Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 18, Issue 2, 2026 p: 3-15

OPEN ACCESS

Research Paper

Assessment of Genetic Diversity in Barley Germplasm and Selection of Superior Genotypes under Rainfed Conditions Based on Agronomic Traits

Mostafa Haghpanah[1], Behrouz Vaezi[2] and Amin Namdari[3]

1&3- Kohgiluyeh and Boyerahmad Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Dryland Agricultural Research Institute (DARI), Agriculture Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gachsaran, Iran

2- Kohgiluyeh and Boyerahmad Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Dryland Agricultural Research Institute (DARI), Agriculture Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gachsaran, Iran, (Corresponding author: Bvaezi2009@gmail.com)

Received: 05 August, 2025 Revised: 10 November, 2025 Accepted: 12 December, 2025

Extended Abstract

Background: Understanding and utilizing genetic diversity are the main pillars of success in plant breeding programs and can be an effective approach to produce suitable varieties to improve grain yield and increase production efficiency in different climatic conditions. Multivariate statistical methods are widely used to evaluate genetic diversity and analyze relationships between different traits. Given the urgent need to produce varieties suitable for rainfed cultivation, this study aimed to evaluate the genetic diversity of barley genotypes based on agronomic traits. The findings of this study can provide valuable data for improving and cultivating barley in low-rainfall areas of southern Iran, especially the tropical areas of Kohgiluyeh and Boyer-Ahmad.

Methods: This study aimed to investigate the genetic diversity and agronomic traits of 310 barley genotypes, along with four control cultivars (Behdad, Khoram, Rasta, and Fardan) in the 2023-2024 crop year at the Gachsaran Agricultural Research Campus and National Rainfed Site. The experiment was conducted in a large block design with a randomized complete block design in 23 blocks. Initially, analysis of variance was performed for the control cultivars based on a randomized complete block design using InfoStat statistical software. Cluster analysis was performed based on Euclidean distance and the Ward clustering algorithm using R software and dynamicTreeCut, colorspace, and dendextend statistical packages. Correlation between traits was examined using the Pearson method and the R statistical software. Online software (jvenn.toulouse.inra.fr) was used to draw the Venn Diagram to identify genotypes with overlaps in important traits.

Results: MGIDI analysis was performed for the 13 best genotypes selected from the Venn diagram. Four factors (FA1 to FA4) explained 86.6% of the total variance in the following order: FA1 Phenological factor, including days to flowering, spike length, and plant height (31.1% variance), FA2 Morphological factor, including panicle length, peduncle length, and 1000-seed weight (24.3% variance), FA3 Yield factor, including grain yield, days to physiological maturity, and the number of seeds per spike (18.9% variance), and FA4 Early emergence factor, including early emergence vigor (12.3% variance). Genotypes 184, 79, and 28 were identified as having the least distance from the ideal genotype and the best multi-trait performance. Genotype 79 performed better in traits related to the first factor (phenological), and Genotype 28 in traits related to the second and third factors (morphological and yield). The condition of all three superior genotypes was more favorable than the theoretical average regarding the fourth factor (initial germination strength). The grain yields of genotypes 79, 184, 25, 172, and 59 were higher than the average of the controls (3995 kg/ha). Despite a slightly lower yield than the average of the controls, Genotype 28 produced a higher yield than the cultivar Rosta, and the heat diagram showed that Genotype 28 was favorable for almost all the studied traits. With the highest yield among the selected genotypes, Genotype 184 was less favorable than the others in some traits (such as the number of grains per spike and days to spike emergence).

Conclusion: The results show significant genetic diversity among the studied genotypes. These genotypes can serve as valuable sources of germplasm in future breeding programs. Traits evaluated included initial vigor (VIG), date of spike emergence (DHE), time of physiological

Copyright ©2026. Haghpanah et al. 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.

maturity (DMA), plant height (PLH), spike length (SP), spike length (AWN), peduncle length (PL), number of grains per spike (GS), thousand grain weight (TGW), and grain yield (YLD). Thirteen genotypes with desirable values in several key traits were identified among the high-yielding genotypes (more than 2900 kg/ha). Nine and genotypes were from the gene bank germplasm and control cultivars, respectively. Through multivariate analysis of the mentioned traits, three superior genotypes (28, 79, and 184) were identified as having the highest combined advantage between yield and major agronomic traits. These genotypes can be utilized in future breeding programs to develop varieties tolerant to dryland and low-rainfall conditions.

Keywords: Cluster analysis, Ideal genotype, Phenology, Vigor

How to Cite This Article:. Haghpanah, M., Vaezi, B., & Namdari, A. (2026). Assessment of Genetic Diversity in Barley Germplasm and Selection of Superior Genotypes under Rainfed Conditions Based on Agronomic Traits. *J Crop Breed,* 18(2), 3-15. DOI: 10.61882/jcb.2026.1632

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

مقاله پژوهشی

بررسی تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم جو و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر تحت شرایط دیم بر اساس صفات زراعی

مصطفی حق پناه[۱]، بهروز واعظی[۲] و امین نامداری[۳]

۱ و ۳- مرکز تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی کهگیلویه و بویراحمد، موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، مرکز تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی (ARREO)، گچساران، ایران

۲- مرکز تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی کهگیلویه و بویراحمد، موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، مرکز تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی (ARREO)، گچساران، ایران، (نویسنده مسوول: Bvaezi2009@gmail.com)

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۵/۱۴ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۴/۰۸/۱۹ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۹/۲۱
صفحه: ۳ تا ۱۵

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: شناخت و استفاده از تنوع ژنتیکی محور اصلی موفقیت در برنامه‌های به‌نژادی گیاهان به‌شمار می‌رود و می‌تواند به‌عنوان رویکردی مؤثر برای تولید ارقام مناسب جهت ارتقای عملکرد دانه برای افزایش راندمان تولید در شرایط متفاوت اقلیمی باشد. جهت ارزیابی تنوع ژنتیکی و تحلیل روابط بین صفات مختلف، به‌طور گسترده از روش‌های چند متغییره آماری استفاده می‌شود. با توجه به نیاز مبرم به تولید ارقام مناسب برای کشت دیم، این پژوهش با هدف ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های جو بر اساس صفات زراعی انجام شد. یافته‌های این مطالعه می‌توانند داده‌های ارزشمندی را برای بهبود برنامه‌های به‌نژادی و کشت جو در مناطق کم‌بارش جنوب ایران، به‌ویژه نواحی گرمسیری کهگیلویه و بویراحمد، ارائه دهند.

مواد و روش‌ها: این بررسی با هدف بررسی تنوع ژنتیکی و صفات زراعی ۳۱۰ ژنوتیپ جو به‌همراه چهار رقم شاهد (بهداد، خرم، رستا و فردان) در سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۳ در پردیس تحقیقات کشاورزی گچساران و سایت ملی دیم انجام شد. آزمایش در طرح بلوک‌های حجیم شده (Augmented Block Design) در ۲۳ بلوک اجرا شد. در ابتدا برای ارقام شاهد تجزیه واریانس بر اساس طرح بلوک کامل تصادفی با استفاده از نرم‌افزار آماری InfoStat انجام شد. تجزیه و تحلیل خوشه‌ای بر اساس فاصله اقلیدسی و الگوریتم خوشه‌بندی Ward با بهره‌گیری از نرم‌افزار R و بسته‌های آماری dynamicTreeCut، colorspace و dendextend انجام شد. همبستگی میان صفات با استفاده از روش پیرسون و با استفاده از نرم‌آماری R انجام شد. برای رسم Venn Diagram از نرم‌افزار آنلاین (jvenn.toulouse.inra.fr) برای شناسایی ژنوتیپ‌های دارای همپوشانی در صفات مهم استفاده گردید. جهت انتخاب ژنوتیپ برتر از تجزیه multi-trait genotype–ideotype distance index (MGIDI) با کمک نرم‌افزار آماری R و بسته آماری Metan استفاده شد.

یافته‌ها: برای ۱۳ ژنوتیپ برتر انتخاب شده از Venn diagram، تحلیل MGIDI (مقادیر نرمال شده) انجام شد. چهار عامل (FA1 تا FA4) ۸۶/۶ درصد از کل واریانس را به‌ترتیب زیر تبیین کردند. FA1 عامل فنولوژیکی: (شامل روز تا گلدهی، طول سنبله، ارتفاع بوته (۳۱/۱ درصد از واریانس کل)، FA2 عامل مورفولوژیکی: (شامل طول ریشک، طول پدانکل، وزن هزاردانه (۲۴/۳ درصد از واریانس کل)، FA3 عامل عملکرد: (شامل عملکرد دانه، روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی، تعداد دانه در سنبله (۱۸/۹ درصد از واریانس کل)، و FA4: عامل رویش اولیه: (شامل قدرت رویش اولیه (۱۲/۳ درصد از واریانس کل). ژنوتیپ‌های ۱۸۴، ۷۹ و ۲۸ با کمترین فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و بهترین عملکرد چندصفتی شناسایی شدند. ژنوتیپ ۷۹ در صفات مرتبط با عامل اول (فنولوژیکی) و ژنوتیپ ۲۸ در صفات مرتبط با عوامل دوم و سوم (مورفولوژیکی و عملکرد) وضعیت بهتری داشتند. وضعیت هر سه ژنوتیپ برتر، از نظر عامل چهارم (قدرت رویش اولیه) از میانگین نظری مطلوب‌تر بود. عملکرد دانه ژنوتیپ‌های ۷۹، ۱۸۴، ۲۵، ۱۷۲ و ۵۹ بیشتر از میانگین شاهدها (۳۹۹۵ کیلوگرم در هکتار) بود. ژنوتیپ ۲۸ با وجود عملکردی کمی پایین‌تر از میانگین شاهدها، عملکرد بیشتری نسبت به رقم رستا داشت و نمودار گرمایی نشان داد که ژنوتیپ ۲۸ تقریباً برای تمامی صفات مورد بررسی مطلوب بود. ژنوتیپ ۱۸۴ با بالاترین عملکرد در میان ژنوتیپ‌های انتخابی، در برخی صفات (مانند تعداد دانه در سنبله و روز تا ظهور سنبله) نسبت به سایرین مطلوبیت کمتری داشت.

نتیجه‌گیری: نتایج این پژوهش تنوع ژنتیکی چشمگیری را میان ژنوتیپ‌های مورد بررسی نشان می‌دهند و این ژنوتیپ‌ها می‌توانند به‌عنوان منابع ارزشمند ژرم‌پلاسم در برنامه‌های اصلاحی آینده به‌کار گرفته شوند. با توجه به این‌که صفات مورد ارزیابی شامل قدرت رویش اولیه (VIG)، تاریخ ظهور سنبله (DHE)، زمان رسیدگی فیزیولوژیکی (DMA)، ارتفاع بوته (PLH)، طول سنبله (SP)، طول ریشک (AWN)، طول پدانکل (PL)، تعداد دانه در سنبله (GS)، وزن هزار دانه (TGW) و عملکرد دانه (YLD) بودند، در میان ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا (بیش از ۲۹۰۰ کیلوگرم در هکتار)، سیزده ژنوتیپ دارای مقادیر مطلوب در چندین صفت کلیدی شناسایی شدند که نه ژنوتیپ از خزانه بانک ژن و چهار ژنوتیپ از ارقام شاهد تشکیل شده بودند. بر اساس تجزیه و تحلیل چندمتغیره صفات مذکور، سه ژنوتیپ برتر (شماره‌های ۲۸، ۷۹ و ۱۸۴) به‌عنوان دارای بیشترین برتری ترکیبی بین عملکرد و صفات زراعی عمده معرفی شدند و می‌توانند در برنامه‌های به‌نژادی آتی برای توسعه ارقام متحمل به شرایط دیم و کم‌بارش مورد استفاده قرار گیرند.

واژه‌های کلیدی: تجزیه کلاستر، ژنوتیپ ایده‌آل، فنولوژی، قدرت رویش

مقدمه

جو با نام علمی (*Hordeum vulgare* L.) از خانواده گیاهی Poaceae یکی از مهم‌ترین غلات مناطق خشک و نیمه‌خشک جهان است و از نظر اقتصادی پس از گندم، برنج و ذرت در رتبه چهارم تولید جهانی قرار دارد (Zali & Pour-Aboughadareh, 2023). تغییرات آب‌وهوایی، کمبود منابع آبی و کاهش کیفیت خاک، اهمیت بهبود عملکرد و کیفیت جو را افزایش داده‌اند (Haghpanah & Vaezi, 2025). شناخت و استفاده از تنوع ژنتیکی ستون اصلی موفقیت در برنامه‌های اصلاح نژاد گیاهان به‌شمار می‌روند و می‌توانند به‌عنوان رویکردی مؤثر برای تولید ارقام مناسب جهت ارتقای عملکرد دانه برای افزایش راندمان تولید در شرایط متفاوت اقلیمی باشند (Visioni *et al*., 2023). تنوع ژنتیکی امکان انتخاب والدین برتر را برای توسعه ارقام جدید با ویژگی‌های مطلوب فراهم می‌کند (Haghpanah *et al*., 2015).

استفاده هدفمند از تنوع ژنوتیپ‌های مختلف از نظر صفات کلیدی نظیر طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته می‌تواند عملکرد دانه را افزایش دهد (Hu *et al*., 2021). این امر در تولید ارقام مناسب برای کشت دیم که عمدتاً با محدودیت‌های آبی و تنش خشکی مواجه هستند بسیار حائز اهمیت است (Cai *et al*., 2020). از این‌رو، مطالعه منابع ژنتیکی جو در شرایط دیم، استراتژی مؤثری برای یافتن ژنوتیپ‌های مقاوم به کم‌آبی است.

جهت ارزیابی تنوع ژنتیکی و تحلیل روابط بین صفات مختلف، به طور گسترده از روش‌های چندمتغیره آماری استفاده می‌شود (Haghpanah *et al*., 2018; Mirabadi *et al*., 2018). پژوهشگران با استفاده از این روش‌ها می‌توانند علاوه بر محاسبه فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها و شناخت روابط بین صفات، ژنوتیپ‌های مطلوب را نیز انتخاب کنند. نتایج مطالعات نشان می‌دهند که در بین ژنوتیپ‌های جو، تنوع قابل ملاحظه‌ای از نظر برخی صفات زراعی مهم نظیر عملکرد دانه، طول سنبله، وزن هزار دانه و تعداد دانه در سنبله وجود دارد (Farjam Hajiagha *et al*., 2019; Kaur *et al*., 2022). در این راستا، مطالعه کااور و همکاران نشان داد که در بین ۶۷۷۸ ژنوتیپ جو موجود در بانک ژن ملی هند تنوع قابل ملاحظه‌ای از نظر صفات زراعی تعداد روز تا گلدهی، ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه وجود داشت (Kaur *et al*., 2022). در پژوهش دیگری، ارزیابی ۲۶۲ لاین بومی جو دو ردیفه در بانک ژن Osman Tosun کشور ترکیه، تفاوت‌های بارزی را در صفات مورفولوژیکی مانند ارتفاع گیاه، طول سنبله و وزن هزار دانه آشکار ساخت و تحلیل خوشه‌ای، تنوع بالای منابع ژنتیکی را تأیید کرد (Benlioglu *et al*., 2024). بررسی ۱۸ لاین خالص جو از نظر صفات زراعی نشان داد که بیشترین تنوع در بین صفات متعلق به عملکرد دانه بود (Farjam Hajiagha *et al*., 2019). نتایج مطالعه ۷۲ ژنوتیپ جو بر اساس ۱۰ صفت مورفولوژیکی نشان دادند که عملکرد دانه بالاترین ضریب تغییرات را داشت، در حالی که تعداد روز تا رسیدگی کمترین تنوع را نشان داد و تحلیل خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها را به هشت گروه تقسیم کرد (Kumar *et al.,* 2021). حق‌پناه و واعظی (۲۰۲۵) نیز با بررسی تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم جو وارد شده از ICARDA در شرایط کشت دیم عنوان کردند که تنوع قابل ملاحظه‌ای در بین ۹۰ ژنوتیپ جو وجود داشت که سبب گردید برخی از ژنوتیپ‌ها در مقایسه اولیه عملکرد دانه مطلوب‌تری نسبت به شاهد داشته باشند (Haghpanah & Vaezi, 2025).

با وجود مطالعات گوناگون، تجزیه تحلیل تنوع ژنتیکی که سبب شناخت ژرم‌پلاسم و همچنین انتخاب ژنوتیپ‌های برتر جو در مناطق گرمسیری ایران شود، محدود است. از این‌رو، این پژوهش با هدف بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های جو و شناسایی ژنوتیپ‌های امیدبخش برای کشت در شرایط دیم و مناطق کم‌بارش جنوب ایران، از جمله نواحی گرمسیری کهگیلویه و بویراحمد، انجام شد.

مواد و روش‌ها

در این بررسی، تعداد ۳۱۰ ژنوتیپ جو به‌همراه چهار رقم شاهد بهداد، خرم، رستا و فردان در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ در پردیس تحقیقات کشاورزی گچساران و سایت ملی دیم با مختصات جغرافیایی (طول جغرافیایی ۵۰ درجه، ۵۸ دقیقه و ۳۰ ثانیه – عرض جغرافیایی ۳۰ درجه، ۱۸ دقیقه و ۱ ثانیه) کشت شدند. میانگین دما و میزان بارندگی در دوره کشت محصول به‌ترتیب ۲۹/۶ درجه سانتی‌گراد و ۴۴۶ میلی‌متر مربع بود. از کود اوره به‌مقدار ۵۰ کیلوگرم در هکتار در هنگام کاشت و کود فسفات تریپل به‌مقدار ۷۰ کیلوگرم در هکتار پیش از کاشت استفاده شد.

آزمایش در قالب طرح بلوک‌های حجیم شده (Augmented Block Design) در ۲۳ بلوک (بلوک‌های ۱ تا ۲۲ دارای ۱۸ کرت آزمایشی و بلوک ۲۳ دارای ۱۴ کرت آزمایشی) اجرا شد. در تمامی بلوک‌ها هر چهار شاهد به‌صورت تصادفی قرار گرفتند به‌نحوی که تقریباً در تمامی قسمت‌های زمین حضور داشته باشند. هر کرت آزمایشی شامل شش ردیف به‌طول ۷ متر با فاصله کاشت ۱۷/۵ سانتی‌متر بین خطوط بود. تراکم کاشت در این بررسی ۲۰۰ دانه در متر مربع لحاظ شد. زمان کاشت بر اساس بارندگی اواخر آذر ماه تعیین شد (Namdari *et al*., 2022). خاک زمین آزمایش لومی سیلتی با اسیدیته ۷، ماده آلی زیر یک درصد و میانگین بارندگی بلندمدت ۴۳۴ میلی‌متر بود. صفات مورد بررسی در این مطالعه شامل قدرت رویش اولیه (Early vigour) بر اساس مقدار سایه اندازه و رشد بوته و همچنین میزان پنجه‌های تولید شده تعیین شدند که به اختصار (VIG) نامیده شد (بدون واحد)، تعداد روز تا ظهور سنبله از زمان کاشت تا ظهور ۷۰-۵۰ درصد سنبله (DHE)، تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی (DMA) به‌صورت زرد شدن پدانکل در ۷۰-۵۰ درصد هر کرت، ارتفاع بوته (PLH) به سانتی‌متر، طول سنبله (SP) به سانتی‌متر، طول ریشک (AWN) به سانتی‌متر، طول پدانکل (PL) به سانتی‌متر، تعداد دانه در سنبله (GS)، وزن هزار دانه (TGW) به گرم و عملکرد دانه به کیلوگرم در هکتار (YLD) بودند.

تحلیل‌های آماری

در ابتدا برای ارقام شاهد تجزیه واریانس بر اساس طرح بلوک کامل تصادفی با استفاده از نرم‌افزار آماری InfoStat ver 2018 انجام شد (Haghpanah *et al*., 2023). تجزیه و تحلیل خوشه‌ای بر اساس فاصله اقلیدسی و الگوریتم خوشه‌بندی Ward با بهره‌گیری از نرم‌افزار R و بسته‌های آماری dynamicTreeCut، colorspace و dendextend انجام شد. همبستگی میان صفات با استفاده از روش پیرسون و با استفاده از نرم‌افزار آماری R و بسته آماری Performance Analytics انجام شد. برای رسم Venn Diagram از نرم‌افزار آنلاین (jvenn.toulouse.inra.fr) برای شناسایی ژنوتیپ‌های دارای همپوشانی در صفات مهم استفاده گردید (Bardou *et al*., 2014).

نتایج و بحث

بررسی یکنواختی زمین زراعی با استفاده از نتایج 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 برای صفات قدرت رویش اولیه، تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی دانه و عملکرد دانه بود و در مابقی صفات بلوک بندی 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) با استفاده از فرمول شماره ۱ انجام شد.

فرمول شماره ۱:

$$Rj = (\bar{y}.j - \bar{y}..)$$
$$\hat{Y}ij = Tij - Rj$$

در اینجا، Rj مقدار تصحیح شده بلوک آزمایشی، $\bar{y}.j$ میانگین شاهدهای موجود در بلوک، و $\bar{y}..$ کل شاهدها هستند. همچنین، $\hat{Y}ij$ مقدار تصحیح شده ژنوتیپ و Tij مقدار اولیه (تصحیح نشده) هستند.

مقادیر تصحیح شده صفات نشان دادند که بیشترین و کمترین میزان ضریب تغییرات به‌ترتیب در صفت عمکرد دانه (۳۹/۷ درصد) و صفت تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی دانه (۳/۰۳ درصد) بودند (جدول ۲). صفات کمی مانند عملکرد دانه در جو معمولاً به‌دلیل کنترل ژنتیکی پیچیده و تأثیرات قوی محیطی، واریانس بالایی را بین ژنوتیپ‌ها نشان می‌دهند (Lin *et al*., 2021). با این‌حال، برخی صفات کمی مانند روزهای رسیدن دانه اغلب واریانس کمی دارند. این واریانس پایین در صفت تعداد روز تا رسیدن دانه را می‌توان با چند عامل توضیح داد. صفت تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی دانه در جو دارای وراثت‌پذیری بالایی است که نشان می‌دهد این صفت به‌شدت تحت کنترل عوامل ژنتیکی است و تأثیر محیطی نسبتاً کمتری دارد. این کنترل ژنتیکی منجر به یکنواختی بیشتر و کاهش تغییرات بین ژنوتیپ‌ها در این صفت می‌شود (Patial *et al*., 2023). همچنین، روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی دانه یک صفت توسعه‌ای حیاتی است که به چرخه زندگی گیاه و سازگاری آن با شرایط محیطی مرتبط است. فشار انتخاب برای زمان‌بندی بهینه رسیدن دانه در یک محیط خاص، تمایل به کاهش تنوع ژنتیکی این صفت دارد، چراکه ژنوتیپ‌های خیلی زودرس و یا دیررس ممکن است از نظر سازگاری یا عملکرد کاهش یابند (Mangani *et al*., 2023). از سوی دیگر حتی با وجود تغییرات محیطی ارقام جو معمولاً توسعه خود را در یک بازه زمانی محدود تکمیل می‌کنند؛ به‌عنوان مثال، محصولاتی که چند هفته فاصله نسبت به هم کشت می‌شوند ممکن است به‌دلیل ضریب توسعه‌ای وابسته به دما، در روزهای نزدیک به‌هم برسند (Kumar *et al*., 2024). از سوی دیگر، مقدار بالای درصد CV (بیش از ۲۷ درصد) در صفت قدرت رویش اولیه برای ژنوتیپ‌ها مشاهده شد که نشان‌دهنده دو نکته مهم است. اول، تنوع قابل ملاحظه ژنوتیپ‌ها در قدرت رشد و رویش اولیه و سپس تفاوت در وضعیت بلوک‌ها (احتمال وضعیت رطوبتی متفاوت در بلوک‌ها).

میانگین عملکرد ژنوتیپ‌ها ۳۱۰۹/۸۱ کیلوگرم در هکتار محاسبه شد و کمترین و بیشترین مقدار این صفت به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های ۱۵۱ و ۱۲۹ به‌مقدار ۷۰/۵ و ۶۹۴۵/۵ کیلوگرم در هکتار بود. این در حالی است در بین ارقام شاهد میانگین عملکرد ۳۹۹۵/۵ کیلوگرم در هکتار برآورد شد و بیشترین میزان میانگین عملکرد دانه مربوط به رقم Fradan (۴۱۵۶/۴۸ کیلوگرم در هکتار) و کمترین مقدار این صفت نیز در رقم Rasta (۳۷۳۴/۷۴ کیلوگرم در هکتار) بین ارقام شاهد مشاهده شد (جدول ۲). پراکنش عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها و ارقام مورد مطالعه در شکل ۱ قابل ملاحظه است.

جدول ۱- تجزیه واریانس صفات مختلف در بین ارقام شاهد جو

Table1. ANOVA for check genotypes

SOV منبع تغییرات	درجه آزادی df	VIG	DHE	DMA	PLH	AWN	SP	PL	GS	TGW	YLD
Genotype ژنوتیپ	3	1.29	9.92	4.94	1079.43**	33.79**	22.22**	14.10**	3020.45**	159.58**	799537.3
Block بلوک	22	2.34*	12.10**	4.41**	161.94**	1.93	2.7	3.77	16.54	8.66	1669225*
Residual خطای آزمایش	66	1.21	4.01	1.92	30.94	1.37	1.59	2.43	14.04	12.09	755222.9
CV%, درصد ضریب تغییرات		14.2	2.17	1.09	5.84	10.32	16.31	21.46	14.13	7.39	21.75

VIG: قدرت رویش اولیه، DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله، DMA: تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی، PLH: ارتفاع بوته به سانتی‌متر، AWNI: طول ریشک به سانتی‌متر، SP: طول سنبله به سانتی‌متر، PL: 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 ** به ترتیب معنی‌داری با احتمال ۹۵ و ۹۹ درصد هستند.

VIG: Early vigour, DHE: Days to Heading Emergence, DMA: Days to Physiological Maturity, PLH: Plant Height (cm), AWNI: Awn Length (cm), SP: Spike Length (cm), PL: 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.

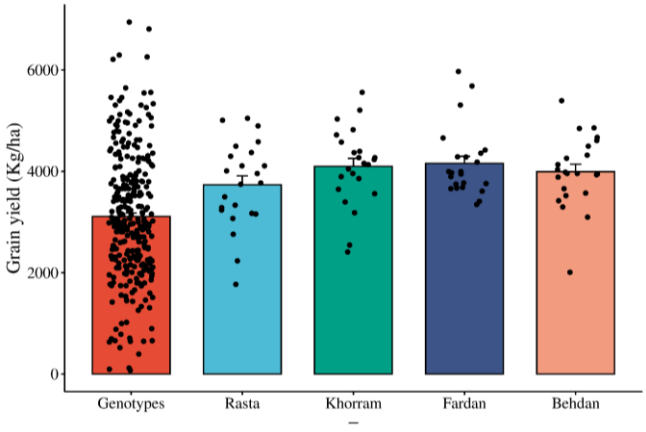
جدول ۲- آماره‌های توصیفی صفات مختلف ژنوتیپ‌های جو

Table 2. Descriptive statistics of different traits of barley genotypes

	Genotypes					Controls			
Variable	Mean	S.D.	CV%	Min	Max	Behdan	Fardan	Khorram	Rasta
VIG	6.67	1.84	27.54	1	10	7.83	8	7.74	7.43
DHE	98.81	5.59	5.66	77.7	107.9	91.84	92.01	91.71	93.14
DMA	130.03	3.94	3.03	121.2	139.4	126.68	127.63	127.5	126.9
PLH	99.18	11.06	11.15	68.6	124.9	91.34	104.82	95.47	89.43
AWN	10.45	1.97	18.87	4.7	18.8	9.9	12.53	10.81	12.13
SP	7.94	1.79	22.58	3.4	13.7	8.13	8.59	7.92	6.33
PL	6.5	2.09	32.12	0.5	14.4	6.56	8.19	7.63	6.67
GS	33.74	11.77	34.89	14.9	62	20.49	21.14	20.75	43.7
TGW	42.42	6.34	14.95	21.1	61.6	47.25	49.6	48.12	43.43
YLD	3109.81	1235.75	39.74	70.5	6945.5	3993.43	4156.48	4097.35	3734.74

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

VIG: Early vigour, DHE: Days to Heading Emergence, DMA: Days to Physiological Maturity, PLH: Plant Height (cm), AWNI: Awn Length (cm), SP: Spike Length (cm), PL: Peduncle Length (cm), GS: Grain Number per Spike, TGW: Thousand Grain Weight (g), YLD: Grain Yield (kg/ha).



شکل ۱- پراکنش میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های جو مورد بررسی در این مطالعه در مقایسه با ارقام شاهد رستا، خرم، فردان و بهدان

Figure 1. Distribution of average grain yield of barley genotypes under investigation compared to control varieties (Rasta, Khoram, Fardan, and Bedan)

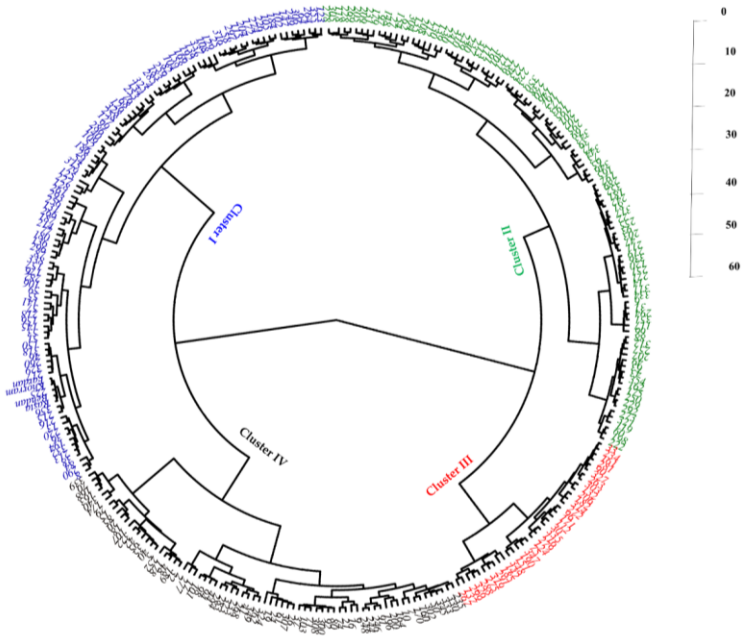
تنوع ژنتیکی، به‌عنوان سنگ بنای مقاومت، سازگاری و پایداری در سیستم‌های زراعی، نقش حیاتی را در حفظ و بهره‌برداری مؤثر از ژرم‌پلاسم گیاهی ایفا می‌کند. شناخت دقیق این تنوع، که از طریق ابزارهای پیشرفته‌ای همچون تجزیه کلاستر ممکن می‌شود، نه‌تنها امکان شناسایی و حفظ ارقام با ارزش را فراهم می‌آورد، بلکه راه را برای برنامه‌های هدفمند به‌نژادی و تضمین امنیت غذایی در مواجهه با چالش‌های محیطی و اقلیمی هموار می‌سازد (Haghpanah *et al*., 2016; Vafadar Shamasbi *et al*., 2017). نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۳۱۰ ژنوتیپ و چهار رقم اصلاح شده جو نشان دادند که با استفاده از صفات اندازه‌گیری شده، ضریب فاصله اقلیدسی و الگوریتم خوشه‌بندی به‌روش Ward، این نمونه‌ها به چهار گروه مجزا تقسیم مشدند (شکل ۲). بیشترین تعداد ژنوتیپ (۱۰۴ ژنوتیپ) در در خوشه اول (Class I) مشاهده شد که شامل ۱۰۰ ژنوتیپ و ۴ رقم شاهد بود. میانگین عملکرد دانه در خوشه اول، ۳۵۰۱/۰۵ کیلوگرم در هکتار، حداقل عملکرد این خوشه ۶۹۵/۵۴ کیلوگرم در هکتار (ژنوتیپ شماره ۳۳۸) و بیشینه عملکرد دانه در این خوشه و در بین همه ژنوتیپ‌ها در ژنوتیپ ۹۹ به مقدار ۶۸۰۸/۰۴ کیلوگرم در هکتار مشاهده شد. مد (نما) عملکرد دانه در این خوشه ۳۰۷۰/۵۴ کیلوگرم در هکتار محاسبه شد. تعداد ۱۰۲ ژنوتیپ در خوشه دوم (Class II) جای گرفت. میانگین عملکرد دانه در این خوشه ۴۰۴۴/۰۲ کیلوگرم در هکتار و حداکثر، حداقل و مد (نما) عملکرد دانه در این خوشه به‌ترتیب ۶۲۹۵/۵۴ (مربوط به ژنوتیپ ۱۳۵)، ۱۹۸۳/۰۴ (مربوط به ژنوتیپ ۱۷۳) و ۲۹۵۸/۰۴ کیلوگرم در هکتار محاسبه شد. کمترین تعداد ژنوتیپ (۳۶ ژنوتیپ) در خوشه سوم (Class III) مشاهده شد و میانگین عملکرد دانه برای این خوشه ۳۴۲۰/۵۴ کیلوگرم در هکتار محاسبه شد. کمترین میزان عملکرد دانه در این خوشه در ژنوتیپ ۱۵۱ (۷۰/۵۴ کیلوگرم در هکتار) و بیشترین میزان عملکرد دانه در ژنوتیپ ۱۳۷ به میزان ۴۸۹۵/۵۴ کیلوگرم در هکتار برآورد گردید. این در حالی است که مد (نما) در خوشه سوم برای این صفت ۳۴۲۰/۵۴ کیلوگرم در هکتار بود که بیشترین میزان در بین هر چهار خوشه محسوب می‌شود. خوشه چهارم (Class IV)، ۷۲ ژنوتیپ را در بر گرفت. کمترین مقدار میانگین و مد (نما) عملکرد دانه در بین تمامی خوشه‌ها در این خوشه (خوشه چهارم) و به‌ترتیب به‌میزان ۲۳۰۵/۹۹ و ۲۰۹۵/۵۴ کیلوگرم در هکتار محاسبه شد. همچنین، حداکثر و حداقل میزان عملکرد خوشه چهارم به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های ۱۹ و ۳۴۰ به‌ترتیب به‌میزان ۵۳۳۳/۰۴ و ۹۵/۵۴ کیلوگرم در هکتار مشاهده شدند (جدول۳). یافته‌های ما با نتایج بهروز و همکاران همسو هستند که در بررسی تنوع ژنتیکی ۱۰۸ لاین و رقم جو نشان دادند که تجزیه خوشه‌ای توانست ژنوتیپ‌ها را بر اساس

عملکرد دانه متفاوت در شرایط دیم تفکیک کند (Behrooz *et al*., 2023). به‌طور کلی، تجزیه خوشه‌ای و شناخت تنوع ژنتیکی درون و بین خوشه‌ها، بستری مناسب را برای انتخاب والدینی با تنوع ژنتیکی بالا فراهم می‌کند. این رویکرد به ایجاد تلاقی‌های هدفمند بین ژنوتیپ‌های مختلف خوشه‌ها کمک می‌کند و در نهایت می‌تواند منجر به تولید نسل‌هایی با پتانسیل عملکرد بالاتر شود (Kumar *et al*., 2020).

جدول ۳- آماره‌های توصیفی مرتبط با عملکرد دانه در خوشه‌های حاصل از تجزیه کلاستر

Table 3. Descriptive statistics related to grain yield in branches resulting from cluster analysis

Class	No. Genotypes	Mean (kg/ha)	CV%	Max (kg/ha)	Min (kg/ha)	Mode (kg/ha)
I	104	3501.02	29.8	6808.04	695.54	3070.54
II	102	4044.02	22.8	6295.54	1983.04	2958.04
III	36	3000.47	32.2	4895.54	70.54	3420.54
IV	72	2305.99	46.3	5333.04	95.54	2095.54



شکل ۲- تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مختلف جو بر اساس ضریب فاصله اقلیدسی و الگوریتم خوشه‌بندی Ward

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

نتایج تجزیه همبستگی در این مطالعه نشان دادند که صفات تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی و تعداد روز تا گلدهی دارای همبستگی مثبت و معنی‌داری (با ضریب 0.49) بودند. در مقابل، همبستگی منفی و معنی‌دار (با ضریب 0.48-) بین تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه وجود داشت. این در حالی است که بین تمامی صفات مورد بررسی، فقط قدرت رویش اولیه (VIG) دارای همبستگی مثبت و معنی‌دار (با ضریب 0.59) با عملکرد دانه بود (جدول ۴). این یافته‌ها تا حدی با برخی مطالعات دیگر در جو هستند است. برای مثال، بیات و واعظی (Bayat & Vaezi, 2016) نشان دادند که صفات مورفولوژیکی مانند ارتفاع گیاه و طول سنبله، به‌ویژه در شرایط دیم، می‌توانند با اجزای عملکرد مرتبط باشند و در برنامه‌های اصلاحی اهمیت دارند. همچنین، سیدآقامیر و همکاران (SeyedAghamiri *et al*., 2012) به وجود همبستگی‌های معنی‌دار بین صفات مختلف مرتبط با عملکرد اشاره کردند که این موضوع، استفاده از برخی ویژگی‌های مورفولوژیکی را به‌عنوان شاخص‌های قابل اعتماد برای عملکرد کلی گیاه تقویت می‌کند. در سوی دیگر، احمدی و حسین‌پور (Ahmadi & Hosseinpour, 2012) بیان کردند که تعداد پنجه مهم‌ترین صفت در افزایش عملکرد دانه جو بود و حدود ۷۰ درصد عملکرد دانه در شرایط طبیعی از پنجه‌ها به دست آمد. در مورد همبستگی منفی بین تعداد دانه و وزن دانه که در مطالعه ما نیز دیده شد، مطالعات دیگری (مانند بیات و واعظی (Bayat &Vaezi, 2016)) نیز این پدیده را گزارش کرده‌اند. این همبستگی منفی نشان‌دهنده آن است که افزایش تعداد دانه‌ها معمولاً به کاهش وزن هر دانه منجر می‌شود. این موضوع می‌تواند به‌دلیل رقابت شدید برای جذب مواد در میان دانه‌های در حال رشد باشد که ناشی از محدودیت در تخصیص منابع است (Benlioglu *et al*., 2024). همچنین، عدم همبستگی معنی‌دار صفات مطالعه‌شده با عملکرد کلی دانه در تحقیق حاضر، به این معنی است که حتی اگر صفات به‌صورت مجزا با یکدیگر همبستگی مثبت یا منفی داشته باشند، لزوماً به افزایش عملکرد کلی منجر نمی‌شوند (Alam *et al*., 2024). این پیچیدگی، نشان‌دهنده آن است که فاکتورهای گوناگونی از جمله تعاملات محیطی و ژنتیکی ممکن است نقش مهمی در تعیین عملکرد نهایی جو ایفا کنند.

جدول ۴- همبستگی بین صفات بر اساس روش پیرسون

Table 4. Correlations between traits based on the Pearson method

	VIG	DHE	DMA	PLH	AWN	SP	PL	GS	TGW	YLD
VIG	1									
DHE	-0.17	1								
DMA	-0.07	0.49	1							
PLH	0.18	0.25	0.16	1						
AWN	0.16	-0.12	-0.13	0.16	1					
SP	0.08	-0.03	0.05	0.38	-0.11	1				
PL	0.2	-0.18	-0.23	0.34	0.07	0.05	1			
GS	-0.23	0.37	0.14	0.06	0.01	-0.28	-0.11	1		
TGW	0.31	-0.32	-0.22	0.19	0.21	0.29	0.21	-0.48	1	
YLD	0.59	-0.25	-0.27	0.29	0.25	0.1	0.3	-0.22	0.33	1

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

VIG: Early vigour, DHE: Days to Heading Emergence, DMA: Days to Physiological Maturity, PLH: Plant Height (cm), AWNI: Awn Length (cm), SP: Spike Length (cm), PL: Peduncle Length (cm), GS: Grain Number per Spike, TGW: Thousand Grain Weight (g), YLD: Grain Yield (kg/ha).

برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر جو که هم عملکرد بالای بیش از ۲۹۰۰ کیلوگرم در هکتار دارند و هم از نظر صفات مهم دیگر مطلوب هستند، از نمودار ون (Venn diagram) استفاده شد. در ابتدا، ۲۰۸ ژنوتیپ با عملکرد بالاتر از ۲۹۰۰ کیلوگرم (برابر با میزان عملکرد دانه شاهدها) در هکتار انتخاب و برای تجزیه و تحلیل‌های تکمیلی مورد استفاده قرار گرفتند. با توجه به اهمیت صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، طول پدانکل، تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه در برنامه‌های به‌نژادی برای زراعت دیم، از این پنج صفت برای رسم نمودار ون و شناسایی ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا و دارای صفات مطلوب استفاده شد. نتایج نشان دادند که در بین ژنوتیپ‌های انتخاب شده، ۱۳۵ ژنوتیپ در دامنه مطلوب ارتفاع بوته (۸۵ تا ۱۰۵ سانتی‌متر) قرار داشتند. ارتفاع بوته مناسب در گیاه در شرایط دیم فرصت و مجال انباشت مواد حاصل از فتوسنتز در جدار ماشوره‌ای ساقه غلات را می‌دهد و همین مورد در زمان فراخوان غذا از مقصد (سنبله) در شرایط تنش و قطع فتوسنتز رایج با به کارگیری سیستم انتقال مجدد امکان هدایت مواد را میسر می‌سازد که در ژنوتیپ‌های با ارتفاع کوتاه به دلیل انباشت کم مواد اسیمیلاتی، پرشدن دانه در مقصد (سنبله) با اختلال مواجه می‌گردد (Abdoli, 2019). از سوی دیگر ارتفاع زیاد بوته سبب ورس یا خوابیدگی بوته می‌شود که این امر موجب کاهش عملکرد خواهد شد (Khobra *et al*., 2019). از لحاظ طول سنبله، تعداد ۱۳۰ ژنوتیپ دارای طول سنبله مطلوب ۷ تا ۹ سانتی‌متر بودند. در غلات با توجه به این‌که پر شدن دانه و تکمیل آن از میانه سنبله به دو سمت صورت می‌گیرد، سنبله‌های با طول متوسط شرایط مناسبی را در پر شدن دانه و مواجه آن با عوامل محیطی نمایان می‌سازد. طول پدانکل به‌عنوان یکی دیگر از صفات مهم در زراعت دیم در ۱۴۵ ژنوتیپ در دامنه ۶ تا ۱۰ سانتی‌متر قرار داشت. در نهایت، صفات مهم مرتبط با دانه وزن هزار دانه مناسب (۴۵ تا ۵۰ گرم) و تعداد دانه در سنبله نیز به‌عنوان صفات مطلوب برگزیده شدند. در این راستا، تعداد ۷۸ ژنوتیپ با بیش از ۳۰ دانه در سنبله و همچنین وزن هزار دانه ۱۵۶ ژنوتیپ بیش از ۴۱ گرم بود (شکل ۳).

بررسی وضعیت ژنوتیپ‌ها با استفاده از نمودار ون، برای شناسایی نمونه‌هایی که دارای چندین صفت مطلوب به‌صورت همزمان هستند، انجام شد. نتایج این تحلیل نشان دادند که ۱۳ ژنوتیپ به‌طور همزمان در تمامی پنج صفت مورد بررسی در محدوده مطلوب قرار داشتند که این ژنوتیپ‌ها از نظر جامعیت صفات برتر، بسیار با اهمیت هستند و می‌توانند به‌عنوان گزینه‌های اصلی برای برنامه‌های اصلاحی آتی موردتوجه قرار گیرند. علاوه بر این، ژنوتیپ‌هایی نیز شناسایی شدند که در چهار صفت مطلوب، همپوشانی داشتند؛ به‌عنوان مثال، ۴۳ ژنوتیپ از لحاظ صفات طول پدانکل (PL)، تعداد سنبله (SP)، طول سنبله (SL) و وزن هزاردانه (TGW)، شش ژنوتیپ از لحاظ صفات تعداد سنبله (SP)، طول سنبله (SL)، تعداد دانه در سنبله (GS) و وزن هزار دانه (TGW)، و هفت ژنوتیپ از لحاظ صفات طول پدانکل (PL)، طول سنبله (SL)، تعداد دانه در سنبله (GS) و وزن هزار دانه (TGW) مطلوب بودند. همچنین، هشت ژنوتیپ دارای همپوشانی در صفات طول پدانکل (PL)، طول سنبله (SL)، تعداد دانه در سنبله (GS) و سه ژنوتیپ از لحاظ صفات طول پدانکل (PL)، تعداد سنبله (SP) و طول سنبله (SL) وضعیت مطلوبی را نشان دادند.

در سطوح پایین‌تر همپوشانی، تعداد قابل‌توجهی از ژنوتیپ‌ها دارای سه صفت مطلوب بودند؛ برای مثالف ۱۸ ژنوتیپ در صفات طول پدانکل (PL)، وزن هزار دانه (TGW) و طول سنبله (SL)، ۱۷ ژنوتیپ در صفات تعداد سنبله (SP)، طول سنبله (SL) و وزن هزار دانه (TGW) و پنج ژنوتیپ دارای صفات تعداد سنبله (SP)، طول سنبله (SL) و تعداد دانه در سنبله (GS) بودند. یک ژنوتیپ نیز از لحاظ صفات طول پدانکل (PL)، تعداد سنبله (SP) و تعداد دانه در سنبله (GS) مطلوب بود. این تنوع در همپوشانی صفات، اطلاعات ارزشمندی را برای انتخاب ژنوتیپ‌های هدفمند بر اساس نیازهای خاص اصلاحی فراهم می‌کند (شکل ۳).

پیش‌تر نیز حق‌پناه و واعظی (Haghpanah & Vaezi, 2025) نیز از Venn diagram برای بررسی ۹۲ ژنوتیپ جو استفاده کردند و عنوان داشتند که این روش توانست ژنوتیپ‌هایی را با عملکرد بالا که از لحاظ صفات دیگر نیز

مطلوب بودند را ارزیابی کند و می‌تواند به عنوان روشی ساده و موثر در انتخاب اولیه ژنوتیپ‌ها در یک خزانه ژنتیکی مورد استفاده قرار گیرد. در آن بررسی، در بین ژنوتیپ‌های با عملکرد بیش از ۴۰۰۰ کیلوگرم در هکتار، ژنوتیپی شناسایی شد که از نظر صفات ارتفاع بوته و تعداد دانه در سنبله، طول سنبله، وزن هزاردانه و طول پدانکل نیز مطلوب بود.

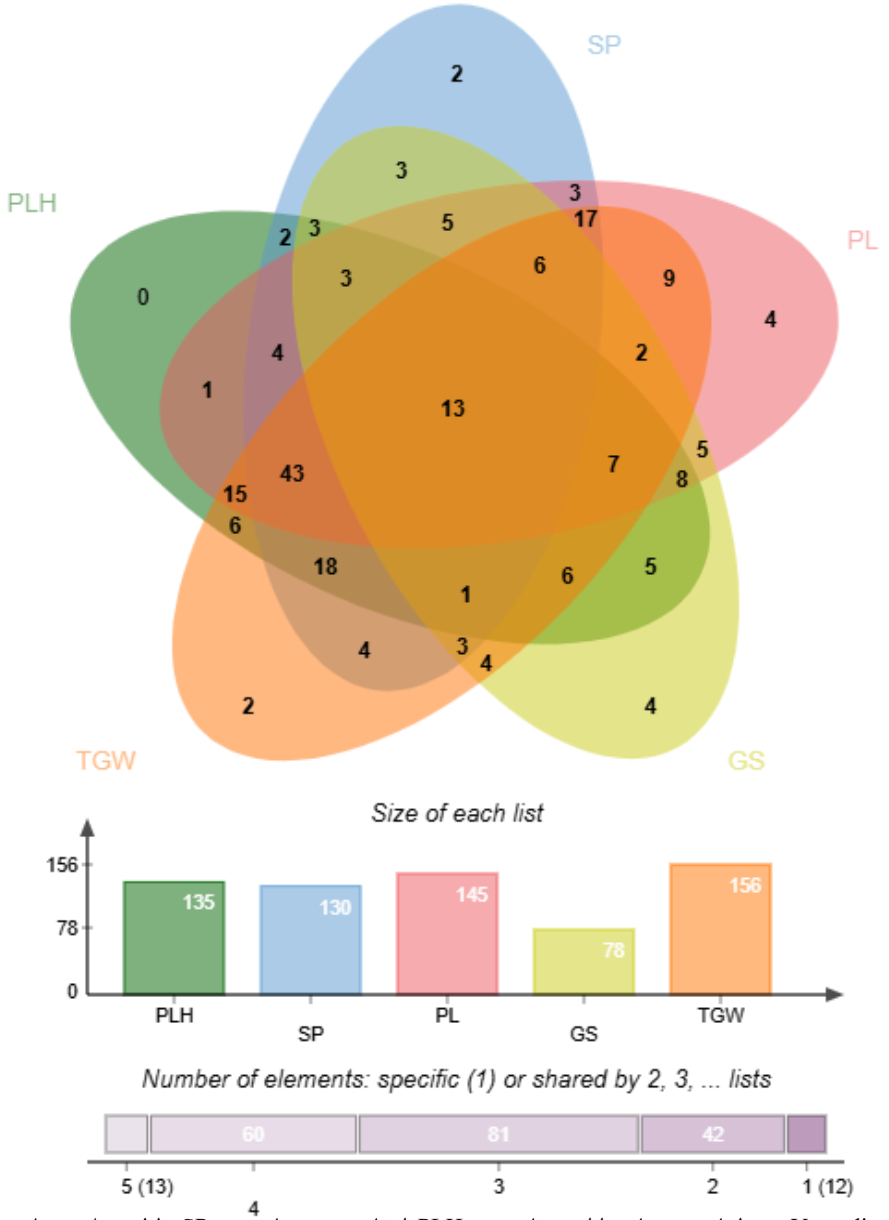
نتایج تجزیه و تحلیل شاخص فاصله ژنوتیپ- ایده‌آل چندصفتی (شکل ۴ A) نشان دادند که ژنوتیپ‌های برگزیده (نشان داده شده با نقاط قرمز) شامل ژنوتیپ‌های ۱۸۴، ۷۹ و ۲۸ دارای کمترین فاصله از ژنوتیپ فرضی ایده‌آل و بهترین عملکرد چندصفتی بودند. ژنوتیپ‌هایی که با نقاط خاکستری (None selected) مشخص شده‌اند، از نقطه ایده‌آل دورتر هستند و مطلوبیت کمتری دارند. در شکل (۴، B)، سهم هر یک از ژنوتیپ‌های منتخب از عامل‌های اصلی مشخص شده است. با توجه به این که در مرحله قبلی در نمودار ون ژنوتیپ‌هایی با طیف مطلوب صفات انتخاب شدند، از این‌رو هرچه مقادیر صفات برای ژنوتیپی بیشتر باشند برای این ژنوتیپ‌ها مطلوب‌تر در نظر گرفته می‌شوند. برای مثال، ارتفاع بوته و زودرسی که در اکثر مطالعات کمتر در نظر گرفته می‌شوند ولی در اینجا حداکثر مقدار برای این صفات به‌ترتیب ۱۳۰ روز و ۱۰۵ سانتی‌متر است. این مقادیر برای زراعت دیم بهتر از مقادیر حداقل در بین ژنوتیپ‌ها معادل ۸۵ سانتی‌متر برای ارتفاع بوته و ۱۲۵ روز برای صفت تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی است.

نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده در شکل ۴ B نمایان هستند. در شاخص MGIDI، سهم عامل‌ها به دو دسته سهم کمتر و سهم بیشتر مشخص می‌شود و هر چه سهم توجیه شده عامل کمتر باشد (نزدیک به لبه خارجی) صفات درون آن عامل به حالت ایده‌آل نزدیک‌تر هستند. همچنین، اگر همه عوامل سهم یکسانی داشته باشند، در شکل با خط‌چین نمایش داده می‌شوند که این مقدار را ارزش نظری می‌نامند (Shirzad *et al*., 2023; Zali & Pour-Aboughadareh, 2023). بر این اساس، ژنوتیپ ۷۹ از نظر صفات مرتبط با عامل اول (FA1) که عمدتاً با صفات مربوط به دوره رشدی و تعداد سنبله (مانند تعداد روز تا سنبله دهی، طول سنبله، و ارتفاع بوته) مرتبط است، وضعیت بهتری نسبت به دو ژنوتیپ دیگر دارد. این در حالی است که از نظر عامل دوم (FA2)، که با ویژگی‌های سنبله و پوشش آن (مانند طول ریشک و طول پدانکل) و همچنین وزن هزار دانه مرتبط است، ژنوتیپ ۲۸ و از نظر عامل سوم (FA3)، که نقش کلیدی در توضیح عملکرد (مانند عملکرد دانه، روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی و تعداد دانه در سنبله) دارد، نیز ژنوتیپ ۲۸ وضعیت بهتری داشتند. وضعیت هر سه ژنوتیپ از نظر عامل چهارم (FA4) که عمدتاً بیانگر جنبه‌های مربوط به رشد اولیه و قدرت رویش گیاه (قدرت رویش اولیه) است، بهتر از ارزش نظری است، با این حال، وضعیت دو ژنوتیپ ۱۸۴ و ۲۸ نسبتاً از ژنوتیپ ۷۹ بهتر است (شکل ۴ B). مقایسه نه ژنوتیپ انتخابی و چهار رقم شاهد نشان می‌دهد که از عملکرد دانه ژنوتیپ‌های ۷۹، ۱۸۴، ۲۵، ۱۷۲ و ۵۹ از میانگین عملکرد دانه شاهدها (۳۹۹۵/۵ کیلوگرم در هکتار) بیشتر هستند (شکل ۵). عملکرد دانه ژنوتیپ ۲۸ (۳۸۳۳ کیلوگرم در هکتار) اگرچه از میانگین شاهدها کمتر برآورد شد، ولی با این حال میانگین عملکرد رقم شاهد رستا (۳۷۳۴/۷۴ کیلوگرم در هکتار) کمتر نبود. همچنین، بر اساس نمودار گرمایی (شکل ۶) که وضعیت ژنوتیپ‌های انتخابی برای هر صفت را نشان می‌دهد، وضعیت ژنوتیپ ۲۸ تقریباً برای تمامی صفات مورد بررسی مطلوب است. این در حالی است که ژنوتیپ ۱۸۴ که بیشترین عملکرد دانه بین ارقام انتخابی را داشت، از لحاظ برخی صفات مانند تعداد دانه در سنبله و تعداد روز تا ظهور سنبله نسبت به سایر ژنوتیپ‌های انتخابی وضعیت مطوبی نداشت و از این‌رو به‌عنوان سومین ژنوتیپ انتخاب شد.

جدول ۵- ضرایب عاملی (پس از چرخش واریماکس)، واریانس تبیین شده و اشتراک صفات در تحلیل عاملی
Table 5. Factor Loadings (after Varimax Rotation), Explained Variance, and Communalities in Factor Analysis

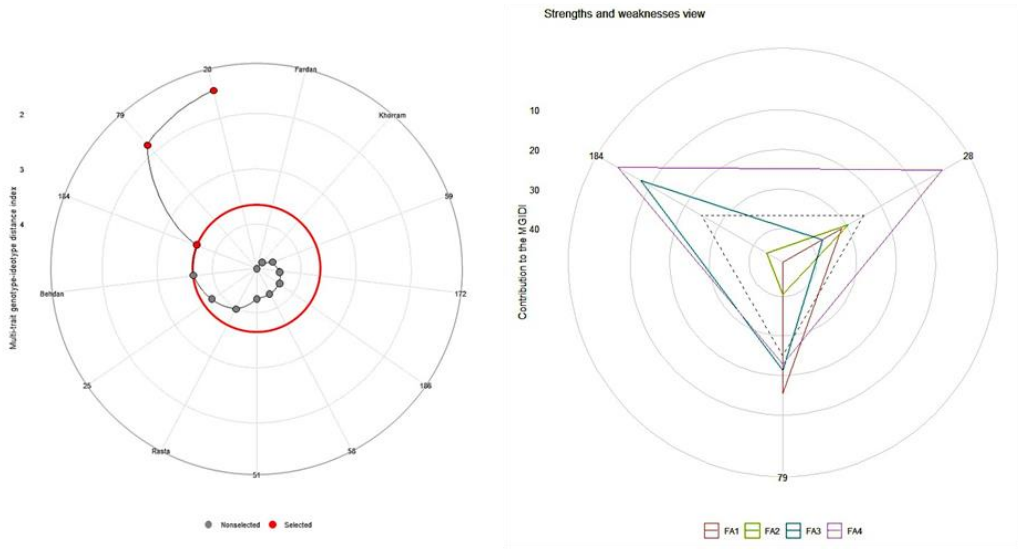
	FA1	FA2	FA3	FA4	Communality	uniqueness
VIG	0.1	-0.04	-0.14	-0.95	0.93	0.07
DHE	-0.88	-0.05	0.17	0.34	0.93	0.07
DMA	0.07	-0.35	0.72	-0.49	0.88	0.12
PLH	-0.74	-0.43	0.25	0.1	0.8	0.2
AWN	0.06	-0.94	0.2	-0.13	0.95	0.05
SP	-0.89	0.15	-0.27	-0.11	0.89	0.11
PL	-0.03	-0.83	-0.24	-0.08	0.76	0.24
GS	-0.08	-0.5	-0.63	-0.07	0.66	0.34
TGW	-0.31	-0.74	-0.01	0.51	0.91	0.09
YLD	0.18	-0.05	-0.89	-0.35	0.94	0.06
Variance%	31.1	24.3	18.9	12.3	-	-
Cum. Variance%	31.1	55.4	74.3	86.6	-	-

VIG: قدرت رویش اولیه، DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله، DMA: تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی، PLH: ارتفاع بوته به سانتی‌متر، AWNI: طول ریشک به سانتی‌متر، SP: طول سنبله به سانتی‌متر، PL: طول پدانکل به سانتی‌متر، GS: تعداد دانه در سنبله، TGW: وزن هزار دانه به گرم و YLD: عملکرد دانه به کیلوگرم در هکتار.
VIG: Early vigour, DHE: Days to Heading Emergence, DMA: Days to Physiological Maturity, PLH: Plant Height (cm), AWNI: Awn Length (cm), SP: Spike Length (cm), PL: 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. PLH: ارتفاع بوته به سانتی‌متر، SP: طول سنبله به سانتی‌متر، PL: طول پدانکل به سانتی‌متر، GS: تعداد دانه در سنبله، TGW: وزن هزار دانه به گرم.

Figure 3. Venn diagram related to genotypes with superior traits. PLH: Plant Height (cm), SP: Spike Length (cm), PL: Peduncle Length (cm), GS: Grain Number per Spike, TGW: Thousand Grain Weight (g).

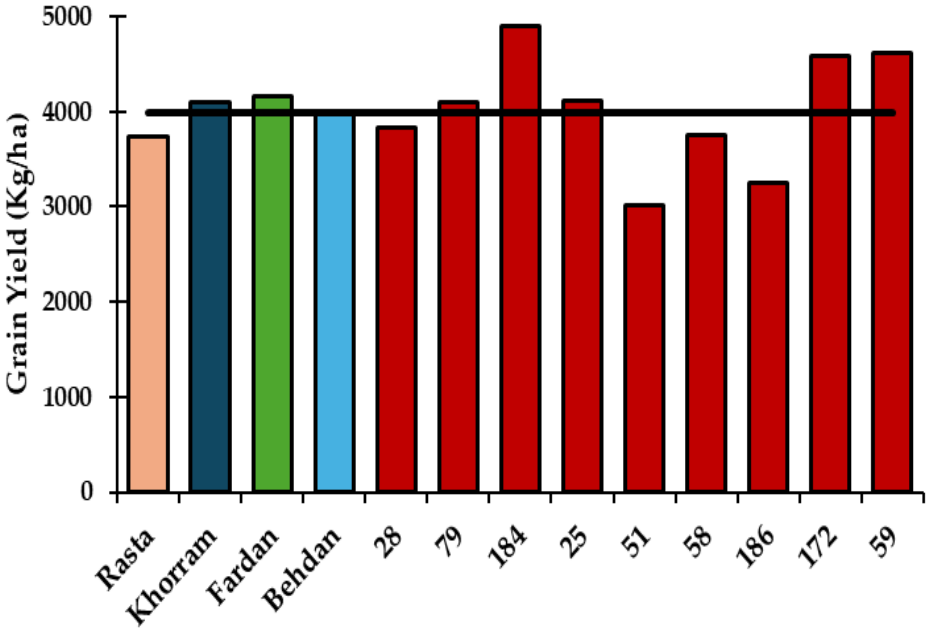


A

B

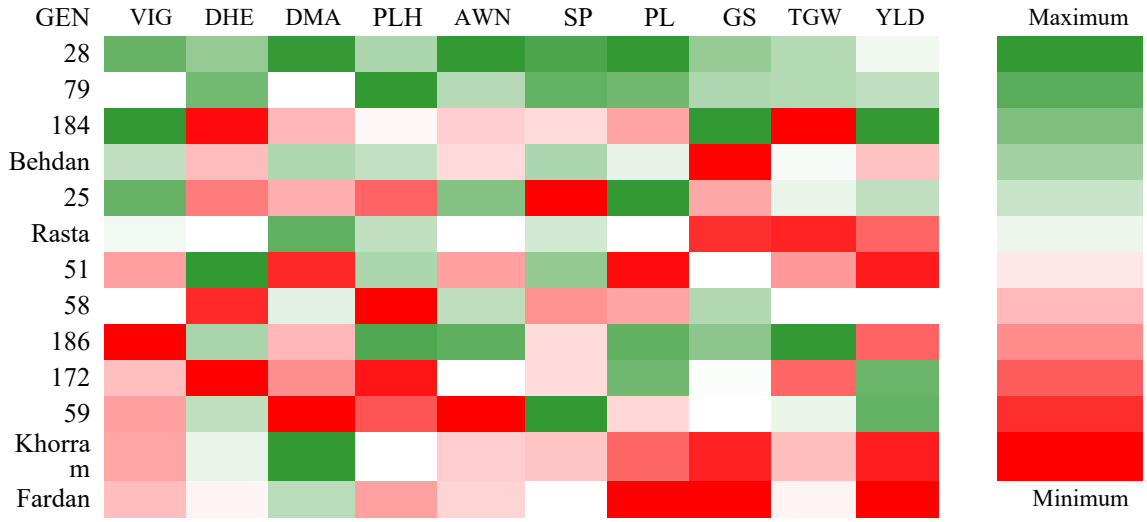
شکل ۴- (A) رتبه‌بندی ژنوتیپ‌های جو بر اساس شاخص MGIDI. ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده با رنگ قرمز مشخص شده‌اند. (B) نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر اساس شاخص MGIDI.

Figure 4. Ranking of barley genotypes based on the MGIDI index. Selected genotypes are highlighted in red. (B) The strengths and weaknesses of the selected genotypes based on the MGIDI index.



شکل ۵- مقایسه میانگین عملکرد نه ژنوتیپ برتر جو و چهار رقم شاهد (خط ممتد میانگین عملکرد چهار رقم شاهد را نشان می‌دهد).

Figure 5. A comparison of average grain yields of the nine superior barley genotypes and four control cultivars (the solid line indicates the average yield of the four control cultivars)



شکل ۶- نقشه حرارتی وضعیت ۹ ژنوتیپ برتر و چهار رقم شاهد در صفات مختلف. VIG: قدرت رویش اولیه، DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله، DMA: تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیکی، PLH: ارتفاع بوته به سانتی‌متر، AWNI: طول ریشک به سانتی‌متر، SP: طول سنبله به سانتی‌متر، PL: طول پدانکل به سانتی‌متر، GS: تعداد دانه در سنبله، TGW: وزن هزار دانه به گرم و YLD: عملکرد دانه به کیلوگرم در هکتار.

Figure 6. The heat map for various traits of the nine superior genotypes and four control cultivars. VIG: Early vigour DHE: Days to Heading Emergence, DMA: Days to Physiological Maturity, PLH: Plant Height (cm), AWNI: Awn Length (cm), SP: Spike Length (cm), PL: Peduncle Length (cm), GS: Grain Number per Spike, TGW: Thousand Grain Weight (g), YLD: Grain Yield (kg/ha).

References

Abdoli, M. (2019). Remobilization of photoassimilates a strategy to deal with drought stress in wheat. *Journal of Wheat Research*, *2*(1), 87-104. [In Persian]

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.

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

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

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

Haghpanah, M., & Vaezi, B. (2025). Studying the Genetic Diversity of Barley Germplasm by Analyzing Agronomic Traits to Identify Superior Genotypes. *Journal of Crop Breeding,* 17(4), 44-54.

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

Khobra, R., Sareen, S., Meena, B. K., Kumar, A., Tiwari, V., & Singh, G. P. (2019). Exploring the traits for lodging tolerance in wheat genotypes: a review. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, *25*(3), 589–600. https://doi.org/10.1007/s12298-018-0629-x

Kumar, Y., Chaurasia, H., Phougat, D., & Sachin, A. (2024). Principal component and factor analysis in advance barley genotypes under drought condition. *Biological Forum – An International Journal*, *16*(3), 9–13.

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

Lin, Z., Robinson, H., Godoy, J., Rattey, A., Moody, D., Mullan, D., Keeble-Gagnere, G., Forrest, K., Tibbits, J., Hayden, M. J., Daetwyler, H., & Pino Del Carpio, D. (2021). Genomic prediction for grain yield in a barley breeding program using genotype × environment interaction clusters. *Crop Science*, *61*(4), 2323–2335. https://doi.org/10.1002/csc2.20460

Mangani, R., Gunn, K. M., & Creux, N. M. (2023). Projecting the effect of climate change on planting date and cultivar choice for South African dryland maize production. *Agricultural and Forest Meteorology*, *341*, 109695. https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2023.109695

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.

Patial, M., Kumar, M., Bishnoi, S. K., Pal, D., Pramanick, K. K., Shukla, A. K., & Gandhi, S. (2023). Genetic variability and trait association for grain yield in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Journal of Cereal Research*, *15*(2). https://doi.org/10.25174/2582-2675/2023/133530

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]

Shirzad, A., Asghari, A., Zali, H., Sofalian, O., & Mohammaddoust Chamanabad, H. (2023). Application of the multi-trait genotype-ideotype distance index in the selection of top barley genotypes in the warm and dry region of Darab. *Journal of Crop Breeding*, *14*(44), 65-76. [In Persian]

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]