دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

ارزیابی و مشخصه‌یابی لاین‌های خالص جو منطقه معتدل کشور

مجید طاهریان[1] و حمیدرضا نیکخواه[2]

۱- استادیار بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مشهد، ایران، (نویسنده مسوول: taherian.m@ut.ac.ir)

۲- استادیار بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مشهد، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۱۰/۲۵ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۱۲/۱۱
صفحه: ۱۰۵ تا ۱۱۶

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: جو (*Hordeum vulgare* L.) بعد از گندم از لحاظ سطح زیر کشت در ایران مقام دوم را دارد و طبق آخرین آمار وزارت جهاد کشاورزی سطح زیر کشت آن در کشور ۱/۵۴۷ میلیون هکتار گزارش شده است که از این سطح مقدار تولید دانه ۳/۵۱۴ میلیون تن می‌باشد. هدف از این پژوهش ۱) ارزیابی تنوع درون ژرم‌پلاسم آزمایش مقدماتی جو منطقه معتدل کشور، ۲)مقایسه ژرم‌پلاسم موجود با ارقام شاهد، ۳)مشخصه‌یابی لاین‌های خالص جو براساس صفات چندگانه تحت شرایط آبیاری بود.

مواد و روش‌ها: ژرم‌پلاسم آزمایش مقدماتی جو منطقه معتدل کشور شامل ۱۰۸ لاین خالص به همراه چهار رقم شاهددر قالب طرح بدون تکرار آگومنت در سه بلوک در مزرعه ایستگاه تحقیقات و آموزش کشاورزی نیشابور طی سال زراعی ۹۸-۱۳۹۷ مورد ارزیابی قرار گرفت. صفات اصلی شامل تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا رسیدگی، طول دوره پرشدن دانه، وزن هزار دانه، ارتفاع بوته و عملکرد دانه اندازه‌گیری شدند. از آماره‌های توصیفی و تجزیه بای‌پلات صفت×ژنوتیپ جهت بررسی اهداف این پژوهش استفاده شد.

یافته‌ها: تنوع زیادی میان ژنوتیپ‌ها براساس صفات مورد بررسی مشاهده شد. مقایسه ژنوتیپ‌ها براساس صفات چندگانه احتمال تشخیص گروه‌های ژنوتیپی مختلف را ممکن ساخت. براساس نمودار بای‌پلات چندضلعی رقم نصرت به همراه لاین‌های ۱، ۳۴ و ۵ بیشترین عملکرد دانه و طول پرشدن دانه را دارا بودند. بیشترین عملکرد دانه ۹/۲۰۸ تن در هکتار و متعلق به لاین شماره ۱ بود. عملکرد دانه همبستگی قوی و مثبتی با طول دوره پرشدن دانه و تعداد روز تا رسیدگی نشان داد. براساس نمودار GT بای‌پلات لاین شماره ۱ به عنوان ژنوتیپ ایده‌آل تشخیص داده شد و نزدیک‌ترین ژنوتیپ‌ها به آن رقم نصرت و لاین‌های ۳۴، ۵، ۴، ۷۴ و ۴۱ بودند. وراثت‌پذیری بالا برای صفات مختلف (به استثنای وزن هزار دانه و ارتفاع بوته) حاکی از افزایش راندمان گزینش بود. در نهایت نتایج نشان دادند که GT بای‌پلات ابزار مفیدی جهت ارزیابی تنوع در ژرم‌پلاسم‌های با تعداد زیادی ژنوتیپ براساس چندین صفت به طور همزمان بود.

نتیجه‌گیری: در این پژوهش و در شرایط آبیاری کامل مشخص شد که ژنوتیپ‌های دارای عملکرد بالا، از دوره پرشدن دانه طولانی، زمان گلدهی کوتاه‌تر و زمان رسیدگی طولانی‌تر برخوردار بودند و در صورتی‌که شرایط محیطی همراه با محدودیت (تنش گرما و رطوبتی) نباشد، این ژنوتیپ‌ها پتانسیل خود را به نمایش می‌گذارند. براساس نتایج به‌دست آمده رقم نصرت و لاین‌های ۱، ۳۴، ۵، ۴، ۷۴ و ۴۱ جزء پرمحصول‌ترین ژنوتیپ‌ها بودند.

واژه‌های کلیدی: تنوع‌ژنوتیپی، روابط صفات، ژرم‌پلاسم ملی، GT بای‌پلات

مقدمه

جو (*Hordeum vulgare* L.) بعد از گندم از لحاظ سطح زیر کشت در ایران مقام دوم را دارد و طبق آخرین آمار وزارت جهاد کشاورزی سطح زیر کشت آن در کشور ۱/۵۴۷ میلیون هکتار (آبی ۶۲۱۹۴۰ هکتار و دیم ۹۲۵۴۳۴ هکتار) گزارش شده است که از این سطح مقدار تولید دانه ۳/۵۱۴ میلیون تن می‌باشد. متوسط عملکرد این گیاه در هکتار در شرایط آبی ۳۷۶۳ و در شرایط دیم ۱۲۶۸ کیلوگرم در هکتار می‌باشد (۱). جو دارای دامنه انتشار و سازش اقلیمی وسیعی بوده به‌طوری‌که گسترده‌ترین دامنه کشت در این گیاه دیده می‌شود (۱۷).

در سال جاری (۱۴۰۰) کمبود تولید جو بیش از پیش احساس شده و در طرح جامع علوفه کشور برنامه‌ریزی افزایش تولید آن در بلندمدت لحاظ شده‌است. از طرفی با توجه به کم‌توقعی محصول جو نسبت به شرایط آبی و خاک این محصول می‌تواند جایگاه بهتری در اکثر اراضی فقیر، کم‌باران، شور و کم آب کشور داشته باشد.

تنوع ژنتیکی به‌عنوان یک مزیت در محیط‌های متغیر به‌شمار می‌رود و این ناشی از ماهیت غیرقابل پیش‌بینی محیط است که گزینش را به‌علت خاصیت بافرینگ (Buffering) در جهت سطوح بالاتر تنوع ژنتیکی پیش می‌برد (۱۳).

بکز و همکاران (۲) تنوع مورفولوژیکی قابل ملاحظه‌ای را در مزارع جو گزارش نمودند و اظهار داشتند که این هتروژنی باعث ایجاد پایداری و ثبات، بخصوص در شرایط محدودیت منابع می‌باشد.

عشقی و آکوندوا (۵) ۶۳ نمونه از جوهای بدون پوشینه از ایکاردا را از لحاظ صفات زراعی و مورفولوژیکی مورد مطالعه قرار دادند. در بین ۲۰ صفت زراعی ومورفولوژیکی مورد ارزیابی، تنوع قابل ملاحظه‌ای از نظر عملکرد دانه در واحد کرت، وزن هزار دانه و طول پدانکل دیده شد. افزون براین وراثت‌پذیری بالایی برای برخی صفات از جمله تعداد دانه در سنبله و تعداد پنجه‌ها به دست آمد. آنها این دو صفت را برای گزینش غیرمستقیم به منظور بهبود عملکرد دانه توصیه کردند. ابراهیم و همکاران (۷) یک مجموعه از ژنوتیپ های جو (۳۹ ژنوتیپ از ایکاردا و یک ژنوتیپ بومی از مصر) را از لحاظ صفات زراعی مورد ارزیابی قرار دادند. بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد مطالعه تفاوت معنی داری وجود داشت.

در پژوهشی تنوع ۱۱۲ ژنوتیپ جو با استفاده از پنج صفت زراعی و فنولوژیک در منطقه گرم داراب از طریق تجزیه خوشه‌ای ارزیابی شدند و در چهار گروه قرار گرفتند که ۱۵ ژنوتیپ برتر با عملکرد بالا یک گروه را تشکیل دادند (۲۳).

ارزیابی ژرم‌پلاسم و گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب باید براساس صفات چندگانه یا اهداف به‌نژادی باشد (۲۲). در اغلب محصولات با وجود این‌که عملکرد هدف اصلی به‌نژادی می‌باشد، سایر صفات زراعی نیز از اهمیت ویژه‌ای برخوردار هستند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.105]

در یک برنامه اصلاحی ارزیابی ژنوتیپ‌ها با دو چالش اصلی مواجه است: ۱) اثر متقابل ژنوتیپ× محیط برای صفت هدف ۲) روابط نامطلوب بین صفات هدف. جهت تعیین اثر متقابل ژنوتیپ× محیط در یک صفت، GGE بای‌پلات روش مناسبی می‌باشد (۲۱). اما چالش روابط نامطلوب بین صفات کلیدی ناشی از این حقیقت است که معمولا صفات هدف همبستگی نامطلوبی دارند، به‌طوری‌که بهبود در یک صفت اغلب به کاهش در یک یا بیش از یک صفت دیگر منجر می‌شود (۲۲). استفاده از تجزیه بای‌پلات ژنوتیپ×صفت (GT) به شناسایی اثرات استراتژی انتخاب (به‌طور قابل توجهی اثرات نامطلوب) کمک می‌کند و از این‌رو روش‌های مناسب را برای افزایش راندمان برنامه‌های به‌نژادی شناسایی می‌کند (۱۸). بای‌پلات ژنوتیپ×صفت شناسایی صفاتی که به‌طور غیرمستقیم برای انتخاب صفت هدف مدنظر قرار می‌گیرند را تسهیل می‌بخشد (۱۸). تجزیه بای‌پلات GT همبستگی ژنتیکی بین صفات را نشان می‌دهد و به بررسی ارتباط بین ژنوتیپ، صفت و ارزیابی ژنوتیپ‌ها بر اساس چندین صفت می‌پردازد (۲۲).

محققان زیادی روش GT بای‌پلات را روشی کارآمد برای بررسی اثر متقابل ژنوتیپ×صفت معرفی نموده و بیان داشته‌اند که این روش اطلاعات مفیدی در خصوص ژنوتیپ‌ها و صفات تحت بررسی در اختیار محقق قرار می‌دهد. کاربرد GT بای‌پلات در گزینش ارقام مناسب برای جو (۱۴،۹،۸،۴)، گندم نان (۱۱،۶)، گندم دوروم (۱۲) گزارش شده است.

هدف از این پژوهش ۱) ارزیابی تنوع درون ژرم‌پلاسم آزمایش مقدماتی جو منطقه معتدل کشور با استفاده از روش‌های آماری تک متغیره و چند متغیره، ۲)مقایسه ژرم‌پلاسم موجود با ارقام شاهد و ۳) دستیابی به اطلاعات لازم برای انجام برنامه به‌نژادی موثر و قابل اعتماد در مناطق معتدل کشور بود.

مواد و روش‌ها

این پژوهش بر ارزیابی ژرم‌پلاسم آزمایش مقدماتی جو منطقه معتدل کشور مشتمل بر ۱۰۸ ژنوتیپ جو حاصل از پروژه دورگ‌گیری ملی و ژنوتیپ‌های دریافتی از مراکز تحقیقات بین‌المللی متمرکز بود (جدول ۱). بدین منظور ۱۰۸ لاین خالص جو به‌همراه چهار شاهد (ارقام نصرت و یوسف و لاین‌های امیدبخش MB93-14 و MB95-4) در قالب طرح بدون تکرار آگومنت در سه بلوک (چهل ژنوتیپ در هر بلوک)، در ایستگاه تحقیقات کشاورزی نیشابور طی سال زراعی ۹۸-۱۳۹۷ کشت شدند. داده‌های هواشناسی محل انجام آزمایش در جدول ۲ آورده شده‌اند. زمین مورد کشت تحت تناوب دو ساله غلات- آیش بوده و عملیات تهیه زمین شامل شخم کلش بعد از برداشت محصول قبل، یک نوبت شخم بهاره، یک نوبت دیسک، دو بار لولر عمود برهم، کود پاشی و ایجار فارو بود. بذور آزمایشی قبل از کاشت به منظور جلوگیری از بیماری سیاهک پنهان با قارچ کش کاربوکسین تیرام به نسبت دو در هزار ضد عفونی گردیدند. میزان بذر مصرفی بر اساس تراکم ۳۵۰ دانه در مترمربع و با در نظر گرفتن وزن هزار دانه برای هر لاین تعیین گردید. کشت به صورت جوی و پشته و آبیاری بصورت نشتی انجام گرفت. نوع و میزان کود بر اساس آزمون خاک هر منطقه مصرف گردید. کود پتاس از منبع سولفات پتاسیم، کود فسفر از منبع فسفات آمونیوم بصورت پایه و کود ازته از منبع اوره بصورت پایه و سرک به مصرف رسیدند. تاریخ کشت در هر منطقه نیمه اول آبان بود. هر کرت آزمایشی شامل ۶ خط ۶ متری به فاصله ۲۰ سانتی‌متر (متر مربع۷/۲=۱/۲×۶) بود که قبل از برداشت نیم متر از ابتدا و انتهای هر کرت حذف و بقیه (۶ مترمربع) برداشت شد. برای مبارزه با علف‌های هرز پهن برگ و باریک برگ، مخلوطی از علف کش‌های گرانستار و پوما سوپر به ترتیب به مقدار ۲۰ گرم و یک لیتر در هکتار در مرحله پنجه‌زنی تا ساقه رفتن استفاده شد. جهت اندازه‌گیری عملکرد، قبل از برداشت نیم متر از ابتدا و انتهای هر کرت حذف شد و عملکرد دانه از سطحی معادل ۶ مترمربع برداشت شد. در طول دوره رشد علاوه بر مراقبت‌های زراعی، یادداشت برداری از کرت های آزمایشی شامل تعداد روز از کاشت تا ۵۰ درصد ظهور سنبله، تعداد روز تا ۵۰ درصد رسیدگی فیزیولوژیک، ارتفاع بوته و وزن هزار دانه به‌عمل آمد.

آماره‌های توصیفی شامل حداقل، حداکثر، دامنه، میانگین و انحراف معیار جهت توصیف تنوع ژنوتیپ‌ها برای هر صفت محاسبه شدند. داده‌های حاصل از ارقام شاهد برای تجزیه واریانس و برآورد وراثت‌پذیری عمومی استفاده شدند. از تلفیق میانگین و انحراف معیار هر صفت جهت تشخیص ژنوتیپ‌های برتر استفاده شد. در این روش پنج گروه ژنوتیپی برای هر صفت تشکیل می‌شود. در مورد صفاتی مثل عملکرد دانه، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته ژنوتیپ‌های دارای مقادیر بزرگ‌تر از (میانگین+ انحراف معیار) و (میانگین + ۲ انحراف معیار) به عنوان ژنوتیپ‌های مطلوب و ژنوتیپ‌های دارای مقادیر کوچک‌تر از (میانگین-انحراف معیار) و (میانگین-۲ انحراف معیار) به‌عنوان ژنوتیپ‌های نامطلوب در نظر گرفته می‌شوند. در مورد صفتی مثل تعداد روز تا ظهور سنبله ژنوتیپ‌های دارای مقادیر کمتر از میانگین، (میانگین-انحراف معیار) و (میانگین-۲ انحراف معیار) ژنوتیپ‌های مطلوب خواهند بود. در شرایط یکسان در ژنوتیپ‌هایی که زمان گلدهی (ظهور سنبله) آن‌ها زودتر صورت می‌گیرد، طولانی شدن دوره پر شدن دانه در افزایش وزن دانه و نهایتا افزایش عملکرد تاثیرگذارتر می‌باشد چرا که از تنش‌های احتمالی گرما و خشکی انتهای فصل کمتر آسیب می‌بینند. ژنوتیپ‌های با مقادیر بین (میانگین±انحراف معیار) در حد متوسط برای صفات مختلف در نظر گرفته می‌شوند. این روش برای گزینش مقدماتی ژنوتیپ‌های مطلوب بر مبنای صفات مورد نظر می‌تواند مفید باشد (۱۶).

برای ارزیابی خصوصیات ژنوتیپ‌های مورد بررسی و مطالعه همبستگی بین صفات از مدل بای‌پلات ژنوتیپ×صفت (GT biplot) استفاده شد. مدل آماری این روش بر پایه رابطه ذیل می‌باشد (۲۰).

$$\frac{T_{ij}-\overline{T}_j}{S_j} = \lambda_1\xi_{i1}\tau_{1j} + \lambda_2\xi_{i2}\tau_{2j} + \varepsilon_{ij}$$

که در آن T_{ij}: ارزش متوسط ژنوتیپ i برای صفت j، $\overline{T}_j$: ارزش متوسط صفت j روی همه ژنوتیپ‌ها، S_j: انحراف

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.52547/jcb.14.43.105]

استاندارد صفت j بین میانگین‌های ژنوتیپ، λ_1 و λ_2 به‌ترتیب مقادیر منفرد مؤلفه‌های اصلی اول و دوم، ξ_{i1} و ξ_{i2} به ترتیب نمره‌های PC1 و PC2 برای ژنوتیپ i، τ_{1j} و τ_{2j} نمره‌های PC1 و PC2 برای صفت j و ε_{ij} باقیمانده مدل است. با توجه به این‌که صفات مختلف واحدهای متفاوت دارند، در ابتدا استانداردسازی داده‌ها برای از بین بردن واحدها صورت گرفت. استانداردسازی با استفاده از رابطه $Z = \frac{X-\mu}{\sigma}$ انجام شد. جهت محاسبه آماره‌های توصیفی از نرم‌افزار SPSS، تجزیه واریانس و وراثت‌پذیری از نرم‌افزار SAS و تجزیه بای‌پلات از نرم‌افزار GEA-R استفاده شد.

جدول ۱- شجره لاین‌های جو مورد بررسی در سال زراعی ۹۸-۱۳۹۷

Table 1. Pedigree of barley lines in cropping year of 2018-19

لاین	شجره	لاین	شجره
۱	Bereke-54/3/MAKOUEE//ZARJOW/80-5151	۵۷	KAROON/KAVIR//Rhodes'S'//Tb/Chzo/3/Gloria'S'/4/**Zarjow/5/Nik**
۲	Bereke-54's/3/Rhn-03//L.527/NK1272	۵۸	26216/4/Arar/3/Mari/Aths*2//M-Att-73-337-1/5/**Nimrooz/6/Nik**
۳	Bereke-54's/3/Rhn-03//L.527/NK1272	۵۹	Rhn-03//Lignee527/As45/3/**Jonoob/4/Nik**
۴	Astrix(C)/3/Mal/OWB753328-5H'F1//Perga/Boyer/4/L.527/5/Yousef	۶۰	Bgs/Dajia//L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/3/Alm/Una80//....)/4/**Kavir/5/Nik**
۵	Michailo/Dobrinya//Yousef	۶۱	Bgs/Dajia//L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/3/Alm/Una80//....)/4/**Kavir/5/Nik**
۶	K-247/2401-13//Vavilon/3/Radical/Pervenets//Radical/4/Rhn-03//L.527/NK1272	۶۲	CANELA/3/HEGE GS679.82/SHYRI//LAUREL/4/CERISE/SHYRI//…/5/MALOUH//Aths/Lignee686/6/Nik
۷	IPA7/4/AwBlack/Aths//Arar/3/9Cr279-07/Roho/5/Rhn-03//Lignee527/As45/6/Yousef	۶۳	Bgs/Dajia//L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/3/Alm/Una80//....)/4/**Sahra**
۸	26216/4/Arar/3/Mari/Aths*2//M-Att-73-337-1/5/**Nik**	۶۴	Kavir/Badia/3/Torsh//9cr.279-07/Bgs/4/Karoon/Kavir/5/**Nik**
۹	26216/4/Arar/3/Mari/Aths*2//M-Att-73-337-1/5/**Nik**	۶۵	Triton/Yazd-5//**Yousef**
۱۰	26216/4/Arar/3/Mari/Aths*2//M-Att-73-337-1/5/**Nosrat**	۶۶	ZBL-2640/**Nosrat**
۱۱	26216/4/Arar/3/Mari/Aths*2//M-Att-73-337-1/5/**Nosrat**	۶۷	Bgs/Dajia//L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/3/Alm/Una80//....)/4/**Yousef**
۱۲	26216/4/Arar/3/Mari/Aths*2//M-Att-73-337-1/5/**Nosrat**	۶۸	Bda/Rhn-03//ICB-107766/3/**Sahra**
۱۳	26216/4/Arar/3/Mari/Aths*2//M-Att-73-337-1/5/**Nosrat**	۶۹	Sahra/3/CABUYA/PETUNIA 1//CIRU
۱۴	Bgs/Dajia//L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/3/Alm/Una80//....)/4/**Sahra**	۷۰	Sahra/3/Hml-02//WI2291/Bgs
۱۵	Bgs/Dajia//L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/3/Alm/Una80//....)/4/**Nosrat**	۷۱	Beecher/Arabian Barley
۱۶	Bgs/Dajia//L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/3/Alm/Una80//....)/4/**Nosrat**	۷۲	Malouh//Aths/Lignee686/4/Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"
۱۷	82S:510/3/Arinar/Aths//DS 29/4/**Sahra**	۷۳	Ashar/Beecher/5/Lignee 527/Chn-01//Gustoe/4/Rhn-08/3/Deir Alla 106//Dl71/Strain 205
۱۸	82S:510/3/Arinar/Aths//DS 29/4/**Sahra**	۷۴	Ashar/Beecher/3/Lignee527/NK1272//JLB70-63
۱۹	82S:510/3/Arinar/Aths//DS 29/4/**Sahra**	۷۵	Yousef/4 /**KAROON/KAVIR//Rhodes'S'//Tb/Chzo/3/Gloria'S'/5/Nik**
۲۰	Dasht//EBC(a)/Badia/3/**Rhn03**	۷۶	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/**Zarjow/4/Yousef**
۲۱	KAROON/KAVIR//Rhodes'S'//Tb/Chzo/3/Gloria'S'/4/**Nik**	۷۷	KAROON/KAVIR//Rhodes'S'//Tb/Chzo/3/Gloria'S'/4/**Zarjow/5/Nik**
۲۲	KAROON/KAVIR//Rhodes'S'//Tb/Chzo/3/Gloria'S'/4/**Sahra**	۷۸	(D-15)Productive/Rihane-03//**Kavir/3/Yousef**
۲۳	KAROON/KAVIR//Rhodes'S'//Tb/Chzo/3/Gloria'S'/4/**Sahra**	۷۹	(D-15)Productive/Rihane-03//**Yousef/3/Nik**
۲۴	Kavir/Badia/3/Torsh//9cr.279-07/Bgs/4/Karoon/Kavir/5/**Nik**	۸۰	IZEH/3/Productive//As46/Aths/4/Nik
۲۵	Kavir/Badia/3/Torsh//9cr.279-07/Bgs/4/Karoon/Kavir/5/**Nosrat**	۸۱	VIOLETA/MJA//Rihane/3/Nik
۲۶	Kavir/Badia/3/Torsh//9cr.279-07/Bgs/4/Karoon/Kavir/5/**Yousef**	۸۲	VIOLETA/MJA//Numar/3/Zahak
۲۷	Kavir/Badia/3/Torsh//9cr.279-07/Bgs/4/Karoon/Kavir/5/**Sahra**	۸۳	ICB05-0422-0AP-5AP-0AP
۲۸	Triton/Yazd-5//**Nik**	۸۴	ICB97-0748-0AP-6AP-20TR-9TR-38AP-0AP
۲۹	Triton/Yazd-5//**Nosrat**	۸۵	Rhn-03//Lignee527/As45/4/Manitou/3/Arbayan-01//CI07117-9/DeirAlla106
۳۰	Triton/Yazd-5//**Yousef**	۸۶	Arig8/Imperial//M7/3/Rt013/4/Rhn-03
۳۱	Triton/Yazd-5//**Yousef**	۸۷	Rihane03/3/As46/Aths*2//Aths/Lignee686/5/CM67/3/Apro//Sv02109/Mari/4/Carbo
۳۲	Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/4/**Nik**	۸۸	WI3257/4/ALISO/CI3909.2//HB602/3/MOLA/SHYRI//ARUPO*2/JET
۳۳	Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/4/**Nosrat**	۸۹	Rihane-03/3/As46/Aths*2//Aths/Lignee686
۳۴	Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/4/**Sahra**	۹۰	Cr115/Pro//Bc/3/Api/CM67/4/Giza120/5/Sutter*2/Numar/6/Arar/Rhn-04
۳۵	Bgs/Dajia//L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/3/Alm/Una80//....)/4/**Sahra**	۹۱	Malouh//Aths/Lignee686
۳۶	NK1272//Manker/Arig8/3/Alanda/Hamra-01/4/Avt/Attiki//M-Att-73-337-1/3/Aths/Lignee686/5/**Nosrat**	۹۲	SLB15-05/4/H.spont.96-3/3/Roho//Alger/Ceres362-1
۳۷	NK1272//Manker/Arig8/3/Alanda/Hamra-01/4/Avt/Attiki//M-Att-73-337-1/3/Aths/Lignee686/5/**Sahra**	۹۳	WI2291/Roho//WI2269/3/Arta
۳۸	Anoidium//Alanda/Hamra-01/3/Lignee527/NK1272//JLB70-63/4/**Nik**	۹۴	Rihane-03/3/As46/Aths*2//Aths/Lignee686/4/Lignee527/Chn-01//Arar/Rhn-03
۳۹	Anoidium//Alanda/Hamra-01/3/Lignee527/NK1272//JLB70-63/4/**Nik**	۹۵	V MORALES/6/LEGACY//PENCO/CHEVRON-BAR
۴۰	Anoidium//Alanda/Hamra-01/3/Lignee527/NK1272//JLB70-63/4/**Nosrat**	۹۶	AF9216/3/ZHEDAR#1/SHYRI//OLMO
۴۱	Arbayan/NK1272/4/Arar/3/Mari/Aths*2//M-Att-73-337-1/5/**Nik**	۹۷	ABN-B/KC-B//RAISA/3/ALELI/4/FNC I 22/DEFRA
۴۲	Arbayan/NK1272/4/Arar/3/Mari/Aths*2//M-Att-73-337-1/5/**Nik**	۹۸	BCD12DH/ESMERALDA/6/V MORALES
۴۳	Arbayan/NK1272/4/Arar/3/Mari/Aths*2//M-Att-73-337-1/5/**Nik**	۹۹	BREA/DL70//TOCTE/3/BREA/DL70//CABUYA/4/TRADITION
۴۴	Arbayan/NK1272/4/Arar/3/Mari/Aths*2//M-Att-73-337-1/5/**Nik**	۱۰۰	LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/3/LEGACY
۴۵	Arbayan/NK1272/4/Arar/3/Mari/Aths*2//M-Att-73-337-1/5/**Sahra**	۱۰۱	MSEL//DEFRA/CL128
۴۶	Arbayan/NK1272/4/Arar/3/Mari/Aths*2//M-Att-73-337-1/5/**Yousef**	۱۰۲	CABUYA/JAZMIN//PETUNIA 1/3/CHAMICO/PETUNIA 1//CIRU
۴۷	Arar/3/Cr.115/Por//Giza 121/4/Arabian Barley	۱۰۳	TOCTE/M112/6/V MORALES
۴۸	Arar/3/Cr.115/Por//Giza 121/4/Productive//As46/Aths	۱۰۴	SHYRI/3/SVANHALS-BAR/MSEL//AZAF/GOB24DH
۴۹	LB.Iran/Una 8271//Gloria"S"/Come"s"-11M/3/Kavir/4/Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"	۱۰۵	MSEL//DEFRA/CL128
۵۰	Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/4/Beecher	۱۰۶	Bgs/Dajia//L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/3/Alm/Una80//....)/4/**Sahra**
۵۱	Nosrat/3/ROHO/MAZORKA//TROMPILO	۱۰۷	Dasht//EBC(a)/Badia/3/**Rhn03**
۵۲	Makouee*2/Yousef	۱۰۸	CBSS04Y00363T-H-2Y-1M-2Y-2M-0Y
۵۳	Yousef/3 / **Dasht//EBC(a)/Badia/4/Nik**	شاهد	نصرت
۵۴	Yousef/3 / **Dasht//EBC(a)/Badia/4/Nik**	شاهد	یوسف
۵۵	Yousef/4 /**KAROON/KAVIR//Rhodes'S'//Tb/Chzo/3/Gloria'S'/5/Nik**	شاهد	MB93-14
۵۶	(Salt-12)ROHO/MAZORKA//TROMPILO/3/**Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/4/Yousef**	شاهد	MB95-4

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.105]

جدول ۲- داده‌های هواشناسی ماهانه سال زراعی ۹۸-۱۳۹۷

Table 2. Monthly meteorological data in cropping year of 2018-19

ماه	بارندگی (میلی‌متر)	رطوبت نسبی (٪)	دما (درجه سیلسیوس)		
			حداقل	حداکثر	میانگین
مهر	۹	۴۳	۶/۷	۲۳/۵	۱۵/۱
آبان	۴۰/۸	۶۴	۳/۹	۱۶/۱	۱۰
آذر	۱۶/۷	۶۶	۱/۱	۱۴/۱	۷/۶
دی	۲۳/۶	۶۵	-۰/۷	۹/۹	۴/۶
بهمن	۳۲/۷	۶۸	-۱/۴	۹/۶	۴/۱
اسفند	۷۳/۶	۶۴	-۰/۱	۱۲/۶	۶/۲
فروردین	۱۱۶	۶۶	۷/۳	۱۹/۲	۱۳/۲
اردیبهشت	۳/۷	۵۴	۸/۹	۲۵	۱۶/۹
خرداد	۴۸/۷	۴۸	۱۳/۵	۲۹/۹	۲۱/۷

نتایج و بحث

توصیف داده‌ها و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها

آماره‌های توصیفی شامل میانگین، حداقل، حداکثر، دامنه و انحراف معیار برای هر صفت در ۱۱۲ ژنوتیپ جو (۱۰۸ لاین خالص و ۴ شاهد) در جدول ۳ نشان داده شده است. دامنه تعداد روز تا ظهور سنبله (DH) از ۱۵۵ تا ۱۶۴ روز متغیر و دارای میانگین ۱۶۰ روز بود. از چهار شاهد آزمایش میانگین سه شاهد نصرت، MB93-14 و MB95-4 حدود ۱۵۹ روز بود در حالی که میانگین تعداد روز تا ظهور سنبله در رقم یوسف حدود ۱۵۶ روز بود. (جدول ۵). در ۱۹ ژنوتیپ سنبله‌ها سه روز زودتر از میانگین کل و در سه لاین یک روز زودتر از رقم یوسف ظاهرشدند (جدول ۴).

در ژنوتیپ‌های مورد بررسی، میانگین تعداد روز تا رسیدگی ۲۰۰ روز بود که در دامنه‌ای از ۱۹۳ تا ۲۰۹ روز متغیر بود (جدول ۳). دربین شاهدهای آزمایش رقم نصرت بیشترین و رقم یوسف به همراه لاین امیدبخش MB93-14 کمترین تعداد روز تا رسیدگی را به خود اختصاص دادند (جدول ۵). تعداد روز تا رسیدگی در ۱۵ ژنوتیپ تقریبا معادل رقم یوسف و لاین MB93-14 بود و سه ژنوتیپ نیز حدود سه روز نسبت به دو شاهد مذکور زودتر به مرحله رسیدگی وارد شدند (جدول ۳). طول دوره پرشدن دانه ژنوتیپ‌ها بین ۳۲ تا ۴۹ روز و میانگین آن حدود ۴۱ روز بود (جدول ۳). در میان شاهدهای آزمایش رقم نصرت بیشترین و لاین امیدبخش MB93-14 کمترین طول دوره پر شدن دانه را به خود اختصاص دادند (جدول ۵). طول دوره پرشدن دانه صفت مطلوبی است ولی در شرایط یکسان ژنوتیپ‌هایی که زمان گلدهی (ظهور سنبله) آن‌ها زودتر صورت می‌گیرد، طولانی شدن دوره پر شدن دانه در افزایش وزن دانه و نهایتا افزایش عملکرد تاثیرگذارتر می‌باشد چرا که از تنش‌های احتمالی گرما و خشکی انتهای فصل کمتر آسیب می‌بینند. تنوع گسترده‌ای میان ژنوتیپ‌ها برای ارتفاع بوته مشاهده شد به طوری‌که از ۸۲ تا ۱۲۵ سانتی‌متر متغیر بود و میانگین آن حدود ۱۰۹ سانتی‌متر بود (جدول ۳). در بین شاهدهای آزمایش ارتفاع بوته دو لاین امیدبخش MB93-14 و MB95-4 کمتر از میانگین کل بود (جدول ۵). در بین ژنوتیپ‌های این آزمایش ۱۱ ژنوتیپ دارای ارتفاع کمتر از ۱۰۰ سانتی‌متر و ۶ لاین دارای ارتفاع کمتر از ۹۲ سانتی‌متر بودند (جدول ۴). میانگین کل وزن هزار دانه ژنوتیپ‌ها حدود ۳۶ گرم بود و از ۲۵ تا ۴۹ گرم در بین ژنوتیپ‌ها متغیر بود (جدول ۳). بیشترین میانگین وزن هزار دانه در شاهدها، متعلق به رقم نصرت، یوسف و MB95-4 بود (جدول ۵). ۱۶ ژنوتیپ دارای وزن هزار دانه معادل سه شاهد مذکور بودند و شش ژنوتیپ بیشترین وزن هزار دانه (بیشتر از ۴۶ گرم) را به خود اختصاص دادند (جدول ۴). عملکرد دانه در بین ژنوتیپ‌ها از ۴/۷۱۷ تا ۹/۲۰۸ تن در هکتار متغیر بود و میانگین عملکرد کل ژنوتیپ‌ها معادل ۶/۷۹۴ تن در هکتار بود. در میان ژنوتیپ‌ها، ۵۵ ژنوتیپ دارای عملکرد بیشتر از میانگین کل بودند (جدول ۴) که نشان دهنده پتانسیل موجود در ژرم‌پلاسم آزمایش مقدماتی جو منطقه معتدل کشور جهت گزینش لاین‌های با عملکرد بالا می‌باشد. بیشترین عملکرد دانه در بین شاهدها متعلق به رقم نصرت بود (جدول ۵). ۱۸ ژنوتیپ عملکردشان از رقم یوسف و لاین امیدبخش MB93-14 بیشتر و تقریبا معادل میانگین عملکرد لاین امیدبخش MB95-4 بود (جداول ۴ و ۵) همچنین چهار ژنوتیپ دارای عملکرد بیشتر از رقم شاهد نصرت بودند (جداول ۴ و ۵).

درصد ژنوتیپ‌های دارای مقادیر بالاتر از میانگین برای صفات مختلف از ۴۸ درصد (برای تعداد روز تا ظهور سنبله) تا ۵۷ درصد (برای صفت وزن هزار دانه) متغیر بود (جدول ۴). حدود ۴۹ درصد ژنوتیپ‌ها دارای عملکرد بالاتر از میانگین بودند در حالی که ۵۷ درصد ژنوتیپ‌ها وزن هزار دانه و ۵۴ درصد دارای ارتفاع بیشتر از میانگین کل بودند (جدول ۴). براساس این سه صفت زراعی، در مجموع حدود ۵۰ درصد ژنوتیپ‌ها نسبت به میانگین کل تظاهر و نمود بهتری داشتند. در مورد صفت تعداد روز تا ظهور سنبله ۵۲ درصد و تعداد روز تا رسیدگی ۵۰ درصد ژنوتیپ‌ها مقادیر کمتر از میانگین داشتند (جدول ۴). این نتیجه بیانگر این است که حدود ۵۰ درصد از ژنوتیپ‌ها نسبت به بقیه، زودرس‌تر بودند. در حدود ۱۴ درصد ژنوتیپ‌هاعملکرد و ۱۶ درصد ژنوتیپ‌ها وزن هرار دانه بیشتر از (میانگین+انحراف معیار) داشتند. در مقابل فقط ۱۷ و ۱۳ درصد ژنوتیپ‌ها دارای تعداد روز تا ظهور سنبله و تعداد روز تا رسیدگی کمتر از (میانگین-انحراف معیار) بودند (جدول ۴). درصد ژنوتیپ‌های بهتر از (میانگین+۲انحراف معیار) برای صفات عملکرد و وزن هزار دانه حدود ۳ درصد بود. همچنین حدود ۳ درصد از ژنوتیپ‌ها دارای تعداد روز تا ظهور سنبله و تعداد روز تا رسیدگی کمتر از (میانگین-۲انحراف معیار) بودند (جدول ۴).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.105]

نتایج تجزیه واریانس و مقایسه میانگین نشان داد که تنوع معنی‌داری میان ارقام شاهد برای همه صفات به‌جز تعداد روز تا ظهور سنبله و وزن هزار دانه وجود داشت. برآورد وراثت‌پذیری عمومی از ۰/۳۲ برای وزن هزار دانه تا ۰/۹۴ برای عملکرد دانه متفاوت بود. مقادیر بالای وراثت‌پذیری عمومی برای صفات عملکرد دانه، ارتفاع بوته و تعداد روز تا رسیدگی بیانگر پاسخ مناسب به گزینش برای این صفات خواهد بود (جدول ۵).

جدول ۳- آماره‌های توصیفی صفات مختلف در ژنوتیپ‌های جو

Table 3. Descriptive statistics parameters for different traits in barley genotypes

صفت	آماره				
	میانگین	حداقل	حداکثر	دامنه	انحراف معیار
تعداد روز تا ظهور سنبله	۱۶۰	۱۵۵	۱۶۴	۹	۲/۲۴
تعداد روز تا رسیدگی	۲۰۰	۱۹۳	۲۰۹	۱۶	۲/۹۷
طول دوره پرشدن دانه	۴۱	۳۲	۴۹	۱۷	۳/۱۷
ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	۱۰۹	۸۲	۱۲۵	۴۳	۸/۴۷
وزن هزار دانه (گرم)	۳۶	۲۵	۴۹	۲۴	۵/۰۷
عملکرد دانه (تن در هکتار)	۶/۷۹۴	۴/۷۱۷	۹/۲۰۸	۴/۴۹۱	۰/۹۷۶

جدول ۴- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های جو براساس تلفیق میانگین و انحراف معیار برای هر صفت

Table 4. Grouping of barley genotypes based on integrating mean value and SD for each trait

گروه آماری	DHE (روز)	DMA (روز)	DUR (روز)	PLH (سانتی‌متر)	TKW (گرم)	YLD (تن در هکتار)
	تعداد ژنوتیپ‌ها در هر گروه					
>Mean	۵۴	۵۶	۶۳	۶۰	۶۴	۵۵
>Mean+SD	۲۹	۱۷	۲۲	۱۵	۱۶	۱۸
>Mean+2SD	۰	۳	۱	۰	۳	۴
<Mean	۵۸	۵۶	۴۹	۵۲	۴۸	۵۷
<Mean-SD	۱۹	۱۵	۱۷	۱۱	۱۷	۱۸
<Mean-2SD	۳	۳	۲	۶	۱	۱
	درصد ژنوتیپ‌ها در هر گروه					
>Mean	۴۸/۲	۵۰	۵۶/۳	۵۳/۶	۵۷/۱	۴۹/۱
>Mean+SD	۲۵/۹	۱۵/۲	۱۹/۶	۱۳/۴	۱۴/۳	۱۶/۱
>Mean+2SD	۰	۲/۷	۰/۹	۰	۲/۷	۳/۴
<Mean	۵۱/۸	۵۰	۴۳/۸	۴۶/۴	۴۲/۹	۵۰/۹
<Mean-SD	۱۷	۳/۴	۱۵/۲	۹/۸	۱۵/۲	۱۶/۱
<Mean-2SD	۲/۷	۲/۷	۱/۸	۵/۴	۰/۹	۰/۹

DHE:تعداد روز تا ظهور سنبله، DMA: تعداد روز تا رسیدگی کامل، DUR: طول دوره پرشدن دانه، PLH:ارتفاع بوته، TKW:وزن هزار دانه، YLD:عملکرد دانه، Mean: میانگین، SD: انحراف معیار

جدول ۵- تجزیه واریانس، مقایسه میانگین و وراثت‌پذیری صفات مختلف در ارقام شاهد جو

Table 5. Analysis of variance, means comparison and heritability estimates for different traits of Barley checks cultivars

منبع تغییرات	درجه‌آزادی	صفات					
		DHE(روز)	DMA(روز)	DUR(روز)	PLH(سانتی‌متر)	TKW(گرم)	YLD(تن در هکتار)
بلوک	۲	۴/۳۳	۴	۶/۳۳	۱۶	۲/۹۷	۰/۷۳
ژنوتیپ	۳	۶/۷۵*	۳۷/۸۸**	۲۷/۶۴^{ns}	۷۷/۶۴*	۴/۲۹^{ns}	۴/۲۸**
خطا	۶	۳/۵۵	۳/۵۵	۱۱/۵۵	۱۳/۵۵	۲۶/۸۱	۰/۱۹
		مقایسه میانگین ارقام شاهد					
نصرت		۱۵۹a	۲۰۵a	۴۶a	۱۱۳a	۴۱a	۸/۷۷۴a
یوسف		۱۵۶b	۱۹۸b	۴۱ab	۱۱۳a	۴۱a	۷/۰۲۵b
MB93-14		۱۵۹a	۱۹۸b	۳۹b	۱۰۷ab	۳۸a	۵/۹۱۴c
MB95-4		۱۵۹a	۲۰۱b	۴۲ab	۱۰۲b	۴۰a	۷/۶۴۱b
وزائت‌پذیری عمومی		۳۵/۲۷	۸۸/۳۵	۵۳/۳	۲۲/۷۷	۲۴/۶۵	۹۳/۸۶

DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله، DMA: تعداد روز تا رسیدگی کامل، DUR: طول دوره پرشدن دانه، PLH: ارتفاع بوته، TKW:وزن هزار دانه، YLD:عملکرد دانه

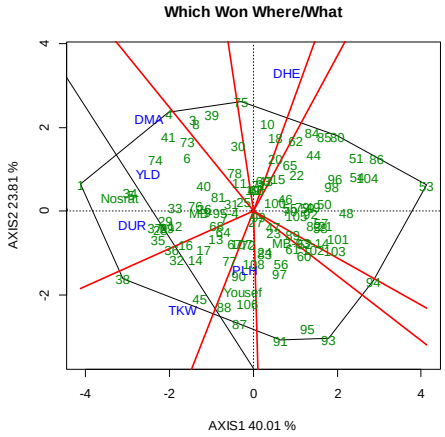
تجزیه بای‌پلات ژنوتیپ×صفت

نمایش گرافیکی اثر متقابل ژنوتیپ×صفت ۱۱۲ ژنوتیپ جو و شش صفت آزمایش زراعی مهم در شکل ۱ ارائه شده است. در این شکل ژنوتیپ‌هایی که بیشترین فاصله را از مرکز بای پلات دارند، به‌وسیله تعدادی خطوط مستقیم به هم وصل شده و سایر ژنوتیپ‌ها در درون چند ضلعی قرار می‌گیرند (۱۹). بای‌پلات ۶۳/۸۲ درصد از تنوع کل داده‌های استاندارد شده را توجیه کرد (شکل ۱). در پژوهش عبادی و همکاران (۴) با استفاده از هشت صفت بر ۱۴۸ لاین دابل‌هاپلوئید جو دو مولفه اول بای‌پلات حدود ۵۵ درصد از تنوع کل را توجیه کردند. براساس شکل ۱ صفات به چهار گروه و ژنوتیپ‌ها به نه گروه تقسیم شدند. صفت فنولوژیکی تعداد روز تا ظهور سنبله به تنهایی در یک گروه قرار گرفت و ژنوتیپ‌های موجود در این گروه شامل لاین‌های شماره ۷۵، ۱۰، ۱۸، ۶۲، ۸۴، ۳، ۸، ۳۹ و ۳۰ جزء لاین‌هایی بودند که دیرترین زمان گلدهی را داشتند (شکل ۱). گروه دوم شامل صفات تعداد روز تا رسیدگی، طول دوره پرشدن دانه و عملکرد دانه بود. در راس این گروه لاین شماره ۱ قرار داشت که دارای بالاترین عملکرد دانه، طولانی‌ترین دوره پر شدن دانه و دیررس‌ترین لاین خالص بود. در این میان، رقم نصرت و لاین‌های خالص

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.105]

شماره ۴۱، ۳۴، ۵، ۳، ۷۴، ۴، ۳۷، ۹، ۱۲، ۶، ۷۳، ۱۴، ۲۹، ۲، ۲۸، ۳۳ و ۴۰ نیز جزء ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا بودند. از بین ژنوتیپ‌های مذکور، رقم نصرت به همراه لاین‌های شماره ۷۴، ۵، ۳۴، ۲، ۳۷، ۲۸، ۲۹، ۴، ۱۲، ۳۳، ۴۱، و ۷۳ دارای دوره پر شدن دانه طولانی بودند. همچنین رقم نصرت به همراه لاین‌های ۳، ۴، ۵، ۶، ۳۴، ۴۱، ۷۳، ۲۸، ۲۹، ۳۳ و ۷۴ دیررس بودند (شکل ۱). از بین لاین‌های پر محصول و دارای دوره پر شدن دانه طولانی، لاین‌های شماره ۲، ۷۴، ۱، ۱۴ و ۳۷ جزء ژنوتیپ‌های دارای گلدهی زودهنگام (تعداد روز تا ظهور سنبله کم) بودند. همان‌طور که قبلا اشاره شد طول دوره پرشدن دانه صفت مطلوبی است ولی در شرایط یکسان در ژنوتیپ‌هایی که زمان گلدهی (ظهور سنبله) آن‌ها زودتر صورت می‌گیرد، طولانی شدن دوره پر شدن دانه در افزایش وزن دانه و نهایتا افزایش عملکرد تاثیرگذارتر می‌باشد چرا که از تنش‌های احتمالی گرما و خشکی انتهای فصل کمتر آسیب می‌بینند. گروه دیگر، وزن هزار دانه را در بر می‌گرفت که ژنوتیپ برتر آن لاین شماره ۳۸ بود. از جمله ژنوتیپ‌های دارای وزن هزار دانه بالا می‌توان به لاین‌های شماره ۳۲، ۳۶، ۱۴ و ۴۵ اشاره کرد (شکل ۱). ارتفاع بوته آخرین گروه را تشکیل داد که در این گروه هیچ ژنوتیپی در راس چند ضلعی وجود نداشت (شکل ۱). هرچند ژنوتیپ‌های شماره ۵۳، ۹۴، ۹۳ و ۹۱ در راس چند ضلعی قرار داشتند اما هیچ صفتی در اطراف آن‌ها وجود نداشت و این موضوع نشان می‌دهد که این لاین‌ها در اکثر صفات مورد بررسی، ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها بودند (شکل ۱). کندال و همکاران (۹) با بررسی هشت صفت در ۱۲ ژنوتیپ جو با استفاده از GT بای‌پلات گزارش کردند که صفات به پنج گروه و ژنوتیپ‌ها به شش گروه تفکیک شدند.



شکل ۱- نمایش چندضلعی بای‌پلات ژنوتیپ×صفت ژنوتیپ‌های جو
Figure 1. Polygon view of GT biplot for barley genotypes
DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله، DMA: تعداد روز تا رسیدگی کامل، DUR: طول دوره پرشدن دانه، PLH: ارتفاع بوته، TKW: وزن هزار دانه، YLD: عملکرد دانه

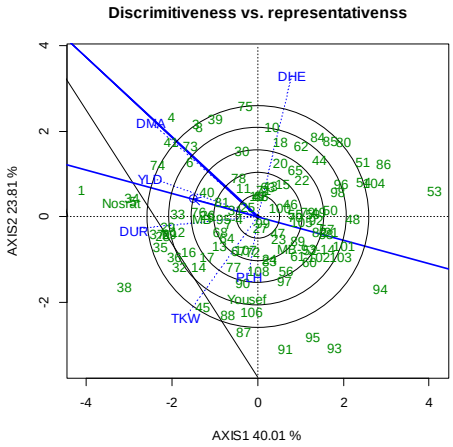
بررسی رابطه بین صفات

دو مولفه اول بای‌پلات ژنوتیپ×صفت حدود ۶۳/۸۲ درصد از تنوع کل را توضیح داد (شکل ۲). این واریانس نسبتا متوسط، بیان‌گر پیچیدگی روابط بین صفات بود. با وجود این، الگوهای اساسی میان صفات توسط بای‌پلات قابل تفسیر هستند (۱۰). در GTبای‌پلات، یک بردار از مرکز بای‌پلات به نقطه مختصات هر صفت رسم شده و تجسم و تصویرسازی روابط میان صفات را تسهیل می‌کند. طول بردار صفات، توانایی صفات در تبعیض ژنوتیپ‌ها را نشان می‌دهد. صفات با طول بردار بلندتر قدرت تفکیک بالاتری دارند و صفات با طول بردار کوتاه‌تر بالعکس. بر این اساس نمایش برداری بای‌پلات GT نشان داد که بیشترین تنوع توجیه شده ناشی از تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا رسیدگی و وزن هزار دانه بود. صفت ارتفاع بوته کمترین نقش در ایجاد تنوع را به خود اختصاص داد (شکل ۲). به شرط آن‌که بای‌پلات نسبت مناسبی از تنوع کل را توجیه کند، ضریب همبستگی بین دو صفت از طریق کسینوس زاویه بین بردارهای آن دو صفت برآورد می‌شود. همبستگی قوی مثبتی بین عملکرد دانه، تعداد روز تا رسیدگی و طول دوره پرشدن دانه مشاهده شد که بیان‌گر این بود که این صفات در رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها مشابه هم عمل کردند (شکل ۲). همچنین همبستگی وزن هزار دانه و طول دوره پر شدن دانه قوی و مثبت بود. این نتایج نشان دادند که در شرایط فاریاب و در سال‌هایی که میزان و توزیع بارندگی مناسب است، ژنوتیپ‌هایی که طول دوره پر شدن دانه آن‌ها طولانی‌تر است از عملکرد و وزن هزار دانه بیشتری برخوردار خواهند بود. از آنجایی‌که وجود زاویه ۹۰ درجه بین بردار صفات نشان‌دهنده عدم همبستگی بین صفات می‌باشد، لذا بین عملکرد دانه و تعداد روز تا ظهور سنبله همبستگی مشاهده نشد. در پژوهشی که توسط رحمتی و همکاران (۱۴) با استفاده از ۱۱ ژنوتیپ جو در دو منطقه انجام شد همبستگی عملکرد دانه با تعداد روز تا سنبله دهی در منطقه دلفان مثبت و در منطقه ایمان‌آباد منفی بود . در مطالعات انجام شده بر ژنوتیپ‌های جو اظهار شده است که به‌علت ماهیت متفاوت شرایط محیطی مانند رطوبت قابل دسترس گیاه و دمای هوا، صفاتی همچون زودرسی سنبله ممکن است نقش متفاوتی در مکان‌های مختلف داشته باشد (۳). همبستگی بین عملکرد دانه و ارتفاع بوته منفی بود و بدین مفهوم است که احتمالا ژنوتیپ‌های با ارتفاع خیلی زیاد به دلیل کودپذیری کمتر و

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.52547/jcb.14.43.105]

حساسیت بیشتر به خوابیدگی بوته، افت عملکرد خواهند داشت. در پژوهشی که توسط کاهاران و آکگون (۸) بر ژنوتیپ‌های جو در ترکیه انجام شد روابط بین صفات با استفاده از GT بای‌پلات بررسی شد و نتایج حاکی از همبستگی منفی ارتفاع بوته و عملکرد دانه بود. همبستگی بین عملکرد دانه و وزن هزار دانه مثبت بود. نقش اجزای عملکرد ممکن است در محیط‌های مختلف تغییر کند و بدین مفهوم است که گیاه با اولویت ایجاد اجزائی از عملکرد با هزینه کم (دسترسی به منابع شامل آب، مواد غذایی و کربن با حداقل هزینه، ذخیره آن‌ها و استفاده در هنگامی‌که شرایط برای رشد گیاه مطلوب‌تر است) سازگاری می‌یابد (۱۵). همبستگی بین دو صفت تعداد روز تا ظهور سنبله و تعداد روز تا رسیدگی مثبت بود که نشان دهنده این است که ژنوتیپ‌هایی که زودتر به سنبله رفتند، زودتر نیز رسیدند و برعکس. همبستگی بین طول دوره پرشدن دانه و تعداد روز تا رسیدگی مثبت و قوی بود در حالی که همبستگی طول دوره پرشدن دانه و تعداد روز تا ظهور سنبله ضعیف و منفی بود که بیانگر این مطلب بود که صفت تعداد روز تا رسیدگی نقش مهم‌تری در طول دوره پرشدن دانه داشت. همبستگی بین وزن هزار دانه و تعداد روز تا ظهور سنبله قوی و منفی بود که گویای این مطلب است که احتمالا ژنوتیپ‌هایی که زودتر وارد مرحله گلدهی شدند، مدت زمان بیشتری را برای پرشدن دانه در اختیار داشتند و لذا وزن هزار دانه در این ژنوتیپ‌ها افزایش یافت. ارتباط ارتفاع بوته با صفات فنولوژیک منفی و قوی بود که ممکن است به این دلیل باشد که ژنوتیپ‌های با رشد رویشی بیشتر با سرعت بیشتری مرحله رویشی را طی کرده و وارد مرحله زایشی می‌شوند.

این پژوهش بر ارزیابی ۱۱۲ ژنوتیپ جو حاصل از پروژه دورگ‌گیری ملی و بر اساس صفات چندگانه متمرکز بود. نتایج نشان داد که سطح بالایی از تنوع در میان ژنوتیپ‌ها، صفات و اثر متقابل بین آن‌ها وجود داشت و مشخصه‌یابی ژنوتیپ‌ها براساس صفات چندگانه مورد تایید و امکان‌پذیر بود. همچنین GT بای‌پلات می‌تواند جهت تفکیک و تمایز ژنوتیپ‌ها براساس هر صفت به‌کار رود (۲۰). بهترین ژنوتیپ‌ها براساس عملکرد دانه، طول دوره پرشدن دانه و تعداد روز تا رسیدگی ژنوتیپ‌های نصرت، ۳۴، ۵، ۱، ۷۴ و ۴۱ بودند در حالی‌که ژنوتیپ‌های ۴۵، ۳۸، ۳۵، ۳۶، ۳۲، ۱۴، ۱۶، ۳۷، ۲۸ و ۳۹ بهترین ژنوتیپ‌ها براساس وزن هزار دانه و طول پرشدن دانه بودند (شکل ۲).

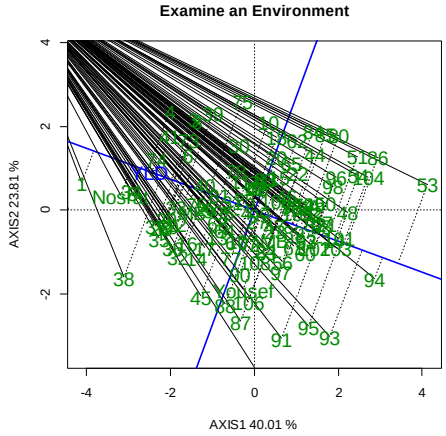


شکل ۲- نمایش بای‌پلات روابط بین صفات و ژنوتیپ‌های جو
Figure 2. Biplot view for relationship between traits and barley genotypes
DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله، DMA: تعداد روز تا رسیدگی کامل، DUR: طول دوره پرشدن دانه، PLH: ارتفاع بوته، TKW: وزن هزار دانه، YLD: عملکرد دانه

ارزیابی ژنوتیپ‌ها براساس صفات ویژه

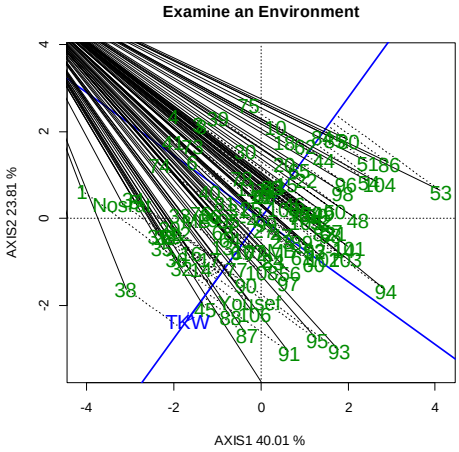
شکل ۳ مقایسه تظاهر نسبی ژنوتیپ‌ها را براساس صفت عملکرد نمایش می‌دهد. هنگامی که صفتی انتخاب می‌شود، خطی موسوم به محور صفت رسم می‌شود که از مبدأ بای‌پلات و علامت مربوط به صفت عبور می‌کند پیکان روی محور صفت، جهت افزایش مقدار آن‌را نشان می‌دهد. خطی دیگر به‌نام خط عمودی، طوری رسم می‌شود که از مبدأ بای‌پلات می‌گذرد و عمود بر محور صفت است (۲۱). براساس عملکرد دانه لاین ۱ بهترین ژنوتیپ بود و بعد از آن رقم نصرت و لاین‌های ۳۴، ۵، ۴، ۷۴ و ۴۱ بالاترین عملکرد دانه را به خود اختصاص دادند در حالی که ژنوتیپ‌های ۵۳، ۹۴ و ۹۳ جزء لاین‌های با کمترین عملکرد دانه بودند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.52547/jcb.14.43.105]



شکل ۳- نمایش بای‌پلات رتبه ژنوتیپ‌های جو براساس عملکرد دانه
Figure 3. Biplot view of barley genotypes ranking based on grain yield

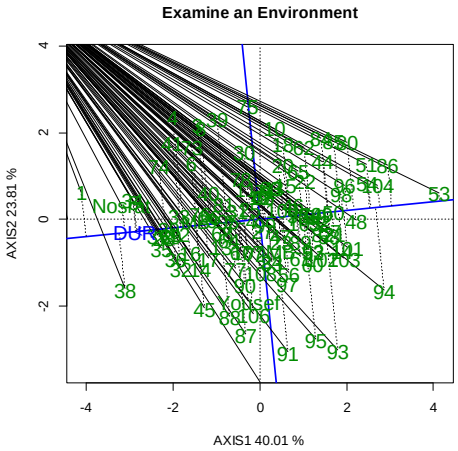
شکل ۴ رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها راا براساس وزن هزار دانه نشان می‌دهد. ژنوتیپ‌های برتر براساس وزن هزار دانه شامل لاین‌های شماره ۳۸، ۴۵، ۸۷، ۸۸، ۹۱، ۱۰۶ و رقم یوسف بودند درحالی که لاین‌های ۵۳، ۸۶، ۵۱، ۸۴، ۸۵ و ۸۰ جزء ژنوتیپ‌های با کمترین وزن هزار دانه بودند.



شکل ۴- نمایش بای‌پلات رتبه ژنوتیپ‌های جو براساس وزن هزار دانه
Figure 4. Biplot view of barley genotypes ranking based on thousand kernel weight

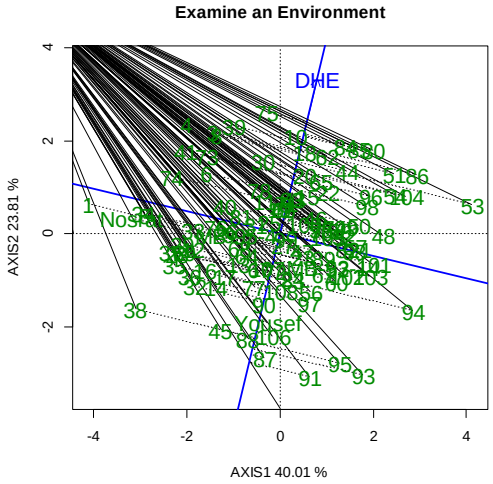
شکل ۵ رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها را براساس طول دوره پرشدن دانه نمایش می‌دهد. براین اساس ژنوتیپ شماره ۱ و بعد از آن ژنوتیپ‌های ۳۸، نصرت، ۳۴ و ۵ بیشترین طول دوره پرشدن دانه را داشتند در حالی‌که لاین‌های شماره ۵۳، ۸۶، ۱۰۴، ۹۴، ۵۱ و ۵۴ کمترین طول دوره پرشدن دانه را به خود اختصاص دادند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.52547/jcb.14.43.105]



شکل ۵- نمایش بای‌پلات رتبه ژنوتیپ‌های جو براساس طول دوره پرشدن دانه
Figure 5. Biplot view of barley genotypes ranking based on grain filling period

شکل ۶ ژنوتیپ‌ها را براساس تعداد روز تا ظهور سنبله رتبه‌بندی کرد. ژنوتیپ‌های شماره ۷۵، ۸۰، ۸۴، ۸۵، ۱۰ و ۳۹ بیشترین تعداد روز تا ظهور سنبله را داشتند در حالی‌که لاین‌های شماره ۹۱، ۸۷، ۹۳، ۹۵، ۸۸، ۴۵، ۳۸، ۱۰۶ و رقم یوسف کمترین تعداد روز تا ظهور سنبله را به خود اختصاص دادند. محققین دیگر در جو (۱۴) و گندم دوروم (۱۲) نیز با استفاده از روش بای‌پلات، ژنوتیپ‌ها را برای هر صفت مهم به طور جداگانه ارزیابی کردند و بدین طریق ژنوتیپ‌های مطلوب را براساس هر صفت به راحتی شناسایی و مشخصه‌یابی کردند.

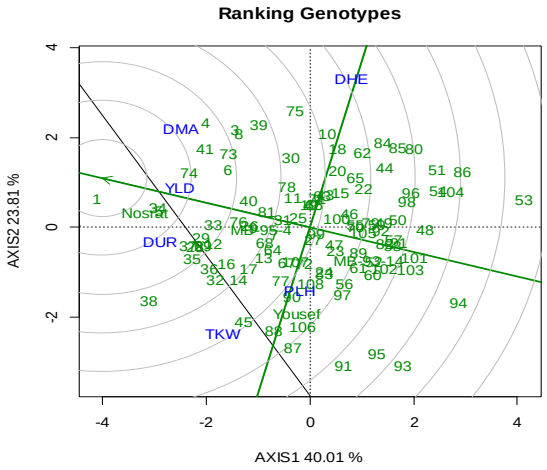


شکل ۶- نمایش بای‌پلات رتبه ژنوتیپ‌های جو براساس تعداد روز تا ظهور سنبله
Figure 6. Biplot view of barley genotypes ranking based on days to heading

شناسایی ژنوتیپ ایده‌آل براساس صفات چندگانه

شکل ۷ نشان داد که لاین شماره ۱ به عنوان ژنوتیپ ایده‌آل از نظر برآیند مجموع صفات مورد بررسی بود. ژنوتیپ ایده‌آل از نظر مکانی در مرکز دوایر متحدالمرکز بای‌پلات قرار دارد. دوایر هم‌مرکز مقایسه کلیه ژنوتیپ‌ها را با ژنوتیپ ایده‌آل ممکن می‌سازد (۱۹). فاصله لاین‌ها از ژنوتیپ ایده‌آل، میزان مطلوبیت آن‌ها را مشخص می‌کند. همان‌طور که در شکل ۷ مشخص است رقم نصرت و لاین‌های ۳۴، ۵، ۴، ۷۴ و ۴۱ نزدیک‌ترین ژنوتیپ‌ها به لاین شماره ۱ هستند لذا جزء ژنوتیپ‌های مطلوب محسوب می‌شوند. کندال و همکاران (۹) با بررسی ۱۲ ژنوتیپ جو با استفاده از GT بای‌پلات، دو ژنوتیپ نزدیک به ژنوتیپ ایده‌آل را براساس صفات زراعی و فنولوژیکی شناسایی کردند.

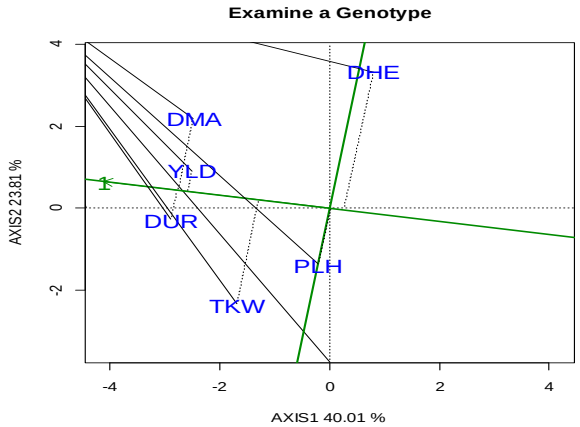
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.52547/jcb.14.43.105]



شکل ۷- نمایش بای پلات مقایسه ژنوتیپ‌های جو با ژنوتیپ مطلوب
Figure 7. Biplot view of barley genotypes in comparison with ideal genotype
DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله، DMA: تعداد روز تا رسیدگی کامل، DUR: طول دوره پرشدن دانه، PLH: ارتفاع بوته، TKW: وزن هزار دانه، YLD: عملکرد دانه

ارزیابی ژنوتیپ ویژه براساس صفات چندگانه

اگر صفات خوب ژنوتیپ ایده‌آل شناسایی شود، گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب براساس آن صفات به راحتی امکان‌پذیر خواهد بود و به کمک این اطلاعات، ژنوتیپ‌ها را می‌توان با حضور یا بدون حضور رقم ایده‌آل، براساس چند صفت زراعی ارزیابی کرد. شکل ۸ تظاهر نسبی ژنوتیپ شماره ۱ به عنوان ژنوتیپ ویژه (دارای بالاترین میزان عملکرد) براساس صفات چندگانه را نشان می‌دهد. این ژنوتیپ نزدیک به صفات عملکرد دانه، طول دوره پرشدن دانه و تعداد روز تا رسیدگی بود و بالاترین مقادیر را برای صفات عملکرد دانه و طول پرشدن دانه به خود اختصاص داد. تعداد روز تا ظهور سنبله برای این ژنوتیپ کمتر از میانگین (۱۵۸ روز) بود که از این نظر یک ژنوتیپ زودرس محسوب شده و برای کشت در شرایط محدود محیطی مثل تنش‌های رطوبتی انتهای فصل و گرما یک مزیت به‌حساب می‌آید. همان‌طور که قبلا اشاره شد طول دوره پرشدن دانه صفت مطلوبی است ولی در شرایط یکسان در ژنوتیپ‌هایی که زمان گلدهی (ظهور سنبله) آن‌ها زودتر صورت می‌گیرد، طولانی شدن دوره پر شدن دانه در افزایش وزن دانه و نهایتا افزایش عملکرد تاثیرگذارتر می‌باشد چرا که از تنش‌های احتمالی گرما و خشکی انتهای فصل کمتر آسیب می‌بینند. لاین شماره ۱ از نظر ارتفاع بوته در حد میانگین (۱۰۸ سانتی‌متر) بود (شکل ۸).



شکل ۸- نمایش بای پلات گروه‌بندی صفات براساس ژنوتیپ ایده‌آل
Figure 8. Biplot view of traits ranking based on ideal genotype
DHE: تعداد روز تا ظهور سنبله، DMA: تعداد روز تا رسیدگی کامل، DUR: طول دوره پرشدن دانه، PLH: ارتفاع بوته، TKW: وزن هزار دانه، YLD: عملکرد دانه

نتیجه‌گیری نهایی

نتایج این آزمایش حاکی از وجود تنوع مطلوب میان ژنوتیپ‌ها براساس صفات مورد بررسی بود. مقایسه ژنوتیپ‌ها براساس صفات چندگانه احتمال تشخیص گروه‌های ژنوتیپی مختلف را ممکن ساخت. عملکرد دانه همبستگی قوی و مثبتی با طول دوره پرشدن دانه و تعداد روز تا رسیدگی نشان

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]
[DOI: 10.52547/jcb.14.43.105]

داد. براساس نمودار GT بای‌پلات لاین شماره ۱ به عنوان ژنوتیپ ایده‌آل تشخیص داده شد و نزدیک‌ترین ژنوتیپ‌ها به آن رقم نصرت و لاین‌های ۳۴، ۵، ۴، ۷۴ و ۴۱ بودند. وراثت‌پذیری بالا برای صفات مختلف (به استثنای وزن هزار دانه و ارتفاع بوته) حاکی از افزایش راندمان گزینش بود. در این پژوهش و در شرایط آبیاری کامل مشخص شد که ژنوتیپ‌های دارای عملکرد بالا، از دوره پرشدن دانه طولانی، زمان گلدهی کوتاه‌تر و زمان رسیدگی طولانی‌تر برخوردار بودند و در صورتی‌که شرایط محیطی همراه با محدودیت (تنش گرما و رطوبتی) نباشد، این ژنوتیپ‌ها پتانسیل خود را به نمایش می‌گذارند. در نهایت نتایج نشان دادند که GT بای‌پلات ابزار مفیدی جهت ارزیابی تنوع در ژرم‌پلاسم‌های با تعداد زیادی ژنوتیپ براساس چندین صفت به طور همزمان بود.

منابع

1. Ahmadi, K., H.R. Ebadzadeh, F. Hatami, H. Abdshah and A. Kazemian. 2018. Agricultural statistics. Ministry of Agriculture-Jahad, 1: 95 pp (In Persian).
2. Backes, G., J. Orabi and A. Woldoy. 2009. High genetic diversity revealed in barley (Hordeum vulgare L.) collected from small scale farmer's fields in Eritrea, Genetic Resources Crop Evolution, 56(1): 85-97.
3. Cammarano, D., C. Hawes, G. Squire, J. Holland, M. Rivington, T. Murgia, P.P. Roggero, F. Fontana, R. Casa and D. Ronga. 2019. Rainfall and temperature impacts on barley (*Hordeum vulgare* L.) yield and malting quality in Scotland. Field Crops Research, 241: 1-11.
4. Ebadi-Segherloo, A., S.A. Mohammadi, B. Sadeghzadeh and M. Kamrani. 2015. Study of heritability and genetic advance of agronomic traits in barley (*Hordeum vulgare* L.) and graphic analysis of trait relations by biplot. Jordan Journal of Agricultural Sciences, 12(1): 299-310.
5. Eshghi, R. and E. Akhundova. 2010. Genetic diversity in hulless barley based on agromorphological traits and RAPD markers and comparison with storage protein analysis. African Journal of Agriculture Research, 5: 97-107.
6. Gholizadeh, A. and H. Dehghani. 2016. Graphic analysis of trait relations of Iranian bread wheat germplasm under non-saline and saline conditions using the biplot method. Genetika, 48(2): 473-486.
7. Ibrahim, O.M., M. H. Mohamed, M.M. Tawfik, and E.A. Badr. 2011. Genetic diversity assessment of barley (Hordeum vulgare L.) genotypes using cluster analysis. International Journal of Academic Research, 3: 81-85.
8. Karahan, T. and I. Akgün. 2020. Selection of barley (*Hordeum vulgare*) genotypes by GYT (genotype × yield × trait) biplot technique and its comparison with GT (genotype × trait). Applied Ecology and Environmental Research, 18(1): 1347-1359.
9. Kendal, E. 2020. Evaluation of some barley genotypes with genotype by yield* trait (GYT) biplot method. Agriculture and Forestry, 66(2): 137-150.
10. Kroonenberg, P.M. 1995. Introduction to biplots for G×E tables. Department of mathematics, research report 51. University of Queensland.
11. Merrick, L.F., K.D. Glover, D. Yabwalo and E. Byamukama. 2020. Use of genotype by yield*trait (GYT) Analysis to select hard red spring wheat with elevated performance for agronomic and disease resistance traits. Crop Breeding, Genetics and Genomics, 2(2): 1-18.
12. Mohammadi, R. and A. Amri. 2011. Graphic analysis of trait relations and genotype evaluation in durum wheat. Journal of Crop Improvement, 25: 680-696.
13. Nevo, E. 1988. Genetic diversity in nature: patterns and theory. Evolutionary Biology, 23:217.246.
14. Rahmati, M., A. Ahmadi, T. Hossein Pour, K. Hamidiyan and M. Reisvand. 2021. Evaluation of yield potential of barley genotypes and identification of traits related to improving grain yield under rainfed conditions. Iranian Journal of Dryland Agriculture, 10(1): 57-71 (In Persian).
15. Ramazani, S.H.R. and M. Abdipour. 2018. Statistical analysis of grain yield in Iranian cultivars of barley (*Hordeum vulgare* L.). Journal of Agricultural Research, 8: 239-246.
16. Shakhatreh, Y., N. Haddad, M. Alrababah, S. Grando and S. Ceccarelli. 2010. Phenotypic diversity in wild barley accessions collected in Jordan. Genetic Resources and Crop Evolution, 57: 131-146.
17. Taherian, M., M. R. Bihamta, S. A. Peyghambari, H. Alizadeh and A. Rasoulnia. 2019. Stability analysis and selection of salinity tolerant barley genotypes. Journal of Crop Breeding, 11(29): 93-103.
18. Xu, N., M. Fok, J. Li, X. Yang and W. Yan. 2017. Optimization of cotton variety registration criteria aided with a genotype- by-trait biplot analysis. Scientific Reports, 7: 17237.
19. Yan, W. 2001. GGE biplot–A Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. Agronomy Journal, 93: 1111-1118.
20. Yan, W. and I. Rajcan. 2002. Biplot analysis of sites and trait relations of soybean in Ontario. Crop Science, 42: 11-20.
21. Yan, W. and M.S. Kang. 2003. GGE Biplot Analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL.
22. Yan, W., J. Fregeau-Reid, N. Mountain and J. Kobler. 2019. Genotype and management evaluation based on genotype by yield×trait (GYT) analysis. Crop Breeding Genetics and Genomics, 1(1): 1-21.
23. Zali1, H., A. Barati and M. Jabari. 2021. Evaluation of variation at barley inbred lines (*Hordeum vulgare* L.) using SIIG index. Journal of Crop Breeding, 13(39): 179 -194 (In Persian).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.105]

Evaluation and Characterization of Barley Inbred Lines in Temperate Regions of Country

Majid Taherian[1] and Hamidreza Nikkhah[2]

1- Assistant Professor of Agricultural and Horticultural Science Research Department, Khorasan Razavi Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Mashhad, Iran, (corresponding author: taherian.m@ut.ac.ir)
2- Assistant Professor of Agricultural and Horticultural Science Research Department, Khorasan Razavi Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Mashhad, Iran
Received: 15 January, 2022 Accepted: 2 March, 2022

Extended Abstract

Introductionand Objective: Barley (*Hordeum vulgare* L.) with a cultivated area of nearly one and a half million hectares and with a production of about three million tons per year after wheat is the main crop in the country. The main objectives of this study were to (i) examine the variation within the barley national germplasm, (ii) compare the introduced germplasm with the check cultivars, and (iii) characterization of barley inbred lines based on multiple traits under irrigation conditions.

Material and Methods: A national temperate barley germplasm consisting of 108 inbred lines in the non-repeating Augment design with four controls in three blocks were evaluated in the farm of Neishabour Agricultural and Natural Resources Research Station in cropping year of 2018-19. Several main traits i. e., days to heading, days to maturity, plant height, thousand kernel weight and grain yield were recorded for preliminarily evaluation of the germplasm. Several simple univariate methods and genotype by trait (GT) biplot analysis were used to examine the variation within germplasm and to provide information to enable better germplasm utilization in the national temperate barley breeding program.

Results: Wide variation was observed for the genotypes based on the studied traits. The comparison of genotypes based on multiple traits confirmed the possibility of finding contrasting groups. Based on GT-Biplot polygon, Nosrat cultivar along with 1, 34 and 5 lines were displayed high grain yield, grain filling period and day to maturity. The highest grain yield was 9.208 tons per hectare and belonged to line number 1.The vector view of GT biplot showed high correlation between grain yield with grain filling period and date to maturity. According to resulting from biplot of barley lines in comparison with ideal genotype, line no. 1 was identified as the ideal genotype. Also the closest genotypes to it were Nosrat cultivar and 34, 5, 4, 74, 41 lines. The high heritability for the traits (except for thousand kernel weight and plant height) is encouraging from a standpoint of increasing the selection efficiency. In conclusion, the GT biplot offers a useful analytic tool for examining the variation among large sets of lines, for exploring multiple trait data and for aiding in multi-trait selection.

Conclusion: It was found that the genotypes with the highest grain yield had high the duration of the grain filling period, late in maturity and early in flowering under irrigated conditions. Based on the results, Nosrat cultivar along with lines 1, 34, 5, 4, 74 and 41 were the most high-yielding genotypes.

Key words: Genotype variation, GT biplot, National germplasm, Trait relations

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-24]

[DOI: 10.52547/jcb.14.43.105]