam, A. (2016). Effect of seed deterioration on germination parameters and growth seedling of two maize varieties. *Iranian Journal of Seed Sciences and Research,* 3(2), 1-11. [In Persian]
Nejatnejad, H., Hamidi, A., Rahimi, M. M., Hosseinifarahi, M., & Kelidari, A. (2024). Comparison of seed cotton yield and fiber quality of Iranian and introduced medium warp cotton (*Gossypium hirustum* L.) cultivars. *Iranian Journal of Crop Sciences,* 26(1), 1-18. [In Persian]
Nourinejad, H., Alami Saeid, K., & Sadat, S. (2024). A Study on Genetic Diversity, Heritability, Genetic Advance, and Factor Analysis of Trait Yields and Yield Components in Promising Maize Lines. *Journal of Crop Breeding,* 16(2), 104-117. [In Persian]
Olivoto, T., & Lúcio, A. D. C. (2020). metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution,* 11(6), 783-789.
Olivoto, T., & Nardino, M. (2021). MGIDI: Toward an effective multivariate selection in biological experiments. *Bioinformatics,* 37(10), 1383-1389.
Oskouei, B., & Sheidaei, S. (2017). Seed Deterioration. *Iranian Journal of Seed Sciences and Research,* 4(3), 125-143. [In Persian]
Pour-Aboughadareh, A., Sanjani, S., Nikkhah-Chamanabad, H., Mehrvar, M. R., Asadi, A., & Amini, A. (2021). Identification of salt-tolerant barley genotypes using multiple-traits index and yield performance at the early growth and maturity stages. *Bulletin of the National Research Centre,* 45(1), 117.
Pour-Aboughadareh, A., & Poczai, P. (2021). Dataset on the use of MGIDI index in screening drought-tolerant wild wheat accessions at the early growth stage. *Data in Brief,* 36, 107096.
Poustini, K. (2002). An evaluation of 30 wheat cultivars regarding the response to salinity stress.
Ranal, M. A., & Santana, D. G. D. (2006). How and why to measure the germination process? *Brazilian Journal of Botany,* 29, 1-11.
Ray, D. K., Mueller, N. D., West, P. C., & Foley, J. A. (2013). Yield trends are insufficient to double global crop production by 2050. *PloS One,* 8(6), e66428.
Saber, F., Asghari Zakaria, R., Zare, N., & Farzaneh, S. (2022). Selection of salinity-tolerant durum wheat genotypes at germination stage using MGIDI and IGSI multi-trait selection indices. *Cereal Research,* 12(3), 263-279. [In Persian]
Sayed, M. A. E. A. A. (2011). QTL analysis for drought tolerance related to root and shoot traits in barley (*Hordeum vulgare* L.) (Doctoral dissertation, Universitäts-und Landesbibliothek Bonn).
Shaviklo, A. (2018). Analyses of sensory evaluation data using Principal Component Analysis (PCA). *Food Science and Technology,* 15(80), 361-377. [In Persian]
Shi, H., Guan, W., Shi, Y., Wang, S., Fan, H., Yang, J., ... & Jing, R. (2020). QTL mapping and candidate gene analysis of seed vigor-related traits during artificial aging in wheat (*Triticum aestivum* L.). Scientific Reports, 10(1), 22060.
Shirzad, A., Asghari, A., Zali, H., Sofalian, O., & Chamanabad, H. M. (2022). Application of the multi-trait genotype-ideotype distance index in the selection of top barley genotypes in the warm and dry region of Darab. *Journal of Crop Breeding,* 14(44), 65-76. [In Persian]
Si, A., Sun, Z., Li, Z., Chen, B., Gu, Q., Zhang, Y., ... & Ma, Z. (2022). A genome wide association study revealed key single nucleotide polymorphisms/genes associated with seed germination in *Gossypium hirsutum* L. *Frontiers in Plant Science,* 13, 844946.
TeKrony, D. M. (1995). Accelerated ageing. International Seed Testing Association: Vigour Test Committee: Seed Vigour Testing Seminar, Copenhagen, Denmark. *In International Seed Testing Association,* 53-72.
TeKrony, D. M., & Egli, D. B. (1991). Relationship of seed vigor to crop yield: a review. *Crop Science,* 31(3), 816-822.
Valipour, N., & Alipour, H. (2023). Evaluation of genetic diversity and zinc deficiency stress tolerance in spring wheat cultivars. *Journal of Crop Breeding*, 15(48), 1-13. [In Persian]
Verma, S. S., Verma, U., & Tomer, R. P. S. (2003). Studies on seed quality parameters in deteriorating seeds in Brassica (*Brassica campestris*). *Seed Science and Technology,* 31(2), 389-396.
Wu, Q., Shi, B., Lai, Y., Zhang, Y., Wu, Y., Li, Z., ... & Liu, Z. (2024). Genome-wide association analysis of seed vigor-related traits in wheat. *Agronomy,* 14(3), 410.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1576]