Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 17, Issue 2, 2025 p: 43-55

OPEN ACCESS

Research Paper

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

Hassan Zali[1], Alireza Pour-Aboughadareh[2] and Mitra Vanda[3]

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

Received: 5 October, 2024 Revised: 12 November, 2024 Accepted: 2 February, 2025

Extended Abstract

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

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

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

Copyright ©2025 Zali 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.2024.1577]

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

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

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

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

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1577]

مقاله پژوهشی

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

حسن زالی[۱]، علیرضا پورابوقداره[۲] و میترا وندا[۳]

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

۲- استادیار پژوهشی، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

۳- استادیار پژوهشی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۷/۱۴ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۳/۰۸/۲۲ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۱/۱۴

صفحه: ۴۳ تا ۵۵

چکیده مبسوط

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

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

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

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

واژه‌های کلیدی: بای‌پلات، تجزیه به مولفه‌های اصلی، تجزیه REML، شاخص SIIG، وراثت‌پذیری

مقدمه

جو (*Hordeum vulgare* L.) پس از گندم، برنج و ذرت یکی از مهم‌ترین گیاهان خانواده غلات است و از نظر اهمیت اقتصادی در مقام چهارم جهان قرار گرفته است (Pour-Aboughadareh *et al.*, 2023). جو با توجه به ساختار سنبله به دو گروه دوردیفه و شش ردیفه تقسیم می‌شود. جوهای دوردیفه و شش ردیفه دو گروه متمایز و مشخص ژنتیکی و مورفولوژیکی در درون گونه *H. vulgare* هستند. در جو شش ردیفه، هر سه سنبلچه در گره محور سنبله بارور می‌شوند، اما در جو دوردیفه، فقط سنبلچه وسطی بارور می‌شود (Martin *et al.*, 1991). لی گویس (Le Gouis, 1992) بیان کرد که انعطاف‌پذیری اجزای عملکرد در واکنش به تغییرات محیطی در جوهای دوردیفه بیشتر از جوهای شش ردیفه بود.

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

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1577]

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

هدادو و همکاران (Hadado *et al.,* 2009) طی تحقیقی هشت صفت مورفولوژیک سنبله را در ۱۳۰ جمعیت محلی بررسی کردند. نتایج آنها نشان دادند که تنوع در جو دیم رابطه‌ای پیچیده با گستردگی در محیط اکوسیستم زراعی داشت. در این تحقیق، جوهای با تعداد ردیف نامنظم و

فنولوژیک و اگرونومیک این دو گونه جو زراعی شد که قابلیت سازگاری آن‌ها را در شرایط مختلف محیطی تحت تأثیر قرار می‌دهد.

در سال‌های اخیر، شاخص‌های انتخاب جدیدی معرفی شده‌اند که بر پایه انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عملکرد و صفات مختلف به‌طور هم‌زمان هستند. از آن جمله می‌توان به شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)[1] (Zali *et al.,* 2015)، شاخص پایداری چند صفتی (MTSI)[2] (Olivoto *et al.,* 2019)، شاخص فاصله ژنوتیپ ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI)[3] (Olivoto and Nardino, 2020) و شاخص تحلیل عاملی و طراحی ایدئوتیپ از طریق پیش‌بینی نااریب بهترین خط (FAI-BLUP)[4] (Rocha *et al.,* 2018) اشاره کرد.

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

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

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

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

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

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

روش حداکثر درست‌نمایی محدودشده (REML)[5] یکی از روش‌های مهم برای تجزیه داده‌ها است. در این روش، محدودیت تجزیه واریانس به روش کمترین مربعات برای داده‌های نامتعادل و همچنین نامتجانس برطرف می‌شود (Holland, 2006). مدل‌های مخلوط مانند REML روش‌هایی مناسب برای محاسبه اجزای واریانس و بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP)[6] هستند که برای پیش‌بینی مقادیر ژنتیکی و اجزای واریانس استفاده می‌شوند (Resende, 2016). یکی از مزایای BLUP، تخمین میانگین‌ها با دقت بالا در مدل‌های مخلوط است و زمانی که اثر مخلوط خطی وجود داشته باشد این روش پیش‌بینی دقیق‌تری از اثرات تصادفی را فراهم می‌کند (Smith *et al.,* 2015).

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

مواد و روش‌ها

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

[1]- Selection index of ideal genotype
[2]- Multi-trait stability index
[3]- The multi-trait genotype-ideotype distance index
[4]- Factor analysis and ideotype design via best linear unbiased prediction
[5]- Restricted maximum likelihood
[6]- Best linear unbiased prediction

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1577]

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

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

محاسبه شاخص SIIG

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

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

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

در این ماتریس، xij مقدار ژنوتیپ iام ($i = 1, 2, \dots n$) در رابطه با صفت (شاخص) jام ($j = 1, 2, \dots m$) است. به‌عبارت دیگر، ردیف‌ها را ژنوتیپ‌ها و ستون‌ها را صفات/شاخص‌ها تشکیل می‌دهند.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

به‌منظور محاسبه مدل‌های خطی و اجزای واریانس از مدل‌های زیراستفاده شد:

$$Y_{ij} = \mu + Block_i + Entry_j + \varepsilon_{ij} \quad \text{رابطه (۷)}$$

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

در این روابط، μ میانگین صفت مربوطه، Blocki اثر بلوک iام، و Entryj اثر اینتری jام هستند (رابطه ۷). در رابطه ۸، تفاوت در اثر اینتری jام است که به IDCheck، Gen، و Check که به‌ترتیب مربوط به اثر شناسه شاهدها، ژنوتیپ‌های بدون تکرار و شاهدهایی که در هر بلوک تکرار می‌شوند تقسیم می‌شود. اثر بلوک به‌عنوان اثر ثابت فرض شده است. هنگام محاسبه BLUEها[7]، اثرات Entry، IDCheck، Gen و Check به‌عنوان اثرات ثابت در نظر گرفته می‌شوند و هنگام محاسبه

[7]- Best linear unbiased estimation

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1577]

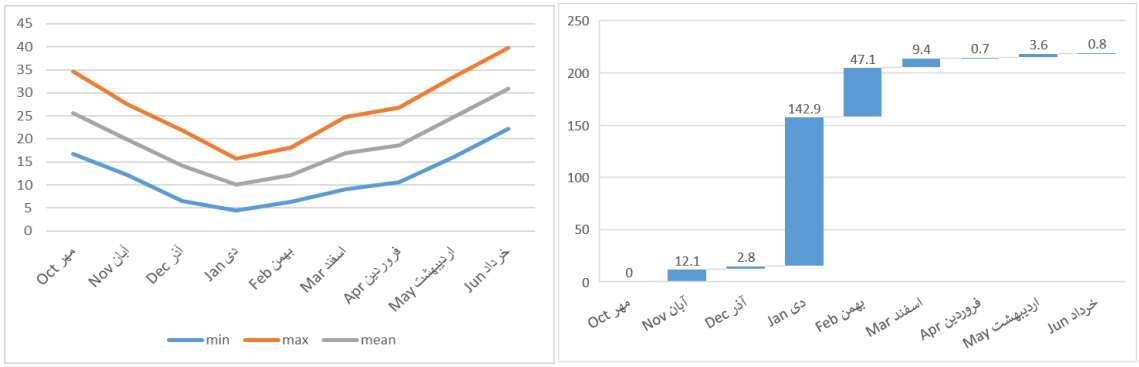
Blupها و وراثت‌پذیری عمومی، این اثرات تصادفی در نظر گرفته می‌شوند (Rodríguez *et al.*, 2017).

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

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

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

به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر جو از شاخص SIIG (Zali *et al.*, 2015) و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی استفاده شد. به‌منظور برآورد اجزای واریانس و مقایسه میانگین صفات از نرم‌افزار ACBD استفاده شد (Rodríguez *et al.*, 2017). برای محاسبه شاخص SIIG از برنامه تهیه شده در محیط برنامه‌نویسی R (Zali *et al.*, 2023) و برای رسم نمودار شاخص SIIG نیز از برنامه تهیه شده در محیط برنامه‌نویسی R استفاده شد. برای انجام تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و ترسیم بای‌پلات از بسته factoextra در محیط برنامه‌نویسی R استفاده شد (Kassambara & Mundt, 2020).



دما (درجه سانتی‌گراد) Temperature (°C°)

میزان بارندگی (میلی‌متر) Precipitation (mm)

شکل ۱- داده‌های هواشناسی ماهیانه در سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۱ در داراب

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

جدول ۱- شجره‌های ژنوتیپ‌های مورد بررسی دوردیفه و شش ردیفه جو در فصل زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۱

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

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

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1577]

شماره ژنوتیپ‌ها Genotypes no.	کد ژنوتیپ‌ها Genotypes code	شجره Pedigree	تعداد ردیف Row type
49	L55	WI2291/Nawair-1	2
50	L56	22IBYT7 / UC 1047 // UC 1108	6
51	L57	22IBYT7 // UC 1116 / UC 1047	6
52	L58	22IBYT7 // UC 1116 / YUMA	6
53	L59	22IBYT7 // UC 1134 / UC 1047	6
54	L61	LEGACY/3/PETUNIA1/CHEVRON-BAR//TOCTE/4/PENCO/CHEVRON-BAR/5/STANDER-BAR//CALI92/ROBUST/6/JACARANDA// ENCINO/TOCTE	6
55	L62	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA 1/6/BRS180/7/CIRU/BLLU	6
56	L63	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA 1/6/BRS180/7/MSEL//LIMON/BICHY2000	6
57	L64	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA1/6/BRS180/7/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA1/6/ CIRU	6
58	L65	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA1/6/CIRU/7/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA1/6/ IBTA80/8/CABUYA	6
59	L66	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA 1/6/LEGACY/7/DOÑA JOSEFA	6
60	L67	P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA 1/6/LEGACY/7/MADRE SELVA	6
61	L68	SLLO/ROBUST//QUINA/3/CALI92/4/LEGACY/5/MSEL//LIMON/BICHY2000	6
62	L69	UC 1116 / UC 1047	6
63	L71	UC 1116 / UC 1047	6
64	L72	UC 1134 / UC 1047	6
65	L73	UC1118 // UC1116 / YUMA	6
66	L74	UC1134/UC1231	6
67	L75	UC933 / BELLA UNION	6
68	L76	X // INDIAN BBARLEY/3*NK 1272	6
69	L77	ZACATECAS 4 (LEGACY/CHAMICO)/5/EXCEL-BAR/4/GLORIA-BAR/COME//LIGNEE640/3/S.P-B	6
70	L78	ZARZA//ATAH92/GOB/7/GLORIA-BAR/COPAL/6/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA 1	6
71	L79	ZARZA//ATAH92/GOB/7/GLORIA-BAR/COPAL/6/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA 1	6
72	L81	ZARZA//ATAH92/GOB/7/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA 1/6/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA 1	6
73	L82	Alanda//Lignee527/Arar/6/Multan/M23/4/HopRo/3/Md/AT//CM/5/24569/7/U.Sask.1766/Api//Cel/3/Weeah/4/Arar/5/Aths	6
74	L83	Arig8/Imperial//M7/3/Rt013/4/Alanda-01/5/Lignee527/NK1272//JLB70-063/3/IPA99	6
75	L84	Aths/Lignee686/4/Avt/Attiki//Aths/3/Giza121/Pue/6/Lignee527/Chn-01//Alanda/5/Arizona5908/Aths//Avt/Attiki/3/S.T.Barley/4/Aths/Lignee686	6
76	L85	Avt/Attiki//M-Att-73-337-1/3/Aths/Lignee686/4/Kabaa/5/Alanda-01/3/Alanda//Lignee527/Arar	6
77	L86	AwBlack/Aths//Arar/3/9Cr279-07/Roho/6/Alanda-01/5/CI01021/4/CM67/U.Sask.1800//Pro/CM67/3/DL70/7/ArabiAbiad/Arar//H.spont.41-5/ Tadmor/3/Sara	6
78	L87	Bda/4/SICB-105935/3/Hma-02//11012-2/CM67/5/Lignee527/NK1272/4/Avt/Attiki//Aths/3/Giza121/Pue	6
79	L88	H.spont.41-3/SLB34-40/7/Lignee527//Bahtim/DL71/3/Api/CM67//Mzq/5/Alanda-01/4/WI2291/3/Api/CM67//L2966-69/6/Lignee527/Chn-01// Arar/Rhn-03	6
80	L89	Hma-02//11012-2/CM67/3/Alanda/5/Rhn-03//Lignee527/NK1272/4/Lignee527/Chn-01/3/Alanda/6/Rhn-03/Eldorado/5/Rhn-03//Lignee527/ NK1272/4/Lignee527/Chn-01/3/Alanda	6
81	L91	Lignee527//Bahtim/DL71/3/Api/CM67//Mzq/5/Alanda-01/4/WI2291/3/Api/CM67//L2966-69/6/Lignee527/Chn-01//Arar/Rhn-03/7/Rum/4/Rhn-03/3/Mr25-84/Att//Mari/Aths*3-02	6
82	L92	Lignee527/Chn-01//Alanda/3/As57/Kc/6/Lignee527/Chn-01//Alanda/5/Arizona5908/Aths//Avt/Attiki/3/S.T.Barley/4/Aths/Lignee686	6
83	L93	Lignee527/NK1272//JLB70-063/3/IPA99/5/Arig8/Imperial//M7/3/Rt013/4/Alanda-01	6
84	L94	Lignee527/NK1272//JLB70-063/3/Rhn-03/6/Rhn-03/Eldorado/5/Rhn-03//Lignee527/NK1272/4/Lignee527/Chn-01/3/Alanda	6
85	L95	QB813-2/5/Aths/Lignee686/4/Rhn-03/3/Bc/Rhn//Ky63-1294/7/Rhn-03/3/Mr25-84/Att//Mari/Aths*3-02/6/Lignee527//Bahtim/DL71/3/Api/CM67//Mzq/5/Alanda-01/4/WI2291/3/Api/CM67//L2966-69	6
86	L96	Rhn-03/Eldorado/5/Rhn-03//Lignee527/NK1272/4/Lignee527/Chn-01/3/Alanda/6/Rhn-03/Eldorado/5/Rhn-03//Lignee527/NK1272/4/ Lignee527/Chn-01/3/Alanda	6
87	L97	Rihane-03/3/As46/Aths*2//Aths/Lignee686/6/Rhn-03/Eldorado/5/Rhn-03//Lignee527/NK1272/4/Lignee527/Chn-01/3/Alanda	6
88	L98	Rum/4/Rhn-03/3/Mr25-84/Att//Mari/Aths*3-02/6/Arig8/Imperial//M7/3/Rt013/5/Aths/Lignee686/3/DeirAlla106//Sv.Asa/Attiki/4/Cen/Bglo'S'	6
89	L99	SLB21-81/SLB22-74//Soffet no.9	6
90	L101	Tadmor//Roho/Mazurka/3/Tadmor/5/Arig8/Imperial//M7/3/Rt013/4/Martin	6
91	L102	Zanbaka/H.spont.41-2/4/Arar/H.spont.19-15//Hml/3/H.spont.41-1/Tadmor/5/Zanbakian/7/Lignee527//Bahtim/DL71/3/Api/CM67//Mzq/5/ Alanda-01/4/WI2291/3/Api/CM67//L2966-69/6/Lignee527/Chn-01//Arar/Rhn-03	6
92	L103	10HBSN26 // MADERA / UC937	6
93	L104	11HB13 // UC 1134/ UC 1047	6
94	L105	11HB13//UC1134/1047	6
95	L106	Atahualpa/ICNB93-369	6
96	L107	BF891M-617//Aths/Lignee 686/4/Ssn/Badia//Arar/3/Gloria'S'/Copal'S'	6
97	L108	Giza130/4/Alanda-01//Gerbel/Harma/3/Gloria'S'/Celo'S'//Teran78	6
98	L109	ISHI / 11HBSN44	6
99	L111	NB1054/Aleli//Gairdnaer/3/DD-21/WI3257	6
100	L112	TAMALPAIS / 11HBSN44	6
101	L113	UC 1047 / 11HB44	6
102	L114	UC 1134 / UC 1047	6
103	L115	UC1115 / 11HBSN44	6
104	L116	UC1134/11HB44	6
105	L117	WI3167/4/ALISO/CI3909-2//HB602/3/MOLA/SHYRI//ARUPO*2/JET/5/NB1054/Aleli//Gairdnaer	6
106	L118	WI3167/6/ANCA/2469//TOJI/3/SHYRI/4/ATACO/5/ALELI/7/BKFMaguelone1604/3/Apro//Sv.02109/Mari/4/Giza119/5/Shyri	6
107	L119	WI3167/6/ANCA/2469//TOJI/3/SHYRI/4/ATACO/5/ALELI/7/Hml/Tadmor	6
108	L120	WI3167/6/ANCA/2469//TOJI/3/SHYRI/4/ATACO/5/ALELI/7/Hml/Tadmor	6
109	Armaghan	Check شاهد	6
110	Rihan 03	Check شاهد	6
111	Furat 03	Check شاهد	2
112	V Morales	Check شاهد	6

نتایج و بحث

از روش حداکثر درستنمایی محدودشده (REML) برای برآورد اجزای واریانس صفات مورد بررسی استفاده شد. از مزایای روش REML بازدهی بالا برای طرح‌های بدون تکرار آگمنت و همچنین کاهش تعداد برآوردهای منفی پارامترهای ژنتیکی، که به‌دلیل مشکلاتی مانند مناسب نبودن طرح آزمایشی که در روش‌های کلاسیک ایجاد می‌شود، اشاره نمود (Holland, 2006). نتایج تجزیه REML نشان دادند که کمترین میزان وراثت‌پذیری صفات به‌ترتیب مربوط به وزن هزار دانه (۰/۶۰ درصد) و تعداد روز تا رسیدگی (۶۶ درصد) و بیشترین مقدار وراثت‌پذیری به‌ترتیب مربوط به ارتفاع بوته (۹۶ درصد) و سرعت پرشدن دانه (۹۱ درصد) بودند. در مجموع، مقدار وراثت‌پذیری همه صفات مورد بررسی بالا بود (جدول ۱). براتی و همکاران (Barati *et al.,* 2021) با تجزیه REML نشان دادند که میزان وراثت‌پذیری عملکرد دانه، وزن هزار دانه، ارتفاع بوته، تعداد روز تا گل‌دهی و تعداد روز تا رسیدگی در ژنوتیپ‌های جو در چهار منطقه اهواز، داراب، زابل و گنبد به‌ترتیب ۴۴، ۷۱، ۶۳، ۶۵ و ۵۴ درصد بودند. جالاتا و همکاران (Jalata *et al.,* 2011) میزان وراثت‌پذیری را برای وزن هزار دانه در ژنوتیپ‌های جو ۸۵/۶ درصد گزارش نمودند.

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1577]

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

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

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

نتایج مقایسه میانگین صفات مختلف ژنوتیپ‌های مورد بررسی با استفاده از روش LSD در سطح احتمال ۰/۰۵ در جدول ۲ ارائه شده‌اند. نتایج نشان دادند که دامنه عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها بین ۱۶۰۰ تا ۷۸۳۳ کیلوگرم در هکتار بود که بیانگر تفاوت چشمگیر میان ژنوتیپ‌ها به‌واسطه تنوع ژنتیکی بین آن‌ها است. بیشترین عملکرد دانه به‌ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های شماره ۹۳، ۶۴، ۳۱، ۵۴، ۲، ۴، ۳۸، ۷۱، ۲۶، ۷۶ و ۶۷ با مقادیر ۷۸۳۳، ۷۳۰۰، ۷۱۰۰، ۶۸۰۰، ۶۶۰۰، ۶۵۳۳، ۶۴۰۰، ۶۴۰۰، ۶۱۰، ۶۰۶۷ و ۶۰۳۳ کیلوگرم در هکتار بود. در این میان، اختلاف میانگین ژنوتیپ‌های شماره ۹۳، ۶۴، ۳۱، ۵۴ و ۲ نسبت به همه ژنوتیپ‌های شاهد معنی‌دار بود. همچنین، ژنوتیپ‌های شماره ۹۳، ۶۴، ۷۱، ۷۶ و ۶۷ شش‌ردیفه و ژنوتیپ‌های شماره ۳۱، ۵۴، ۲، ۴، ۳۸ و ۲۶ دوردیفه بودند. در مجموع، میانگین عملکرد دانه جوهای دوردیفه ۴۶۹۳ کیلوگرم در هکتار و میانگین عملکرد جوهای شش‌ردیفه ۴۴۲۴ بود. همچنین، ژنوتیپ‌های مورد بررسی شامل ۵۰ ژنوتیپ دوردیفه و ۶۲ ژنوتیپ شش‌ردیفه بودند که در این میان، نیمی از ژنوتیپ‌های دوردیفه (۲۵ ژنوتیپ) دارای عملکرد دانه بالاتر از متوسط کل (یعنی ۴۶۱۰ کیلوگرم در هکتار) و تنها ۲۲ ژنوتیپ شش‌ردیفه دارای عملکرد دانه بالاتر از متوسط کل بودند (جدول ۲). در مجموع، این اختلاف میانگین، پتانسیل بالای جوهای دوردیفه را در تولید ژنوتیپ‌های پرمحصول نشان می‌دهد.

بیشترین و کمترین وزن هزار دانه به‌ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های شماره ۵۶ (۶۷/۱ گرم) و ۱۷ (۳۶/۲ گرم) بودند. بیشترین وزن هزار دانه در ژنوتیپ‌های دوردیفه مشاهده شد. در این میان، تعداد کمی از ژنوتیپ‌های شش‌ردیفه (مانند ژنوتیپ‌های شماره ۸۲ و ۷۴) دارای وزن هزار دانه بیشتر از ژنوتیپ‌های دوردیفه بودند. در مجموع، نتایج نشان دادند که میانگین وزن هزار دانه در ژنوتیپ‌های دوردیفه ۵۲/۶ گرم و در ژنوتیپ‌های شش‌ردیفه ۴۵/۸ گرم بود (جدول ۲). جو دوردیفه معمولاً با قابلیت پنجه‌زنی بیشتر و وزن هزار دانه بالاتر، تعداد دانه در سنبله کمتر را تعدیل می‌کند (Le Gouie *et al.,* 1999). از طرفی، وزن دانه در جو شش‌ردیفه، یکنواختی کمتری دارد، چرا که گلچه‌های جانبی در سنبلچه‌ها، دانه کوچکتری نسبت به گلچه‌های وسطی تولید می‌کنند (Maidl *et al.,* 1996). بنا بر این، وزن هزار دانه بیشتر در جو دوردیفه نسبت به جو شش‌ردیفه کاملاً منطقی است و با گزارشات سایر محققان هم مطابقت دارد (Le Gouie *et al.,* 1999؛ Shahmoradi, 2022). در این تحقیق، بیش از نیمی از ژنوتیپ‌ها، که بیشتر آن‌ها دوردیفه بودند، میانگین وزن هزار دانه بیشتری نسبت به هر چهار شاهد آزمایش داشتند (جدول ۲).

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

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

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1577]

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

به‌منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و سایر صفات مورد بررسی از شاخص SIIG (Zali *et al.,* 2015; Zali *et al.,* 2023) استفاده شد. شاخص SIIG برمبنای بالابودن مقدار عملکرد دانه، وزن هزار دانه و سرعت پرشدن و از طرفی کمترین مقدار تعداد روز تا رسیدگی، تعداد روز تا گل‌دهی و ارتفاع بوته محاسبه شد. در جدول ۳، نتایج مقادیر شاخص SIIG نشان می‌دهند که بیشترین و کمترین مقادیر SIIG به‌ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های شماره ۵۷ (۰/۷۵۴) و ۹۹ (۰/۱۳۵) هستند. این مقدار اختلاف شاخص SIIG نشان از تنوع موجود بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد بررسی دارد. در مجموع، ژنوتیپ‌های شماره ۵۷، ۸۳، ۴۸، ۲۷، ۲۳، ۱، ۳، ۶۳، ۳۴، ۶۶، ۶۵، ۲۵، ۱۲، ۶۸ و ۶۰ با بیشترین مقدار SIIG (بیشتر از ۰/۶) جزو ژنوتیپ‌های برتر در این تحقیق بودند. در ضمن، عملکرد دانه و سرعت پرشدن دانه در این ژنوتیپ‌ها از سایر ژنوتیپ‌ها و همچنین ژنوتیپ‌های شاهد بالاتر بودند. از طرفی، ژنوتیپ‌های شماره ۹۹، ۷۲، ۹۰، ۱۰۸، ۹۲، ۹۱، ۹۴، ۷۶، ۱۰۲، ۳۸، ۸۰ و ۸۶ به‌ترتیب با کمترین مقدار شاخص SIIG جزو ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها در این تحقیق بودند. در ضمن، عملکرد دانه و سرعت پرشدن دانه در همه این ژنوتیپ‌ها از ژنوتیپ‌های شاهد و سایر ژنوتیپ‌ها پایین‌تر بودند. میانگین شاخص SIIG در ژنوتیپ‌های دوردیفه (۰/۴۹۰) بیشتر از میانگین ژنوتیپ‌های شش ردیفه (۰/۴۳۵) بود که این مطلب حاکی از پتانسیل ژنوتیپ‌های دوردیفه نسبت به ژنوتیپ‌های شش‌ردیفه است.

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

جدول ۳- مقایسه میانگین صفات مورفولوژیک و شاخص SIIG در ژنوتیپ‌های دوردیفه و شش‌ردیفه و ژنوتیپ‌های شاهد جو

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

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

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1577]

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

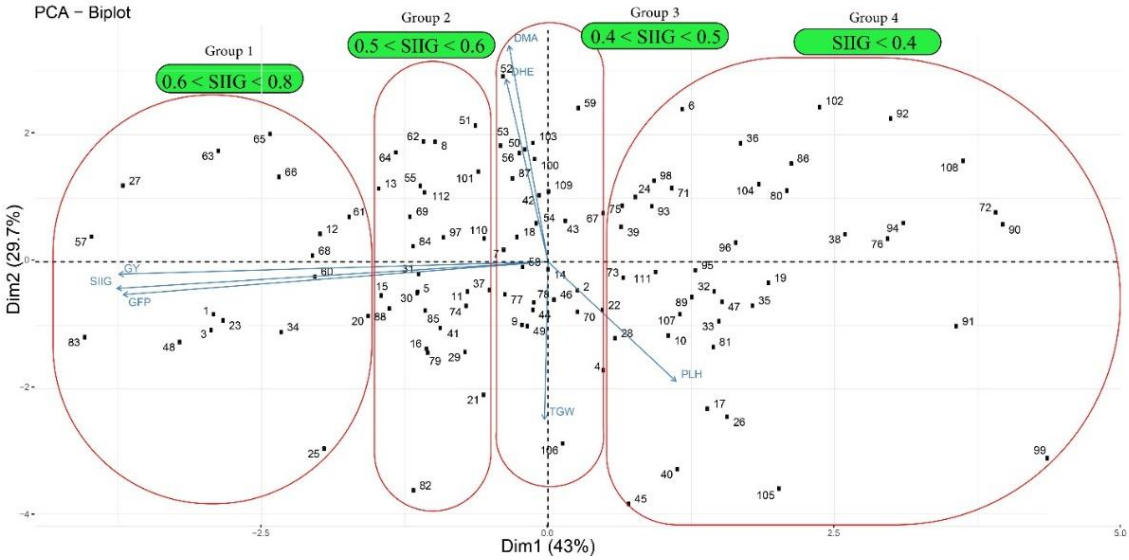
DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TGW: وزن هزار دانه؛ GFR: سرعت پرشدن دانه؛ GY: عملکرد دانه؛ RT: تعداد ردیف
DHE: Number of days to heading; DMA: Number of days to maturity; PLH: Plant height; TGW: Thousand-grain weight; GFR: Grain filling rate; GY: Grain yield;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

به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از شاخص SIIG و بررسی ارتباط صفات مورد بررسی از روش تجزیه به مولفه‌های اصلی (PCA) استفاده شد. اولین و دومین مولفه به‌ترتیب ۴۳/۰ و ۲۹/۷ درصد تغییرات ارتباط بین صفات و دسته‌بندی ژنوتیپ‌ها را توجیه نمودند. در مولفه اول، شاخص SIIG و صفات عملکرد دانه (GY) و سرعت پرشدن دانه (GFP) به‌ترتیب بیشترین سهم را داشتند و صفات تعداد روز تا رسیدگی (DMA)، تعداد روز تا گل‌دهی (DHE)، وزن هزار دانه (TGW) و ارتفاع بوته (PLH) به‌ترتیب دارای بیشترین سهم در دومین مولفه بودند. نتایج PCA نشان دادند که عملکرد دانه و سرعت پرشدن دانه بیشترین همبستگی را با شاخص SIIG داشتند (شکل ۲). بنابراین، در شرایط این تحقیق، شاخص SIIG ژنوتیپ‌ها را بیشتر بر اساس مقدار بالای عملکرد دانه و سرعت پرشدن دانه رتبه‌بندی نموده‌است.

بر اساس نتایج PCA، ژنوتیپ‌ها در چهار گروه قرار گرفتند. گروه اول شامل ژنوتیپ‌هایی بودند که مقدار شاخص SIIG آن‌ها بزرگتر از ۰/۶ و کوچک‌تر از ۰/۸ بود. ژنوتیپ‌های شش‌ردیفه در این گروه شامل ژنوتیپ‌های شماره ۵۷، ۸۳، ۶۳، ۶۶، ۲۵، ۶۸، ۶۰ و ۶۱ بودند و ژنوتیپ‌های دوردیفه این گروه شامل ژنوتیپ‌های شماره ۴۸، ۲۷، ۲۳، ۱، ۳، ۳۴، ۲۵، ۱۲ و ۲۰

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1577]

بودند. ژنوتیپ‌هایی که مقدار شاخص SIIG آن‌ها بین ۰/۵ تا ۰/۶ بود در گروه دو قرار داشتند. ژنوتیپ‌های شماره ۸۲، ۸۸، ۶۴، ۷۹، ۸۴، ۸۵، ۶۹، ۵۵، ۶۲، ۷۴، ۱۱۲، ۹۷ و ۱۱۰ جزو ژنوتیپ‌های شش‌ردیفه بودند و در گروه دو قرار داشتند و ژنوتیپ‌های دوردیفه گروه دو شامل ژنوتیپ‌های ۱۵، ۱۳، ۱۶، ۳۰، ۳۱، ۵، ۴۱، ۲۹، ۸، ۲۱، ۱۱ و ۳۷ بودند. ژنوتیپ‌های گروه سه شامل ژنوتیپ‌هایی بودند که مقدار شاخص SIIG آن‌ها بزرگ‌تر از ۰/۴ و کوچکتر از ۰/۵ بود. ژنوتیپ‌های شش‌ردیفه این گروه شامل ژنوتیپ‌های شماره ۵۱، ۷۷، ۱۰۱، ۵۸، ۵۳، ۵۲، ۱۰۶، ۴۴، ۷۸، ۵۰، ۵۶، ۵۴، ۷۰، ۱۰۰، ۱۰۳، ۱۰۹، ۶۷، ۵۹، ۳۹ و ۷۳ بودند و ژنوتیپ‌های شماره ۹، ۷، ۴۹، ۱۸، ۸۷، ۴۶، ۴۲، ۱۴، ۲، ۴۵، ۴، ۲۲، ۲۸، ۴۳ و ۴۰ جزو ژنوتیپ‌های دوردیفه این گروه بودند. گروه چهارم مربوط به ژنوتیپ‌هایی بود که مقدار شاخص SIIG آن‌ها کمتر از ۰/۴ بود. از ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌های این گروه می‌توان به ژنوتیپ‌های شماره ۹۹، ۷۲، ۹۰، ۱۰۸، ۹۲، ۹۱ و ۹۴ اشاره کرد (شکل ۱).



شکل ۲- بای‌پلات تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص SIIG در ژنوتیپ‌های جو.
Figure 2. (A) The biplot of principal component analysis and grouping of genotypes based on the SIIG index in barley genotypes.
DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TGW: وزن هزار دانه؛ GFR: سرعت پرشدن دانه؛ GY: عملکرد دانه
DHE: Number of days to heading; DMA: Number of days to maturity; PLH: Plant height; TGW: Thousand-grain weight; GFR: Grain filling rate; GY: Grain yield

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

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

نتیجه‌گیری کلی

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

سپاسگزاری

پژوهش حاضر حاصل نتایج پروژه مصوب موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر به شماره ۰۱۰۸۴۶-۱۲۱-۰۳-۰۳-۰۰ است. نویسندگان مقاله از موسسه مزبور به‌دلیل حمایت‌های مالی و معنوی در اجرای پروژه فوق و همچنین همکاران ایستگاه داراب که در اجرای این پروژه یاری نمودند، کمال تشکر و قدردانی را دارند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-12]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1577]

References

Amiri, R., Rostami-Ahmadvandi, H., & Sayyahfar, M. (2023). Evaluation of the genetic variation of oil-rich camelina advanced lines under rainfed conditions. *Journal of Crop Breeding*, 15(47), 152-164. https://doi.org/10.52547/jcb.15.47.152. [In Persian]

Barati, A., Zali, H., Marzoqian, A., Koohkan, S., & Gholipour, A. (2021). Selection of barley pure lines with high yield and desirable agronomic characteristics in warm areas of Iran. *Journal of Crop Production*, 14(1), 199-218. https://doi.org/10.22069/EJCP.2021.18845.2403. [In Persian]

Barati, A., Zali, H., Koohkan, Sh., Marzoqian, A., & Golipor, A. (2022). Evaluation of the application of SIIG index in the selection of barley pure lines with high yield and desirable agronomic characteristics in warm areas of Iran. *Environmental Stresses in Crop Science*, 15(3), 801-815. https://doi.org/20.1001.1.22287604.1401.15.3.18.6. [In Persian]

Bavei, V., Vaezi, B., Abdipour, M., Kamali, M.R.J., & Roustaii, M. (2011). Screening of tolerant spring barleys for terminal heat stress: Different importance of yield components in barleys with different row type. *International Journal of Plant Breeding and Genetic*, 5, 175-193. https://doi.org/10.3923/ijpbg.2011.175.193

Blum, A. (2005). Drought resistance, water-use efficiency, and yield potential: Are they compatible, dissonant, or mutually exclusive? *Australian Journal of Agricultural Research*, 56, 1159-1168. https://doi.org/10.1071/AR05069

Dastfal, M., Aghaee-Sarbarzeh, M., & Zali, H. (2022). Genetic diversity and selection of durum wheat pure lines with desirable agronomy traits using SIIG index. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 53(1), 161-174. https://doi.org/10.22059/IJFCS.2021.298388.654691. [In Persian]

Golestani, M. (2024). Selection index of ideal genotype (SIIG) in order to evaluate drought stress tolerance in some sunflower cultivars. *Journal of Crop Breeding*, 15(48), 31-39. https://doi.org/10.61186/jcb.15.48.31. [In Persian]

Hadado, T., Rau, D., Bitocchiand, E., & Pado, R. (2009). Genetic diversity of barley (*Hordeum vulgre* L.) landraces from the central highlands of Eithiopia: comparison between the Belg and Meher growing seasons using morphological traits. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 56, 1131-1148. https://doi.org/10.1007/s10722-009-9437-z

Haghighatnia, H., & Alhani, F. (2020). Evaluation of irrigation water salinity tolerance indices in new cultivars and lines of safflower. *Iranian Journal of Soil and Water Research*, 51(7), 1181–1821. https://doi.org/10.22059/ijswr.2020.299239.668552. [In Persian]

Jalata, Z., Ayana, A., & Zeleke, H. (2011). Variability, heritability and genetic advance for some yield and yield related traits in Ethiopian barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces and crosses. *International Journal of Plant Breeding and Genetics*, 5(1), 44-52. https://doi.org/10.3923/ijpbg.2011.44.52

Kassambara, A., & Mundt, F. (2020). Factoextra: extract and visualize the results of multivariate data analyses. R Package Version 1.0.7.

Le Gouis, J. (1992). A comparison between two-and six-row winter barley genotypes for above-ground dry matter production and distribution. *Agronomy*, 12(2), 163-171.

Maidl, F. X., Panse, A., Dennert, J., Ruser, R., & Fischbeck, G. (1996). Effect of varied N rates and N timings on yield, N uptake and fertilizer N use efficiency of a six-row and a two-row winter barley. *Journal of Agronomy*, 5, 247–257. https://doi.org/10.1016/S1161-0301(96)02023-0

Martin, J.M., Blake, T.K., & Hockett, E.A. (1991). Diversity among North American spring barley cultivars based on coefficients of parentage. *Crop Science*, 31, 1131-1137. https://doi.org/10.2135/cropsci1991.0011183X003100050009x

Mohammadi, S. A., & Prasanna, B. M. (2003). Analysis of genetic diversity in crop plants- Salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, 43, 1235-1248. https://doi.org/10.2135/cropsci2003.1235

Nahar, K., Ahamed, K. U., & Fujita, M. (2010). Phenological variation and its relation with yield in several wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars under normal and late sowing mediated heat stress condition. *Notulae Scientia Biologicae*, 2, 51-56. https://doi.org/10.15835/nsb.2.3.4723

Olivoto, T., Lúcio, A. D. C., da Silva, J. A. G., Marchioro, V. S., de Souza, V. Q., & Jost, E. (2019). Mean performance and stability in multi-environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*, 111(6), 2949–2960. https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220

Olivoto, T., & Nardino, M. (2020). MGIDI: A novel multi-trait index for genotype selection in plant breeding. *Bioinformatics*, 1–22. https://doi.org/10.1101/2020.07.23.217778

Pour-Aboughadareh, A., Barati, A., Gholipoor, A. Zali, H., Marzoghian, A., Koohkan, S. A., Shahbazi-Homonloo, K., & Houseinpour, A. (2023). Deciphering genotype-by-environment interaction in barley genotypes using different adaptability and stability methods. *Journal of Crop Breeding and Biotechnology*, 26, 547-562. https://doi.org/10.1007/s12892-023-00199-z

Resende, M.D.Vd. (2016). Software Selegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16, 330-339. https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49

Rocha, J.R.do A.S.de C., Machado, J.C., & Carneiro, P.C.S. (2018). Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. *Global Change Biology Bioenergy*, 10(1), 52-60. https://doi.org/10.1111/gcbb.12443

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1577]

Rodríguez, F., Alvarado, G., Pacheco, Á., & Burgueño, J. (2017). ACBD-R. Augmented complete block design with R for windows. Version 3.0. https://hdl.handle.net/11529/10855. CIMMYT Research Data & Software Repository Network.

Sabzi, Z., Fazeli, A., & Vaezi, B. (2024). Application of drought tolerance indices for grouping advanced barley cultivars and lines. *Journal of Crop Breeding*, 15(48), 189-200. https://doi.org/10.61186/jcb.15.48.189. [In Persian]

Sadat Hashemi, P., Mohammadi, A., Alizadeh, B., Mostafavi, K., & Amiri Oghan, H. (2023). Simultaneous selection of oil yield and other agronomic characteristics in winter rapeseed hybrids. *Journal of Crop Breeding*, 15(45), 60-68. https://doi.org/10.61186/jcb.15.45.60. [In Persian]

Shahmoradi, S., Shafaoddin, S., & Yousefi, A. (2011). Phenotypic diversity of arid- zone ecotypes in barley collection of national plant gene bank of Iran. *Seed and Plant Improvement Journal*, 1(4), 495-515. https://doi.org/10.22092/SPIJ.2017.111079. [In Persian]

Shahmoradi Sh. (2022). Analysis of traits of two-row and six-row barley with emphasis on climatic conditions of origin. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 52(4), 35-44. https://doi.org/10.22059/IJFCS.2020.292355.654657. [In Persian]

Shirzad, A., Asghari, A., Zali, H., Sofalian, O., & Mohammaddoust Chamanabad, H. (2022). Selection of barley superior lines with desirable agronomic characteristics using the selection index of ideal genotype (SIIG). *Journal of Crop Production and Processing*, 12(1), 97-117. https://doi.org/10.47176/jcpp.12.1.32902. [In Persian]

Smith, A.B., Cullis, B.R., & Thompson, R. (2005). The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: An overview of current mixed model approaches. *Journal of Agriculture Science*, 143(1), 449-462. https://doi.org/10.1017/S0021859605005587

Vanda, M., Hekmat, M., & Alishah, O. (2022). Investigation of genetic diversity and identification of superior cotton cultivars (*Gossypium Hirsutum* L.) using SIIG index. *Journal of Crop Breeding*, 14(44), 181-189. https://doi.org/10.52547/jcb.14.44.181

Zali, H., & A. Barati. (2020). Evaluation of selection index of ideal genotype (SIIG) in other to selection of barley promising lines with high yield and desirable agronomy traits. *Journal of Crop Breeding*, 12(34), 93-104. https://doi.org/10.29252/jcb.12.34.93. [In Persian]

Zali, H., Barati, A., Jabari, M. (2021). Evaluation of variation at barley inbred lines (*Hordeum vulgare* L.) using SIIG index. *Journal of Crop Breeding*, 13(39), 179-194. https://doi.org/10.52547/jcb.13.39.179. [In Persian]

Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asghari, A., & Hoseini, S. M. (2015). Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method. *Biological Forum – An International Journal*, 7(2), 703-711.

Zali, H., Barati, A., & Pour-Aboughadareh, A. (2023a). Screening of barley elite genotypes using different selection indices based on multi-traits. *Journal of Crop Production*, *15*(4), 159–182. https://doi.org/10.22069/ejcp.2023.20071.2498. [In Persian]

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

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

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1577]