



## "مقاله پژوهشی"

# بررسی تنوع لاین‌های خالص جو (*Hordeum vulgare* L.) با استفاده از شاخص SIIG

حسن زالی<sup>۱</sup>، علی براتی<sup>۲</sup> و مهدی جباری<sup>۳</sup>

۱- استادیار و مربی 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، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

۳- استادیار و مربی پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۳/۷ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۳/۳۱

صفحه: ۱۷۹ تا ۱۹۴

## چکیده<sup>۱</sup>

تنوع ژنتیکی پایه‌ای برای بقای گیاهان در طبیعت و بهبود محصولات است. تنوع در منابع ژنتیکی گیاهی این فرصت را برای اصلاح‌گر فراهم می‌کند که ارقام جدید و اصلاح شده با ویژگی‌های مطلوب را شناسایی کند. به منظور بررسی تنوع لاین‌های جو با استفاده از شاخص SIIG، تعداد ۱۰۸ لاین خالص در قالب طرح بدون تکرار آگمنت همراه با چهار شاهد در سه بلوک، در مزرعه ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی داراب طی سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶ ارزیابی شدند. نتایج تجزیه واریانس، تفاوت معنی داری بین لاین‌های مورد مطالعه از نظر همه صفات (به جز تعداد روز تا گل‌دهی) را نشان داد که این مطلب بیانگر وجود تنوع بین لاین‌ها بود. نتایج تجزیه REML نشان داد که در بین صفات مورد بررسی کمترین میزان وراثت‌پذیری مربوط به وزن هزار دانه (۰/۰۰۱) و بیشترین مقدار وراثت‌پذیری به ترتیب مربوط به صفات تعداد روز تا رسیدن و تعداد روز تا گل‌دهی (۰/۷۹ و ۰/۷۷) بود. نتایج شاخص SIIG نشان داد که لاین شماره ۱۸ با بیشترین مقدار SIIG (۰/۷۶۷) برترین لاین و لاین شماره ۷۵ با کمترین مقدار SIIG (۰/۱۴۹) ضعیف‌ترین لاین در این تحقیق بود. به منظور بررسی کارایی شاخص SIIG در انتخاب بهترین لاین‌ها از نظر عملکرد دانه، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته، لاین‌های مورد بررسی براساس شاخص SIIG در ۶ دسته گروه‌بندی شدند. نتایج نشان داد که با کاهش مقدار شاخص SIIG، مقدار عملکرد، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته نیز کاهش یافت ولی تغییر معنی داری در مقدار صفات تعداد روز تا گل‌دهی و تعداد روز تا رسیدگی مشاهده نشد. همچنین نتایج گروه‌بندی لاین‌ها براساس شاخص SIIG نشان داد که متوسط عملکرد دانه گروه‌های ۱، ۲ و ۳ از متوسط عملکرد سه شاهد نیمروز، اکسین و WB-94-4 بیشتر بود. در ضمن در این تحقیق یک انطباق نسبی بین شاخص SIIG و تجزیه خوشه‌ای وجود داشت. نتایج نشان داد که شاخص SIIG به خوبی توانسته لاین‌ها را براساس سه صفت عملکرد دانه، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته دسته‌بندی نماید.

واژه‌های کلیدی: تجزیه کلاستر، صفات مورفو-فولوژیک، REML، BLUP

## مقدمه

بررسی لاین‌های جدید جو با خصوصیات مورفولوژیک مطلوب، از جمله 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. روش‌های مختلفی برای برآورد تنوع ژنتیکی در گونه‌های گیاهی وجود دارد. روش‌های چند متغیره در تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی بر پایه داده‌های مورفولوژیک، بیوشیمیایی و مولکولی کاربرد وسیعی دارند (۱۷). در بین روش‌های مختلف آنالیز چندمتغیره، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه مولفه‌های اصلی و تجزیه مختصات اصلی مهمترین روش‌ها هستند.

یکی از روش‌های مهمی که برای تجزیه داده‌ها معرفی شده، روش تجزیه با استفاده از حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML)<sup>۲</sup> است. در این روش محدودیت تجزیه واریانس به روش کمترین مربعات برای داده‌های نامتعادل برطرف می‌شود (۱۵). مدل‌های مخلوط مانند REML برای بدست آوردن اجزای واریانس و پیش‌بینی ناریب بهترین خط (BLUP)<sup>۳</sup> برای پیش‌بینی مقادیر ژنتیکی و اجزای واریانس استفاده می‌شوند (۲۱). روش REML/BLUP به واسطه در نظر گرفتن مقادیر ژنوتیپی (نه مقادیر فنوتیپی) دقت بهتری در روند برنامه‌های اصلاحی ایجاد می‌کند و اجازه انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها را می‌دهد (۲۲). کاربرد روش

جو (*Hordeum vulgare* L.) یکی از مهم‌ترین گیاهان خانواده غلات است و از نظر اهمیت اقتصادی پس از گندم، برنج و ذرت در رتبه چهارم جهان قرار گرفته است (۱۲). جو بعد از گندم با سطح زیر کشت ۱/۴ میلیون هکتار و تولید ۳/۱ میلیون تن، دومین گیاه زراعی مهم ایران از نظر ارزش زراعی و تغذیه‌ای به‌شمار می‌رود (۳). همچنین براساس آمار منتشره در سال ۲۰۱۹، در جهان میزان تولید جو حدود ۱۵۸/۹ میلیون تن و در ایران ۳/۶ میلیون تن بود (۱۱). حدود ۱۵۰ هزار هکتار از اراضی آبی زیر کشت جو در مناطق گرم کشور قرار دارد که این مناطق شامل کلیه اراضی استان‌های خوزستان، بوشهر، بندرعباس، هرمزگان، سیستان و بلوچستان و قسمت‌های عمده‌ای از استان‌های فارس، کرمان، کهگیلویه و بویر احمد و ایلام در منطقه گرم و خشک جنوب کشور و مناطقی از اراضی کشاورزی استان‌های مازندران، گلستان و تمام منطقه دشت مغان در منطقه گرم و مرطوب شمال کشور می‌باشند (۵). با توجه به اهمیت محصول جو در این مناطق، اجرای پروژه‌های تحقیقاتی و معرفی ارقام جدید می‌تواند سهم بسزایی در افزایش تولید این محصول در این اقلیم داشته باشد. با توجه به نقش تنوع در پیش‌برد اهداف برنامه‌های به-نژادی و نقش لاین‌های پیشرفته در این خصوص، بدون شک

۱- این مقاله مستخرج از طرح تحقیقاتی موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر با شماره مصوب ۹۶۱۰۶۱-۱۸۵-۰۳-۰۳ می‌باشد.

زراعی ۹۷-۱۳۹۶ ارزیابی شدند. اطلاعات هواشناسی مربوط به سال زراعی در جدول ۱ نشان داده شده است. ارقام و لاین‌های مورد بررسی در اواخر آذر در شش خط به‌طول شش متر (۷/۲ مترمربع) به‌فاصله ۱۵ سانتی‌متر از هم‌دیگر کشت و به‌صورت نشتی آبیاری شدند. میزان پذیر مصرفی ۳۰۰ دانه در متر مربع و با در نظر گرفتن وزن هزار دانه برای هر لاین تعیین گردید. در طول فصل زراعی، کلیه عملیات زراعی مرسوم انجام شد. مبارزه با علف‌های هرز پهن‌برگ و نازک‌برگ به‌صورت مکانیکی و هم‌چنین با استفاده از علف‌کش‌های توفوردی و اکسیال با مقدار ۱/۵ لیتر در هکتار در مرحله پنجه‌زنی انجام شد. در طول دوره رشد علاوه بر مراقبت‌های زراعی، یادداشت برداری از کرت‌های آزمایشی شامل صفات تعداد روز تا گل‌دهی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه انجام شد. هم‌چنین قبل از برداشت نیم متر از ابتدا و انتهای هر کرت حذف و بقیه (۶ مترمربع) برداشت شد. برای اندازه‌گیری صفت تعداد روز تا گل‌دهی، ملاک ظهور ۵۰ درصد خوشه‌ها بود. برای صفت تعداد روز تا رسیدگی، ملاک زرد شدن ۵۰ درصد پدانکل جو بود. برای اندازه‌گیری وزن هزار دانه از دستگاه مخصوص بذرشمار استفاده شد. عملکرد دانه نیز با برداشت محصول تمام کرت (۶ مترمربع) و تبدیل آن به هکتار بدست آمد.

به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی و ادغام صفات مورفو-فنولوژیک از روش SIIG استفاده شد که نحوه محاسبه این شاخص به شرح ذیل می‌باشد (۲۶، ۲۷):

۱- تشکیل ماتریس داده‌ها: با توجه به تعداد ژنوتیپ‌ها و صفات مختلف مورد بررسی، ماتریس داده‌ها به‌صورت رابطه ۱ تشکیل شد (ماتریس D).

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

در این ماتریس  $x_{ij}$  مقدار ژنوتیپ  $i$ ام ( $i = 1, 2, \dots, n$ ) در رابطه با صفت  $j$ ام ( $j = 1, 2, \dots, m$ ) بود. به‌عبارت دیگر ردیف‌ها را ژنوتیپ‌ها و ستون‌ها را صفات تشکیل دادند.

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

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

در رابطه ۲، برای نرمال نمودن داده‌ها، مقدار صفات در همه ژنوتیپ‌ها برای هر صفت را به توان ۲ رسانده و سپس جمع نموده و جذر گرفته شد (مخرج کسر) و در نهایت تک تک ژنوتیپ‌ها به مخرج کسر تقسیم شد. بنابراین بعد از نرمال نمودن داده‌های اولیه (ماتریس D)، ماتریس R به‌صورت رابطه ۳ تعریف می‌شود:

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

REML/BLUP به‌منظور برآورد وراثت‌پذیری و اجزای واریانس در سایر گیاهان از جمله جو (۴)، گندم نان (۶)، گندم دوروم (۱۴) و خلر (۸) گزارش شده است.

مطالعات زیادی در ارتباط با ارزیابی صفات و تعیین ماهیت، اهمیت و ارتباط آن‌ها با عملکرد دانه با استفاده از تجزیه به عامل‌ها و سایر روش‌های چندمتغیره شده است (۹، ۲۹، ۱۸). در بیشتر این تحقیقات بحث در مورد ارتباط بین صفات با عملکرد و نهایتاً گروه‌بندی آن‌ها شده است ولی در بسیاری از آن‌ها بحثی در مورد انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها نشده است. بنابراین نیاز به روش‌هایی است که بتواند انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب را با توجه به صفات مورد بررسی به‌طور مناسبی انجام دهد و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل<sup>۱</sup> (SIIG) (۲۷، ۲۶) یکی از این روش‌ها می‌باشد که می‌تواند علاوه بر انتخاب ژنوتیپ‌های ایده‌آل، فاصله بین ژنوتیپ‌ها را هم مشخص کند.

روش SIIG، برای اولین بار توسط زالی و همکاران (۲۶) برای ادغام روش‌های مختلف تجزیه پایداری معرفی شد. این روش یک مدل گزینش‌گر بوده و به‌منظور انتخاب ایده‌آل‌ترین ارقام و لاین‌ها از بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی به‌کار می‌رود. محققان می‌توانند از شاخص SIIG، به‌منظور انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها با استفاده از ادغام شاخص‌های مختلف تحمل خشکی (۲۷)، پارامترهای تجزیه پایداری (۱۹) یا صفات مختلف مورفولوژیک (۲۸، ۱، ۲) و فیزیولوژیک استفاده کنند. به عبارت دیگر با استفاده از روش SIIG می‌توان صفات مختلف را به‌صورت یک شاخص واحد درآورد و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر را مطمئن‌تر و دقیق‌تر انجام داد. از دیگر ویژگی‌های شاخص SIIG، ادغام صفات با واحدهای مختلف است. در این تحقیق از صفاتی با واحدهای متفاوت استفاده شد. هم‌چنین هر چه صفاتی دارای تنوع بیشتری باشد نقش آن در مقدار عددی شاخص SIIG بیشتر خواهد بود. در صورتی‌که در تحقیقی تعداد صفات مورد بررسی زیاد باشد برای انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و صفات مطلوب بهتر است شاخص SIIG بر مبنای همه صفات به‌جزء عملکرد محاسبه شود و در نهایت انتخاب ژنوتیپ‌ها در یک نمودار دو بعدی که یک محور آن شاخص SIIG و محور دیگر آن عملکرد است صورت گیرد (۲۷، ۲۶). استفاده از شاخص SIIG در کلزا (۱)، جو (۲)، گندم دوروم (۱۹، ۲۰)، گندم نان (۲۴، ۲۵) و جو (۲۸) گزارش شده است.

هدف از این تحقیق، بررسی تنوع لاین‌های جو از نظر عملکرد و تعدادی از خصوصیات مهم مورفو-فنولوژیک جهت انتخاب برای کاشت در آزمایشات پیشرفته در اقلیم گرم و خشک داراب با استفاده از شاخص SIIG بود.

## مواد و روش‌ها

به‌منظور بررسی تنوع لاین‌های جو، تعداد ۱۰۸ لاین خالص (جدول ۲) در قالب طرح بدون تکرار آگمنت همراه با چهار شاهد (نیمروز، اکسین، WB-94-3 و WB-94-4) در سه بلوک (در هر بلوک ۴۰ ژنوتیپ قرار داشت)، در مزرعه ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی داراب، طی سال

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

مقدار  $SIIG_i$  بین صفر تا یک تغییر می‌کند و هر چه گزینه مورد نظر به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر باشد مقدار  $SIIG_i$  آن به یک نزدیک‌تر خواهد بود. بر اساس این روش، بهترین ژنوتیپ، نزدیک‌ترین ژنوتیپ به ژنوتیپ‌های ایده‌آل و دورترین از ژنوتیپ‌های ضعیف است (۲۶، ۲۷).  
به‌منظور محاسبه مدل‌های خطی و اجزای واریانس از مدل‌های زیر استفاده 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 روابط ۷،  $\mu$  میانگین صفت مربوطه،  $Block_i$  اثر بلوک نام،  $Entry_j$  اثر اینترنتی ژام است. در رابطه ۸ تفاوت در اثر اینترنتی ژام ( $Entry_j$ ) به  $IDCheck$ ،  $Gen$ ،  $Check$  که به‌ترتیب مربوط به اثر شناسه شاهد، ژنوتیپ‌های بدون تکرار و شاهدی که در هر بلوک تکرار می‌شوند تقسیم می‌شود. اثر بلوک به‌عنوان اثر ثابت فرض شده است. هنگام محاسبه  $Blue$ ها، اثرات  $Entry$ ،  $IDCheck$ ،  $Gen$  و  $Check$  به‌عنوان اثرات ثابت در نظر گرفته می‌شوند و هنگام محاسبه  $Blup$ ها و وراثت‌پذیری عمومی، این اثرات تصادفی در نظر گرفته می‌شوند (۲۳).

به‌منظور گروه‌بندی لاین‌های مورد بررسی از لحاظ صفات مورفو-فنولوژیک، تجزیه خوشه‌ای به روش وارد<sup>۴</sup> و با استفاده از معیار فاصله اقلیدسی انجام شد.

در این تحقیق، برای انجام تجزیه واریانس از نرم‌افزار SAS، برای تجزیه خوشه‌ای از نرم‌افزار SPSS، برای محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) از نرم‌افزار Excel استفاده شد و در آخر برای انجام تجزیه REML و ترسیم نقشه حرارتی تنوع فنوتیپی از نرم‌افزار ACBD-R (۲۳) استفاده شد.

۳- پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ غیرایده‌آل (ضعیف) برای هر صفت (شاخص): در این مرحله با توجه به نوع صفت و نظر محقق برای هر صفت به‌طور جداگانه، بهترین ژنوتیپ (ایده‌آل) و ضعیف‌ترین (غیرایده‌آل) انتخاب شد. به‌عنوان مثال در مورد عملکرد، حداکثر مقدار عملکرد یک ژنوتیپ مقدار ایده‌آل و پایین‌ترین مقدار عملکرد به‌عنوان ژنوتیپ غیرایده‌آل (ضعیف) در نظر گرفته شد. همچنین در مورد تعداد روز تا رسیدگی (DMA)، چنانچه زودرسی ژنوتیپ‌ها مهم باشد، مقدار ایده‌آل برابر کم‌ترین مقدار DMA و مقدار ضعیف برابر با حداکثر مقدار DMA برای ژنوتیپ‌ها می‌باشد.

۴- محاسبه فاصله از ژنوتیپ‌های ایده‌آل ( $d_i^+$ ) و ژنوتیپ‌های ضعیف ( $d_i^-$ ): در این مرحله برای هر ژنوتیپ، فاصله از ژنوتیپ‌های ایده‌آل ( $d_i^+$ ) و ژنوتیپ‌های ضعیف ( $d_i^-$ ) به‌ترتیب با استفاده از روابط ۴ و ۵ محاسبه شد. به‌عبارت دیگر برای محاسبه فاصله از ژنوتیپ‌های ایده‌آل ( $d_i^+$ )، با توجه به رابطه ۴، ابتدا مقادیر تمام صفات (نرمال شده) در یک لاین (ژنوتیپ) را از مقادیر ایده‌آل برای هر صفت (که در مرحله قبل مشخص شده است) کم نموده و به توان ۲ رسانده و در نهایت آن‌ها را جمع و جذر گرفته شد. همین کار را هم برای محاسبه فاصله از ژنوتیپ ضعیف ( $d_i^-$ ) برای هر لاین انجام شد (رابطه ۵).

$$d_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^+)^2} \quad i = 1, 2, \dots, n \quad \text{رابطه (۱)}$$

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

در روابط فوق  $r_{ij}$  مقدار نرمال شده ژنوتیپ نام ( $i = 1, 2, \dots, n$ ) در رابطه با شاخص (صفت) ژام ( $j = 1, 2, \dots, m$ ) است.  $r_j^+$  و  $r_j^-$  به‌ترتیب مقادیر نرمال شده ژنوتیپ‌های ایده‌آل و ژنوتیپ‌های ضعیف برای هر شاخص (صفت) ژام ( $j = 1, 2, \dots, m$ ) است.

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

جدول ۱- داده‌های هواشناسی ماهیانه در سال زراعی ۱۳۹۶-۹۷

Table 1. Monthly meteorological data in cropping year of 2017-18

ماه	بارندگی (میلی‌متر)	رطوبت نسبی (%)	حدائق	حد اکثر	دما (سانتی‌گراد)
مهر	۰	۲۸	۱۵/۳	۳۳/۶	۲۴/۵
آبان	۰/۱	۳۶	۹/۵	۲۴/۴	۱۸/۴
آذر	۰/۹	۵۴	۴/۷	۱۹/۵	۱۲/۱
دی	۰	۴۵	۳/۳	۲۰/۱	۱۱/۷
بهمن	۰	۳۹	۴/۵	۲۱/۴	۱۲/۹
اسفند	۲/۲	۵۰	۸/۶	۲۲/۵	۱۵/۶
فروردین	۴۷/۸	۴۸	۱۰/۶	۲۵/۰	۱۷/۸
اردیبهشت	۰	۳۱	۱۷/۹	۳۴/۵	۲۶/۲
خرداد	۰	۱۹	۲۰/۸	۳۹/۰	۲۹/۹

جدول ۲- شجره لاین‌های جو مورد بررسی در سال زراعی ۱۳۹۶-۹۷

Table 2. Pedigree of barley promising at cropping year 2017-2018

لاین‌ها	شجره	لاین‌ها	شجره
۱	Bereke-54/3/Rhn-03//L.527/NK1272	۴۸	CAPUL/CIRU
۲	Karoon/4/(D-13)Bgs/Dajia/L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/Alm/Una80//....)	۴۹	RECLA 79//SHYRI/GRIT/3/SVANHALS-BAR...
۳	Yousef/4 /KAROON/KAVIR//Rhodes'S'//Tb/Chzo/3/Gloria'S'	۵۰	Mari/Aths*2//Avt/Attiki/3/Aths/Lignee686/4/Arar//Hr/Nopal
۴	Yousef/4 /KAROON/KAVIR//Rhodes'S'//Tb/Chzo/3/Gloria'S'	۵۱	Lignee527/NK1272//UL76252/Jaidor/3/Alanda
۵	(Salt-4)LB.Iran/Una 8271//Gloria'S'/'Come"s"-11M/3/Kavir/4/Lignee 527/NK1272//JLB 70-63	۵۲	Alanda-01/5/CI01021/4/CM67/U.Sask.1800//Pro/CM67/3/DL70
۶	(Salt-12)ROHO/MAZORKA//TROMPILO/3/Kavir	۵۳	Alanda-01/3/Alanda//Lignee527/Arar
۷	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Jonoob	۵۴	Alanda/Hamra//Alanda-01
۸	CLN-B/80.5138//GLORIA-BAR/COPAL/3/ALISO/4/CABUYA/5/Yousef	۵۵	Mari/Aths*2//Avt/Attiki/3/Aths/Lignee686/4/Arar//Hr/Nopal
۹	CLN-B/80.5138//GLORIA-BAR/COPAL/3/ALISO/4/CABUYA/5/Yousef	۵۶	Mari/Aths*2//Avt/Attiki/3/Aths/Lignee686/4/Arar//Hr/Nopal
۱۰	Dash/EB(C)a/Badia/3/Karoon	۵۷	BBSC/CALI92//CABUYA/3/H82191006N/ PETUNIA 1/4/M104 CBSS01M00612T-OTOPY-1M-1M-2Y-1M-0Y P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA 1/6/M9846// CCXX14.ARZ3/PACO/3/PALTON CBSS04B00043S-3M-0Y-0M-0Y-2M-0AP
۱۱	KAROON/KAVIR//Rhodes'S'//Tb/Chzo/3/Gloria'S'/4/Karoon	۵۸	PF9215/3/ZHEDAR#1//SHYRI//OLMOCBSS02Y00246S-0M-0M-6Y-1M-0Y
۱۲	(D-13)Bgs/Dajia/L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/Alm/Una80//....)/4/ Kavir	۵۹	V Morales/6/ZIGZIG//CUCAPAH/PUEBLACBSS04B00046S-7M-0Y-0M-0Y-2M-0AP
۱۳	(D-13)Bgs/Dajia/L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/Alm/Una80//....)/4/ Yousef	۶۰	PENCO/CHEVRON-BAR/6/V MoralesCBSS04M00214S-19M-0Y-0M-0Y-3M-0AP
۱۴	(D-13)Bgs/Dajia/L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/Alm/Una80//....)/4/ Yousef	۶۱	F4 ZABOL(92-93) - 4
۱۵	(D-15)Productive/Rihane-03//Kavir	۶۲	F4 ZABOL(92-93) - 4
۱۶	(D-16)Bda/Rhn-03//ICB-107766/3/Kavir	۶۳	F4 ZABOL(92-93) - 4
۱۷	(D-16)Bda/Rhn-03//ICB-107766/3/Yousef	۶۴	F4 ZABOL(92-93) - 4
۱۸	Eneldo"S"/3/(D10)Rhn-03//L.527/NK1272	۶۵	F4 ZABOL(92-93) - 4
۱۹	Morocco-90 75/3/(D10)Rhn-03//L.527/NK1272	۶۶	F4 ZABOL(92-93) - 5
۲۰	zahak/DeirAlla 106	۶۷	F4 ZABOL(92-93) - 5
۲۱	VIOLETA/MJA//Rihane	۶۸	Comp.Cr229//As46/Pro/3/Srs/4/Express/5/Yousef
۲۲	VIOLETA/MJA/7/Alanda//Lignee527/Arar/6/Multan/M23/4/HopRo/3/	۶۹	Comp.Cr229//As46/Pro/3/Srs/4/Express/5/Yousef
۲۳	CANELA/3/HEGE GS679.82//SHYRI//LAUREL/4/CERISE/SHYRI//.../5/MALOUH//Aths/Lignee686	۷۰	Yousef/3/Rhn-03//L.527/NK1272
۲۴	Productive//As46/Aths/3/Arar	۷۱	Yousef//Trompilo/L.Moghan
۲۵	CABUYA/PETUNIA 1/CIRU/3/Sahra	۷۲	Yousef//Trompilo/L.Moghan
۲۶	CABUYA/PETUNIA 1/CIRU/3/Yousef	۷۳	Yousef/4/LB.Iran/Una 8271//Gloria"S"/Come"s"-11M/3/Kavir
۲۷	CABUYA/PETUNIA 1/CIRU/3/Yousef	۷۴	Yousef/4/LB.Iran/Una 8271//Gloria"S"/Come"s"-11M/3/Kavir
۲۸	ALGER//CI10117/CHOYO.../3/Makouee/4/STB-12	۷۵	Arigshan/Comino
۲۹	Yousef*2/3/Np106/Minn14133-Gvaxduois//Gi10143	۷۶	Beecher/5/ MELUSINE/ALEL/3/MATICO/JET//SHYRI/4/... ARUPO/K8755//MORA/3/CANELA
۳۰	D10*2/5/CLN-B/80.5138//GLORIA-BAR/COPAL/3/ALISO/4/CABUYA	۷۷	Ashar/Victoria//CWB117-5-9-6/5/Yousef/6/Nosrat/5/EH-DI-8(CIRU/3/AGAVE/SUMBAR400//MARCO/4/PETUNIA 1) Productive/Rihane-04 2* /6/BLS-3(Sadik-10-(3896-1-3/4/1246/1-3/3/3887/28//3892/1-3/5/Grivita))
۳۱	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Sahra/4/Fajr30	۷۸	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Rhn-03//Lignee527/As45
۳۲	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Sahra/4/Fajr30	۷۹	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Rhn-03//Lignee527/As45
۳۳	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Yousef*2	۸۰	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Rhn-03//Lignee527/As45
۳۴	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Yousef*2	۸۱	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Rhn-03//Lignee527/As45
۳۵	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Yousef*2	۸۲	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Rhn-03//Lignee527/As45
۳۶	L.527/NK1272//Alanda/3/Alanda-01*2/4/Productive/5/Sahra	۸۳	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Rhn-03//Lignee527/As45
۳۷	L.527/NK1272//Alanda/3/Alanda-01*2/4/Productive/5/Sahra	۸۴	Cr115/Port/Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Ala nda-01/6/Sahra
۳۸	L.527/NK1272//Alanda/3/Alanda-01*2/4/Productive/5/Sahra	۸۵	Cr115/Port/Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Ala nda-01/6/Sahra
۳۹	Ashar/Victoria//CWB117-5-9-6/5/Asal/4/Aw Black/Aths/Arar/3/9Cr.279-07/Roho/6/Torsh	۸۶	Cr115/Port/Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Ala nda-01/6/Sahra
۴۰	KAROON/KAVIR/4/Rhodes'S'//Tb/Chzo/3/Gloria'S'/5/Legia/6/Yousef	۸۷	Cr115/Port/Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Ala nda-01/6/Sahra
۴۱	Cr115/Port/Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Aland a-01/6/Sahra/7/(D10)Rhn-03//L.527/NK1272	۸۸	Cr115/Port/Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Ala nda-01/6/Sahra
۴۲	Cr115/Port/Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Aland a-01/6/Sahra/7/(D10)Rhn-03//L.527/NK1272	۸۹	Cr115/Port/Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Ala nda-01/6/Sahra
۴۳	Comp.Cr229//As46/Pro/3/Srs/4/Express/5/D10*2	۹۰	Cr115/Port/Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/H272/Bgs/3/Mzq/Gva//...Ala nda-01/6/Sahra
۴۴	26216/4/Arar/3/Mari/Aths*2//M-Att-73-337-1/5/Sahra/6/(D10)Rhn-03//L.527/NK1272	۹۱	KAROON/KAVIR//Rhodes'S'//Tb/Chzo/3/Gloria'S' /4/Sahra/5/Yousef
۴۵	26216/4/Arar/3/Mari/Aths*2//M-Att-73-337-1/5/Fajr30/6/Lignee 527/NK1272//JLB 70-63	۹۲	KAROON/KAVIR//Rhodes'S'//Tb/Chzo/3/Gloria'S' /4/Sahra/5/Yousef
۴۶	Composit-karaj	۹۳	KAROON/KAVIR//Rhodes'S'//Tb/Chzo/3/Gloria'S' /4/Sahra/5/Yousef
۴۷	AHOR1489.58//GLORIA-BAR/COPAL/3/...	۹۴	Yousef/Bereke-54

## جدول ۲- ادامه

Table 2. Continued

لاین‌ها	شجره	لاین‌ها	شجره
۹۵	Yousef/3/Lignee 527/NK1272/JLB 70-63	۱۰۴	KAROON/KAVIR/Rhodes/S//Tb/Chzo/3/Gloria/S/4/Sahra/5/ Fajr30
۹۶	Lignee 527/NK1272/JLB 70-63/Zarjou	۱۰۵	Sahra*2/Torsh
۹۷	24569/3/L.640/Bgs/Cel/4/Rhn03	۱۰۶	Sahra*2/Torsh
۹۸	KAROON/KAVIR/4/Rhodes/S//Tb/Chzo/3/Gloria/S/5/Yousef	۱۰۷	Fajr30/Yousef
۹۹	Comp.Cr229//As46/Pro/3/Srs/4/Express/5/Rhn-03/L.527/NK1272	۱۰۸	Fajr30/Yousef
۱۰۰	Kavir/5/Lignee 527/Chn-01//Gustoe/4/Rhn-08/3/DeirAlla 106//...		شاهد
۱۰۱	Teran78/4/BLLU/KANTUTA/3/CHAMICO/TOCTE//CONGONA		شاهد
۱۰۲	Bda/Cr.115/Pro/Bc/3/Api/Cm67/4/Giza121/...9G-2(9-b-Gachsaran 2003-04)/5/Rihane"s"-04	WB-94-3	شاهد
۱۰۳	MELUSINE/ALELI/3/MATICO/JET//SHYRI/4/...ARUPO/K8755//MORA/3/CANELA/5/Eldo"s"	WB-94-4	شاهد

## نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد (جدول ۳) که بین ژنوتیپ‌های شاهد برای همه صفات مورد مطالعه (به‌جز تعداد روز تا گل‌دهی) تفاوت معنی‌داری وجود داشت. تفاوت بین ارقام شاهد برای صفت تعداد روز تا رسیدگی در سطح احتمال ۵ درصد و برای صفات ارتفاع بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار بود. نتایج تجزیه واریانس تفاوت معنی‌داری بین لاین‌ها برای همه صفات (به جز تعداد روز تا گل‌دهی) را نشان داد که این مطلب بیانگر وجود تنوع بین لاین‌ها بود.

مقادیر میانگین، حداقل، حداکثر، انحراف معیار و ضریب تغییرات در ۱۰۸ لاین مورد مطالعه در جدول ۴ نشان داده شده است. میانگین عملکرد دانه لاین‌های مورد بررسی ۴۵۸۰ کیلوگرم در هکتار بود که این مقدار از متوسط عملکرد هر چهار ژنوتیپ شاهد پایین‌تر بود. اما حداقل و حداکثر عملکرد دانه لاین‌ها به‌ترتیب مربوط به لاین شماره ۷۵ با عملکرد ۳۰۰۳ کیلوگرم در هکتار و لاین شماره ۵۴ با عملکرد دانه ۶۹۹۰ کیلوگرم در هکتار بود (جدول ۴) که بیانگر تنوع بالا برای عملکرد دانه است و برای محقق به‌نژادگر ارزشمند می‌باشد (۲۸). بیشترین میانگین عملکرد ژنوتیپ‌های شاهد به‌ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های WB-94-3 (۶۴۱۰ کیلوگرم در هکتار)، نیمروز (۵۰۴۹ کیلوگرم در هکتار)، اکسین (۴۸۹۲ کیلوگرم در هکتار) و WB-94-4 (۴۷۹۴ کیلوگرم در هکتار) بود (جدول ۴).

برای صفات تعداد روز تا ۵۰ درصد گل‌دهی، تعداد روز تا رسیدگی، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته مشاهده شد که حداقل مقادیر این صفات از متوسط عملکرد ژنوتیپ‌های شاهد پایین‌تر بود اما حداکثر مقادیر برای این صفات از میانگین عملکرد ژنوتیپ‌های شاهد بیشتر بود که این مطلب حاکی از آن است که، لاین‌هایی وجود دارد که از نظر صفات مورفو-فنولوژیک مورد مطالعه از ژنوتیپ‌های شاهد برتر هستند. نتایج نشان داد کمترین تعداد روز تا گل‌دهی مربوط به لاین‌های شماره ۳۹ و ۵۴ (۸۰ روز) بود و بیشترین تعداد روز تا رسیدگی مربوط به لاین شماره ۸۸ (۸۷ روز) بود. براساس نتایج، زودرس‌ترین و دیررس‌ترین لاین‌ها به‌ترتیب لاین‌های شماره ۲۵ (۱۱۷ روز) و ۸۸ (۱۲۹ روز) بودند. بیشترین ارتفاع بوته در لاین شماره ۴ (۱۲۹ سانتی‌متر) و کمترین ارتفاع بوته در لاین شماره ۵۷ (۷۷ سانتی‌متر) مشاهده شد. کمترین وزن هزار دانه مربوط به لاین‌های شماره ۴۸، ۶۰، ۶۶ و ۴۹ با وزن

۲۵ گرم بود و بیشترین وزن هزار دانه مربوط به لاین شماره ۷۰ (۳۹ گرم) بود (جدول ۴).

از برآورد حداکثر درستمایی محدود شده (REML) برای بررسی میزان وراثت‌پذیری صفات مختلف و مقایسه صفات مختلف در لاین‌ها و ژنوتیپ‌های شاهد استفاده شد (جدول ۵). نتایج تجزیه REML نشان داد کمترین میزان وراثت‌پذیری صفات مربوط به وزن هزار دانه (۰/۰۰۱) و بیشترین مقدار وراثت‌پذیری به‌ترتیب مربوط به تعداد روز تا رسیدن و تعداد روز تا گل‌دهی (به‌ترتیب ۰/۷۹ و ۰/۷۷) بود. میزان وراثت‌پذیری ارتفاع بوته و عملکرد دانه به‌ترتیب برابر با ۰/۵۷ و ۰/۵۶ بود. جالاتا و همکاران (۱۰) وراثت‌پذیری تعداد روز تا رسیدگی، وزن هزار دانه و عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های جو را به‌ترتیب ۰/۴۶، ۰/۸۵ و ۰/۷۱ گزارش نمودند. در تحقیق دیگری (۱۳) میزان وراثت‌پذیری تعداد روز تا گل‌دهی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته و وزن هزار دانه و عملکرد دانه جو به‌ترتیب ۰/۵۲، ۰/۶۳، ۰/۱۶، ۰/۴۲ و ۰/۶۱ بود. کاتیار و همکاران (۱۶) وراثت‌پذیری تعداد روز تا رسیدگی، وزن هزار دانه و عملکرد دانه جو را به‌ترتیب ۰/۵۸، ۰/۱۳ و ۰/۰۷ گزارش نمودند.

اصلاح برای صفاتی که وراثت‌پذیری آن‌ها پایین است از طریق گزینش مستقیم دشوار و بی‌نتیجه است و برعکس گزینش برای صفاتی که دارای وراثت‌پذیری بالایی هستند مفید می‌باشد. لذا مقدار وراثت‌پذیری می‌تواند زمینه‌ای از نتایج مورد انتظار از گزینش را ارائه دهد. صفات با وراثت‌پذیری بالا بیشتر تحت کنترل اثرات ژنتیکی افزایشی ژن‌ها می‌باشد و از طرف دیگر مقدار کم وراثت‌پذیری در برخی صفات بیان‌گر نقش کم تنوع ژنتیکی افزایشی و یا انعطاف‌پذیری فنوتیپی آن صفت می‌باشد (۸). لذا از صفاتی که قابلیت انتقال بالایی به نسل بعد از خود را نشان می‌دهند می‌توان در برنامه‌های اصلاحی مبتنی بر گزینش استفاده کرد. در جدول ۵ مقادیر واریانس ژنتیکی صفات مختلف مربوط به لاین‌ها و ژنوتیپ‌های شاهد و مقادیر میانگین صفات براساس روش BLUE و BLUP نشان داده شده است. از مزایای روش REML نسبت به روش‌های کلاسیک، بازدهی بالا برای طرح‌های 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 (۱۵).

شکل ۱، نقشه حرارتی تنوع فنوتیپی در صفات تعداد روز تا گل‌دهی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه در لاین‌ها و ژنوتیپ‌های شاهد است. در این شکل‌ها مقادیر عددی صفات مختلف هر لاین و ژنوتیپ‌های شاهد به صورت رنگی متفاوت نشان داده شده است. وجود تنوع فنوتیپی در همه صفات مورد بررسی مشهود می‌باشد بنابراین نقشه حرارتی به خوبی تنوع موجود بین لاین‌ها را برای هر صفت به نشان داده است.

جدول ۳- تجزیه واریانس مربوط به صفات مختلف مورفو-فونولوژیک در لاین‌های خالص جو

Table 3. Variance analysis for different morpho-phonological traits of barley inbred lines

میانگین مربعات					درجه آزادی	منابع تغییرات
YLD	TKW	PLH	DMA	DHE		
۶۱۰۳۸ <sup>ns</sup>	۳/۶۶ <sup>ns</sup>	۱۲/۲۵ <sup>ns</sup>	۰/۰۰۰۱ <sup>ns</sup>	۰/۰۸۳ <sup>ns</sup>	۲	بلوک
۱۷۱۵۹۲۶ <sup>**</sup>	۳۶/۸ <sup>**</sup>	۲۲۳/۳ <sup>**</sup>	۴/۷۷۸ <sup>*</sup>	۰/۳۰۶ <sup>ns</sup>	۳	شاهد
۵۱۹۵۵۷ <sup>**</sup>	۸/۹۴ <sup>*</sup>	۷۳/۵ <sup>**</sup>	۳/۴۲۲ <sup>*</sup>	۲/۰۱۷ <sup>ns</sup>	۱۰۷	لاین‌ها
۱۵۹۱۲	۱/۳۸	۲/۹۹	۰/۷۷۸	۰/۶۴	۶	خطا
۲/۷۱	۳/۶۴	۳/۱۲	۰/۷۱	۰/۹۵		ضرب تغییرات

DHE: تعداد روز تا گل‌دهی؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TKW: وزن هزار دانه؛ YLD: عملکرد دانه

جدول ۴- آمار توصیفی مربوط به صفات مختلف مورفو-فونولوژیک در لاین‌های خالص جو

Table 4. Descriptive statistics parameters for different morpho-phonological traits in barley inbred line

ژنوتیپ‌های شاهد				ضرب تغییرات	انحراف معیار	حداکثر	حداقل	میانگین	صفات
WB-94-4	WB-94-3	اکسین	نیمروز						
۸۳	۸۲	۸۲	۸۳	۱/۷	۱/۴۱	۸۶	۸۰	۸۴/۱	DHE (روز)
۱۲۴	۱۲۴	۱۲۴	۱۲۲	۱/۵	۱/۸۶	۱۲۹	۱۱۷	۱۲۳/۴	DMA (روز)
۹۱	۱۰۰	۹۱	۷۹	۸/۸	۸/۵۳	۱۱۹	۷۷	۹۶/۹	PLH (سانتی‌متر)
۲۹	۳۰	۳۱	۳۶	۹/۵	۳/۰۷	۳۹/۲	۲۵/۲	۳۲/۴	TKW (گرم)
۴۷۹۴	۶۴۱۰	۴۸۹۲	۵۰۴۹	۱۵/۷	۷۱۸/۸	۶۹۹۰	۳۰۰۳	۴۵۸۰	YLD (کیلوگرم در هکتار)

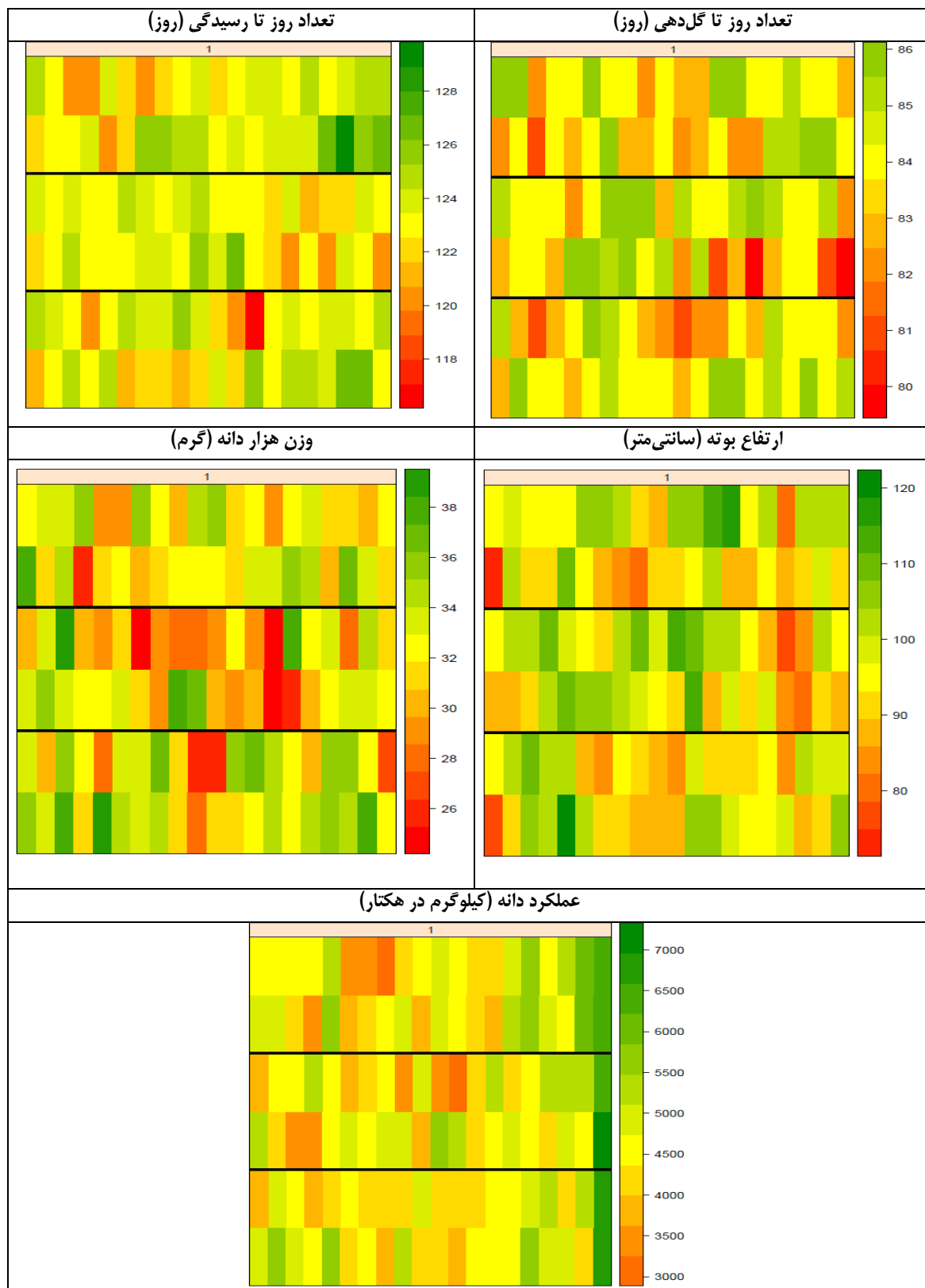
DHE: تعداد روز تا گل‌دهی؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TKW: وزن هزار دانه؛ YLD: عملکرد دانه

جدول ۵- نتایج تجزیه REML برای صفات مورفو-فنولوژیک لاین‌های خالص جو

Table 5. Results of REML analysis for morpho-phonologic traits of barley inbred lines

عملکرد دانه		وزن هزار دانه		ارتفاع بوته		تعداد روز تا رسیدگی		تعداد روز تا گلدهی		منابع تغییرات
BLUE	BLUP	BLUE	BLUP	BLUE	BLUP	BLUE	BLUP	BLUE	BLUP	
	۰/۵۶		۰/۰۰۱		۰/۵۷		۰/۷۹		۰/۷۷	وراثت‌پذیری عمومی (لاین‌ها)
	۰/۶۳		۰/۲۸		۰/۶۷		۰/۶۲		۰	وراثت‌پذیری عمومی (شاهد)
	۲۹۵۴۷۷		۰		۴۲/۸		۲/۷۳		۱/۵۸	واریانس ژنتیکی (لاین‌ها)
	۳۹۳۶۲۵		۳/۵۳		۶۳/۹		۱/۲۲		۰	واریانس ژنتیکی (شاهد)
۱۹۱۸۴۳	۲۳۲۸۴۵	۳/۷	۹/۱	۳۵/۷	۳۱/۹	۰/۷۶	۰/۷۴	۰/۷۰	۰/۴۷	واریانس باقیمانده
۴۵۸۰	۴۸۴۲	۳۲/۴	۳۲/۴	۹۶/۹	۹۳/۴	۱۲۳/۴	۱۲۳/۴	۸۴/۱	۸۳/۳	میانگین (لاین‌ها)
۵۲۶۱	۴۹۶۳	۳۲/۷	۳۲/۲	۸۷/۶	۹۱/۹	۱۲۳/۰	۱۲۳/۲	۸۲/۷	۸۳/۳	میانگین (شاهد)
۶۳۹	۵۱۵	۲/۹۴	۰	۹/۱	۶/۱	۱/۳۴	۱/۱۰۱	۱/۲۹	۰/۸۷	تفاوت خطای استاندارد میانگین (لاین‌ها)
۱۶۴۳	۱۰۲۰	۷/۵۵	۰	۲۳/۳	۱۲/۱	۳/۴۵	۲/۱۸	۳/۳۲	۱/۷۲	LSD (لاین‌ها)
۱۵۹	۴۱۶	۲/۰۶	۱/۹۴	۵/۱	۵	۱/۰۹	۰/۷۴	۱/۰۶	۰	تفاوت خطای استاندارد میانگین (شاهد)
۴۰۸	۸۲۴	۵/۲۹	۳/۸۵	۱۳/۱	۹/۸	۲/۸۱	۱/۴۶	۲/۷۲	۰	LSD (شاهد)

DHE: تعداد روز تا گل‌دهی (روز); DMA: تعداد روز تا رسیدگی (روز); PLH: ارتفاع بوته (سانتی‌متر); TKW: وزن هزار دانه (گرم); YLD: عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)



شکل ۱- نقشه حرارتی تنوع فنوتیپی صفات مختلف مورفو-فنولوژیک در لاین‌های خالص جو و ژنوتیپ‌های شاهد  
Figure 1. Heat map of phenotypic diversity of different morpho-phenological traits in promising barley lines and check genotypes



صفر تا ۱ می‌باشد بنابراین این شاخص، روشی مناسب برای نشان دادن فاصله بین ژنوتیپ‌ها براساس صفات مورد مطالعه می‌باشد (۲۶، ۲۷). در بین این لاین‌ها، تنها لاین شماره ۷۰ و ۲۴ به ترتیب با عملکرد ۴۴۵۰ و ۴۵۵۳ دارای کمترین عملکرد نسبت به شاهد‌های آزمایش بودند. اما این لاین‌ها دارای وزن هزار دانه و ارتفاع بوته بالا نسبت به بسیاری از لاین‌ها بودند. البته مقدار شاخص SIIG آن‌ها هم متوسط (به ترتیب ۰/۵۰۹ و ۰/۵۰۷) بود (جدول ۷).

نتایج SIIG نشان داد که لاین شماره ۷۵ با کمترین مقدار (۰/۱۴۹) ضعیف‌ترین لاین بود. از طرفی این لاین دارای عملکرد و وزن هزار دانه پایین نسبت به بسیاری از لاین‌های مورد مطالعه و ژنوتیپ‌های شاهد مورد مطالعه بود. همچنین لاین‌های شماره ۸۳، ۲۷، ۹، ۸۱، ۳۸، ۲۲، ۷۸، ۱۰۱، ۴۷، ۶۷ و ۶۴ به ترتیب با کمترین مقدار SIIG (به ترتیب ۰/۲۵۰، ۰/۲۵۶، ۰/۲۷۶، ۰/۲۷۷، ۰/۲۷۸، ۰/۲۸۰، ۰/۲۸۲، ۰/۲۸۶، ۰/۲۸۸، ۰/۲۹۱، ۰/۲۹۲ و ۰/۲۹۸) جزء ضعیف‌ترین لاین‌ها از نظر عملکرد و صفات وزن هزار دانه و ارتفاع بوته به‌طور همزمان بودند (جدول ۷).

به‌منظور بررسی کارایی شاخص SIIG در انتخاب بهترین لاین‌ها از نظر عملکرد دانه، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته، لاین‌های مورد بررسی براساس شاخص SIIG در ۶ دسته گروه‌بندی شدند (جدول ۸). در واقع لاین‌هایی که مقدار عددی شاخص SIIG آن‌ها کوچکتر از ۰/۸ و بزرگتر مساوی ۰/۷ بود در گروه یک قرار گرفتند. لاین‌هایی که شاخص SIIG آنها کوچکتر از ۰/۷ و بزرگتر مساوی ۰/۶ بود در گروه دو و به همین ترتیب سایر لاین‌ها نیز گروه‌بندی شدند. با یک نگاه کلی به جدول ۸ مشاهده شد که هر چه مقدار شاخص SIIG کاهش می‌یابد مقدار عملکرد، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته نیز کاهش یافته است ولی تغییر در مقدار صفات تعداد روز تا گل‌دهی و تعداد روز تا رسیدگی مشاهده نشد. این مطلب نشان داد که شاخص SIIG توانسته به‌طور همزمان، ژنوتیپ‌های پرمحصول با وزن هزار دانه بالا و ارتفاع بوته بیشتر را نیز انتخاب کند. نتایج گروه‌بندی لاین‌های مورد بررسی براساس شاخص SIIG (جدول ۸) نشان داد که در گروه یک، دو لاین شماره ۱۸ و ۴ قرار دارد که متوسط عملکرد دانه آن‌ها ۶۱۵۲ کیلوگرم در هکتار با متوسط وزن هزار دانه ۳۶ گرم و ارتفاع بوته ۱۱۳ سانتی‌متر بود. متوسط عملکرد دانه گروه اول از متوسط عملکرد همه ژنوتیپ‌های شاهد (به‌جز WB-94-3) بیشتر بود. متوسط وزن هزار دانه این گروه از میانگین همه ژنوتیپ‌های شاهد (به‌جز نیمروز) بالاتر بود. همچنین ارتفاع بوته گروه اول از هر چهار ژنوتیپ شاهد بیشتر بود. از طرفی تفاوت چندانی بین صفات تعداد روز تا گل‌دهی و تعداد روز تا رسیدگی در هیچ‌کدام از گروه‌ها با ژنوتیپ‌های شاهد مشاهده نشد (جدول ۸).

در گروه دو، ۸ لاین وجود داشت که متوسط عملکرد دانه، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته آن‌ها به ترتیب ۶۰۷۰ کیلوگرم در هکتار، ۳۳ گرم و ۹۸ سانتی‌متر بود. در گروه ۳، ۱۷ لاین وجود داشت که متوسط عملکرد دانه، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته آن‌ها به ترتیب ۶۰۷۰ کیلوگرم، ۳۳ گرم و ۹۸ سانتی‌متر

نتایج تجزیه همبستگی بین صفات (جدول ۶) نشان داد که ارتباط معنی‌داری بین عملکرد دانه و صفات تعداد روز گل‌دهی، تعداد روز تا رسیدگی، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته مشاهده نشد. بنابراین در این تحقیق انتخاب براساس عملکرد ممکن است منجر به انتخاب لاین‌هایی با سایر صفات مطلوب نشود. بنابراین از شاخص SIIG در این تحقیق استفاده شد. به‌منظور انتخاب بهترین لاین‌ها از نظر عملکرد و سایر صفات مورد بررسی از شاخص SIIG استفاده شد. شاخص SIIG براساس صفات عملکرد دانه، تعداد روز تا گل‌دهی، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته و وزن هزار دانه محاسبه شد (جدول ۷). همچنین در این تحقیق به‌منظور محاسبه شاخص SIIG فرض بر این بود که لاین‌هایی با بیشترین عملکرد دانه، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته و از طرفی با کمترین تعداد روز تا رسیدگی و تعداد روز تا گل‌دهی ایده‌آل می‌باشند. در واقع در این تحقیق به‌جای انتخاب براساس عملکرد از سایر صفات مورفو-فیزیولوژیک نیز به‌طور همزمان استفاده شده است.

نتایج همبستگی بین شاخص SIIG و سایر صفات اندازه‌گیری شده نشان داد که عملکرد همبستگی بالا و معنی‌داری با شاخص SIIG ( $0/885^{**}$ ) دارد. همبستگی وزن هزار دانه و ارتفاع بوته با شاخص SIIG به ترتیب  $0/325^*$  و  $0/311^*$  بود. اما همبستگی معنی‌داری بین شاخص SIIG و تعداد روز تا گل‌دهی و رسیدگی مشاهده نشد (جدول ۶). این مطلب نشان داد که عملکرد بیشترین سهم را در مقدار شاخص SIIG داشته و صفات وزن هزار دانه و ارتفاع بوته در مرحله بعدی قرار دارند. بنابراین ژنوتیپ‌های انتخابی با SIIG از پتانسیل عملکرد بالایی برخوردار خواهند بود. همچنین تعداد روز تا گل‌دهی و تعداد روز تا رسیدگی نقش ناچیزی در مقدار عددی SIIG داشتند که این مطلب بیانگر تنوع فنوتیپی پایین این صفات نسبت به سایر صفات بود. از ویژگی‌های شاخص SIIG این است که هر چه صفاتی دارای تنوع فنوتیپی بیشتری باشد سهم آن در مقدار عددی SIIG بیشتر خواهد بود. لازم به توضیح می‌باشد که در مواردی که همبستگی شاخص SIIG و عملکرد دانه پایین باشد برای انتخاب ژنوتیپ‌های پرمحصول با صفات مطلوب بهتر است از نمودار دو بعدی عملکرد و شاخص SIIG استفاده شود (۱۹).

نتایج شاخص SIIG نشان داد که لاین شماره ۱۸ با بیشترین مقدار SIIG ( $0/767$ ) برترین لاین در این تحقیق بود. همچنین این لاین، تنها ژنوتیپی بود که عملکرد آن از هر چهار شاهد آزمایش بیشتر بود. از طرفی به ترتیب لاین‌های شماره ۴، ۵۴، ۸۹، ۹۱، ۹۰، ۱۴، ۹۴، ۸۶، ۷۶، ۲، ۱، ۵۵، ۶۹، ۹۹، ۱۹، ۴۱، ۴۴، ۴۶، ۹۲، ۱۵، ۸۵، ۶۳، ۸۲، ۷۳، ۳۴ و ۱۰۴ با بیشترین مقدار SIIG (به ترتیب  $0/738$ ،  $0/698$ ،  $0/675$ ،  $0/673$ ،  $0/653$ ،  $0/646$ ،  $0/645$ ،  $0/642$ ،  $0/621$ ،  $0/588$ ،  $0/587$ ،  $0/576$ ،  $0/560$ ،  $0/552$ ،  $0/550$ ،  $0/549$ ،  $0/539$ ،  $0/533$ ،  $0/529$ ،  $0/523$ ،  $0/522$ ،  $0/509$ ،  $0/508$ ،  $0/507$  و  $0/505$ ) جزء بهترین لاین‌ها در درجه اول از نظر عملکرد و در درجه دوم از نظر صفات وزن هزار دانه و ارتفاع بوته بودند (جدول ۷). از آنجایی که میزان تغییرات SIIG بین

و ۶ از متوسط عملکرد همه ژنوتیپ‌های شاهد پایین‌تر بود (جدول ۸). این نتایج نشان داد که شاخص SIIG به‌خوبی توانسته لاین‌های مورد بررسی را هم‌زمان براساس چند صفت گروه‌بندی نموده و فاصله آن‌ها را از هم مشخص نماید. در این تحقیق لاین‌های شماره‌ی ۲۵، ۲۶، ۵۹ و ۱۰۲ به‌ترتیب با عملکردهای ۴۱۱۰، ۴۳۱۳، ۴۱۷۷ و ۳۴۸۰ کیلوگرم در هکتار، جزء لاین‌های دو ردیفه بودند که در گروه ۳ و ۴ قرار گرفتند و عملکرد آن‌ها از همه شاهد‌های آزمایش پایین‌تر بود (جدول ۷).

نجفی میرک و همکاران (۱۹) از شاخص SIIG به‌منظور ادغام روش‌های مختلف تجزیه پایداری ناپارامتری در گندم دوروم استفاده نمودند و با استفاده از شاخص SIIG و عملکرد در یک نمودار دو بعدی توانستند ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا را معرفی نمایند. در تحقیقی دیگر یاقوتی‌پور و همکاران (۲۵) از شاخص SIIG به‌منظور ادغام شاخص‌های مختلف تحمل به خشکی در گندم نان استفاده نمودند و بیان داشتند که شاخص SIIG یک روش ترکیبی جدید و کارا در انتخاب موثرتر ژنوتیپ‌های مطلوب می‌باشد.

بود. عملکرد دانه، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته گروه ۲ و ۳ نیز از همه ژنوتیپ‌های شاهد (به‌جز WB-94-3) بیشتر بود (جدول ۸).

بیشترین تعداد لاین‌ها در گروه چهار قرار داشتند (۴۲ لاین) که متوسط عملکرد دانه، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته آن‌ها به‌ترتیب ۴۵۹۸ کیلوگرم در هکتار، ۳۳ گرم و ۹۶ سانتی‌متر بود. در این گروه ۴ لاین شماره ۶۰، ۵۷، ۸ و ۵۶ وجود داشتند که میانگین عملکرد آن‌ها (به‌ترتیب ۵۲۵۰، ۵۲۵۰، ۵۱۱۳ و ۵۲۰۰ کیلوگرم در هکتار) از بیشتر ژنوتیپ‌های شاهد بالاتر بود. اما لاین شماره‌ی ۶۰ دارای وزن هزار دانه پایین (۲۵/۲ گرم)، لاین شماره‌ی ۵۷ و ۸ دارای ارتفاع بوته پایین و لاین شماره‌ی ۵۶ دارای وزن هزار دانه و ارتفاع بوته پایین نسبت به شاهد‌های آزمایش بودند.

در گروه ۵، نیز ۲۶ لاین با متوسط عملکرد دانه ۴۰۷۱ کیلوگرم در هکتار، وزن هزار دانه ۳۲ گرم و ارتفاع بوته ۹۵ سانتی‌متر قرار داشتند. در گروه شش، ۱۳ لاین قرار دارد که متوسط عملکرد دانه، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته آن‌ها به ترتیب ۳۷۵۲ کیلوگرم در هکتار، ۲۹ گرم و ۹۴ سانتی‌متر بود. طبق نتایج بدست آمده متوسط عملکرد دانه هر ۳ گروه ۴، ۵

جدول ۶- تجزیه همبستگی بین صفات مختلف مورفو-فنیولوژیک و شاخص SIIG

Table 6. Correlation analysis among morphological different traits and SIIG index

YLD	TKW	PLH	DMA	DHE	
				۰/۳۳*	تعداد روز تا رسیدگی (DMA)
			-۰/۰۶	۰/۱۷	ارتفاع بوته (PLH)
		-۰/۰۳	۰/۱۰	-۰/۰۴	وزن هزار دانه (TKW)
	۰/۰۳۰	۰/۰۳	۰/۱۱	۰/۰۱	عملکرد دانه (YLD)
-۰/۸۲**	۰/۳۲*	۰/۳۱*	۰/۱۳	۰/۰۷	SIIG

DHE: تعداد روز تا گل‌دهی (روز)

\* و \*\*: به‌ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

شاخص لاین‌ها را براساس صفات تعریف شده از ایده‌آل‌ترین به ضعیف‌ترین رتبه‌بندی می‌کند و بهترین لاین و ضعیف‌ترین لاین را معرفی می‌کند؛ همچنین محقق می‌تواند ژنوتیپ‌ها را براساس یک‌سری خصوصیات مدنظر رتبه‌بندی کند. به‌عنوان مثال انتخاب ژنوتیپ‌های پرمحصول ولی زودرس. در روش SIIG می‌توان همبستگی بین صفات و این شاخص را نشان داد که باعث می‌شود سهم هر صفت در انتخاب ژنوتیپ‌ها مشخص شود. تجزیه خوشه‌ای تنها ژنوتیپ‌ها را گروه‌بندی می‌کند و هیچ‌کدام از ویژگی‌های شاخص SIIG را ندارد و بنابراین این شاخص می‌تواند جایگزین مناسبی برای تجزیه خوشه‌ای باشد.

زالی و براتی (۲۱) از شاخص SIIG برای دسته‌بندی و انتخاب برترین لاین‌های جو از بین ۱۰۸ لاین با استفاده از تعدادی از صفات مورفو-فنیولوژیک استفاده نمودند. در نهایت ۳۳ لاین جو را با استفاده از شاخص SIIG انتخاب و برای تحقیقات بعدی معرفی نمودند. آن‌ها روش SIIG را موثر در دسته‌بندی و تعیین فاصله بین لاین‌ها معرفی نمودند.

در مجموع نتایج نشان داد که شاخص SIIG به‌خوبی توانسته ژنوتیپ‌ها را براساس سه صفت عملکرد دانه، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته دسته‌بندی نماید و هرچه صفاتی از تنوع فنوتیپی بیشتری برخوردار باشد نقش آن در مقدار

برای گروه‌بندی لاین‌ها علاوه بر شاخص SIIG از روش تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش حداقل واریانس وارد انجام شد. نتایج تجزیه واریانس و مقایسه میانگین گروه‌ها در جدول ۹ نشان داده شده است؛ همچنین نتایج گروه‌بندی تجزیه خوشه‌ای در جدول ۷ و ۹ نشان داده شده است. براساس نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای لاین‌ها بر مبنای صفات عملکرد دانه، تعداد روز تا رسیدگی، تعداد روز تا رسیدن، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته در فاصله ۱۵ از نمودار درختی، لاین‌ها به ۴ گروه تقسیم شدند. گروه ۳ شامل لاین‌های ۹۱، ۹۰، ۵۴، ۱۵، ۵۵، ۹۴، ۱۴، ۸۶، ۸۹، ۱، ۱۸، ۴۴، ۷۰، ۲ و ۴ بود که لاین‌های این گروه میانگین عملکرد و شاخص SIIG بالاتری نسبت به سایر گروه‌ها داشتند. تمام لاین‌های گروه ۳ دارای شاخص SIIG بزرگتر از ۰/۵۰۰ بودند (گروه ۱، ۲ و ۳ شاخص SIIG). این نتایج نشان داد که یک انطباق نسبی بین شاخص SIIG و تجزیه خوشه‌ای وجود دارد. امامی و همکاران (۷) در بررسی تحمل تنش اسمزی در لاین‌های پیشرفته گندم دوروم از شاخص SIIG و تجزیه خوشه‌ای استفاده نمودند و نشان دادند که نتایج شاخص SIIG با نتایج تجزیه خوشه‌ای انطباق بالایی دارد.

چون مقدار عددی شاخص SIIG بین صفر و ۱ می‌باشد بنابراین فاصله بین لاین‌ها را مشخص می‌کند. همچنین این

۹۴، ۸۶، ۷۶، ۲، ۱، ۵۵، ۶۹، ۹۹، ۱۹، ۴۱، ۴۴، ۴۶، ۹۲، ۱۵، ۸۵، ۷۳، ۳۴ و ۱۰۴ مربوط به هر گروه ۱، ۲ و ۳ (به جزء لاین‌های شماره‌ی ۷۰ و ۲۱) جزء لاین‌های برتر در این تحقیق بودند و می‌توان از آن‌ها را برای ادامه آزمایشات به‌نژادی از جمله آزمایشات پیشرفته و سازگاری در شهرستان داراب استفاده نمود.

شاخص SIIG بیشتر خواهد بود. نتایج گروه‌بندی لاین‌ها بر اساس شاخص SIIG نشان داد که متوسط عملکرد دانه گروه‌های ۱، ۲ و ۳ از متوسط عملکرد سه شاهد نیمروز، اکسین و WB-94-4 بیشتر است. همچنین متوسط عملکرد گروه‌های ۴، ۵ و ۶ از هر چهار ژنوتیپ شاهد آزمایش پایین‌تر بود. نهایتاً لاین‌های شماره‌ی ۱۸، ۴، ۵۴، ۸۹، ۹۱، ۹۰، ۱۴،

جدول ۷- مقادیر صفات مختلف مورفو-فونولوژیکی، شاخص SIIG و تجزیه خوشه‌ای در ۱۰۸ لاین خالص جو

Table 7. Amounts of morpho-phonological different traits, and SIIG index and cluster analysis of 108 barley inbred lines

تجزیه کلاستر	شاخص SIIG			YLD (کیلوگرم در هکتار)	TKW (گرم)	PLH (سانتی متر)	DMA (روز)	DHE (روز)	شماره لاین ها
	گروه ها	رتبه	SIIG						
۳	۳	۱۲	-/۵۸۷	۵۶۴۰	۳۳	۹۲	۱۲۳	۸۶	۱
۳	۳	۱۱	-/۵۸۸	۴۹۹۳	۳۸	۱۰۵	۱۲۵	۸۴	۲
۴	۴	۴۴	-/۴۴۷	۴۶۷۷	۳۱	۱۰۲	۱۲۳	۸۴	۳
۳	۱	۲	-/۷۳۸	۵۶۶۳	۳۹	۱۱۹	۱۲۵	۸۳	۴
۱	۴	۴۷	-/۴۴۲	۴۲۷۳	۳۵	۱۰۴	۱۲۱	۸۴	۵
۲	۵	۷۲	-/۳۹۴	۴۴۶۰	۳۳	۹۰	۱۲۲	۸۵	۶
۱	۵	۹۱	-/۳۲۲	۳۶۹۳	۳۵	۹۲	۱۲۲	۸۴	۷
۲	۴	۳۶	-/۴۶۲	۵۱۱۳	۳۱	۸۷	۱۲۱	۸۴	۸
۲	۶	۱۰۵	-/۲۷۶	۴۲۰۳	۲۸	۸۶	۱۲۲	۸۴	۹
۴	۵	۸۴	-/۳۳۸	۳۸۱۰	۳۱	۱۰۵	۱۲۲	۸۴	۱۰
۴	۴	۲۸	-/۴۹۰	۴۷۳۰	۳۲	۱۰۷	۱۲۶	۸۶	۱۱
۱	۴	۴۶	-/۴۴۴	۴۴۶۳	۳۵	۹۸	۱۲۳	۸۶	۱۲
۴	۴	۴۱	-/۴۵۰	۴۷۳۷	۳۲	۹۶	۱۲۵	۸۴	۱۳
۳	۲	۷	-/۶۴۶	۵۸۳۳	۳۵	۹۵	۱۲۵	۸۵	۱۴
۳	۳	۲۱	-/۵۲۳	۴۹۳۷	۳۵	۹۸	۱۲۴	۸۴	۱۵
۴	۴	۳۴	-/۴۶۶	۴۸۶۷	۳۴	۸۹	۱۲۷	۸۶	۱۶
۴	۴	۵۸	-/۴۲۴	۴۱۲۰	۳۸	۹۳	۱۲۷	۸۴	۱۷
۳	۱	۱	-/۷۶۷	۶۶۴۰	۳۲	۱۰۷	۱۲۳	۸۵	۱۸
۴	۳	۱۶	-/۵۵۰	۵۲۱۷	۳۳	۱۰۰	۱۲۳	۸۴	۱۹
۱	۴	۴۳	-/۴۴۷	۴۲۸۳	۳۶	۱۰۳	۱۲۴	۸۴	۲۰
۲	۳	۲۵	-/۵۰۸	۵۲۰۳	۳۵	۸۳	۱۲۴	۸۴	۲۱
۴	۴	۵۰	-/۴۳۵	۴۸۶۰	۳۰	۹۴	۱۲۳	۸۵	۲۲
۴	۴	۶۹	-/۴۰۱	۴۴۹۳	۳۳	۹۲	۱۲۴	۸۳	۲۳
۱	۴	۴۹	-/۴۴۰	۴۵۵۳	۳۵	۹۳	۱۲۳	۸۴	۲۴
۱	۴	۶۳	-/۴۱۲	۴۱۱۰	۳۷	۹۲	۱۱۷	۸۲	۲۵
۱	۴	۴۸	-/۴۴۰	۴۳۱۳	۳۶	۹۹	۱۲۰	۸۲	۲۶
۲	۶	۱۰۶	-/۲۵۶	۴۱۷۳	۲۶	۸۵	۱۲۲	۸۱	۲۷
۴	۵	۸۷	-/۳۲۹	۴۱۷۳	۳۱	۹۲	۱۲۶	۸۳	۲۸
۱	۴	۶۷	-/۴۰۲	۴۰۹۰	۳۶	۹۵	۱۲۴	۸۴	۲۹
۲	۵	۸۹	-/۳۲۸	۴۰۸۷	۳۴	۸۳	۱۲۴	۸۵	۳۰
۴	۴	۶۲	-/۴۱۵	۴۵۹۷	۳۴	۸۹	۱۲۵	۸۶	۳۱
۴	۵	۸۰	-/۳۵۲	۴۲۷۳	۲۸	۱۰۲	۱۲۳	۸۴	۳۲
۱	۵	۷۹	-/۳۶۲	۳۸۷۳	۳۳	۱۰۳	۱۲۰	۸۳	۳۳
۱	۳	۲۶	-/۵۰۷	۴۵۵۳	۳۶	۱۰۸	۱۲۳	۸۱	۳۴
۴	۴	۳۵	-/۴۶۳	۴۸۵۷	۳۰	۱۰۱	۱۲۴	۸۳	۳۵
۴	۵	۸۱	-/۳۵۰	۳۹۵۷	۳۴	۹۵	۱۲۵	۸۵	۳۶
۱	۵	۷۵	-/۳۷۵	۴۱۲۰	۳۶	۸۹	۱۲۳	۸۴	۳۷
۴	۶	۱۰۳	-/۲۷۸	۳۴۴۰	۳۴	۹۱	۱۲۵	۸۴	۳۸
۱	۵	۹۴	-/۳۱۳	۳۵۳۰	۳۳	۱۰۱	۱۲۳	۸۳	۳۹
۴	۴	۳۳	-/۴۷۲	۴۶۰۷	۳۲	۱۰۸	۱۲۳	۸۶	۴۰
۴	۳	۱۷	-/۵۴۹	۵۰۱۷	۳۴	۱۰۵	۱۲۳	۸۶	۴۱

جدول ۷- ادامه

تجزیه کلاستر	شاخص SIIG			YLD (کیلوگرم در هکتار)	TKW (گرم)	PLH (سانتی‌متر)	DMA (روز)	DHE (روز)	شماره لاین‌ها
	گروه	رتبه	SIIG						
۴	۴	۴۲	۰/۴۴۸	۴۵۶۰	۳۱	۱۰۶	۱۲۴	۸۵	۴۲
۴	۴	۲۹	۰/۴۸۰	۵۰۳۷	۲۹	۱۰۲	۱۲۴	۸۶	۴۳
۳	۳	۱۸	۰/۵۳۹	۴۸۲۵	۳۸	۱۰۰	۱۲۳	۸۴	۴۴
۴	۵	۷۶	۰/۳۷۳	۳۸۴۷	۳۷	۹۴	۱۲۶	۸۵	۴۵
۴	۳	۱۹	۰/۵۳۳	۵۱۵۳	۲۹	۱۱۲	۱۲۷	۸۵	۴۶
۲	۶	۹۹	۰/۲۸۸	۴۰۶۰	۳۰	۸۹	۱۲۳	۸۱	۴۷
۴	۵	۸۲	۰/۳۴۹	۴۴۲۰	۲۵	۱۰۰	۱۲۲	۸۳	۴۸
۲	۵	۷۳	۰/۳۸۶	۴۸۵۷	۲۶	۹۰	۱۲۰	۸۰	۴۹
۴	۴	۵۷	۰/۴۲۴	۴۶۴۰	۳۰	۱۰۰	۱۲۳	۸۳	۵۰
۲	۵	۸۶	۰/۳۳۳	۴۲۹۷	۳۲	۸۳	۱۲۰	۸۴	۵۱
۲	۴	۴۵	۰/۴۴۵	۴۹۳۳	۳۴	۸۰	۱۲۴	۸۴	۵۲
۲	۴	۵۶	۰/۴۲۶	۴۵۶۷	۳۴	۹۲	۱۲۳	۸۱	۵۳
۳	۲	۳	۰/۶۹۸	۶۹۹۰	۳۲	۸۸	۱۲۰	۸۰	۵۴
۳	۳	۱۳	۰/۵۷۶	۵۲۴۷	۳۴	۱۰۱	۱۲۴	۸۵	۵۵
۲	۴	۵۲	۰/۴۳۴	۵۲۰۰	۲۸	۸۳	۱۲۲	۸۴	۵۶
۲	۴	۳۲	۰/۴۷۵	۵۲۵۰	۳۳	۷۷	۱۲۲	۸۴	۵۷
۴	۵	۷۸	۰/۳۷۰	۴۴۱۰	۳۲	۸۸	۱۲۱	۸۵	۵۸
۱	۴	۵۱	۰/۴۳۴	۴۱۷۷	۳۸	۹۴	۱۲۴	۸۶	۵۹
۴	۴	۳۱	۰/۴۷۵	۵۲۵۳	۲۵	۱۰۱	۱۲۲	۸۵	۶۰
۴	۵	۷۴	۰/۳۷۷	۴۳۰۷	۲۹	۱۰۳	۱۲۳	۸۴	۶۱
۱	۵	۸۸	۰/۳۲۹	۳۱۰۳	۳۳	۱۱۱	۱۲۳	۸۴	۶۲
۴	۵	۹۲	۰/۳۱۵	۳۳۵۰	۲۹	۱۱۲	۱۲۳	۸۵	۶۳
۴	۶	۹۷	۰/۲۹۲	۳۴۰۳	۲۸	۱۰۹	۱۲۴	۸۶	۶۴
۴	۵	۷۰	۰/۳۹۸	۴۴۸۳	۲۹	۱۰۳	۱۲۳	۸۶	۶۵
۴	۶	۱۰۷	۰/۲۵۰	۴۰۳۷	۲۵	۹۲	۱۲۴	۸۶	۶۶
۴	۶	۹۸	۰/۲۹۱	۳۸۹۰	۳۱	۹۴	۱۲۵	۸۴	۶۷
۴	۵	۷۱	۰/۳۹۷	۴۵۱۷	۳۰	۹۹	۱۲۳	۸۲	۶۸
۴	۳	۱۴	۰/۵۶۰	۵۲۵۷	۳۰	۱۱۰	۱۲۳	۸۴	۶۹
۳	۳	۲۳	۰/۵۰۹	۴۴۵۰	۳۹	۱۰۳	۱۲۴	۸۴	۷۰
۱	۴	۵۵	۰/۴۲۸	۴۴۰۳	۳۳	۱۰۱	۱۲۳	۸۴	۷۱
۴	۶	۱۰۲	۰/۲۸۰	۳۸۵۳	۳۰	۹۵	۱۲۴	۸۵	۷۲
۴	۳	۲۴	۰/۵۰۸	۴۹۷۳	۳۲	۱۰۳	۱۲۳	۸۴	۷۳
۲	۴	۶۸	۰/۴۰۲	۴۳۱۷	۳۴	۹۳	۱۲۳	۸۱	۷۴
۴	۶	۱۰۸	۰/۱۴۹	۳۳۸۳	۲۶	۹۰	۱۲۴	۸۴	۷۵
۱	۲	۱۰	۰/۶۲۱	۵۵۲۳	۳۲	۱۰۹	۱۲۰	۸۳	۷۶
۱	۵	۹۰	۰/۳۲۵	۳۸۹۰	۳۲	۹۶	۱۲۲	۸۴	۷۷
۴	۶	۱۰۱	۰/۲۸۲	۴۰۸۷	۳۰	۸۸	۱۲۶	۸۶	۷۸
۴	۵	۸۳	۰/۳۴۵	۴۴۳۰	۳۱	۸۵	۱۲۶	۸۳	۷۹
۴	۴	۶۱	۰/۴۱۵	۴۸۴۰	۳۲	۸۱	۱۲۵	۸۳	۸۰
۴	۶	۱۰۴	۰/۲۷۷	۳۷۵۳	۳۲	۹۱	۱۲۵	۸۴	۸۱
۴	۴	۶۶	۰/۴۰۳	۴۶۱۰	۳۱	۹۴	۱۲۴	۸۲	۸۲
۴	۴	۶۰	۰/۴۲۲	۴۳۶۰	۳۳	۱۰۱	۱۲۳	۸۴	۸۳

## جدول ۷- ادامه

Table 7. Continued

شماره لاین‌ها	DHE (روز)	DMA (روز)	PLH (سانتی‌متر)	TKW (گرم)	YLD (کیلوگرم در هکتار)	شاخص SIIG			تجزیه کلاستر
						SIIG	رتبه	گروه	
۸۴	۸۲	۱۲۴	۸۹	۳۴	۳۷۶۰	۰/۳۰۶	۹۵	۵	۱
۸۵	۸۲	۱۲۴	۸۶	۳۵	۵۲۱۷	۰/۵۲۲	۲۲	۳	۲
۸۶	۸۵	۱۲۴	۹۵	۳۵	۵۸۰۳	۰/۶۴۲	۹	۲	۳
۸۷	۸۵	۱۲۷	۸۹	۳۰	۴۷۸۳	۰/۴۰۶	۶۵	۴	۴
۸۸	۸۷	۱۲۹	۹۳	۳۷	۴۴۶۷	۰/۴۵۲	۳۹	۴	۴
۸۹	۸۶	۱۲۶	۹۹	۳۴	۶۰۲۷	۰/۶۷۵	۴	۲	۳
۹۰	۸۴	۱۲۷	۹۰	۳۱	۶۵۱۰	۰/۶۵۳	۶	۲	۳
۹۱	۸۴	۱۲۵	۱۰۴	۳۰	۶۱۷۰	۰/۶۷۳	۵	۲	۳
۹۲	۸۴	۱۲۴	۱۰۲	۳۱	۵۱۶۰	۰/۵۲۹	۲۰	۳	۴
۹۳	۸۵	۱۲۳	۷۹	۳۱	۴۵۰۰	۰/۳۳۷	۸۵	۵	۲
۹۴	۸۴	۱۲۵	۱۰۲	۳۴	۵۷۰۷	۰/۶۴۵	۸	۲	۳
۹۵	۸۴	۱۲۳	۹۴	۳۲	۴۸۲۰	۰/۴۵۷	۳۸	۴	۴
۹۶	۸۶	۱۲۴	۱۱۷	۳۰	۴۲۴۷	۰/۴۳۳	۵۳	۴	۴
۹۷	۸۶	۱۲۴	۱۱۳	۳۲	۴۱۱۳	۰/۴۲۳	۵۹	۴	۴
۹۸	۸۳	۱۲۳	۱۰۷	۳۱	۴۷۰۷	۰/۴۷۷	۳۰	۴	۴
۹۹	۸۳	۱۲۲	۱۰۵	۳۵	۴۹۳۷	۰/۵۵۲	۱۵	۳	۱
۱۰۰	۸۲	۱۲۳	۹۰	۳۰	۴۲۰۷	۰/۳۱۴	۹۳	۵	۲
۱۰۱	۸۴	۱۲۲	۱۰۳	۳۳	۳۰۰۳	۰/۲۸۶	۱۰۰	۶	۱
۱۰۲	۸۴	۱۲۰	۱۰۵	۳۶	۳۴۸۰	۰/۳۷۰	۷۷	۵	۱
۱۰۳	۸۶	۱۲۲	۱۰۷	۲۹	۳۴۸۷	۰/۲۹۸	۹۶	۶	۴
۱۰۴	۸۴	۱۲۴	۹۵	۳۰	۵۲۹۷	۰/۵۰۵	۲۷	۳	۴
۱۰۵	۸۴	۱۲۰	۹۶	۳۶	۴۵۴۳	۰/۴۶۱	۳۷	۴	۱
۱۰۶	۸۲	۱۲۰	۹۵	۳۴	۴۵۲۷	۰/۴۲۲	۵۴	۴	۱
۱۰۷	۸۶	۱۲۳	۹۹	۳۴	۴۵۵۰	۰/۴۵۱	۴۰	۴	۱
۱۰۸	۸۶	۱۲۵	۹۵	۳۳	۴۴۸۷	۰/۴۰۹	۶۴	۴	۴

DHE: تعداد روز تا گل‌دهی؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TKW: وزن هزار دانه؛ YLD: عملکرد دانه

## جدول ۸- گروه‌بندی لاین‌های جو براساس شاخص SIIG و میانگین صفات مورفو-فونولوژیک در هر گروه

Table 8. Grouping of barley lines based on SIIG index and mean of morpho-phonological different traits in each group

شاخص SIIG					گروه		تعداد لاین		میانگین گروه‌ها	
YLD	TKW	PLH	DMA	DHE						
(کیلوگرم در هکتار)	(گرم)	(سانتی‌متر)	(روز)	(روز)						
۶۱۵۲	۳۶	۱۱۳	۱۲۴	۸۴	۲	۱	$0.7 \leq SIIG < 0.8$			
۶۰۷۰	۳۳	۹۸	۱۲۴	۸۴	۸	۲	$0.6 \leq SIIG < 0.7$			
۵۰۶۳	۳۴	۱۰۰	۱۲۴	۸۴	۱۷	۳	$0.5 \leq SIIG < 0.6$			
۴۵۹۸	۳۳	۹۶	۱۲۳	۸۴	۴۲	۴	$0.4 \leq SIIG < 0.5$			
۴۰۷۱	۳۲	۹۵	۱۲۳	۸۴	۲۶	۵	$0.3 \leq SIIG < 0.4$			
۳۷۵۲	۲۹	۹۴	۱۲۴	۸۴	۱۳	۶	$0.2 \leq SIIG < 0.3$			

DHE: تعداد روز تا گل‌دهی؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TKW: وزن هزار دانه؛ YLD: عملکرد دانه

## جدول ۹- تجزیه واریانس، گروه‌بندی لاین‌های جو براساس تجزیه خوشه‌ای و مقایسه میانگین صفات مورفو-فونولوژیک در هر گروه

Table 9. ANOVA analysis, grouping of barley lines based on cluster analysis and mean comparison of morpho-phonological different traits in each group

میانگین گروه‌ها						تعداد لاین‌ها	گروه‌ها
SIIG	YLD (کیلوگرم در هکتار)	TKW (گرم)	PLH (سانتی‌متر)	DMA (روز)	DHE (روز)		
۰/۴۱۷b	۴۱۸۱c	۳۵a	۱۰۰a	۱۲۲b	۸۴bc	۲۴	۱
۰/۲۸۳b	۴۵۷۸b	۳۲b	۸۶b	۱۲۳b	۸۳c	۱۸	۲
۰/۶۳۱a	۵۶۹۶a	۳۲a	۱۰۰a	۱۲۴a	۸۴ab	۱۵	۳
۰/۴۰۳b	۴۴۴۱bc	۳۱b	۹۹a	۱۲۴a	۸۵a	۵۱	۴
میانگین مربعات						درجه آزادی	منابع تغییرات
۰/۰۸۳**	۷۸۲۳۸۶۳**	۱۰۰/۹**	۸۸۵/۱**	۳۶/۳۳**	۱۲/۹۸**	۳	بین گروه‌ها
۰/۰۰۶۹	۳۱۰۹۶۹	۵۲/۸۹	۵۲/۰۸	۲/۵۲	۱/۷۰	۱۰۴	درون گروه‌ها

در هر ستون میانگین‌هایی که دارای حروف مشترک هستند، براساس آزمون دانکن تفاوت معنی‌داری با هم ندارند

\*: معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪

DHE: تعداد روز تا گل‌دهی؛ DMA: تعداد روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع بوته؛ TKW: وزن هزار دانه؛ YLD: عملکرد دانه

**تشکر و قدردانی**

صفات مورد بررسی همکاری مفید و موثری داشته‌اند تشکر و قدردانی می‌شود.

از همه همکاران مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی فارس (ایستگاه داراب) که نسبت به اجرا و یادداشت‌برداری

**منابع**

1. Abdollahi Hesar, A., O. Sofalian, B. Alizadeh, H. Zali and A. Asghari. 2021. Investigation of frost stress tolerance in some promising rapeseed genotypes. Agricultural Science and Sustainable production, In press (In Persian).
2. Abdollahi Hesar, A., O. Sofalian, B. Alizadeh, A. Asghari and H. Zali. 2020. Evaluation of some autumn canola genotypes based on agronomy traits and SIIG index. Journal of Crop Breeding, 12(34): 93-104 (In Persian).
3. Ahmadi, K., H.R. Ebadzadeh, F. Hatami, H. Aboshah and A. Kazemian. 2019. Agricultural statistics. Ministry of Agriculture-Jahad, Vol. 1. 95 pp (In Persian).
4. Al-Abdallat, A.M., A. Karadsheh, N.I. Hadadd, M.W. Akash, S. Ceccarelli, M. Baum, M. Hasan, A. Jighly and J.M. Abu Elenein. 2017. Assessment of genetic diversity and yield performance in Jordanian barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces grown under rainfed conditions. BMC Plant Biology, 19(1): 1-13.
5. Barati, A., I. Lakzadeh, M. Jabbari, O. Poudineh, J. Alt Jafarby, H. Khanzadeh Ghara Aghajlosofla and M. Kheirgo. 2020. Selection of barley genotypes for warm regions of Iran using stability statistics and AMMI analysis. Seed and Plant Journal, 36(2): 223-240 (In Persian).
6. Casagrande, C.R., H.C. Mezzomo, C.D. Cruz, A. Borém and M. Nardino. 2020. Choosing parent tropical wheat genotypes through genetic dissimilarity based on REML/BLUP. Crop Breeding and Applied Biotechnology, 20(3): 1-10.
7. Emami, S., A. Asghari, H. Mohammaddoust Chamanabad, A. Rasoulzadeh and E. Ramzi. 2019. Evaluation of osmotic stress tolerance in durum wheat (*Triticum durum* L.) advanced lines. Environmental Stresses in Crop Sciences, 12(3): 697-707 (In Persian).
8. Dowlatshah, A., A. Ismaili, H. Ahmadi, K. Khademi and D. Goudarzi. 2021. Evaluation of genetic diversity and estimation of heritability and genetic correlation using REML for different traits in grass Pea (*Lathyrus sativus* L.) Genotype. Plant Genetic Researches, 7(2): 145-162 (In Persian).
9. Drikvand, R., K. Samiei and T. Hossinpoor. 2011. Path coefficient analysis in hull-less barley under rainfed condition. Australian Journal of Basic and Applied Sciences, 5: 277-279.
10. Jalata, Z., A. Ayana and H. Zeleke. 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.
11. FAO. 2019. Statistical data. www. Fao. org/faostat.
12. Ferreira, J.R., J.F. Pereira, C. Turchetto, E. Minella, L. Consoli and C. A. Delatorre. 2016. Assessment of genetic diversity in Brazilian barley using SSR markers. Genetics and molecular biology, 39(1): 86-96.
13. Ghimire, N.H. and P.M. Mahat. 2019. Variability, heritability and genetic advance of advanced breeding lines of barley (*Hordeum vulgare* L.) under mountain environment of Nepal. International Journal of Advanced Research in Biological Sciences, 6(11): 34-42.
14. Giraldo, P., C. Royo, M. González, J.M. Carrillo and M. Ruiz. 2016. Genetic diversity and association mapping for agromorphological and grain quality traits of a structured collection of durum wheat landraces including subsp. *durum*, *turgidum* and *diccocon*. Plos One, 11(11): 1-24.
15. Holland, J.B. 2006. Estimating genotypic correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc MIXED. Crop Science, 46: 642-654.
16. Katiyar, A., A. Sharma, S. Singh, A. Srivastava and S.R. Vishwakarma. 2020. A study on genetic variability and heritability in barley (*Hordeum vulgare* L.). International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences, 9(110): 243-247.
17. Mohammadi, S.A. and B.M. Prasanna. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants- Salient statistical tools and considerations. Crop Science, 43: 1235-1248.
18. Mohtashmi, R. 2015. The correlation study of important barley agronomic traits and grain yield by path analysis. Biological Forum – An International Journal, 7: 1211-1219.
19. Najafi Mirak, T., M. Dastfal, B. Andarzian, H. Farzadi, M. Bahari and H. Zali. 2018. Stability analysis of grain yield of durum wheat promising lines in warm and dry areas using parametric and non-parametric methods. Journal of Crop Production and Processing, 8(2): 79-96 (In Persian).
20. Ramzi, E., A. Asghari, S. Khomari and H.M. Chamanabad. 2018. Investigation of durum wheat (*Triticum turgidum* L. subsp. *Durum Desf*) lines for tolerance to aluminum stress condition. Journal of Crop Breeding, 10(25): 63-72 (In Persian).
21. Resende, M.D.V. 2016. Software Selegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. Crop Breeding of Applied Biotechnology, 16: 330-339.

22. Resende, M.D.V. 2004. Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo, Embrapa Florestas. Embrapa Florestas, Colombo, PR.
23. Rodríguez, F., G. Alvarado, Á. Pacheco and J. Burgueño. 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
24. Tahmasebi, S., M. Dastfal, H. Zali and M. Rajaei. 2018. Drought tolerance evaluation of bread wheat cultivars and promising lines in warm and dry climate of the south. *Cereal Research*, 8(2): 209-225 (In Persian).
25. Yagoutipour, A., E. Farshadfar and M. Saeedi. 2017. Assessment of durum wheat genotypes for drought tolerance by suitable compound method. *Environmental Stress in Crop Sciences*, 10(2): 247-256 (In Persian).
26. Zali, H., O. Sofalian, T. Hasanloo, A. Asghari and S.M. Hoseini. 2015. Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method. *Biological Forum – An International Journal*, 7(2): 703-711.
27. Zali, H., O. Sofalian, T. Hasanloo, A. Asghari and M. Zeinalabedini. 2017. Appropriate strategies for selection of drought tolerant genotypes in canola. *Journal of Crop Breeding*, 78(20): 77-90 (In Persian).
28. Zali, H. and 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 (In Persian).
29. Zeng, X.Q. 2015. Genetic variability in agronomic traits of a germplasm collection of hullless barley. *Genetics and Molecular Research*, 14(4): 18356-18369.

## Evaluation of Variation at Barley Inbred Lines (*Hordeum vulgare* L.) using SIIG Index

Hassan Zali<sup>1</sup>, Ali Barati<sup>2</sup> and Mehdi Jabari<sup>3</sup>

1- Assistant Professor and Resarcher Instructor Crop and Horticultural Science Research Department, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran, (Corresponding author: HZali90@yahoo.com)

2- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Department, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

3- Assistant Professor and Resarcher Instructor Crop and Horticultural Science Research Department, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran

Received: May 28, 2021

Accepted: June 21, 2021

### Abstract

Genetic diversity is the base for survival of plants in nature and for crop improvement. Diversity in plant genetic resources provides opportunity for plant breeders to identify new and improved cultivars with desirable characteristics. In order to study the variation of barley inbred lines using the selection index of ideal genotype (SIIG), 108 pure lines in the non-repeating Augment design with four controls in three blocks were evaluated in the farm of Darab Agricultural and Natural Resources Research Station in cropping year of 2017-18. The results of ANOVA showed a significant difference among studied lines for all traits (except for the days to flowering) which indicated the existence of variation among the lines. The results of REML analysis showed that, the lowest heritability of traits was related to 1000-kernel weight (0.001) and the highest heritability was related to days to maturity and days to flowering (0.79 and 0.77), respectively. The results of the SIIG index indicated that line 18 with the highest SIIG (0.767) was the best and line 75 with the lowest SIIG (0.149) was the weakest line in this study. In order to evaluate the efficiency of SIIG index in selecting the best lines for grain yield, 1000 kernal weight and plant height, the lines were grouped according to SIIG index in 6 categories. The results showed that as the amount of SIIG index decreased, grain yield, 1000 kernal weight and plant height were also decreased, but there was no significant change in the days to flowering and days to maturity. Also, the results of grouping of lines based on SIIG showed that the average grain yield of groups 1, 2 and 3 was higher than the average yield of the three controls: Nimroz, Auxin and WB-94-4. Also, there was relative conformity between the SIIG index and cluster analysis in this study. This research showed that the SIIG index was able to categorize the genotypes according to the three traits of grain yield, 1000 kernal weight and plant height, simultaneously.

**Keywords:** Blup, Cluster analysis, Morpho-phonological traits, REML