Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 17, Issue 4, 2025 p: 44-54

OPEN ACCESS

Research Paper

Studying the Genetic Diversity of Barley Germplasm by Analyzing Agronomic Traits to Identify Superior Genotypes

Mostafa Haghpanah[1] and Behrouz Vaezi[2]

1- Dryland Agricultural Research Institute (DARI), Agriculture Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gachsaran, Iran

2- Dryland Agricultural Research Institute (DARI), Agriculture Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gachsaran, Iran (Corresponding author: bvaezi2009@gmail.com)

Received: 06 April, 2025 Revised: 25 July, 2025 Accepted: 28 August, 2024

Extended Abstract

Background: Barley (*Hordeum vulgare* L.) is recognized as one of the world's most significant cereals, playing a crucial role in providing both human food and animal feed. Its importance is particularly pronounced in low-precipitation regions, given its considerable resilience to environmental stresses, notably drought. With ongoing climate change and the constraints on water resources, the identification and development of barley cultivars suited to dryland conditions are considered essential. This research aimed to investigate the genetic diversity of 90 selected barley genotypes from the germplasm sourced from the International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA), along with two control cultivars (Fardan and Rasta), under dryland conditions. This investigation was undertaken to identify superior genotypes exhibiting high yields and favorable agronomic traits for utilization in breeding programs and the development of cultivars adapted to water-scarce conditions. Given the strategic role of barley as a crop in many developing nations, the enhancement of its yield and production stability is seen as potentially contributing significantly to food security in these regions. By focusing on the evaluation of genetic diversity present in barley germplasm, this study seeks to identify valuable genetic resources that may be employed in the development of drought-resistant and high-yielding cultivars. Ultimately, the results of this research can hopefully contribute to improving the livelihoods of farmers and enhancing productivity in low-precipitation areas.

Methods: The study was conducted at the Gachsaran Agricultural Research and Education Campus (National Dryland Site) in the warm and dry climate of southwestern Iran during the 2023-2024 cropping season. Ninety barley genotypes and two control cultivars (Fardan and Rasta) were evaluated using an augmented design with a randomized complete block design (RCBD) based on nine blocks. Each block consisted of 12 experimental plots. Each plot comprised six rows, each seven meters long, with a row spacing of 17.5 cm. Morphological and phenological traits, including days to heading emergence, days to grain physiological maturity, plant height, spike length, awn length, peduncle length, the number of grains per spike, thousand-grain weight, and grain yield, were measured throughout the growing season. Standard methods and precision instruments were employed for data collection to ensure data reliability and validity. Variance analysis for the control cultivars was conducted based on the RCBD. The mean for each trait in the genotypes was corrected utilizing the results of the variance analysis and the augmented design model. Cluster analysis was conducted using the Euclidean distance method and Ward's clustering algorithm, employing R software and associated statistical packages. Trait correlations were calculated using Pearson's method. In addition, the online software jvenn.toulouse.inra.fr was used to construct a Venn diagram to identify genotypes exhibiting superior traits.

Results: The results of the variance analysis revealed significant differences among the control genotypes in the agronomic traits, *viz*., days to grain physiological maturity, plant height, peduncle length, number of grains per spike, and thousand-grain weight at the 1% probability level. Furthermore, the block effect was significant only for the days to grain physiological maturity and plant height traits at the 1% probability level. Following trait value correction, descriptive statistics analysis indicated that the highest coefficient of variation was observed in the number of grains per spike trait, demonstrating the extensive diversity of this trait among the genotypes. The trait days to grain physiological maturity exhibited the lowest coefficient of

Copyright ©2025. Haghpanah and Vaezi. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution-Non-Commercial 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.

variation. Grain yield assessment showed a considerable coefficient of variation among the genotypes. The lowest and highest values for this trait were observed in genotypes G102 and G96, respectively. The mean grain yield among the genotypes was estimated at 4205.8 kg/ha. Cluster analysis using the measured traits based on the Euclidean distance coefficient and Ward's clustering algorithm revealed that the investigated 92 barley genotypes and cultivars could be distinguished into four distinct clusters. The highest mean grain yield among the clusters was observed in cluster four. Correlation analysis results demonstrated a significant positive correlation between plant height with peduncle length and spike length. A significant negative correlation was observed between the number of grains per spike and thousand-grain weight.

Conclusion: The results of this study indicate considerable genetic diversity among the barley genotypes, which may be used as valuable germplasm in subsequent breeding studies. Among the high-yielding genotypes, however, four genotypes (G99, G63, G103, and G19) were identified as possessing four desirable traits (plant height, the number of grains per spike, spike length, and peduncle length), and genotype G33 was identified as possessing all five desirable traits, making them the most suitable genotypes for further study. Therefore, these genotypes may be used in the development of high-yielding cultivars adapted to dryland conditions. These findings may contribute to improving barley yield in low-precipitation areas and increasing production stability in adverse environmental conditions. Finally, this research demonstrates that the use of multivariate statistical methods and rigorous analyses can aid in identifying superior genotypes and selecting suitable parents for breeding programs. This may lead to accelerating the production of new cultivars adapted to various environmental conditions.

Keywords: Augmented Design, Cluster Analysis, Correlation Analysis, Multivariate Analysis, and Venn Diagram

How to Cite This Article: Haghpanah, M., & Vaezi, B. (2025). Studying the Genetic Diversity of Barley Germplasm by Analyzing Agronomic Traits to Identify Superior Genotypes. *J Crop Breed,* 17(4), 44-54. DOI: 10.61882/jcb.2025.1606

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

مقاله پژوهشی

بررسی تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم جو با استفاده صفات زراعی جهت شناسایی ژنوتیپ‌های برتر

مصطفی حق پناه[۱] و بهروز واعظی[۲]

۱- مرکز تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی کهگیلویه و بویراحمد (ARREO)، موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، گچساران، ایران
۲- مرکز تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی کهگیلویه و بویراحمد (ARREO)، موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، گچساران، ایران، (نویسنده مسوول: bvaezi2009@gmail.com)

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۱/۱۷ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۴/۰۵/۰۳ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۶/۰۶
صفحه ۴۴ تا ۵۴

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: جو با نام علمی *Hordeum vulgare* L به‌عنوان یکی از مهم‌ترین غلات در سطح جهان نقش به‌سزایی در تامین غذای انسان و خوراک دام دارد. این گیاه به‌دلیل مقاومت نسبی به تنش‌های محیطی، به‌ویژه خشکی، در مناطق کم‌بارش از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. با توجه به تغییرات اقلیمی و محدودیت منابع آبی، شناسایی و توسعه ارقام جوی سازگار با شرایط دیم، امری ضروری به نظر می‌رسد. هدف از این پژوهش، بررسی تنوع ژنتیکی ۹۰ ژنوتیپ انتخابی از ژرم‌پلاسم جو ارسالی از مرکز بین‌المللی تحقیقات کشاورزی در مناطق خشک (ICARDA) به‌همراه دو رقم شاهد (فردان و رستا) در شرایط دیم بود. این بررسی با هدف شناسایی ژنوتیپ‌های برتر با عملکرد بالا و صفات زراعی مطلوب، به‌منظور استفاده در برنامه‌های به‌نژادی و تولید ارقام سازگار با شرایط کم‌آبی انجام شد. این تحقیق با تمرکز بر بررسی تنوع ژنتیکی موجود در ژرم‌پلاسم‌های جو، به‌دنبال شناسایی منابع ژنتیکی ارزشمندی است که می‌توانند در توسعه ارقام مقاوم به خشکی و با عملکرد بالا مورد استفاده قرار گیرند. در نهایت، نتایج این تحقیق می‌توانند به بهبود معیشت کشاورزان و افزایش بهره‌وری در مناطق کم‌بارش کمک کنند.

مواد و روش‌ها: این مطالعه در سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۳ در پردیس تحقیقات و آموزش کشاورزی گچساران (سایت ملی دیم) انجام شد. تعداد ۹۰ ژنوتیپ جو و دو رقم شاهد (فردان و رستا) در قالب طرح آگمنت با طرح پایه بلوک‌های کامل تصادفی در نه بلوک مورد ارزیابی قرارگرفتند. هر بلوک شامل ۱۲ کرت آزمایشی و هر کرت شامل شش ردیف بود. در طول فصل رشد، صفات مورفولوژیکی و فنولوژیکی مختلف شامل تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی دانه، ارتفاع بوته، طول سنبله، طول ریشک، طول پدانکل، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و عملکرد دانه اندازه‌گیری شدند. تجزیه واریانس برای ارقام شاهد براساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی انجام شد. تصحیح میانگین هر صفت در ژنوتیپ‌ها با استفاده از نتایج تجزیه واریانس و مدل طرح آگمنت انجام شد. برای تجزیه و تحلیل خوشه‌ای از روش فاصله اقلیدسی و الگوریتم خوشه‌بندی Ward با استفاده از نرم‌افزار R و بسته‌های آماری مرتبط با این تجزیه و تحلیل‌ها و برای محاسبه همبستگی بین صفات از روش پیرسون استفاده شد. همچنین، از نرم‌افزار آنلاین (jvenn.toulouse.inra.fr) برای رسم نمودار Venn diagram به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌های دارای صفات برتر استفاده گردید.

یافته‌ها: نتایج تجزیه واریانس نشان دادند که بین ژنوتیپ‌های شاهد در صفات زراعی تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی دانه، ارتفاع بوته، طول پدانکل، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد وجود داشت. همچنین، اثر بلوک فقط برای صفات تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی دانه و ارتفاع بوته در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود. پس از تصحیح مقادیر صفات، تجزیه آماره‌های توصیفی نشان داد که بیشترین ضریب تغییرات در صفت تعداد دانه در سنبله (۳۲/۶ درصد) مشاهده شد که نشان‌دهنده تنوع گسترده این صفت در بین ژنوتیپ‌ها است. صفت تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی دانه دارای کمترین میزان ضریب تغییرات بود. بررسی عملکرد دانه نشان داد که ضریب تغییرات قابل ملاحظه‌ای (۲۸/۹ درصد) در بین ژنوتیپ‌ها وجود داشت. کم‌ترین و بیشترین مقدار این صفت به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های G102 و G96 به مقدار ۱۶۹۱/۷ و ۸۱۸۷/۵ کیلوگرم در هکتار مشاهده شدند. میانگین عملکرد دانه در بین ژنوتیپ‌ها معادل ۴۲۰۵/۸ کیلوگرم در هکتار برآورد شد. تجزیه خوشه‌ای با استفاده از صفات اندازه‌گیری‌شده و بر اساس ضریب فاصله اقلیدسی و الگوریتم خوشه‌بندی Ward نشان داد که ۹۲ ژنوتیپ و رقم جو مورد بررسی در چهار خوشه مجزا قابل تفکیک مبودند. بیشترین میانگین عملکرد دانه در بین خوشه‌ها در خوشه چهارم (۶۹۵۳/۶ کیلوگرم در هکتار) مشاهده شد. نتایج تجزیه همبستگی نشان دادند که همبستگی مثبت و معنی‌داری بین ارتفاع بوته با صفات طول پدانکل (۰/۶۲) و طول سنبله (۰/۵۴) وجود داشت. همچنین، همبستگی منفی و معنی‌داری بین دو صفت تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه (۰/۴۸-) مشاهده شد.

نتیجه‌گیری: نتایج این بررسی تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای را بین ژنوتیپ‌های جو نشان دادند و این ژنوتیپ‌ها می‌توانند به‌عنوان ژرم‌پلاسم ارزشمند در مطالعات به‌نژادی بعدی مورد استفاده قرارگیرند. با این حال، بین ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا (بیش از ۴۰۰۰ کیلوگرم در هکتار)، چهار ژنوتیپ G99، G63، G103 و G19 دارای چهار صفت مطلوب (ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله و طول پدانکل) و ژنوتیپ G33 در هر پنج صفت مطلوب، به‌عنوان مناسب‌ترین ژنوتیپ‌ها برای مطالعات بعدی شناسایی شدند. بنا بر این، می‌توان از این ژنوتیپ‌ها در توسعه ارقام با عملکرد بالا و سازگار با شرایط دیم استفاده کرد. این یافته‌ها می‌توانند به بهبود عملکرد جو در مناطق کم‌بارش و افزایش پایداری تولید در شرایط نامساعد محیطی کمک کنند. در نهایت، این تحقیق نشان می‌دهد که استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره و تجزیه و تحلیل‌های دقیق می‌تواند به شناسایی ژنوتیپ‌های برتر و انتخاب والدین مناسب برای برنامه‌های به‌نژادی کمک کند. این امر می‌تواند به تسریع فرآیند تولید ارقام جدید و سازگار با شرایط محیطی مختلف منجر شود.

واژه‌های کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، تجزیه همبستگی، چندمتغیره و طرح آگمنت

مقدمه

جو (*Hordeum vulgare* L.) یکی از مهم‌ترین گیاهان خانواده غلات است که در بسیاری از مناطق خشک و نیمه‌خشک جهان کشت می‌شود. این گیاه یکی از مهم‌ترین محصولات غذایی و خوراکی است که از نظر اهمیت اقتصادی پس از گندم، برنج و ذرت در رتبه چهارم قرار دارد (Zali & Pour-Aboughadareh, 2023). با توجه به چالش‌های موجود در تغییرات اقلیمی، کمبود منابع آبی و کاهش کیفیت خاک، افزایش عملکرد و بهبود کیفیت جو از اهمیت بالایی برخوردار است. در این راستا، بهره‌گیری از تنوع ژنتیکی موجود

در جمعیت‌های مختلف جو می‌تواند راه حلی مؤثر برای مقابله با این چالش‌ها و بهبود عملکرد در شرایط مختلف اقلیمی باشد (Visioni *et al*., 2023).

شناخت و استفاده از تنوع ژنتیکی موجود در ژرم‌پلاسم‌های گیاهی یکی از اساسی‌ترین ارکان در موفقیت برنامه‌های به‌نژادی گیاهان است. تنوع موجود در ژرم‌پلاسم می‌تواند برای شناسایی و انتخاب والدین برتر جهت ایجاد ارقام جدید با ویژگی‌های مطلوب مورد استفاده قرار گیرد (Haghpanah *et al*., 2015). شناسایی و بهره‌برداری از تنوع ژنتیکی در صفات مختلف جو، مانند ارتفاع بوته (PLH)، تعداد دانه در سنبله (GS)، وزن هزار دانه (TGW) و طول سنبله (SPL) می‌توانند به‌طور قابل‌توجهی به افزایش عملکرد دانه کمک کنند (Hu *et al*., 2021). این امر به‌ویژه در تولید ارقامی که در مناطقی که با محدودیت منابع آب و خاک مواجه هستند، بسیار مهم است. بهبود کارآیی مصرف آب و افزایش تحمل به تنش‌های محیطی می‌تواند از اولویت‌های اصلی در به‌نژادی جو باشد (Cai *et al*., 2020). از این‌رو، بررسی ژرم‌پلاسم جو در شرایط دیم یک استراتژی مهم در شناخت ژنوتیپ‌های سازگار به کم‌آبی محسوب می‌شود.

روش‌های آماری چند متغیره، مانند تجزیه خوشه‌ای و تجزیه همبستگی، به‌طور گسترده‌ای برای ارزیابی تنوع ژنتیکی و بررسی روابط بین صفات زراعی در گیاهان مختلف استفاده می‌شوند (Haghpanah *et al*., 2018; Mirabadi *et al*., 2018). این روش‌ها به محققان این امکان را می‌دهند که نه تنها تفاوت‌های بین ژنوتیپ‌ها را در صفات مختلف شناسایی کنند، بلکه روابط پیچیده میان صفات مختلف را نیز بررسی و ژنوتیپ‌های برتر را برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی انتخاب کنند (Angassa & Mohammed, 2021). نتایج مطالعات متعددی که در زمینه تنوع ژنتیکی جو و سایر غلات انجام شده‌اند، نشان داده‌اند که صفات مختلفی مانند عملکرد دانه، طول سنبله، وزن هزار دانه و تعداد دانه در سنبله به‌طور قابل‌توجهی در ژنوتیپ‌های مختلف تفاوت دارند (Farjam Hajiagha *et al*., 2019; Kaur *et al*., 2022). به‌عنوان مثال، در ارزیابی تنوع ژنتیکی ۶۷۷۸ توده ژرم‌پلاسم جو متعلق به بانک ژن ملی هند، طیف وسیعی از تنوع در صفاتی مانند تعداد روز تا گلدهی، ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه قابل مشاهده است (Kaur *et al*., 2022). همچنین، ارزیابی تنوع ژنتیکی ۱۸ توده خالص جو بر اساس خصوصیات مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی نشان داد که در میان صفات مورد مطالعه، عملکرد دانه بیشترین انحراف استاندارد در میان صفات مورد بررسی داشت و تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی در آن مطالعه را به سه گروه تقسیم کرد (Farjam Hajiagha *et al*., 2019). در مطالعه‌ای دیگر، ارزیابی ویژگی‌های زراعی–مورفولوژیکی ۲۶۲ لاین بومی جو دوردیفه موجود در بانک ژن Osman Tosun کشور ترکیه نشان داد که تفاوت‌های قابل توجهی در صفات مورفولوژیکی ژنوتیپ‌ها به‌ویژه در صفاتی نظیر ارتفاع گیاه، طول سنبله و وزن هزار دانه وجود داشتند. تجزیه خوشه‌ای نیز وجود منابع ژنتیکی متنوع در ژرم‌پلاسم مورد بررسی را تایید کرد (Benlioglu *et al*., 2024). بررسی تنوع ژنتیکی ۷۲ ژنوتیپ جو بر اساس ۱۰ صفت مورفولوژیکی نشان داد که بیشترین ضریب تغییرات مربوط به عملکرد دانه و کمترین آن مربوط به روز تا رسیدگی بودند. تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های جو را به هشت خوشه تقسیم کرد (Kumar *et al*., 2021).

با توجه به ضرورت تولید ارقام سازگار به کشت دیم، هدف از این تحقیق بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف جو با استفاده از صفات مختلف زراعی است. نتایج این مطالعه می‌توانند اطلاعات ارزشمندی در مورد ژرم‌پلاسم موجود برای اصلاح و کشت جو در مناطق کم بارش جنوب کشور بویژه نواحی گرمسیری استان کهگیلویه و بویر احمد فراهم کنند.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه، ۹۰ ژنوتیپ جو انتخاب شده از خزانه‌های بین‌المللی ارسالی از ICARDA، با عنوان International Barley Observation Nursery (IBON) و International Barley Yield Trial (IBYT) در قالب طرح آگمنت با طرح پایه بلوک کامل تصادفی در نه بلوک (هر بلوک شامل ۱۲ کرت آزمایشی) به همراه دو شاهد رقم فردان و رستا که توسط موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور معرفی شده‌اند، در سال زراعی ۰۳-۱۴۰۲ در پردیس تحقیقات و آموزش کشاورزی گچساران و سایت ملی دیم در منطقه گرم و خشک جنوب‌غربی ایران مورد بررسی قرار گرفتند. تاریخ کاشت براساس وقوع بارندگی موثر در هفته اواخر آذرماه انجام شد (Namdari *et al*., 2022). خاک محل مورد آزمایش دارای بافت لومی سیلتی با اسیدیته ۷، ماده آلی کمتر از یک درصد و میانگین بارندگی بلندمدت ۴۳۴ میلی‌متر بودند. هر کرت آزمایشی شامل شش ردیف به‌طول هفت متر با فاصله ردیف ۱۷/۵ سانتی‌متر بود. در طول فصل رشد، صفات مورفولوژیکی و فنولوژیکی شامل تعداد روز تا ظهور سنبله (DHE)، تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی دانه (DMA)، ارتفاع بوته (PLH) به سانتی‌متر، طول سنبله (SPL) به سانتی‌متر، طول ریشک (AWNI) به سانتی‌متر، طول پدانکل (PEDL) به سانتی‌متر، تعداد دانه در سنبله (GS)، وزن هزار دانه (TGW) به گرم و عملکرد دانه (YLD) به کیلوگرم در هکتار اندازه‌گیری شدند. تجزیه واریانس برای شاهدها بر اساس طرح بلوک کامل تصادفی با استفاده از نرم‌افزار InfoStat ver2018 انجام شد (Haghpanah *et al*., 2023). اثر بلوک‌ها بر اساس اختلاف میانگین شاهدها در هر بلوک نسبت به میانگین کل شاهدها با استفاده از نرم‌افزار Excel 2018 تصحیح شد (Aswani *et al*., 2023). تجزیه و تحلیل خوشه‌ای با استفاده از روش فاصله اقلیدسی و الگوریتم خوشه‌بندی Ward براساس مقادیر صفات زراعی برای ارزیابی تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها با استفاده از نرم‌افزار R و بسته‌های آماری dynamicTreeCut، colorspace و dendextend انجام شد. همبستگی صفات با استفاده از روش پیرسون و نرم‌افزار R محاسبه شد. در نهایت از نرم‌افزار آنلاین (jvenn.toulouse.inra.fr) جهت رسم Vann Diagram

برای شناسایی ژنوتیپ‌های دارای همپوشانی در صفات مهم استفاده گردید (Bardou *et al*., 2014).

نتایج و بحث

در این مطالعه، بررسی یکنواختی زمین زراعی با استفاده از تجزیه واریانس برای شاهدها نشان داد که بین ژنوتیپ‌های شاهد در صفات زراعی تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی دانه، ارتفاع بوته، طول پدانکل، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد وجود داشت. همچنین این نتایج حاکی از معنی‌دار بودن اثر بلوک فقط برای صفات تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی دانه و ارتفاع بوته در سطح احتمال یک درصد بودند و در مابقی صفات بلوک‌بندی معنی‌دار نبود (جدول ۱). تصحیح میانگین هر صفت در ژنوتیپ‌ها با استفاده از نتایج تجزیه واریانس (Mse و dfe) و مدل طرح آگمنت (تصحیح مقدار صفات هر ژنوتیپ در بلوک‌های مختلف نسبت اختلاف میانگین‌های شاهدها از میانگین کل شاهدها) انجام شد. پس از تصحیح مقادیر صفات، تجزیه آماره‌های توصیفی شامل میانگین، انحراف معیار، حداکثر، حداقل و ضریب تغییرات نشان داد که بیشترین ضریب تغییرات در صفت تعداد دانه در سنبله (۳۲/۶ درصد) مشاهده شد (جدول ۲) که حاکی از تنوع گسترده این صفت در بین ژنوتیپ‌ها است (Kaur *et al*., 2022). صفت تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی دانه دارای کمترین میزان ضریب تغییرات بود. یکی از اهداف مهم پروژه‌های به‌نژادی در چند دهه اخیر، تاکید بر زودرسی گیاهان زراعی بوده است. از این‌رو، با انتخاب، توسعه و مشارکت ژنوتیپ‌های زودرس در برنامه‌های اصلاحی، تنوع الل‌های کنترل‌کننده این صفت در مخازن ژنتیکی برنامه‌های به‌نژادی کاهش می‌یابد (Li *et al*., 2021).

جدول ۱- تجزیه واریانس صفات مختلف ارقام شاهد جو (فردان و رستا)

Table 1. ANOVA for check genotypes (Rasta & Fardan)

DHE تعداد روز تا ظهور سنبله	DMA تعداد روز رسیدگی	PLH ارتفاع بوته	SPL طول سنبله	AWNL طول ریشک	PEDL طول پدانکل	GS تعداد دانه در سنبله	TGW وزن هزار دانه	YLD عملکرد دانه	df درجه آزادی	SOV منبع تغییرات
0.22	20.06**	1580.47**	5.52	0.09	11.15*	2237.06**	117.56**	260834.6	1	Genotype ژنوتیپ
2.63	5.39*	70.9*	2.48	1.94	1.33	40.02	7.56	226235.3	8	Block بلوک
2.1	1.31	19.03	2.17	2.07	1.23	26.13	6.56	209354.5	8	Error خطا
1.71	0.95	4.03	19.6	11.99	11.14	13.95	5.63	11.03		CV% درصد ضریب تغییرات

DHE تعداد روز تا ظهور سنبله، DMA: تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی، PLH: ارتفاع بوته به سانتی‌متر، SPL: طول سنبله به سانتی‌متر، AWNI: طول ریشک به سانتی‌متر، PEDL: طول پدانکل به سانتی‌متر، GS: تعداد دانه در سنبله، TGW: وزن هزار دانه به گرم و YLD: عملکرد دانه به کیلوگرم در هکتار. نمادهای * و ** به‌ترتیب معنی‌داری با احتمال ۹۵ و ۹۹ درصد می‌باشد.

DHE: Days to Heading Emergence, DMA: Days to Physiological Maturity, PLH: Plant Height (cm), SPL: Spike Length (cm), AWNI: Awn Length (cm), PEDL: Peduncle Length (cm), GS: Grain Number per Spike, TGW: Thousand-Grain Weight (g), YLD: Grain Yield (kg/ha). Symbols * and ** indicate significance at the 95% and 99% probability levels, respectively.

جدول ۲- آماره‌های توصیفی صفات مختلف ژنوتیپ‌های جو

Table 2. Descriptive statistics for different traits of barley genotypes

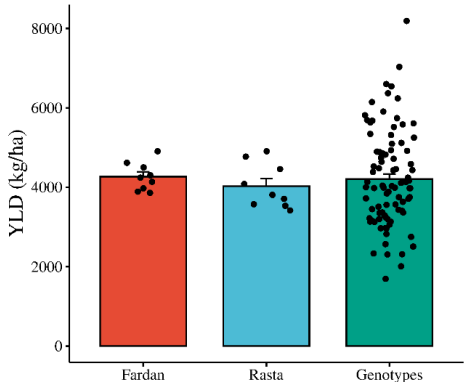
Checks شاهدها		Genotypes ژنوتیپ‌ها					
Fardan فردان	Rasta رستا	Mean میانگین	SD انحراف معیار	Max بیشینه	Min کمینه	CV% درصد ضریب تغییرات	Treats صفات
84.8	84.6	85.1	1.9	87	79	2.2	DHE تعداد روز تا ظهور سنبله
121.8	119.7	121.2	2.3	128	118	1.9	DMA تعداد روز تا رسیدگی
117.5	98.8	103.4	11.4	131	72.3	11	PLH ارتفاع بوته
8.1	7	7.5	1.4	11.3	2.7	19.2	SPL طول سنبله
11.9	12.1	10.9	1.4	14	7.3	12.8	AWNL طول ریشک
10.7	9.1	10.1	2.9	19.3	5.3	28.5	PEDL طول پدانکل
25.5	47.8	39.1	12.8	61.7	18.7	32.6	GS تعداد دانه در سنبله
48	42.9	43.5	3.6	54	36	8.3	TGW وزن هزار دانه
4269.4	4028.7	4205.8	1214.9	8187.5	1691.7	28.9	Yield عملکرد دانه

DHE تعداد روز تا ظهور سنبله، DMA: تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی، PLH: ارتفاع بوته به سانتی‌متر، SPL: طول سنبله به سانتی‌متر، AWNI: طول ریشک به سانتی‌متر، PEDL: طول پدانکل به سانتی‌متر، GS: تعداد دانه در سنبله، TGW: وزن هزار دانه به گرم و YLD: عملکرد دانه به کیلوگرم در هکتار.

DHE: Days to Heading Emergence, DMA: Days to Physiological Maturity, PLH: Plant Height (cm), SPL: Spike Length (cm), AWNI: Awn Length (cm), PEDL: Peduncle Length (cm), GS: Grain Number per Spike, TGW: Thousand-Grain Weight (g), YLD: Grain Yield (kg/ha)

بررسی عملکرد دانه نشان داد که ضریب تغییرات قابل ملاحظه‌ای (۲۸/۹ درصد) در بین ژنوتیپ‌ها وجود داشت. کم‌ترین و بیشترین مقدار این صفت به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های G102 و G96 به مقدار ۱۶۹۱/۷ و ۸۱۸۷/۵ کیلوگرم در هکتار مشاهده شدند. میانگین عملکرد دانه در بین ژنوتیپ‌ها معادل ۴۲۰۵/۸ کیلوگرم در هکتار برآورد شد و این در حالی

است که میانگین‌های عملکرد شاهدهای Fardan و Rasta به‌ترتیب ۴۲۶۹/۴ و ۴۰۲۸/۷ کیلوگرم در هکتار بودند (جدول ۲). شکل ۱ پراکنش مقادیر مختلف ثبت‌شده برای عملکرد دانه را در ژنوتیپ‌های مختلف جو و دو شاهد فردان و رستا نشان می‌دهد.



شکل ۱- پراکنش میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های جو مورد بررسی در مقایسه با ارقام رستا و فردان
Figure 1. Distribution of the investigated average grain yield in barley genotypes compared to Rasta and Fardan varieties

یکی از مهم‌ترین اقدامات در حفظ و بهرورداری از ژرم‌پلاسم گیاهی شناخت تنوع ژنتیکی گیاهان است (Haghpanah *et al*., 2016; Vafadar Shamasbi *et al*., 2017). در این بررسی، نتایج تجزیه خوشه‌ای با استفاده از صفات اندازه‌گیری‌شده و براساس ضریب فاصله اقلیدوسی و الگوریتم خوشه‌بندی Ward نشان دادند که ۹۲ ژنوتیپ و رقم جو مورد بررسی در چهار خوشه مجزا قابل تفکیک بودند (شکل ۲). کمترین تعداد ژنوتیپ در خوشه اول (Class I) شامل پنج ژنوتیپ G31، G33، G63، G96، و G99 مشاهده شد. خوشه دوم (Class II) حاوی ۲۵ ژنوتیپ G3، G5، G6، G10، G11، G12، G29، G32، G34، G35، G47، G48، G64، G65، G66، G68، G71، G84، G90، G93، G94، G95، G100، G103، و G108 بود. تعداد ۱۷ ژنوتیپ (Class III) G16، G56، G59، G60، G69، G75، G77، G78، G79، G80، G81، G82، G83، G89، G91، G102، و G107 در خوشه سوم جای گرفتند. این در حالی است که بیشترین تعداد ژنوتیپ (۴۵ ژنوتیپ) درخوشه چهارم (Class IV) مشاهده شد که شامل دو رقم شاهد (Fardan و Rasta) و ژنوتیپ‌های G4، G7، G8، G9، G15، G17، G18، G19، G20، G21، G22، G23، G24، G27، G28، G30، G36، G39، G40، G41، G42، G43، G44، G45، G46، G51، G52، G53، G54، G55، G57، G58، G67، G70، G72، G76، G87، G88، G92، G101، G104، G105 و G106 بودند. بیشترین میانگین عملکرد دانه در بین خوشه‌ها در خوشه چهارم (۶۹۵۳/۶ کیلوگرم در هکتار) و کمترین میانگین عملکرد دانه در خوشه سوم (۲۵۱۲/۵ کیلوگرم در هکتار) مشاهده شدند (جدول ۳). ژنوتیپ G96 و G33 دارای بیشترین میزان عملکرد به‌ترتیب به مقدار ۸۱۸۷/۵ و ۷۰۳۱/۳ کیلوگرم در هکتار در بین تمامی ژنوتیپ‌ها بودند که در خوشه اول قرار گرفتند. بر این اساس که هر چه فاصله ژنتیکی دو ژنوتیپ کمتر باشد تشابه ژنتیکی بیشتری دارند (Shirvani *et al*., 2023)، می‌توان انتظار داشت که ژنوتیپ‌های داخل یک خوشه از لحاظ صفات مختلف نیز تقریبا شبیه به یکدیگر باشند. به‌طور مشابه، بررسی تنوع ژنتیکی ۱۰۸ لاین و رقم جو توسط بهروز و همکاران (2023) نشان داد که استفاده از تجزیه خوشه‌ای – توانست سبب تفکیک ژنوتیپ‌هایی با عملکرد دانه متفاوت تحت شرایط دیم شود. در آن بررسی، اختلاف معنی‌داری بین گروه‌های اول تا چهارم از عملکرد دانه مشاهده شد (Behrooz *et al*., 2023).

تجزیه خوشه‌ای و شناسایی تنوع ژنتیکی درون و بین خوشه‌ها، زمینه‌ای مناسب را برای انتخاب والدینی که از لحاظ ژنتیکی متنوع هستند فراهم می‌کند. این شناخت ژنوتیپ‌های متعلق به خوشه‌های مختلف، امکان ایجاد تلاقی‌های هدفمند بین آن‌ها را فراهم می‌سازد که در نتیجه، می‌توان امیدوار بود که نتاجی با پتانسیل عملکرد بالاتر تولید شوند (Kumar *et al*., 2020).

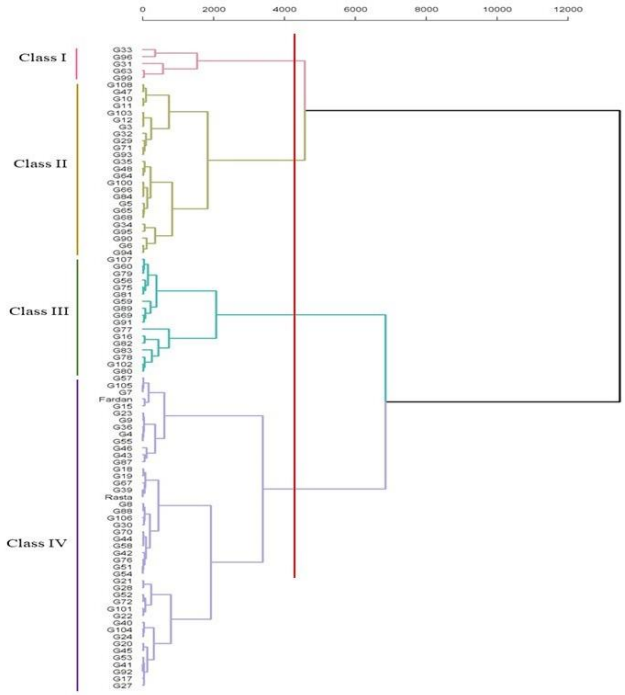
جدول ۳- میانگین‌های صفات مختلف جو در هر خوشه

Table 3. Means of different traits of barley in each cluster

Cluster No. شماره خوشه	YLD عملکرد دانه	TGW وزن هزار دانه	GS تعداد دانه در سنبله	PEDL طول پدانکل	AWNL طول ریشک	SPL طول سنبله	PLH ارتفاع بوته	DMA تعداد روز تا رسیدگی	DHE تعداد روز تا ظهور سنبله
1 اول	3892.8±438.9	43.3±3.6	38±12.1	9.7±3.1	11.1±1.6	7.3±2	102.6±13.6	121.1±2.5	85.3±1.8
2 دوم	5366.6±321.4	43.4±2.8	42.4±10.9	10.6±2.8	11.1±1.3	7.8±2.2	105.6±11.4	121.3±2.9	84.9±1.5
3 سوم	2512.5±411.8	43.8±4.5	34±14	10.2±3	9.8±2.1	7.5±1.8	99.1±16.2	121±3.9	84.7±3
4 چهارم	6953.6±600.3	44.6±2.5	49±12.5	11.2±2.9	11.9±0.8	8.7±2.5	116.5±8.9	121.5±1.2	85.9±0.9

DHE تعداد روز تا ظهور سنبله، DMA: تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی، PLH: ارتفاع بوته به سانتی‌متر، SPL: طول سنبله به سانتی‌متر، AWNI: طول ریشک به سانتی‌متر، PEDL: طول پدانکل به سانتی‌متر، GS: تعداد دانه در سنبله، TGW: وزن هزار دانه به گرم و YLD: عملکرد دانه به کیلوگرم در هکتار.

DHE: Days to Heading Emergence, DMA: Days to Physiological Maturity, PLH: Plant Height (cm), SPL: Spike Length (cm), AWNI: Awn Length (cm), PEDL: Peduncle Length (cm), GS: Grain Number per Spike, TGW: Thousand-Grain Weight (g), YLD: Grain Yield (kg/ha)



شکل ۲- تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مختلف جو براساس ضریب فاصله اقلیدوسی و الگوریتم خوشه‌بندی Ward

Figure 2. Cluster analysis of different barley genotypes based on the Euclidean distance coefficient and Ward's clustering algorithm

نتایج تجزیه همبستگی نشان دادند که همبستگی مثبت و معنی‌داری بین صفات طول پدانکل و ارتفاع بوته به میزان ۰/۶۲ و بین صفات ارتفاع بوته و طول سنبله به میزان ۰/۵۴ وجود داشت. همبستگی منفی و معنی‌داری بین دو صفت تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه معادل ۰/۴۸- مشاهده شد؛ این در حالی است که همبستگی معنی‌داری بین هیچ یک از صفات با عملکرد دانه رویت نگردید (جدول ۴). مطالعه بر روی ارقام جو نشان می‌دهد که صفات مورفولوژیکی مانند ارتفاع گیاه و طول سنبله به‌طور قابل‌توجهی به اجزای عملکرد به‌ویژه در شرایط دیم مرتبط هستند و اهمیت این صفات را در برنامه‌های اصلاحی برای بهبود عملکرد دانه تأکید می‌کند (Bayat & Vaezi, 2016). همچنین T همبستگی‌های معنی‌داری بین صفات مختلف مرتبط با عملکرد وجود دارند که نظریه استفاده از برخی ویژگی‌های مورفولوژیکی به‌عنوان شاخص‌های قابل اعتماد از عملکرد کلی گیاه را تقویت می‌کند (SeyedAghamiri *et al*., 2012). مطالعات نشان می‌دهند که مهم‌ترین صفت در افزایش عملکرد دانه جو تعداد پنجه است به‌نحوی که در شرایط طبیعی حدود ۷۰ درصد عملکرد دانه از پنجه‌ها حاصل می‌شود (Ahmadi & Hosseinpour, 2012). همبستگی منفی بین تعداد دانه و وزن دانه در مطالعه دیگری نیز مشاهده شد (Bayat & Vaezi, 2016) که نشان می‌دهد افزایش تعداد دانه‌ها معمولاً منجر به کاهش وزن هر دانه می‌شود. لذا می‌توان فرض کرد که رقابت قوی برای جذب مواد در میان دانه‌های در حال رشد منجربه معاوضه بین میانگین وزن دانه و تعداد دانه به‌دلیل محدودیت‌های تخصیص منابع می‌شود (Benlioglu *et al*., 2024). عدم

همبستگی صفات مطالعه شده با عملکرد نشان می‌دهد که صفات به‌صورت منفرد ممکن است با یکدیگر همبستگی مثبت یا منفی داشته باشند، اما همیشه سبب افزایش عملکرد نمی‌شوند (Alam *et al*., 2024). این موضوع، پیچیدگی تعیین عملکرد در جو را تأکید می‌کند و نشان می‌دهد که عوامل دیگر از جمله تعاملات محیطی یا ژنتیکی ممکن است در این زمینه نقش مهمی ایفا کنند.

جدول ۴- همبستگی بین صفات بر اساس روش پیرسون

Table 4. Correlation between traits based on the Pearson method

	DHE تعداد روز تا ظهور سنبله	DMA تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی	PLH ارتفاع بوته	SPL طول سنبله	AWNL طول ریشک	PEDL طول پدانکل	GS تعداد دانه در سنبله	TGW وزن هزار دانه	YLD عملکرد دانه
DHE تعداد روز تا ظهور سنبله	1								
DMA تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی	0.06	1							
PLH : ارتفاع بوته	-0.08	0.31	1						
SPL طول سنبله	0.09	0.29	0.54	1					
AWNL طول ریشک	0.18	-0.01	0.17	-0.07	1				
PEDL طول پدانکل	-0.18	0.24	0.62	0.28	-0.01	1			
GS تعداد دانه در سنبله	0.15	-0.28	-0.16	-0.15	0.09	-0.2	1		
TGW وزن هزار دانه	0.04	0.17	0.3	0.21	0.2	0.19	-0.48	1	
YLD عملکرد دانه	0.18	-0.11	0.09	-0.07	0.27	-0.03	0.3	0.11	1

DHE تعداد روز تا ظهور سنبله، DMA: تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی، PLH: ارتفاع بوته به سانتی‌متر، SPL: طول سنبله به سانتی‌متر، AWNI: طول ریشک به سانتی‌متر، PEDL: طول پدانکل به سانتی‌متر، GS: تعداد دانه در سنبله، TGW: وزن هزار دانه به گرم و YLD: عملکرد دانه به کیلوگرم در هکتار.

DHE: Days to Heading Emergence, DMA: Days to Physiological Maturity, PLH: Plant Height (cm), SPL: Spike Length (cm), AWNI: Awn Length (cm), PEDL: Peduncle Length (cm), GS: Grain Number per Spike, TGW: Thousand-Grain Weight (g), YLD: Grain Yield (kg/ha)

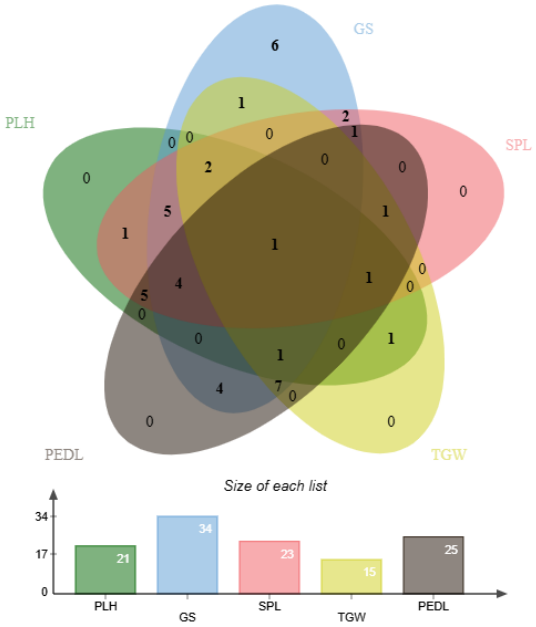
جهت شناسایی ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا (بیش از ۴۰۰۰ کیلوگرم در هکتار) که از لحاظ صفات مهم دیگر نیز وضعیت مناسبی داشته باشند از نمودار Venn diagram استفاده شد. در ابتدا، تعداد ۴۵ ژنوتیپ با عملکرد بالا (بیش از ۴۰۰۰ کیلوگرم در هکتار) انتخاب شدند و برای تجزیه و تحلیل‌های بعدی مورد استفاده قرار گرفتند. نتایج نشان دادند که تعداد ۲۱ ژنوتیپ از لحاظ صفت ارتفاع بوته در دامنه ۱۰۳ تا ۱۲۹ سانتی‌متر قرار داشتند. برای صفت تعداد دانه در سنبله، تعداد ۳۴ ژنوتیپ در دامنه ۳۰ تا ۶۱ و برای صفت طول سنبله تعداد ۲۳ ژنوتیپ در دامنه ۷/۵ تا ۱۱/۵ سانتی‌متر قرار داشتند. همچنین، برای صفت وزن هزار دانه تعداد ۱۵ ژنوتیپ در دامنه ۴۵ تا ۵۰ گرم و برای صفت طول پدانکل تعداد ۲۵ ژنوتیپ در دامنه ۹/۵ تا ۱۹/۵ سانتی‌متر قرار داشتند (شکل ۳).

بررسی وضعیت ژنوتیپ‌ها در حالت همپوشانی صفات (ژنوتیپ‌هایی که دارای بیش از یک صفت مطلوب هستند) نشان داد که ژنوتیپ G33 تنها ژنوتیپی بود که در همه پنج صفت مورد بررسی در دامنه مطلوب قرار داشت. همچنین، ژنوتیپ‌های G99، G63، G103 و G19 دارای چهار صفت (ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله و طول پدانکل) از پنج صفت مطلوب مورد بررسی بودند و می‌توانند به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر برای مطالعات بعدی در نظر گرفته شوند. ژنوتیپ‌های دیگری مانند G108، G31، G7، G32، G95، G10، G6، G12، G5، G4، G29، G93، G96، G94، G34، G84، G87، G55، G23 و G18 نیز دارای ترکیبات مختلف دیگری از صفات مطلوب بودند (جدول ۵).

جدول ۵- پراکنش ژنوتیپ‌های جو با عملکرد بیش از ۴۰۰۰ کیلوگرم در هکتار از لحاظ صفات برتر
Table 5. Distribution of barley genotypes with the yield of more than 4000 kg/ha in terms of superior traits

GS تعداد دانه در سنبله	PLH & SPL ارتفاع بوته و طول سنبله	PLH & TGW ارتفاع بوته و وزن هزار دانه	GS & SPL تعداد دانه در سنبله و طول سنبله	GS & TGW تعداد دانه و وزن هزار دانه	GS & PEDL تعداد دانه در سنبله و طول پدانکل
G46 G36 G71 G43 G64 G90	G9	G15	G66 G39	G65	G47 G48 G57 G68
PLH & GS & SPL ارتفاع بوته و تعداد دانه در سنبله و طول سنبله	PLH & SPL & PEDL ارتفاع بوته و طول سنبله و طول پدانکل	GS & SPL & PEDL تعداد دانه در سنبله و طول سنبله و طول پدانکل	GS & TGW & PEDL تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه و طول پدانکل	SPL & TGW & PEDL طول سنبله و وزن هزار دانه و طول پدانکل	PLH & GS & SPL & TGW ارتفاع بوته و تعداد دانه در سنبل و طول سنبله و وزن هزار دانه
G108 G31 G7 G32 G95	G10 G6 G12 G5 G4	G29	G93 G96 G94 G34 G84 G87 G55	G3	G23 G18
PLH & GS & SPL & PEDL ارتفاع بوته و تعداد دانه در سنبله و طول سنبله و طول پدانکل	PLH & GS & TGW & PEDL ارتفاع بوته و تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه و طول پدانکل	PLH & SPL & TGW & PEDL ارتفاع بوته و طول سنبله و وزن هزار دانه و طول پدانکل	PLH & GS & SPL & TGW & PEDL ارتفاع بوته و تعداد دانه در سنبله و طول سنبله و وزن هزار دانه و طوب پدانکل		
G99 G19 G100 G11	G63	G103	G33		

DHE تعداد روز تا ظهور سنبله، DMA: تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی، PLH: ارتفاع بوته به سانتی‌متر، SPL: طول سنبله به سانتی‌متر، AWNI: طول ریشک به سانتی‌متر، PEDL: طول پدانکل به سانتی‌متر، GS: تعداد دانه در سنبله، TGW: وزن هزار دانه به گرم و YLD: عملکرد دانه به کیلوگرم در هکتار.
DHE: Days to Heading Emergence, DMA: Days to Physiological Maturity, PLH: Plant Height (cm), SPL: Spike Length (cm), AWNI: Awn Length (cm), PEDL: Peduncle Length (cm), GS: Grain Number per Spike, TGW: Thousand-Grain Weight (g), YLD: Grain Yield (kg/ha).



شکل ۳- Venn diagram مرتبط با ژنوتیپ‌های دارای صفات برتر. DHE تعداد روز تا ظهور سنبله، DMA: تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی، PLH: ارتفاع بوته به سانتی‌متر، SPL: طول سنبله به سانتی‌متر، AWNI: طول ریشک به سانتی‌متر، PEDL: طول پدانکل به سانتی‌متر، GS: تعداد دانه در سنبله، TGW: وزن هزار دانه به گرم و YLD: عملکرد دانه به کیلوگرم در هکتار.
Figure 3. The Venn diagram related to genotypes with superior traits. DHE: Days to Heading Emergence, DMA: Days to Physiological Maturity, PLH: Plant Height (cm), SPL: Spike Length (cm), AWNI: Awn Length (cm), PEDL: Peduncle Length (cm), GS: Grain Number per Spike, TGW: Thousand-Grain Weight (g), YLD: Grain Yield (kg/ha).

نتیجه‌گیری کلی

نتایج این بررسی تنوع قابل ملاحظه‌ای را در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی نشان می‌دهد و این ژنوتیپ‌ها می‌توانند به‌عنوان ژرم‌پلاسم در مطالعات به‌نژادی بعدی مورد استفاده قرار گیرند. با این حال، در بین ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا (بیش از ۴۰۰۰ کیلوگرم در هکتار) چهار ژنوتیپ، G63، G103 و G19 دارای چهار صفت مطلوب و ژنوتیپ G33 در هر پنج صفت مطلوب جز مناسب‌ترین ژنوتیپ‌ها برای مطالعات بعدی هستند و می‌توان از این ژنوتیپ‌ها در توسعه ارقام با عملکرد بالا و سازگار با شرایط دیم استفاده کرد.

این یافته‌ها می‌توانند به بهبود عملکرد جو در مناطق کم‌بارش و افزایش پایداری تولید در شرایط نامساعد محیطی کمک کنند. در نهایت، این تحقیق نشان می‌دهد که استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره و تجزیه و تحلیل‌های دقیق می‌تواند به شناسایی ژنوتیپ‌های برتر و انتخاب والدین مناسب برای برنامه‌های به‌نژادی کمک کند. این امر می‌تواند به تسریع فرآیند تولید ارقام جدید و سازگار با شرایط محیطی مختلف منجر شود.

تشکر و قدردانی

این مطالعه از طرح مصوب مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم به شماره ۲۰۹۸۸-۰۴۸-۱۵-۵۶-۰ استخراج شده است. به این وسیله از مسئولین محترم موسسه تحقیقات کشاورزی دیم و بخصوص کارکنان پردیس تحقیقات گچساران که ما را در اجرای طرح یاری کردند سپاسگزاری می‌شود.

References

Ahmadi, A., & Hosseinpour, T. (2012). Investigation of relationships between grain yield, yield components and other agronomic traits of barley cultivars in dryland conditions of Khorramabad. *Crop Physiology*, *4*(13), 37–51. [In Persian]

Alam, J., Hasan, A. K., Kader, A., Hossain, M. A., & Ahmed, F. (2024). Assessment of genetic diversity among upland cotton for earliness, fiber quality and yield-related traits using correlation, principal component and cluster analysis. *International Journal of Cotton Research and Technology*, *6*(1), 7. https://doi.org/10.33865/ijcrt.006.01.1372

Angassa, D., & Mohammed, J. (2021). Genetic Diversity Assessment of Ethiopian Landrace Barley (Hordeum Vulgare (L.)) Genotypes Through Multivariate Analysis. *American Journal of Biological and Environmental Statistics*, *7*(3), 67. https://doi.org/10.11648/j.ajbes.20210703.12

Aswani, N., Tihurua, E. F., Azmi, C., & Widoyanti. (2023). Estimation of genetic parameters and principal component analysis on garlic germplasm using augmented block design. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 1271(1), 012050. https://doi.org/10.1088/1755-1315/1271/1/012050

Bardou, P., Mariette, J., Escudié, F., Djemiel, C., & Klopp, C. (2014). Jvenn: an interactive Venn diagram viewer. *BMC Bioinformatics*, *15*(1), 293. https://doi.org/10.1186/1471-2105-15-293

Bayat, F., & Vaezi, B. (2016). Evaluation of Grain Yield and Yield Components in some Barley (Hurdeum Volgare L.) Genotypes. *Journal of Crop Breeding*, *8*(20), 220-227. [In Persian]

Behrooz, P., Bernosi, I., Aharizad, S., & Ahakpaz karkaji, F. (2023). Investigation of Genetic Diversity and Grouping of Barley Genotypes Based on Indices Related to Grain Yield under Rain-fed and Supplemental Irrigation Conditions. *Journal of Crop Breeding*, *15*(46), 27–37. https://doi.org/10.61186/jcb.15.46.27. [In Persian]

Benlioglu, B., Bilir, M., Akdogan, G., Ahmed, H. A. A., Ergun, N., Aydogan, S., & Emrebas, T. (2024). Phenotypic characterization of two-row barley (Hordeum vulgare L. ssp. Vulgare) germplasm conserved in Osman Tosun Genebank of Türkiye by multivariate analysis model. *Genetic Resources and Crop Evolution*. https://doi.org/10.1007/s10722-024-02032-0

Cai, K., Chen, X., Han, Z., Wu, X., Zhang, S., Li, Q., Nazir, M. M., Zhang, G., & Zeng, F. (2020). Screening of Worldwide Barley Collection for Drought Tolerance: The Assessment of Various Physiological Measures as the Selection Criteria. *Frontiers in Plant Science*, 11. https://doi.org/10.3389/fpls.2020.01159

Farjam Hajiagha, L., Nouraein, M., Hatami Maleki, H., Vaezi, B., & Hossienpour, T. (2019). Investigation of Diversity and Classification of Some Barley Lines using Physiological and Morphological Characteristics. *Journal of Crop Breeding*, *11*(29), 169–180. [In Persian]

Haghpanah, M., Hassanzadeh, A., Zamanmirabadi, A., Foroozan, K., & Sajjad, T. (2018). Evaluation of the relationship between yield and yield components by sequential path analysis in peanut (*Arachis hypogaea* L.) genotypes. *Iranian Journal of Crop Sciences*, *20*(2), 168–179.

Haghpanah, M., Kazemitabar, S. K., Hashemi, S. H., & Alavi, S. M. (2015). Evaluation of Mazandaran nettle (Urtica Dioica) population structure and genetic diversity by AFLP markers. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, *22*(2), 241-250. https://doi.org/10.22092/ijrfpbgr.2015.12227 [In Persian]

Haghpanah, M., Kazemitabar, S. K., Hashemi, S. H., & Alavi, S. M. (2016). Comparison of ISSR and AFLP markers in assessing genetic diversity among Nettle (*Uritica dioica* L.) populations. *Journal of Plant Molecular Breeding*, *4*(1), 10–16.

Haghpanah, M., Najafi-Zarini, H., & Babaeian-Jelodar, N. (2023). Differential physiological and molecular responses of susceptible and resistant tomato genotypes to *Alternaria solani* infection. *Journal of Crop Protection*, *12*(3), 227–240. https://jcp.modares.ac.ir/article-3-65004-en.html

Hu, Y., Barmeier, G., & Schmidhalter, U. (2021). Genetic Variation in Grain Yield and Quality Traits of Spring Malting Barley. *Agronomy*, *11*(6), 1177. https://doi.org/10.3390/agronomy11061177

Kaur, V., Aravind, J., Manju, Jacob, S. R., Kumari, J., Panwar, B. S., Pal, N., Rana, J. C., Pandey, A., & Kumar, A. (2022). Phenotypic Characterization, Genetic Diversity Assessment in 6,778 Accessions of Barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. Vulgare) Germplasm Conserved in National Genebank of India and Development of a Core Set. *Frontiers in Plant Science*, *13*. https://doi.org/10.3389/fpls.2022.771920

Kumar, Y., Niwas, R., Nimbal, S., & Dalal, M. (2020). Hierarchical cluster analysis in barley genotypes to delineate genetic diversity. *Electronic Journal of Plant Breeding*, *11*, 742–748. https://doi.org/10.37992/2020.1103.122

Kumar, Y., Sehrawat, K. D., Singh, J., & Shehrawat, S. (2021). Identification of promising barley genotypes based on morphological genetic diversity. *Journal of Cereal Research*, *13*(1). https://doi.org/10.25174/2582-2675/2021/108051

Li, L., Zhang, C., Huang, J., Liu, Q., Wei, H., Wang, H., Liu, G., Gu, L., & Yu, S. (2021). Genomic analyses reveal the genetic basis of early maturity and identification of loci and candidate genes in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Plant Biotechnology Journal*, *19*(1), 109–123. https://doi.org/10.1111/pbi.13446

Mirabadi, A., Haghpanah, M., & Foroozan, K. (2018). Multivariate Analysis of Some Quantitative Traits in Introduced Safflower (Carthamus tinctorius L.) Genotypes in Sari. *Journal of Crop Breeding*, *10*(28), 162–170. [In Persian]

Namdari, A., Pezeshkpoor, P., Mehraban, A., Mirzaei, A., & Vaezi, B. (2022). Evaluation of genotype × environment interaction using WAASB and WAASBY indices in multi-environment yield trials of rainfed lentil (*Lens culinaris* L.) genotypes. *Iranian Journal of Crop Sciences*, *24*(2), 165–180. [In Persian]

SeyedAghamiri, S. M., Mostafavi, K., & Mohammadi, A. (2012). Investigation of the Relationship between Grain Yield and Yield Components in Barley Varieties and New Hybrids Using Multivariate Statistical Methods. *Iranian Journal of Field Crops Research*, *10*(2), 421-427. [In Persian]

Shirvani, H., Ashraf Mehrabi, A., Farshadfar, M., Safari, H., Arminian, A., & Fatehi, F. (2023). Evaluation of Genetic Diversity of *H. spontaneum* wild Barley Populations using EST-SSR Molecular Marker. *Journal of Crop Breeding*, *15*(45), 33–45. https://doi.org/10.61186/jcb.15.45.33

Vafadar Shamasbi, F., Dehestani, A., Golkari, S., & Mostafa, H. (2017). Assessment of Genetic Diversity and Structure in the Wild Melon (*Cucumis melo* var. agrestis) Genotypes from Southern Coastline of Caspian Sea using AFLP Markers. *Journal of Crop Breeding*, *9*(21), 67–75. [In Persian]

Visioni, A., Basile, B., Amri, A., Sanchez-Garcia, M., & Corrado, G. (2023). Advancing the Conservation and Utilization of Barley Genetic Resources: Insights into Germplasm Management and Breeding for Sustainable Agriculture. *Plants*, *12*(18), 3186. https://doi.org/10.3390/plants12183186

Zali, H., & Pour-Aboughadareh, A. (2023). Identification of superior genotypes of barley for cultivation in the south regions of Fars province using MGIDI FAI-BLUP indices. *Plant Productions*, *46*(3), 335-351. [In Persian]