

بررسی تنوع و گزینش ژنوتیپ‌های با عملکرد مطلوب گندم نان (*Triticum aestivum*) تحت شرایط دیم از نظر برخی صفات زراعی

مهرداد رمضان‌پور توپکانلو^۱، حسین حاتم‌زاده^{۲*}، فرح‌الله شهریاری^۳

- ۱- دانشجوی گروه بیوتکنولوژی و به‌نژادی گیاهی، دانشگاه فردوسی، مشهد، ایران.
- ۲- ایستگاه تحقیقات کشاورزی دیم شیروان، مرکز تحقیقات کشاورزی خراسان شمالی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، بجنورد، ایران.
- ۳- گروه بیوتکنولوژی و به‌نژادی گیاهی، دانشگاه فردوسی، مشهد، ایران.

چکیده مبسوط

مقدمه: غلات جزء مهم‌ترین منابع تأمین انرژی بشر محسوب می‌شوند، که در بین آن‌ها گندم نان به‌عنوان یک محصول مهم و استراتژیک در جهان شناخته شده است. تنش خشکی یکی از عوامل مهم کاهش تولید گندم نان به شمار می‌آید. در حال حاضر توسعه ارقام متحمل به خشکی به‌عنوان یک چالش بزرگ برای به‌نژادگران محسوب می‌شود. روش‌های مختلفی برای ارزیابی تنوع در گونه‌های گیاهی وجود دارد که یکی از روش‌ها، روش‌های آماری چند متغیره می‌باشد. این تحقیق باهدف بررسی تنوع و گزینش بهترین لاین یا لاین‌ها جهت برنامه‌های اصلاحی در شرایط دیم انجام شد.

روش شناسی پژوهش: آزمایش در سال زراعی ۱۴۰۱-۰۲ در ایستگاه تحقیقات کشاورزی دیم شیروان-خراسان شمالی انجام شد. این پژوهش با ۱۹۳ لاین و هفت رقم گندم دیم در قالب طرح آلفا لاتیس با دو تکرار انجام شد. در طول فصل رشد و پس از برداشت، داده‌های مربوط به صفات فنولوژیکی و مورفولوژیکی ثبت و اندازه‌گیری شدند. محاسبات آماری شامل تجزیه واریانس توسط نرم‌افزار SAS نسخه ۴-۹، تجزیه همبستگی، تجزیه رگرسیون و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی توسط نرم‌افزار R (Version 4.2.1) انجام شدند. جهت گزینش لاین‌های برتر از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل توسط نرم‌افزار Excel استفاده شد.

یافته‌های پژوهش: تجزیه واریانس اختلاف معنی‌داری را در بین ژنوتیپ‌ها برای تمام صفات مورد مطالعه نشان داد ($p < 0.01$). عملکرد دانه بیشترین همبستگی مثبت و معنی‌داری را با عملکرد بیولوژیک 0.824 ، شاخص برداشت 0.817 ، ارتفاع بوته 0.393 ، وزن سنبله 0.236 و وزن هزار دانه 0.220 داشت ($p < 0.01$). از طرفی بین صفات فنولوژیکی نظیر روز تا رسیدن، روز تا سنبله دهی، روز تا پرچم دهی با صفات شاخص برداشت و وزن هزار دانه رابطه معکوس معنی‌داری وجود داشت که بیانگر وزن دانه کمتر و عملکرد دانه کمتر در ژنوتیپ‌های دیررس می‌باشد. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که سه مؤلفه اصلی اول در مجموع $69/1$ درصد از تنوع صفات را توجیه کردند. شاخص انتخاب گزینش ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)، لاین‌های شماره ۲۵، ۷۳، ۹۰، ۸۴ و ۱۹۰ به ترتیب با مقادیر 0.91 ، 0.83 ، 0.83 ، 0.81 و 0.80 جزو ایده‌آل‌ترین ژنوتیپ‌ها شناسایی نمود. همبستگی بین شاخص SIIG و



* نگارنده مسئول: h.hatamzadeh@areeo.ac.ir

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۲/۱۳ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۰/۱۰

صفات مورد ارزیابی نشان داد که عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت همبستگی بالایی را با شاخص SIIG داشتند. بنابراین ژنوتیپ‌های ۲۵، ۷۳، ۹۰، ۸۴ و ۱۹۰ با داشتن شاخص SIIG بالا و نیز دارا بودن پتانسیل عملکرد بالا می‌توانند در برنامه‌های به‌نژادی آتی بهره‌گرفته شوند.

کلمات کلیدی: تنوع ژنتیکی، شاخص‌گزینش، شرایط دیم، گندم نان

مقدمه

توده‌های گیاهی بومی منابع ارزشمندی برای تحمل به تنش‌های محیطی از جمله تنش خشکی به شمار می‌روند. نژادهای بومی گیاهی، جمعیت‌های ناهمگن و سازگاری هستند که به‌طور محلی اهلی شده‌اند و منابع ژنتیکی را فراهم می‌کنند که می‌توانند پاسخ‌گوی نیازهای ناشی از چالش‌های جدید و پیش روی کشاورزی تحت شرایط پرتنش باشند. روش‌های مختلفی برای ارزیابی تنوع در گونه‌های گیاهی وجود دارد که یکی از روش‌ها، روش‌های بیومتری می‌باشد. در این روش چندین متغیر به‌طور هم‌زمان مورد اندازه‌گیری و بررسی قرار می‌گیرند (Almamouri *et al.*, 2024). طی مطالعه‌ای که بر روی تنوع فنوتیپی ۴۸ ژنوتیپ گندم نان در موسسه تحقیقات دیم مراغه صورت گرفت، نتایج بیان داشت که ژنوتیپ‌ها از نظر صفات شاخص برداشت، عملکرد دانه، وزن هزار دانه، عملکرد بیولوژیک، ارتفاع گیاه، تعداد روز تا سنبله دهی، روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی و طول دوره پر شدن دانه دارای اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد بودند (Roustaii *et al.*, 2021). نتایج تجزیه همبستگی در پژوهشی بر روی ۱۲۰ لاین گندم دوروم تحت شرایط دیم نشان داد؛ صفات تعداد سنبله، ارتفاع بوته، عملکرد زیست‌توده، طول پدانکل، طول سنبله، تعداد روز تا گلدهی، شاخص برداشت به‌عنوان مهم‌ترین صفات مؤثر بر عملکرد دانه شناسایی شدند که می‌توان در گزینش‌های مستقیم مورد استفاده قرار داد (Ahmadirad *et al.*, 2022). جهت توجه تنوع موجود در جامعه و تعیین نقش هر صفت در تنوع و همچنین کاهش تعداد متغیرهای اصلی می‌توان از تجزیه به‌عوامل بهره‌برد. نتایج آزمایش سرابی و همکاران (Sarabi *et al.*, 2011) بر

مسئله تأمین غذا بی‌تردید به‌عنوان یکی از مهم‌ترین چالش‌های هر جامعه به شمار می‌آید. در سید غذایی جوامع بشری، غلات سهم بیشتری نسبت به بقیه محصولات دارند. در میان غلات، گندم به لحاظ دارا بودن خواص ویژه و تبدیل شدن به نان از اهمیت بسزایی برخوردار است (Motevalli Taher *et al.*, 2019). طبق گزارش فائو (FAO, 2022) تولید گندم در سال ۲۰۲۲ در قاره آسیا حدود ۲۷۶ میلیون تن بوده است که ۱۳ میلیون تن آن مربوط به کشور ایران است، که نسبت به سال ۲۰۲۱ حدود ۱۷/۳ درصد افزایش عملکرد داشته است. امنیت غذایی در جهان با چالش‌های گوناگونی مواجه است که ناشی از افزایش جمعیت و تغییرات آب و هوایی می‌باشد. تغییرات آب و هوایی سبب بروز پدیده‌های اقلیمی نظیر خشک‌سالی شده است که باعث کاهش تولید محصولات کشاورزی شده است (Harischandra Ghodke *et al.*, 2019). در حال حاضر توسعه ارقام متحمل به خشکی به‌عنوان یک چالش بزرگ برای به‌نژادگران محسوب می‌شود. از جمله عواملی که اصلاح ارقام گندم برای تحمل به تنش خشکی را با چالش مواجه ساخته شامل کنترل ژنتیکی پیچیده چند صفتی و چندژنی، برهمکنش ژنوتیپ و محیط بالا، وراثت‌پذیری پایین و مشکلات مربوط به غربالگری انبوه صفات و ژن‌های گیاهی مؤثر در تحمل به خشکی است. گزینش ژنوتیپ‌های متحمل به خشکی به‌عنوان رویکردی مقرون‌به‌صرفه برای افزایش تولید گندم در مناطق کم رطوبت، همیشه مدنظر به‌نژادگران بوده است (Arshad *et al.*, 2023).

در قالب طرح آلفا لاتیس (ژنوتیپ به عنوان عامل ثابت و ۲۰ بلوک به عنوان عامل تصادفی) با دو تکرار پیاده شد. هر لاین در دو خط یک متری به فاصله ۲۵ سانتیمتری کشت شد. زمین زراعی اوایل مهر شخم و دیسک زده شد. سپس آزمایش به صورت دستی کشت گردید. در این پژوهش ۱۲ صفت شامل صفات روز تا سنبله دهی، روز تا پرچم دهی، روز تا رسیدگی، دوره پر شدن دانه، ارتفاع بوته (برحسب سانتیمتر)، طول سنبله (برحسب سانتیمتر)، وزن سنبله (برحسب گرم)، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه (برحسب گرم)، عملکرد دانه (برحسب کیلوگرم در هکتار)، عملکرد بیولوژیک (برحسب کیلوگرم در هکتار) و شاخص برداشت مورد اندازه گیری قرار گرفتند. محاسبات آماری شامل آنالیز واریانس از نرم افزار SAS نسخه 9-4 (SAS Institute, 2013)، تجزیه همبستگی، تجزیه رگرسیون به روش گام به گام و تجزیه به مؤلفه های اصلی توسط نرم افزار Version 4.2.1 R انجام شد (Rencher and William, 2012). جهت گزینش لاین های برتر از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده آل توسط نرم افزار Excel استفاده شد (Zali et al., 2015). نحوه محاسبه شاخص (SIIG) به شرح ذیل می باشد.

۱- تشکیل ماتریس داده ها:

با توجه به تعداد ژنوتیپ ها و صفات مختلف مورد بررسی، ماتریس داده ها به صورت زیر تشکیل می شود.

$$D = \begin{bmatrix} X_{11} & X_{12} & \dots & X_{1m} \\ X_{21} & X_{22} & \dots & X_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ X_{n1} & X_{n2} & \dots & X_{nm} \end{bmatrix}$$

در این ماتریس X_{ij} : مقدار صفت i ام ($i=1, 2, \dots, n$) در رابطه با ژنوتیپ j ام می باشد؛ در واقع ستون ها ژنوتیپ ها و ردیف ها صفات را شامل می شود.

روی رقم پیشرفته گندم نان نشان داد که دو مؤلفه اول به ترتیب ۶۸/۱۴ و ۷/۳۷ درصد و در مجموع ۷۵/۵۲ درصد از تنوع بین صفات را تبیین نمودند. مؤلفه اول به عنوان مؤلفه عملکرد و اجزای عملکرد و مؤلفه دوم به عنوان مؤلفه فنولوژی شناخته شدند. گزینش لاین یا لاین های برتر از یک مجموعه ژرم پلاسمی با در نظر گرفتن یک صفت به تنهایی ممکن است نتایج مطلوبی حاصل نگردد و از آنجایی که گزینش افراد با در نظر گرفتن کلیه صفات تحت مطالعه به صورت هم زمان کاری دشوار تلقی می شود. لذا جهت تسهیل این امر می توان به شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده آل (SIIG^۱) اشاره کرد (Zali et al., 2015). تاکنون در پژوهش های مختلفی از شاخص SIIG جهت گزینش لاین های برتر جو، کلزا، گندم دوروم، چغندر قند و غیره توسط محققین بهره گرفته شده است (Abdullahi Hesar et al., 2021; Azizi et al., 2023; Dastfal et al., 2022; Karimizadeh et al., 2021; Zali et al., 2022). این تحقیق با هدف بررسی تنوع و گزینش بهترین لاین یا لاین ها جهت برنامه های اصلاحی در تحقیقات کشاورزی دیم انجام شد.

مواد و روش ها

این آزمایش در سال زراعی ۱۴۰۱-۰۲ در ایستگاه تحقیقات کشاورزی دیم شیروان واقع در خراسان شمالی انجام شد. این ایستگاه در ارتفاع ۱۱۳۱ متر از سطح دریا، با طول ۵۸/۰۷ درجه شرقی و عرض ۳۷/۱۹ درجه شمالی واقع است و دارای اقلیم سرد و خشک می باشد. متوسط بارندگی بلندمدت سالیانه ۲۶۷/۴ میلی متر و مجموع بارندگی سال زراعی ۰۲-۱۴۰۱ به مقدار ۱۷۲ میلی متر توسط ایستگاه هواشناسی ثبت شده است (شکل ۱). این آزمایش با ۱۹۳ لاین و هفت رقم (آذر ۲، واران، باران، هشترود، سرداری، صدرا و جام) گندم دیم (جدول تکمیلی ۱)

¹ selection index of ideal genotype

در این مرحله برای هر صفت، فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل (d^+) و ژنوتیپ ضعیف (d^-) به ترتیب از روابط زیر محاسبه می‌شوند.

$$d_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^+)^2} \quad i=1, \dots, n; \quad (\text{رابطه ۲})$$

$$d_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^-)^2} \quad j=1, \dots, m. \quad (\text{رابطه ۳})$$

در روابط فوق r_{ij} : مقدار نرمال شده شاخص صفت i ام ($i=1, 2, \dots, n$) در رابطه با ژنوتیپ j ام ($j=1, 2, \dots, m$) می‌باشد.

۵- مرحله آخر محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG):

جهت محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل از رابطه زیر محاسبه می‌شود:

$$SIIG = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \quad 0 \leq SIIG \leq 1 \quad (\text{رابطه ۴})$$

۲- تبدیل ماتریس داده‌ها به یک ماتریس نرمال (ماتریس R): به این دلیل که صفات مورد بررسی دارای واحدهای اندازه‌گیری مختلف می‌باشند جهت از بین بردن اثر واحدها از رابطه ذیل استفاده می‌شود.

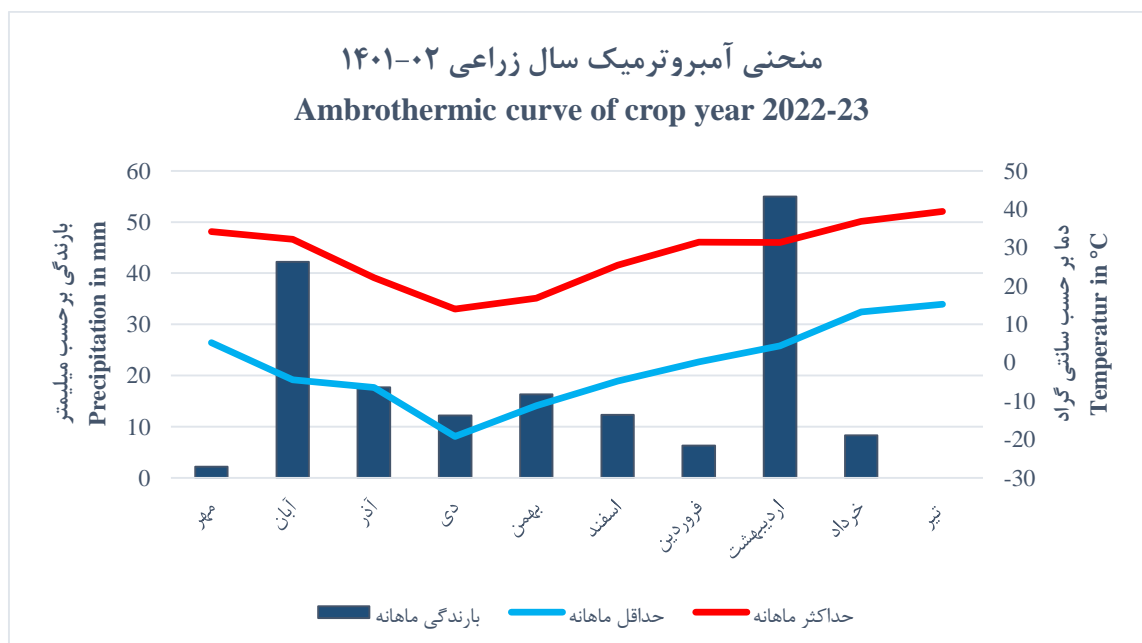
$$r_{ij} = \frac{X_{ij}}{\sqrt{\sum_{i=1}^n X_{ij}^2}} \quad (\text{رابطه ۱})$$

$$i=1, \dots, n; \quad j=1, \dots, m.$$

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

۳- پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ غیر ایده‌آل: در این مرحله به صورت جداگانه برای هر صفت، بهترین ژنوتیپ و ضعیف‌ترین ژنوتیپ انتخاب می‌شود.

۴- محاسبه فاصله ژنوتیپ‌ها از ژنوتیپ ایده‌آل و ضعیف:



شکل ۱- منحنی آمبروترمیک داده‌های هواشناسی سال زراعی ۱۴۰۱-۰۲
Figure 1. Ambrothermic curve of meteorological data of crop year 2022-23

نتایج و بحث

هنگامی که آزمایشی در یک سال و یک مکان انجام می‌شود، اثر متقابل ژنوتیپ در محیط روی واریانس ژنوتیپی افزوده می‌شود و در نتیجه مقدار درجه تبیین ژنتیکی نیز زیاد خواهد شد، به همین علت توارث پذیری عمومی برای اکثر صفات بالای ۰/۵۰ ارزیابی شد. حاتم زاده و همکاران (Hatamzadeh *et al.*, 2023) در آزمایشی که بر روی ۲۴۹ توده بومی گندم ایران در یک سال و یک مکان انجام دادند، وراثت‌پذیری بالایی را برای صفات روز تا سنبله دهی، روز تا پرچم دهی، روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته، طول سنبله و وزن هزار دانه در هر دو شرایط آبیاری تکمیلی و دیم گزارش نمودند. نتایج تحقیق کومار و همکاران (Kumar *et al.*, 2023) بر روی ۴۰ ژنوتیپ گندم وراثت‌پذیری بالایی را برای صفات تحت مطالعه گزارش نمودند. نتایج حاصل از همبستگی بین صفات تحت مطالعه نشان داد، عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی‌داری را با عملکرد بیولوژیک (۰/۸۲۴)، شاخص برداشت (۰/۸۱۷)، ارتفاع بوته (۰/۳۹۳)، وزن سنبله (۰/۲۳۶) و وزن هزار دانه (۰/۲۲۱) داشت ($p < 0.01$). از این رو جهت دستیابی به ارقامی با عملکرد بالا می‌توان با گزینش ژنوتیپ‌هایی با وزن سنبله و وزن هزار دانه بالا، به این مهم دست یافت (جدول ۳). نتایج تجزیه و تحلیل همبستگی صفات زراعی حاصل در پژوهش شارما و همکاران (Sharma *et al.*, 2023)، که بر روی ۱۰۲ ژنوتیپ گندم نان انجام شد، وجود ارتباط مثبت و معنی‌داری برای عملکرد دانه با پنج صفت مؤثر بر عملکرد (تعداد بوته در مترمربع، عملکرد بیولوژیک، وزن دانه در سنبله، وزن سنبله و تعداد دانه در سنبله) را نشان داد. همچنین ضرایب همبستگی بین صفات فنولوژیکی با صفات مورفولوژیکی نشان داد که صفات فنولوژیکی با صفات طول سنبله، ارتفاع بوته و وزن سنبله همبستگی مثبت و معنی‌داری دارد ولی با صفات وزن هزار دانه، شاخص برداشت و عملکرد دانه همبستگی

نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که بین ژنوتیپ‌های گندم از لحاظ کلیه صفات اختلاف معنی‌داری وجود داشت ($p < 0.01$) (جدول ۱). به عبارتی دیگر بین ژنوتیپ‌ها تنوع زیادی از نظر صفات مورد مطالعه وجود داشت که این امر می‌تواند کارایی انتخاب جهت اصلاح این صفات را افزایش دهد. چنین نتایجی نیز توسط محققین دیگر در مورد تنوع ژنتیکی گندم نان گزارش شده بود (Babaei Zarch *et al.*, 2014; Siahpoosh *et al.*, 2021). همچنین ضریب تغییرات از ۱/۵۹ درصد برای صفت روز تا سنبله دهی تا ۱۷/۸۷ درصد برای عملکرد دانه متغیر بود. نتایج تجزیه واریانس آزمایش کبیری و همکاران (Kabiri *et al.*, 2023)، وجود اختلاف‌های معنی‌داری را برای کلیه صفات نشان داد که از این بین بیشترین میزان ضریب تغییرات را صفت تعداد دانه در سنبله ۲۹/۷ درصد و کمترین میزان را صفت تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی ۲/۹۵ درصد به خود اختصاص داده بود. ژنوتیپ‌های ۲۵، ۲۶، ۲ و ۱۱۹ بیشترین عملکرد دانه (به ترتیب ۱۴۴۱/۰، ۱۲۵۴/۵۰، ۱۲۱۴/۸۰ و ۱۱۵۶/۷۰ کیلوگرم در هکتار) را داشتند. این لاین‌ها در مقایسه با لاین‌های دیگر دوره پر شدن دانه کمتری و ارتفاع بوته متوسط تا زیاد، وزن سنبله زیاد، همچنین از عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت زیادی برخوردار بودند. ضمن اینکه لاین‌های با عملکرد بالا از نظر وزن هزار دانه، تعداد دانه در سنبله و تعداد روز تا رسیدگی در یک دامنه نزدیک به هم قرار گرفته بودند. همچنین به ترتیب بیشترین مقدار ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنتیکی مربوط به صفات عملکرد دانه (۲۱/۴۱، ۹/۷۹)، تعداد دانه در سنبله (۱۹/۸۰، ۱۵/۰۵) و وزن سنبله (۱۸/۹۲، ۱۲/۰۵) بود (جدول ۲). این نشان می‌دهد که صفات فوق نقش تعیین‌کننده‌ای در تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی داشتند. دامنه درجه تبیین ژنتیکی (توارث‌پذیری عمومی) بین ۳۴/۶ و ۷۷/۹ به ترتیب مربوط به عملکرد دانه و روز تا سنبله‌دهی بود (جدول ۲).

جدول ۱- میانگین مربعات طرح آلفا لاتیس صفات مورد مطالعه برای ۲۰۰ ژنوتیپ گندم نان تحت شرایط دیم

Table 1- Mean square plot of alpha lattice of studied traits for 200 genotypes of bread wheat under rainfed conditions.

منابع تغییرات	درجه آزادی	روز تا سنبله‌دهی	روز تا پرچم‌دهی	روز تا رسیدگی	دوره پر شدن دانه	وزن سنبله	طول سنبله
S.O.V	DF	DTH	DTA	DTM	GFP	SW (g)	SL (cm)
Replication	تکرار	1	3.42 ^{ns}	54.4 ^{**}	2.89 ^{**}	6.147 ^{**}	0.34 ^{ns}
Rep (Block)	تکرار (بلوک)	38	10.90 ^{**}	21.52 ^{**}	29.85 ^{**}	5.85 ^{**}	3.07 ^{**}
Genotype	ژنوتیپ	199	13.89 ^{**}	31.45 ^{**}	27.02 ^{**}	4.16 ^{**}	1.07 ^{**}
Error	خطا	161	3.34	5.08	6.94	2.47	0.58
C.V.%	ضریب تغییرات %	-	1.59	1.85	1.70	4.65	10.60

ns * و **: به ترتیب غیر معنی‌دار، معنی‌داری در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪.

ns, *, **: Non-significant, significant 5% and 1% probability level respectively.

DTH, Day to heading; DTA, Day to anthesis; DTM, Day to maturity; GFP, Grain filling period; SW, Spike weight; SL, Spike length

ادامه جدول ۱-

Continued table 1.

منابع تغییرات	درجه آزادی	ارتفاع بوته	تعداد دانه در سنبله	وزن هزار دانه	عملکرد دانه	عملکرد بیولوژیک	شاخص برداشت
S.O.V	DF	PH (cm)	NSPS	TKW (g)	GY (kg/ha)	BY (kg/ha)	HI
Replication	تکرار	1	19.75 ^{ns}	8.95 ^{ns}	6.51 ^{ns}	2977.4 ^{**}	47671.48 ^{**}
Rep (Block)	تکرار (بلوک)	38	66.43 ^{**}	31.47 ^{**}	25.59 ^{**}	1490.60 ^{**}	13797.92 ^{**}
Genotype	ژنوتیپ	199	37.08 ^{**}	35.45 ^{**}	32.83 ^{**}	398.45 ^{**}	3929.42 ^{**}
Error	خطا	161	14.28	10.49	13.54	226.38	1836.73
C.V.%	ضریب تغییرات %	-	6.92	12.80	9.15	17.87	10.01

ns * و **: به ترتیب غیر معنی‌دار، معنی‌داری در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪.

ns, *, **: Non-significant, significant 5% and 1% probability level, respectively.

PH, Plant height; SW, Spike weight; NSPS, Number of seed per spike; TKW, 1000 kernel weight; GY, Grain yield; BY, Biological yield; HI, Harvest index.

جدول ۲- واریانس و ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی و وراثت‌پذیری عمومی صفات تحت مطالعه

Table 2. variance and coefficient of phenotypic and genetic variations and broad-sense heritability in studied traits

Trait	صفات	واریانس ژنتیکی $\sigma^2_{(g)}$	واریانس فنوتیپی $\sigma^2_{(p)}$	ضریب تغییرات ژنتیکی GCV	ضریب تغییرات فنوتیپی PCV	وراثت پذیری عمومی $h^2_{(b)}$
Day to heading	روز تا سنبله دهی	5.86	9.19	2.10	2.63	0.78
Day to anthesis	روز تا پرچم دهی	7.90	13.00	2.31	2.97	0.76
Day to maturity	روز تا رسیدگی	10.97	18.04	2.13	2.73	0.76
Grain filling period	دوره پر شدن دانه	0.81	3.40	2.67	5.46	0.39
Spike length	طول سنبله	0.23	0.85	6.72	12.86	0.43
Plant height	ارتفاع بوته	13.01	27.20	6.61	9.55	0.65
Spike weight	وزن سنبله	0.03	0.07	12.05	18.92	0.58
Number of seed per spike	تعداد دانه در سنبله	14.51	25.09	15.05	19.80	0.73
1000 kernel weight	وزن هزار دانه	11.50	24.75	8.43	12.37	0.63
Grain yield	عملکرد دانه	67.53	323.04	9.79	21.41	0.35
Biological yield	عملکرد بیولوژیک	985.61	3002.76	7.35	12.83	0.49
Harvest index	شاخص برداشت	1.45	6.70	6.20	13.31	0.36

جدول ۳- ضرایب همبستگی بین صفات مورد مطالعه تحت شرایط دیم

Table 3. Correlation coefficients between the studied traits under rainfed conditions

	روز تا سنبله دهی	روز تا پرچم دهی	روز تا رسیدگی	دوره پرشدن دانه	طول سنبله cm	ارتفاع بوته cm	وزن سنبله g	تعداد دانه در سنبله	وزن هزار دانه g	عملکرد دانه kg/ha	عملکرد بیولوژیک kg/ha	شاخص برداشت HI
	DTH	DTA	DTM	GFP	SL	PH	SW	NSPS	TKW	GY	BY	HI
1	1											
2	0.933**	1										
3	0.906**	0.908**	1									
4	0.195**	0.107	0.431**	1								
5	0.425**	0.457**	0.451**	0.159*	1							
6	0.339**	0.332**	0.303**	0.093	0.415**	1						
7	0.244**	0.247**	0.278**	0.207**	0.507**	0.263**	1					
8	0.265**	0.300**	0.336**	0.221**	0.512**	0.150*	0.753**	1				
9	-0.168*	-0.165*	-0.162*	-0.026	-0.083	0.126	0.139*	-0.296**	1			
10	-0.007	-0.020	0.019	0.165*	0.179*	0.393**	0.236**	0.101	0.220**	1		
11	0.247**	0.262**	0.247**	0.118	0.365**	0.483**	0.276**	0.215**	0.067	0.824**	1	
12	-0.260**	-0.295**	-0.215**	0.168*	-0.038	0.190**	0.137	-0.029	0.309**	0.817**	0.366**	1

* و **: به ترتیب معنی داری در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪.

*, **: Significant at 5% and 1% probability level, respectively.

DTH, Day to heading; DTA, Day to anthesis; DTM, Day to maturity; GFP, Grain filling period; SL, Spike length; PH, Plant height; SW, Spike weight; NSPS, Number of seed per spike; TKW, 1000 kernel weight; GY, Grain yield; BY, Biological yield; HI, Harvest index.

بود. همچنین شاخص برداشت بیشترین اثر غیرمستقیم منفی بر عملکرد دانه را از طریق تعداد روز تا پرچم دهی (۰/۲۴۵-) داشت. بنابراین با گزینش مستقیم ژنوتیپ‌هایی با شاخص برداشت بالا می‌توان به ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالایی دست یافت و نیز با اصلاح صفت شاخص برداشت می‌توان ارقامی را با عملکرد بالاتر و روز تا پرچم دهی کوتاه‌تر معرفی نمود. هم‌چنین شاخص برداشت بیشترین اثر مستقیم و مثبت بر عملکرد بیولوژیک (۰/۳۸۲) را دارا بود و سپس صفات ارتفاع بوته (۰/۲۶۹)، تعداد روز تا پرچم دهی (۰/۲۰۵) و طول سنبله (۰/۱۷۴) داشتند (جدول تکمیلی ۳). نتایج رگرسیون چند متغیره خطی در آزمایش شهریاری (۱۳۹۵)، صفات تعداد دانه در سنبله، تعداد گره و وزن سنبله ۵۸ درصد از تغییرات عملکرد را در بین ژنوتیپ‌ها توجیه نمودند. بیشترین اثرات مستقیم را در این مطالعه به ترتیب صفات تعداد گره، تعداد دانه در سنبله و وزن سنبله (۰/۴۳۸، ۰/۱۳۵ و ۰/۳۴۵-) بر عملکرد دانه داشتند. طبق نتایج آزمایش جباری و همکاران (Jabbari *et al.*, 2022) صفت طول پدانکل بیشترین میزان ضریب تغییرات ژنتیکی و وراثت‌پذیری را از خود نشان داد، در تجزیه رگرسیون خطی پنج صفت وزن سنبله، شاخص برداشت، ارتفاع بوته، طول دانه و تعداد دانه در سنبله به‌عنوان صفات مؤثر بر عملکرد دانه تعیین شدند. در بین این صفات وزن سنبله عمدتاً به‌صورت مستقیم و تعداد دانه در سنبله به‌طور غیرمستقیم عملکرد دانه را تحت تأثیر قرار دادند. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به‌عنوان یکی از ساده‌ترین روش‌های آماری چند متغیره بر اساس همبستگی بین متغیرها، در جهت کاهش حجم داده‌ها به کار رفت. یا به عبارتی، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی آن دسته از متغیرهایی که بیشترین تأثیر را بر عملکرد داشته‌اند را از سایر متغیرهای دیگر جدا کرده و نقش هر یک از صفات را در تنوع موجود مشخص می‌کند که بر اساس آن می‌توان ژنوتیپ‌ها را گروه‌بندی کرد (Manly, 2009). نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر

منفی وجود دارد که بیان می‌کند هر چه طول دوره رشد گیاه افزایش یابد انرژی و مواد غذایی جذب‌شده جهت رشد رویشی مصرف می‌شود و در نتیجه عملکرد دانه کمتری حاصل می‌شود. بنابراین بهتر است جهت گزینش ارقام برای شرایط دیم، از ارقام زودرس استفاده گردد.

به‌منظور شناسایی صفات با بالاترین میزان تأثیر بر عملکرد دانه به‌عنوان متغیر وابسته و شناسایی میزان سهم هر یک از صفات بر روی عملکرد دانه از تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام استفاده شد. نتایج تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام برای صفات تحت بررسی با عملکرد دانه در جدول ۴ آورده شده است. اولین صفت وارد شده به معادله رگرسیونی، صفت شاخص برداشت و متعاقباً صفات ارتفاع بوته، روز تا پرچم دهی و طول سنبله به ترتیب وارد معادله شدند، که در مجموع ۷۵ درصد از کل تغییرات را توجیه نمودند (جدول ۴). در پژوهش طباطبایی (Tabatabayi, 2021)، متغیرهای وارد شده به مدل رگرسیون گام‌به‌گام به ترتیب صفات وزن هزار دانه، تعداد روز تا رسیدن، طول سنبله، ارتفاع بوته و وزن سنبله بودند که ۹۳/۳۳ درصد از تغییرات عملکرد دانه را توجیه نمودند. تجزیه علیت جهت تفکیک ضرایب همبستگی به اثرات مستقیم و غیرمستقیم صفات بر یکدیگر که می‌تواند اطلاعات مفیدی را از نحوه تأثیرپذیری صفات بر یکدیگر و روابط بین آن‌ها فراهم نماید، برای عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک با استفاده از صفات وارد شده به مدل رگرسیونی، انجام گرفت. برتری تجزیه علیت (مسیر) بر ضرایب همبستگی این است که از طریق تجزیه علیت می‌توان اثر غیرمستقیم هر یک از اجزا عملکرد را از اثرات مستقیم جدا کرد (Tarabian and Maqsoodi, 2014). نتایج تجزیه علیت (جدول تکمیلی ۲) نشان داد که شاخص برداشت بیشترین اثر مستقیم مثبت (۰/۸۳۱) را بر روی عملکرد دانه داشته است. از طرفی اثر مستقیم ارتفاع بوته بر روی عملکرد دانه برابر با اثر غیرمستقیم ارتفاع بوته از طریق شاخص برداشت

اساس میانگین ۱۲ صفت در ۲۰۰ ژنوتیپ گندم نشان داد که سه مؤلفه اصلی اول در مجموع ۶۹/۱ درصد از تنوع صفات را توجیه کردند (جدول ۵). مؤلفه اول ۳۴/۶ درصد از تنوع کل را تبیین کرد. این مقدار برای مؤلفه‌های دوم و سوم نیز ۲۲/۶، ۱۱/۹ درصد بود. در مؤلفه اول بالاترین سهم در توجیه واریانس متعلق به صفات روز تا رسیدن، روز تا سنبله دهی و روز تا پرچم‌دهی بود. لذا می‌توان مؤلفه اول را عامل فنولوژیکی نام‌گذاری کرد. در شرایط دیم زودرسی دارای اهمیت بوده و به عنوان شاخصی جهت گزینش ژنوتیپ‌های زودرس، جهت کاربرد آن ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های دو رگ‌گیری و نیز بردن ژنوتیپ‌های زودرس در آزمایش‌های مقدماتی، پیشرفته و یکنواخت بهره گرفته می‌شود.

به همین دلیل ژنوتیپ‌های ۸۶، ۹۳، ۶، ۹، ۲۸ دارای کمترین مقادیر برای صفات فنولوژیک بودند که می‌توان در معرفی ارقام زودرس در برنامه‌های اصلاحی از این ژنوتیپ‌ها بهره برد. مؤلفه دوم با ضریب بزرگ برای شاخص برداشت، عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه بود و می‌توان به‌عنوان عامل بهره‌وری معرفی کرد. مؤلفه سوم نیز برای صفات تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله می‌توان به‌عنوان عامل مؤثر بر وزن دانه نام برد. ژنوتیپ‌های ۲۵، ۲، ۳، ۱۸۴، ۱۷۴ و ۸۹ از بیشترین مقادیر برای عملکردهای دانه و بیولوژیک برخوردار بودند، به عبارتی در سال‌هایی که خشکسالی شدیدی داریم این ارقام با تولید کاه قابل قبول در درآمد اقتصادی کشاورزان نقش بسزایی را ایفا خواهند نمود. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی آزمایش مرادی سرابشلی و همکاران (Moradi Sarabsheli et al., 2011)، نشان داد که چهار مؤلفه اول ۵۹/۵۶ درصد از تغییرات را توجیه نمودند. که مؤلفه اول ۲۹/۴۲ درصد از تغییرات، مؤلفه دوم ۱۲/۲۷ درصد، مؤلفه سوم ۱۰/۰۶ درصد و مؤلفه چهارم ۷/۷۲ درصد از تغییرات را به خود اختصاص دادند.

شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل با در نظر گرفتن چندین صفت مورد بررسی برای هر ژنوتیپ یک شاخص واحد تعریف کرده است که بر اساس این شاخص می‌توان ژنوتیپ‌ها را گزینش و گروه‌بندی کرد. با توجه به نتایج حاصل از ضرایب همبستگی، تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی صفات روز تا پرچم‌دهی، طول سنبله، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه، شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیک جزء صفات مؤثر بر عملکرد دانه شناسایی شدند. بر این اساس از صفات ذکر شده جهت گزینش توسط شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) بهره گرفته شد. نتایج حاصل از گزینش لاین‌ها به روش شاخص انتخاب گزینش ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) نشان داد که لاین‌های شماره ۲۵، ۷۳، ۹۰، ۸۴ و ۱۹۰ به ترتیب با مقادیر ۰/۹۱، ۰/۸۳، ۰/۸۳، ۰/۸۱ و ۰/۸۰ جزء ژنوتیپ‌های برتر و لاین‌های ۶، ۱۲۰، ۱۰۱، ۲۰۰ و ۱۶۰ به ترتیب با مقادیر ۰/۰۴، ۰/۰۵، ۰/۰۹، ۰/۱ و ۰/۱۱ جزء لاین‌های ضعیف شناسایی شدند (جدول تکمیلی ۴). همچنین مقادیر شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) برای ارقام هشت‌رود، واران، آذر ۲، سرداری، صدرا، باران و جام به ترتیب ۰/۵۹، ۰/۵۶، ۰/۴۸، ۰/۴۵، ۰/۳۶، ۰/۲۹ و ۰/۱۹ برآورد شد (جدول تکمیلی ۴). لاین‌های مورد مطالعه بر اساس شاخص SIIG در ۱۰ دسته مجزا گروه‌بندی شدند (جدول ۶). ارقام شاهد شامل هشت‌رود و واران در گروه ۵، آذر ۲ و سرداری در گروه ۶، صدرا در گروه ۷، باران در گروه ۸ و جام در گروه ۹ قرار گرفتند. سه گروه اول با ۲۰ ژنوتیپ به شماره‌های ۲۵، ۷۳، ۹۰، ۸۴، ۱۹۰، ۲۶، ۱۵۰، ۱۸۰، ۱۸۴، ۱۹۵، ۱۹۳، ۳۳، ۸۲، ۱۸۸، ۱۲۹، ۹۵، ۷۱، ۲، ۱۷۴ و ۷۶ به ترتیب بیشترین مقدار را بر اساس شاخص SIIG داشتند. این سه گروه از نظر عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت و وزن هزار دانه نسبت به گروه‌های دیگر دارای مقادیر بیشتری بودند (جدول تکمیلی ۴). ژنوتیپ‌های فوق جزء لاین‌های برتر محسوب شدند که می‌توان از آن‌ها در برنامه‌های به‌نژادی آتی از

(۰/۶۴) همبستگی بالایی را با شاخص SIIG داشتند (جدول ۷). بنابراین ژنوتیپ‌های انتخابی با شاخص SIIG از پتانسیل عملکرد بالایی برخوردار بودند. در آزمایش براتی و همکاران (Barati et al., 2022)، به منظور بررسی گزینش لاین‌های جو، همبستگی مثبت و معنی‌داری بین شاخص SIIG با عملکرد دانه (۰/۸۹۱) و وزن هزار دانه (۰/۳۷۳) گزارش شد.

جمله در آزمایش‌های پایداری در سال‌های مختلف جهت معرفی ارقام جدید با خصوصیات مناسب تحت شرایط دیم بهره برد. نتایج پژوهش زالی و براتی (Zali and Barati, 2020)، ۱۰۸ لاین امیدبخش جو در ۶ دسته گروه‌بندی شدند که بیشترین و کمترین مقدار شاخص SIIG برآورد شده به ترتیب ۰/۷۷۰ و ۰/۲۶۹ بود. نتایج همبستگی بین شاخص SIIG و سایر صفات مورد ارزیابی نشان داد که عملکرد دانه (۰/۸۵)، عملکرد بیولوژیک (۰/۷۸) و شاخص برداشت

جدول ۴- ضرایب رگرسیونی صفات مؤثر بر عملکرد دانه گندم نان در شرایط دیم بر اساس مدل رگرسیون گام‌به‌گام
Table 4. Regression coefficients of traits effective on grain yield of bread wheat under rainfed conditions based on stepwise regression model

ترتیب وارد شدن به مدل The order of entry into the model	صفات گیاهی Plant treats	ضریب رگرسیون Regression coefficient	اشتباه استاندارد Standard error	ضریب رگرسیون استاندارد شده Standardized regression coefficient	ضریب تبیین تجمعی استاندارد شده Standardized cumulative R ²
1	شاخص برداشت Harvest index	5.57**	0.26	0.83	0.67
2	ارتفاع بوته Plant height	0.256**	0.07	0.16	0.72
3	روز تا پرچم‌دهی Day to anthesis	0.262**	0.9	0.14	0.74
4	طول سنبله Spike length	1.30*	0.64	0.09	0.75

* و **: به ترتیب معنی‌داری در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪.

*, **: Significant at 5% and 1% probability level, respectively.

جدول ۵- تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس میانگین صفات تحت مطالعه
Table 5. Principal component analysis based on the average of the studied traits

Traits	صفات	مؤلفه‌های اصلی		
		اول	دوم	سوم
		First	Second	Third
Day to heading	روز تا سنبله دهی	-0.81	-0.39	0.34
Day to anthesis	روز تا پرچم دهی	-0.81	-0.40	0.32
Day to maturity	روز تا رسیدگی	-0.84	-0.35	0.25
Grain filling period	دوره پر شدن	-0.37	0.09	-0.10
Spike length	طول سنبله	-0.72	0.03	-0.25
Plant height	ارتفاع بوته	-0.56	0.33	0.26
Spike weight	وزن سنبله	-0.60	0.22	-0.61
Number of seed per spike	تعداد دانه در سنبله	-0.61	-0.02	-0.72
1000 kernel weight	وزن هزار دانه	0.12	0.45	0.22
Grain yield	عملکرد دانه	-0.33	0.88	0.16
Biological yield	عملکرد بیولوژیک	-0.56	0.60	0.20
Harvest index	شاخص برداشت	-0.01	0.87	0.04
Standard deviation	مقادیر ویژه	2.038	1.646	1.196
Proportion of Variance	درصد واریانس توجیه شده	0.346	0.226	0.119
Cumulative Proportion	درصد تجمعی واریانس توجیه شده	0.346	0.572	0.691

این مقاله از پایان‌نامه کارشناسی ارشد به شماره کد طرح ۵۸۷۵۳ مصوب دانشگاه فردوسی مشهد استخراج شده است. از موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور جهت در اختیار گذاشتن مواد این پژوهش و همچنین از مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خراسان شمالی و تکنسین‌های ایستگاه تحقیقات کشاورزی دیم شیروان جهت پشتیبانی و همکاری‌های ارزشمندشان کمال تشکر و قدردانی را دارم.

بر اساس شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)، ۲۰ ژنوتیپ برتر (۲۵، ۷۳، ۹۰، ۸۴، ۱۹۰، ۲۶، ۱۵۰، ۱۸۰، ۱۸۴، ۱۹۵، ۱۹۳، ۳۳، ۸۲، ۱۸۸، ۱۲۹، ۹۵، ۲، ۷۱ و ۷۶) برای شرایط دیم شناسایی شدند که می‌توان از آن‌ها در برنامه‌های به‌نژادی جهت دستیابی به ژنوتیپ‌هایی با راندمان بالا در شرایط دیم بهره برد.

تشکر و قدردانی

جدول ۶- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گندم نان بر اساس شاخص SIIG و میانگین صفات تحت بررسی در هر گروه

Table 6. Grouping of wheat bread genotypes based on SIIG index and the average traits under investigation in each group

گروه	معیار گروه‌بندی	تعداد ژنوتیپ‌ها	روز تا پرچم دهی	طول سنبله	ارتفاع بوته	وزن هزار دانه	عملکرد دانه	عملکرد بیولوژیک	شاخص برداشت
group	Grouping criteria	Number of genotypes	DTA	SL (g)	PH (cm)	TKW (g)	GY (kg/ha)	BY (kg/ha)	HI
1	1.0 > SIIG ≥ 0.9	1	124.8	7.11	57.19	47.74	1000.50	4804.40	20.85
2	0.9 > SIIG ≥ 0.8	4	119.27	7.44	57.46	43.58	910.70	4546.60	20.33
3	0.8 > SIIG ≥ 0.7	15	122.23	7.40	56.87	42.01	903.80	4523.0	20.2
4	0.7 > SIIG ≥ 0.6	38	121.76	7.30	56.13	41.48	875.30	4412.70	19.88
5	0.6 > SIIG ≥ 0.5	30	121.06	7.25	55.67	40.49	855.0	4333.50	19.61
6	0.5 > SIIG ≥ 0.4	38	121.9	7.17	54.90	40.14	832.50	4261.60	19.31
7	0.4 > SIIG ≥ 0.3	36	121.67	7.10	53.92	39.14	815.80	4201.70	19.11
8	0.3 > SIIG ≥ 0.2	26	120.93	7.06	51.8	39.08	790.30	4045.20	18.96
9	0.2 > SIIG ≥ 0.1	8	121.4	6.90	50.17	38.10	774.30	3936.80	18.77
10	0.1 > SIIG ≥ 0.0	3	119.41	6.81	48.73	35.71	737.20	3746.50	18.33

DTA, Day to anthesis; SL, Spike length; PH, Plant height; TKW, 1000 kernel weight; GY, Grain yield; BY, Biological yield; HI, Harvest index.

جدول ۷- ضرایب همبستگی بین صفات مورد استفاده در گزینش با شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل

Table 7. Correlation coefficients between traits used in selection with ideal genotype selection index

	روز تا پرچم دهی	طول سنبله	ارتفاع بوته	وزن هزار دانه	عملکرد دانه	عملکرد بیولوژیک	شاخص برداشت	شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل
	DTA	SL	PH	TKW	GY	BY	HI	SIIG
DTA	1							
SL	0.448	1						
PH	0.329	0.415	1					
TKW	-0.178	-0.083	0.126	1				
GY	-0.028	0.178	0.393	0.220	1			
BY	0.253	0.364	0.483	0.067	0.824	1		
HI	-0.301	-0.040	0.190	0.309	0.817	0.366	1	
SIIG	0.084	0.414	0.648	0.507	0.851	0.781	0.641	1

DTA, Day to anthesis; SL, Spike length; PH, Plant height; TKW, 1000 kernel weight; GY, Grain yield; BY, Biological yield; HI, Harvest index; SIIG, Selection index of ideal genotype

منابع

- Abdullahi Hesar A, Sofalian O, Alizadeh B, Asghari A, Zali H. 2021. Investigation of frost stress tolerance in some promising rapeseed genotypes. *Journal of Agricultural Knowledge and Sustainable Production* 13(2): 270–288 (In Persian).
- Ahmadirad A, Mohammadi R, Etminan A, Shooshtari L, Mehras Mehrabi A. 2022. Evaluation of morpho-physiological diversity of durum wheat genotypes under rainfed condition. *Cereal Research* 12(1): 21–44 (In Persian)
- Almamouri H, Ebrahimi M, Zeinali Nejad K. 2024. Investigation the genetic diversity of different wheat genotypes using multivariate statistical methods. *Journal of Crops Improvement* 25(4): 839–845
- Arshad Y, Zahravi M, Soltani A. 2023. Investigating the genetic diversity of bread wheat germplasm under drought stress. *Cereal Research* 13(1):1–16 (In Persian).
- Azizi H, Hassani H, Adel P. 2023. Using the ideal genotype selection index (SIIG) in the selection of new hybrids for internal production of sugar beet. *The 5th National Conference on Climate Change and Its Impact on Agriculture and Environment, Urmia, Iran.*
- Babaei Zarch M, Fotokian M, Mahmoodi S. 2014. Evaluation of Genetic Diversity of Wheat (*Triticum aestivum L.*) Genotypes for Morphological Traits using Multivariate Analysis Methods. *Journal of Crop Breeding* 6(14): 1–14 (In Persian).
- Barati A, Zali H, Kohkan S, Marzoukian A, Qolipour A. 2022. Investigating the use of SIIG index in the selection of pure barley lines with high performance and favorable agricultural characteristics in hot regions of Iran. *Environmental Stresses in Crop Sciences* 15(3): 801–815 (In Persian).
- Dastfal M, Aghaei-Sarbarzeh M, Zali, H. 2022. Genetic diversity and selection of durum wheat pure lines with desirable agronomy traits using SIIG index. *Iranian Journal of Field Crop Science* 53(1): 161–174. (In Persian)
- FAO. 2022. *Crop Prospects and Food Situation* 4, December 2022. *FAO*
- Harischandra Ghodke P, Ramakrishnan S, Shirsat D, Kumar Vani G, Arora A. 2019. Morphological characterization of wheat genotypes for stay green and physiological traits by multivariate analysis under drought stress. *Society for Plant Physiology* 24(3):305–315
- Hatamzadeh H, Mohammadi R, Bernousi I, Golkari S. 2023. Genome-wide association analysis of agronomic traits in wheat under supplemental irrigation and rain-fed conditions. *Iranian Journal of Dryland Agriculture* 12(1): 85-106 (In Persian)
- Jabbari M, Golparvar A R, Sorkhilalehloo B. 2022. Investigation of Diversity of Different Agronomic and Morphological Traits in Wild Wheat Relatives. *Journal Crop Breed* 14(41): 29-41 (In Persian)
- Kabiri A, Zafarian F, Omrani A, Abbasian A. 2023. Evaluation of Yield and Yield Components in Promising Wheat Lines using Multivariate Statistical Methods. *Journal of Crop Breeding* 15(45):135–148 (In Persian)
- Karimizadeh R, Hosseinpour T, Sharifi P, Alt Jafarby J, Shahbazi K, Keshavarzi K. 2021. Evaluation of grain yield stability of durum wheat genotypes using parametric and non-parametric methods. *Plant Genetic Researches* 8(1):115–132 (In Persian)
- Kumar L, Naresh O, Kumar K, Nagora M. 2023. Analysis of genetic variability for terminal heat tolerance in advance lines of bread wheat (*Triticum aestivum L. Em Thall.*). *The Pharma Innovation Journal* 12(5): 1213-1219
- Manly B F. 2009. Getting to know multivariate statistical methods. (Mohammadi S.A, Moghadam M, Aghaei Sarbarzeh M (eds.); 1st ed.). pp.280 (In Persian)
- Moradi Sarabsheli A, Naqvi M, Aghaei M. J. 2011. The Study of Genetic Diversity in Wild Wheat Species by Morphological Traits. *Plant Products* 34(2): 41–55 (In Persian)
- Motevalli Taher F, Paydar M, Emami S. 2019. Wheat supply chain network design. *Supply Chain Management* 21(65): 47–59 (In Persian)
- Rencher A, William F. 2012. *Methods of multivariate analysis: Third edition.* pp.1–758

- Roustaii M, Jafarzadeh J, Eslami R. 2021. Evaluation of drought tolerance in rainfed winter bread wheat (*Triticum aestivum* L.) Genotype. Seedlings and Seeds 37(4): 425–451 (In Persian)
- Sarabi M, Tarinejad A, Rashidi V, Alimohammadi R. 2011. Evaluation of genetic diversity and relationships between morphological traits and grain yield in advanced cultivars of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) using multivariate statistical methods. New Knowledge of Sustainable Agriculture, Islamic Azad University 7(2): 35–43 (In Persian)
- SAS Institute. (2013). The SAS System for Windows Release (9.4). Cary. NC.
- Sharma S, Tripathi M. K, Tiwari S, Solanki R S, Chauhan S, Tripathi N, Dwivedi N, Kandalkar V. S. 2023. The Exploitation of Genetic Variability and Trait Association Analysis for Diverse Quantitative Traits in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.). Current Journal of Applied Science and Technology 42(8): 19–33
- Siahpoosh M, Rahnama A, Mousavi S. 2021. Genetic evaluation of commercial bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars for duration and rate of grain filling under normal and heat stress conditions. Journal of Crop Production 14(2): 83–96 (In Persian)
- Tabatabayi S. M. 2021. Investigating genetic diversity and grouping for morphological traits of bread wheat under drought stress conditions. Environmental Stresses in Crop Sciences 14(4): 913–928 (In Persian)
- Tarabian A. R, Maqsoodi K. 2014. Investigating the relationships between yield and its components in wheat under normal irrigation conditions and drought stress using path analysis method. Razavi Khorasan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center 27(104): 47-53 (In Persian)
- Zali H, Barati A. 2020. Evaluation of Selection Index of Ideal Genotype (SIIG) in other to Selection of Barley Promising Lines with High Yield and Desirable Agronomy Traits. Journal of Crop Breeding 12(34): 93–104 (In Persian)
- Zali H, Barati A, Jabari M. 2022. Using Selection Index of Ideal Genotype (SIIG) in Selection of Barley Promising Lines. Journal of Agricultural Knowledge and Sustainable Production 32(1): 293–307 (In Persian)
- Zali H, Sofalian O, Hasanloo T, Asgharii A, Hoseini S. 2015. Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method. Biological Fourm 7(2): 703–711 (In Persian)



Title: Investigating the diversity and selection of bread wheat (*Triticum aestivum*) genotypes with optimal yield under rainfed conditions in terms of some agricultural traits

Mehrdad Ramezanpour¹, Hossein Hatamzadeh^{2*}, Farajolah Shahriari³

1- MS. Student, Department of Biotechnology and Plant Breeding, Ferdowsi University, Mashhad, Iran.

2- Dryland Agricultural Research Station, Agricultural and Natural Resources Research and Education Center of North Khorasan, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Shirvan, Iran.

3-Department of Biotechnology and Plant Breeding, Ferdowsi University, Mashhad, Iran.

EXTENDED ABSTRACT

Introduction: Cereals are considered to be among the most important sources of human energy, among which bread wheat is recognized as an important and strategic crop in the world. Currently, developing drought-tolerant cultivars is counted a major challenge for breeders. Various methods are used to assess diversity in plant species, including multivariate statistical approaches. This study aimed to evaluate genetic diversity and select the most promising lines for improvement programs in rain-fed conditions.

Methodology: The experiment was conducted during the 2022–23 agricultural year at the Shirvan Rain-fed Agricultural Research Station- North Khorasan. In this research, 193 lines and seven rain-fed wheat cultivars were evaluated using an alpha lattice design with two replications. Data on phenological and morphological traits were collected during the growing season and after harvest. Statistical analyses were performed using SAS software version 9.4. Correlation analysis, stepwise regression, and principal component analysis (PCA) were conducted using R software (version 4.2.1). The Ideal Genotype Selection Index (SIIG) was calculated in Excel to identify the best-performing lines.

Research findings: Analysis of variance revealed significant differences among genotypes for all studied traits ($p < 0.01$). Seed yield showed the strongest positive and significant correlations with biological yield (0.824), harvest index (0.817), plant height (0.393), spike weight (0.236), and thousand-kernel weight (0.221) ($p < 0.01$). In contrast, an inverse relationship was observed between phenological traits (e.g., days to maturity, heading, and anthesis) and morphological traits (e.g., harvest index and thousand-kernel weight), suggesting that late-maturing genotypes tended to have lower seed weight and yield. The results of PCA indicated that the first three principal components accounted for 69.1% of the total variation among traits. Based on the SIIG index, genotypes 25, 73, 90, 84 and 190 were identified as the most ideal lines, with SIIG values of 0.91, 0.83, 0.83, 0.81 and 0.80 respectively. The correlation between the SIIG index and the evaluated traits showed that grain yield, biological yield, and harvest index had a high correlation with the SIIG index. Therefore, genotypes 25, 73, 90, 84 and 190 with high SIIG index and high yield potential, can be used in future breeding programs.

Keywords: Genetic diversity, selection index, rainfed conditions, bread wheat.

* Corresponding author: h.hatamzadeh@areeo.ac.ir

Submit date: 2024/05/02 Accept date: 2024/12/30

