

گزینش ژنوتیپ‌های برتر جو بدون پوشینه برای اقلیم گرم جنوب فارس

حامد افلاطونی^۱، امید سفالیان^۲، حسن زالی^{۳*} و علی اصغری^۲

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۸/۱۷؛ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۳/۰۱)

چکیده

جو (*Hordeum vulgare* L.) یکی از مناسب‌ترین گیاهان سازگار برای کشت در شرایط مختلف ایران است. بنابراین هدف از این مطالعه انتخاب ژنوتیپ‌های برتر جو بدون پوشینه بر اساس عملکرد دانه و برخی صفات مورفولوژیک بود. به‌همین منظور تعداد ۶۹ ژنوتیپ جو بدون پوشینه در قالب طرح حجیم‌شده بدون تکرار آگمنت با سه بلوک ناقص و با سه ژنوتیپ شاهد جو لخت (لوت، EH-85-9 و EH-87-4) در ایستگاه تحقیقات کشاورزی داراب طی سال زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹ ارزیابی شدند. شاخص‌های فاصله ژنوتیپ-ایدنوتیپ چند صفتی (MGIDI) و طراحی ایدنوتیپ از طریق پیش‌بینی ناریب بهترین خط (FAI-BLUP) برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از ۱۷ صفت مورفولوژیک محاسبه شدند. هیچ کدام از ژنوتیپ‌های شاهد جزء ژنوتیپ‌های برتر بر مبنای هر دو شاخص MGIDI و FAI-BLUP نبودند. نتایج نشان داد که شاخص MGIDI بیشترین همبستگی منفی و معنی‌دار را با عملکرد دانه (**۰/۹۱-)، تعداد سنبله در متر مربع (**۰/۹۱-)، وضعیت ساقه (**۰/۳۷-) و دوره پر شدن دانه (**۰/۲۵-) دارد. نتایج همبستگی بین شاخص FAI-BLUP و صفات مورد بررسی نشان داد که FAI-BLUP همبستگی مثبت و معنی‌داری با تعداد سنبله در متر مربع (**۰/۸۶)، عملکرد دانه (**۰/۸۴) و طول دوره پر شدن دانه (**۰/۳۸) دارد و از طرفی همبستگی معنی‌دار، اما منفی با تعداد دانه در سنبله (**۰/۳۱-) داشت. همچنین همبستگی بالا و معنی‌دار، ولی منفی بین شاخص MGIDI و FAI-BLUP (**۰/۸۲-) مشاهده شد. نتایج نشان داد که شاخص‌های MGIDI و FAI-BLUP پتانسیل ایده‌آلی برای شناسایی ژنوتیپ‌های پر محصول با صفات مطلوب دارند. از این رو، استفاده از این شاخص‌ها می‌تواند در غربال‌گری ژنوتیپ‌های برتر در مراحل اولیه برنامه اصلاحی مفید باشند. در مجموع نتایج هر دو شاخص MGIDI و FAI-BLUP مشابه بودند و ژنوتیپ‌های یکسانی را به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر شناسایی نمودند و در نهایت ژنوتیپ‌های L23، L24، L27، L32، L37، L59، L61، L63، L66، L16، L18، L29، L41، L43، L44، L45، L46، L47، L48، L49، L50، L51، L52، L53، L54، L55، L56، L57، L58، L59، L60، L61، L62، L64، L65، L66، L67، L68، L69، L70، L71، L72، L73، L74، L75، L76، L77، L78، L79، L80، L81، L82، L83، L84، L85، L86، L87، L88، L89، L90، L91، L92، L93، L94، L95، L96، L97، L98، L99، L100 انتخاب شدند.

واژه‌های کلیدی: تجزیه به عامل‌ها، شاخص‌های مبتنی بر چند صفت، صفات مورفولوژیک، عملکرد دانه

۱ و ۲. به‌ترتیب دانشجوی دکتری ژنتیک و به‌نژادی گیاهی و استاد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران.

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

*: مسئول مکاتبات: پست الکترونیکی: hzali90@yahoo.com

مقدمه

کاهش قابلیت هضم خوراک، کندی رشد، کندی عبور مواد غذایی در مجرای گوارشی طیور و کاهش هضم چربی می‌شود. در مقابل، با توجه به این‌که درصد فیبر موجود در جو بدون پوشینه پایین‌تر از ذرت است و مواد بازدارنده کمتری دارد، لذا می‌تواند به‌عنوان جایگزین مناسبی برای ذرت در تغذیه طیور مورد استفاده قرار گیرد (۱۵).

شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب با عملکرد بالا، یکی از اهداف مهم اصلاح‌نیات است. برای این منظور، چندین شاخص انتخاب براساس چند صفت برای گزینش ژنوتیپ‌های برتر پیشنهاد شده است (۳ و ۲۳). این شاخص‌ها، چالش‌های اصلی که اغلب اصلاح‌کنندگان در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با آن مواجه می‌شوند را برطرف می‌کنند، چالش‌هایی از قبیل مشخص کردن ارزش اقتصادی صفات (۲).

عملکرد دانه تحت تأثیر محیط، ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط قرار می‌گیرد و از نظر بسیاری از محققین برای چنین صفاتی، انتخاب غیرمستقیم از طریق سایر صفات که همبستگی بالایی با عملکرد دارند، از کارایی مطلوبی برخوردار است (۱۶). چندین شاخص انتخاب خطی (۳) به اصلاح‌کنندگان در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر کمک می‌کنند. یک شاخص انتخاب فنوتیپی خطی پایه پرکاربرد، شاخص اسمیت-هیزل (SH) (۶ و ۲۳) است. برای محاسبه شاخص SH، اصلاح‌کنندگان از ماتریس‌های واریانس-کوواریانس فنوتیپی و ژنوتیپی و همچنین بردار وزن‌های اقتصادی استفاده می‌کنند تا تعیین کنند که چگونه بردار ضرایب شاخص باید انتخاب شود تا همبستگی مقادیر ناشناخته ژنتیکی و ارزش‌های فنوتیپی را به حداکثر برسانند. از آنجایی که شاخص SH به معکوس کردن یک ماتریس کوواریانس فنوتیپی نیاز دارد (۶)، وجود چندخطی هنگام ارزیابی چندین صفت، می‌تواند منجر به ماتریس‌های شرطی ضعیف و ضرایب شاخص اریب شود، که بر تخمین دستاوردهای ژنتیکی تأثیر می‌گذارد (۱۹).

جو (*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare*) به‌عنوان یکی از سازگارترین محصولات زراعی در طیف وسیعی از مناطق مختلف جهان شناخته شده است (۱۴). امروزه در میان تمام محصولات غلات تولید شده در جهان، پس از گندم، برنج و ذرت، رتبه چهارم را دارد (۴). جو لخت (بدون پوشینه) نیز یکی از گیاهان خانواده غلات است. دانه در جو بدون پوشینه بر خلاف جو پوشینه‌دار، به آسانی از پوسته جدا می‌شود. این صفت به‌وسیله یک ژن مغلوب *und* روی بازوی بلند کروموزوم 7H کنترل می‌شود (۷). تصور بر این است که اهلی شدن جو بدون پوشینه بعد از نوع پوشینه‌دار حدود ۶۵۰۰ سال قبل از میلاد انجام شده است (۳۰). تاکتا و همکاران (۲۵) گزارش نمودند که جو بدون پوشینه با یک جهش منفرد از جو وحشی (*H. vulgare* subsp. *spantaneum*) و یا از جو زراعی (*H. vulgare* subsp. *vulgare*) حاصل شده است.

جو بدون پوشینه نیز سابقه کشت طولانی دارد. جو بدون پوشینه در تغذیه انسان، دام و طیور، تولید و مورد استفاده قرار می‌گیرد. جو بدون پوشینه در مقایسه با جو معمولی از نظر انرژی برتری دارد و ارزش غذایی آن برابر با ذرت و گندم است. علاوه بر این، محتوای پروتئین و میزان لایسین جو بدون پوشینه بیشتر از جو معمولی (پوشینه‌دار) است (۵). جو بدون پوشینه عوامل محدودکننده جو معمولی را در تغذیه ندارد و درصد فیبر پایین و پروتئین بالا از محاسن آن است. محتوای بتاگلوکان جو بدون پوشینه بالا است و به‌عنوان مانعی در مسیر سنتز کلسترول عمل می‌کند (۲۲). درصد اسیدهای آمینه به‌ویژه لیزین در جو بدون پوشینه نسبت به ذرت بالاتر است. وجود مواد بازدارنده مانند کربوهیدرات‌های غیرنشاسته‌ای و الیاف خام در جو معمولی مصرف آن را در تغذیه طیور محدود می‌کند، به‌طوری که در صورت استفاده زیاد از جو معمولی در ترکیب تغذیه طیور سبب

هدف از این تحقیق ارزیابی و انتخاب لاین‌های برتر جو بدون پوشینه با استفاده از شاخص‌های انتخاب چندصفتی MGIDI و FAI-BLUP بر مبنای عملکرد دانه و صفات مختلف مورفولوژیک به‌طور همزمان بود.

مواد و روش‌ها

به‌منظور ارزیابی ۶۹ لاین جو بدون پوشینه دریافتی از یکاردا (جدول ۱)، آزمایشی در قالب طرح بدون تکرار (آگمنت) با سه بلوک ناقص به‌همراه سه ژنوتیپ شاهد بدون پوشینه (رقم لوت و دو لاین امیدبخش EHB-87-4 و EHB-85-9) در مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس (ایستگاه داراب) طی سال زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹ اجرا شد. شکل ۱ میانگین برخی داده‌های هواشناسی منطقه اجرای آزمایش را نشان می‌دهد.

ژنوتیپ‌های مورد بررسی در نیمه اول آذر ماه در شش خط و به‌طول سه متر و فاصله خطوط ۲۰ سانتی‌متر و تراکم ۴۰۰ دانه در مترمربع با استفاده از دستگاه بذرکار آزمایشی غلات (Wintersteiger, Austria) کشت شدند. برای آبیاری از سیستم قطره‌ای نواری (تیپ) استفاده شد.

کودهای دی آمونیوم فسفات و سولفات پتاسیم به‌ترتیب با مقادیر ۱۰۰ و ۵۰ کیلوگرم در هکتار به‌صورت پایه و پیش از کاشت به خاک اضافه شد. کود اوره به مقدار ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار و در دو نوبت اوایل پنجه‌زنی و انتهای مرحله ساقه‌رفتن به خاک اضافه شد. مبارزه با علف‌های هرز پهن‌برگ و باریک‌برگ با استفاده از علف‌کش‌های انتخابی بوکتریل و اکسیال انجام شد. برای برآورد عملکرد دانه پس از حذف حاشیه، برداشت همه کرت (۳/۶ مترمربع) با استفاده از کمباین آزمایشی غلات (Wintersteiger, Austria) انجام شد. صفات مورد ارزیابی و نحوه اندازه‌گیری آنها در جدول ۲ نشان داده شده است.

برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر جو بدون پوشینه و رتبه‌بندی آنها از شاخص‌های MGIDI (۱۲) و FAI-BLUP (۱۸) استفاده شد.

در سال‌های گذشته شاخص‌های انتخاب چند صفتی جدیدی، که بر پایه انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عملکرد دانه و صفات مختلف به‌طور همزمان است، معرفی شده است. در این شاخص‌ها اغلب سعی شده از تمامی صفات مهم به‌منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و سایر صفات مورد بررسی بدون توجه به همبستگی آنها با عملکرد دانه استفاده شود. در واقع هدف از این شاخص‌ها انتخاب غیرمستقیم برای عملکرد دانه نیست بلکه هدف شناسایی ژنوتیپ‌های ایده‌آل از نظر عملکرد دانه و سایر صفات مورد بررسی در حد امکان است (۲۶ و ۲۸). از جمله این روش‌ها می‌توان به شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) (۲۶ و ۲۷)، شاخص پایداری مبتنی بر چند صفت (MTSI) (۱۰)، شاخص فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI) (۱۳) و شاخص طراحی ایدئوتیپ از طریق پیش‌بینی ناریب بهترین خط (FAI-BLUP) (۱۸) اشاره کرد.

اولیوتو و ناردینو (۱۲) شاخص MGIDI را که یک مدل ترکیبی است براساس یک فرآیند انتخاب چند متغیره و بدون ضرایب چند خطی و وزنی ارائه دادند. این شاخص بر انتخاب ژنوتیپ‌های برتر که در آن صفات متعدد اندازه‌گیری شده است، تمرکز دارد. استفاده از این شاخص در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در جو (۲۸ و ۲۹) و گندم (۸) گزارش شده است. آن‌ها نشان دادند که این شاخص می‌تواند به‌طور همزمان بسیاری از صفات و یا شاخص‌ها را در نظر بگیرد و هم‌چنین نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های مورد آزمایش را ارزیابی کند.

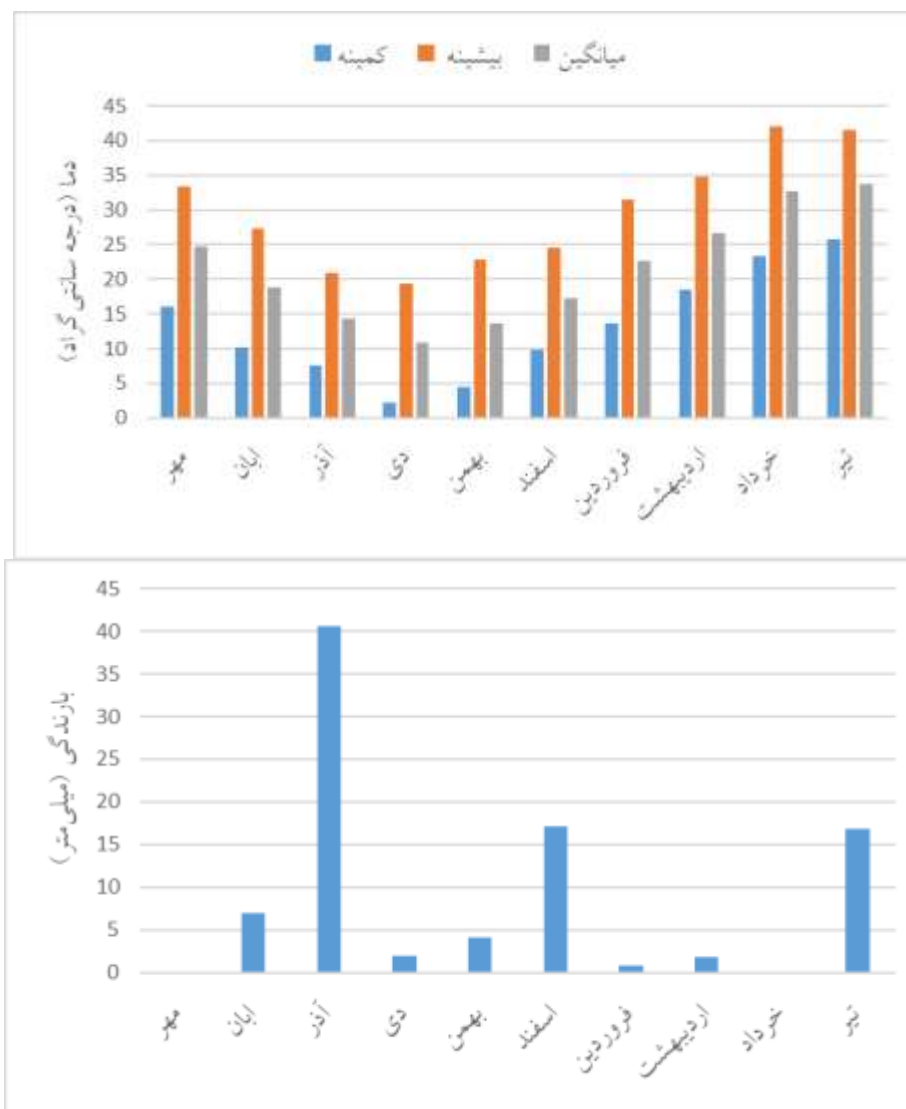
FAI-BLUP یک شاخص چند صفتی است که توسط روچا و همکاران (۱۹) پیشنهاد شده است. این شاخص بر اساس تجزیه و تحلیل عاملی است که بر اساس فاصله هر کدام از ژنوتیپ‌ها از ژنوتیپ ایده‌آل برآورد می‌شود. در این شاخص محاسبه مقادیر ژنتیکی با استفاده از REML/BLUP انجام می‌شود که یک استراتژی مناسبی برای انتخاب ژنوتیپ‌ها است.

جدول ۱. کد و شنیره ژنوتیپ‌های جو بدون پورینه مورد بررسی.

کد ژنوتیپ	شنیره	کد ژنوتیپ	شنیره
L1*	Athas Ligne686/5/Alanda-01/4/WI2291/3/Api/CM67//L2966-69/6/Atahualpa/7/CANELA/GOB//ALELI (Loot)	L37	G09135 F3 10/030629
L2	BREA/DL/70/TOCTE/3/BREA/DL/70/CABUYA/4/CHAMICO/TOCTE//CONGONA V/Morales/6/LEGACY//PENCO/CHEVRON-BAR	L38	CHAMICO/TOCTE//CONGONA/3/LEGACY//PENCO/CHEVRON-BAR ZIGZIG/3/ZVA/PETUNIA 1//CABUYA
L3**	Rika/Demilay	L39	CHAMICO/TOCTE//CONGONA/3/LEGACY//PENCO/CHEVRON-BAR ALISO CI3909-2//FALCON-BAR/3/HIGO/4/Petunia1
L4**	PETUNIA 1/PEREGRINE	L41**	ICNB93-369/4/Moroc9-7/5/WI2291/CI01387/3/H.spout/41-1
L5	Atahualpa Iraqi Black/6/Viruga/5//WI2291/WI2269/5/ Atahua alpa/4/3000Union/Sv/73608//Penuga/3/W28G15-1-N/Weibenste phant/173 J09046 F3 10/030549	L42**	ICNB93-369/4/Moroc9-7/5/WI2291/CI01387/3/H.spout/41-1
L6	J09046 F3 10/030549	L43**	WIE3257/4/ALISO/CI3909-2//HB602/3/MOLA/SHYRU//ARUPO *2/JET/5/Atahualpa/IraqiBlack
L7	J09046 F3 10/030549-OTR-10MR	L44**	WIE3257/4/ALISO/CI3909-2//HB602/3/MOLA/SHYRU//ARUPO*2/JET/5/DD-21/WIE3257 BC-B/3/11012.2/TERN- PETUNIA 1/8/POST/COPAL/5/GLORIA-BAR/4/SOTO L/2/2762/ B//H/272/6/SIND89A-148/7/CARDO (EH-85-9)
L8	LINAZA-BAR/HIGO/4/CEDRO/MATNAN/EH165/3/MA TICO/5/RABANO/CHINA/HIGO/6/PETUNIA 2 (EH-87-4)	L45	ICNB93-369/5/Robo/4/Zanbaka/3/ER/Apmi//Ligneel131
L9	CPOLO 9109/PETUNIA 2	L46**	Atahualpa/IraqiBlack/7/WIE3257/4/ANCA/2469//TOUJ/3/SHYRU/4/ATACO/5/ALELI
L10	PETUNIA 1/RITA/PELADA	L47**	Assiya
L11	CABUYAMIA//PETUNIA 1/5/PENCO/CHEVRON-BAR/3 /ATACO/BERMEJO/HIGO/4/PETUNIA 1	L48	WIE3257/4/ALISO/CI3909-2//HB602/3/MOLA/SHYRU//ARUPO *2/JET/5/DD-21/WIE3257
L12	PENCO/CHEVRON-BAR/3/LEGACY//PENCO/CHEVRON-BAR	L49**	Atahualpa/5/WIE3257/4/ALISO/CI3909-2//HB602/3/MOLA/SHYRU//ARUPO*2/JET
L13	BF891M/617/4/Hma-02//11012.2/CM67/3/Arar/5/Black/Faridan	L50**	WIE3257/4/ALISO/CI3909-2//HB602/3/MOLA/SHYRU//ARUPO *2/JET/5/DD-21/WIE3257
L14	CABUYAMIA//PETUNIA 1/5/PENCO/CHEVRON-BAR/3 /ATACO/BERMEJO/HIGO/4/PETUNIA 1	L51**	WIE3257/4/ALISO/CI3909-2//HB602/3/MOLA/SHYRU//ARUPO *2/JET/5/DD-21/WIE3257
L15	CPOLO 9109/PETUNIA 2	L52**	WIE3257/4/ALISO/CI3909-2//HB602/3/MOLA/SHYRU//ARUPO *2/JET/5/DD-21/WIE3257
L16	PETUNIA 1/RITA/PELADA	L53**	WIE3257/4/ALISO/CI3909-2//HB602/3/MOLA/SHYRU//ARUPO *2/JET/5/Saesaa/Atahualpa
L17	PETUNIA 1/8/POST/COPAL/5/GLORIA-BAR/4/SOTOL/2762/BC-B/3/11012.2/TERN- B//H/272/6/SIND89A-148/7/CARDO (EH-85-9)	L54**	Alanda/Zafraa/Atahualpa/5/Ligne627/Clm-01//Gustoe/4/Rhm-08/3/Detr-Alla106/1DL/7
L18	CABUYAMIA//PETUNIA 1/5/PENCO/CHEVRON-BAR/3/ ATACO/BERMEJO/HIGO/4/PETUNIA 1	L55**	NB1054/Aleli/Gardnaer/3/DD-21/WIE3257
L19	PENCO/CHEVRON-BAR/3/LEGACY//PENCO/CHEVRON-BAR	L56**	NACKTA/HIA A33/FNCI/3/Sebastian
L20	CHAMICO/TOCTE//CONGONA/3/LEGACY//PENCO/CHEVRON-BAR	L57	NACKTA/HIA A33/FNCI/3/Sebastian
L21	PENCO/CHEVRON-BAR/3/LEGACY//PENCO/CHEVRON-BAR	L58	CI-12//UC1134/Lacey
L22	PENCO/CHEVRON-BAR/3/LEGACY//PENCO/CHEVRON-BAR	L59	CI-12//UC1134/Lacey
L23	PENCO/CHEVRON-BAR/3/LEGACY//PENCO/CHEVRON-BAR	L60	WOCUSTI/UNKNOWN
L24	PENCO/CHEVRON-BAR/3/LEGACY//PENCO/CHEVRON-BAR	L61	CI-12//UC1134/Lacey
L25	PENCO/CHEVRON-BAR/3/LEGACY//PENCO/CHEVRON-BAR	L62	WOCUSTI/UNKNOWN
L26**	Alanda-0112/Petunia1	L63	LINAZA-BAR/HIGO/4/CEDRO/MATNAN/EH165/3
L27	PETUNIA 1/RITA/PELADA	L64	MATICO/5/RABANO/CHINA/HIGO/6/PETUNIA 2 (EH-87-4)
L28**	TRADITION//PENCO/CHEVRON-BAR	L65**	11HB13//UC1134/UC1047
L29	CABUYAMIA//PETUNIA 1/5/PENCO/CHEVRON-BAR/3/ ATACO/BERMEJO/HIGO/4/PETUNIA 1	L66**	N12050 F3 13/030025
L30	CABUYAMIA//PETUNIA 1/5/PENCO/CHEVRON-BAR	L67	G12064 F3 13/030039
L31	FRANKLIN-BAR//LIMON/BICHY2000	L68**	UC1134/UC0969/Madera UC937
L32**	TRADITION//PENCO/CHEVRON-BAR	L69	UC1135//UC1134/Lacey
L33**	CHAMICO/TOCTE//CONGONA/3/LEGACY//PENCO/CHEVRON-BAR	L70	PETUNIA 1/8/POST/COPAL/5/GLORIA-BAR/4/SOTOL/2762/BC-B/3/11012.2/TERN- B//H/272/6/SIND89A-148/7/CARDO (EH-85-9)
L34	PENCO/CHEVRON-BAR/6/P.STO/3/LIBRAN/UNA80//LIGNE640/4/BILLU/5/PETUNIA 1 DD-21/5/SLB15-05/4/H.spout.96-3/Robo//Alger/Ceres/362-1-1	L71*	LOOT
L35	ICNB93-369/IRAN(Kordistan)	L72*	PETUNIA 1/8/POST/COPAL/5/GLORIA-BAR/4/SOTOL/2762/BC-B/3/11012.2/TERN- B//H/272/6/SIND89A-148/7/CARDO (EH-85-9)
L36	MSEL//PENCO/CHEVRON-BAR		LINAZA-BAR/HIGO/4/CEDRO/MATNAN/EH165/3/MATICO /5/RABANO/CHINA/HIGO/6/PETUNIA 2 (EH-87-4)
	LINAZA-BAR/HIGO/4/CEDRO/MATNAN/EH165/3/MA TICO/5/RABANO/CHINA/HIGO/6/PETUNIA 2 (EH-87-4)		
	IPA/7/4/AwBlack/Athas//Arar/3/9Cr/79-07/Robo/5/Alanda-01//Gerbel/Hma/3/Saida		

ژنوتیپ‌های ناشد.

ژنوتیپ‌های در ریشه



شکل ۱. داده‌های هواشناسی ماهیانه در فصل زراعی ۱۳۹۹-۱۴۰۰ در منطقه داراب

محاسبه شاخص MGIDI:

φ_{oj} و η_{oj} به ترتیب مقادیر اصلی حداقل و حداکثر برای صفت z در تمام ژنوتیپ‌ها هستند. φ_{nj} و η_{nj} به ترتیب مقادیر حداقل و حداکثر برای صفت z پس از تغییر مقیاس هستند و θ_{ij} مقدار اصلی برای صفت z از ژنوتیپ i است. برای تغییر مقیاس، مقادیر φ_{nj} و η_{nj} به صورت زیر محاسبه شدند: برای صفاتی که در آن‌ها مقدار بالا مورد نظر است، φ_{nj} برابر با صفر

مراحل محاسبه شاخص MGIDI (۱۲) به صورت زیر است:

- تغییر مقیاس شاخص‌ها/صفات: X_{ij} یک جدول دو طرفه با i ردیف یا ژنوتیپ و j ستون یا صفت می‌باشد. مقدار تغییر مقیاس - یافته برای ردیف i و ستون j به صورت رابطه ۱ محاسبه شد:

$$rX_{ij} = \frac{\eta_{nj} - \varphi_{nj}}{\eta_{oj} - \varphi_{oj}} \times (\theta_{ij} - \eta_{oj}) + \eta_{nj} \quad \text{رابطه (۱)}$$

جدول ۲. صفات مورفولوژیک مورد بررسی در ژنوتیپ‌های جو بدون پوشینه و نحوه اندازه‌گیری آن‌ها.

ردیف	صفات	علامت اختصاری	نحوه اندازه‌گیری صفات
۱	تعداد روز تا ظهور سنبله	DHE	تعداد روز از ۱۵ آذر تا ۵۰ درصد ظهور سنبله در بوته
۲	تعداد روز تا رسیدگی	DMA	تعداد روز از ۱۵ آذر تا ۵۰ درصد رسیدگی در بوته
۳	ارتفاع بوته	PLH	بر حسب سانتی‌متر
۴	نوع خار ریشک	AT	امتیازدهی به صورت ۳، ۵ و ۷ (نرم، متوسط و زبر)
۵	طول دوره پر شدن دانه	GFP	تفاوت بین زمان ظهور سنبله تا رسیدگی
۶	عملکرد دانه	YLD	برداشت همه کرت پس از حذف حاشیه (۶ مترمربع)
۷	تعداد سنبله در مترمربع	NSP	میانگین ۱۰ بوته
۸	تعداد دانه در سنبله	NGS	میانگین ۱۰ سنبله
۹	وزن سنبله	SPW	میانگین ۱۰ سنبله بر حسب گرم
۱۰	وزن هزار دانه	TKW	تعداد ۱۰۰۰ دانه بر حسب گرم
۱۱	طول سنبله	SL	میانگین ۱۰ بوته و بر حسب سانتی‌متر
۱۲	طول ریشک	AL	میانگین ۱۰ بوته و بر حسب سانتی‌متر
۱۳	طول پدانکل	PL	میانگین ۱۰ بوته و بر حسب سانتی‌متر
۱۴	حالت قرار گرفتن سنبله	SPS	امتیازدهی به صورت ۱، ۳، ۵، ۷ و ۹ (ایستاده، نیمه ایستاده، افقی، نیمه واژگون و واژگون)
۱۵	حالت قرار گرفتن ساقه	SS	امتیازدهی به صورت ۱، ۳، ۵، ۷ و ۹ (ایستاده، نیمه ایستاده، بینابین، نیمه خوابیده و خوابیده)
۱۶	تراکم سنبله	SD	امتیازدهی به صورت ۳، ۵، ۷ (بدون تراکم، متوسط و متراکم)
۱۷	تعداد ردیف سنبله	RT	۲ و ۶ (دو ردیفه و شش ردیفه)

که در آن F یک ماتریس $g \times f$ با مقادیر عامل‌ها است، Z یک ماتریس $g \times p$ با میانگین استاندارد شده (تغییر مقیاس یافته) است، A یک ماتریس $p \times f$ از بارگذاری متعارف است و R یک ماتریس همبستگی $p \times p$ بین صفات است. علاوه بر این f ، g و p به ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها، عامل‌های باقیمانده (عامل‌هایی که مقدار ویژه آن‌ها از یک بیشتر است) و شاخص‌های محاسبه‌شده را نشان می‌دهند.

۳- تعریف ژنوتیپ ایده‌آل (ایدئوتیپ): طبق تعریف رابطه (۱)، ایدئوتیپ دارای بالاترین مقدار تغییر مقیاس (۱۰۰) برای صفاتی است که افزایش آنها مطلوب است و برای صفاتی که کاهش آنها

و η_{nj} برابر با ۱۰۰ در نظر گرفته شد، درحالی‌که برای صفاتی که در آن‌ها مقدار پایین مورد نظر بود، φ_{nj} برابر با ۱۰۰ و η_{nj} برابر با صفر در نظر گرفته شد. در جدول دو طرفه تغییر مقیاس یافته (FX_{ij}) ، هر ستون دارای محدوده ۰-۱۰۰ است که مفهوم انتخاب مورد نظر (افزایش یا کاهش) را در نظر می‌گیرد و ساختار همبستگی مجموعه اصلی متغیرها را حفظ می‌کند.

۲- تجزیه به عامل‌ها: در مرحله بعد، تحلیل عاملی (FA) برای محاسبه کاهش ابعاد داده‌ها و ساختار روابط انجام شد. این تحلیل بر اساس رابطه ۲ انجام شد:

$$F = Z(A^T R^{-1})^T \quad \text{رابطه (۲)}$$

ژنوتیپ آم تا ایدئوتیپ زام بر اساس میانگین استاندارد فاصله اقلیدسی است (۱۹).

برای برآورد شاخص MGIDI و FAI-BLUP از بسته تجزیه آزمایش‌های چند محیطی (metan) در نرم‌افزار R استفاده شد (۱۱).

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس صفات زراعی جو بدون پوشینه نشان داد که بین هر سه بلوک ناقص تفاوت معنی‌داری وجود نداشت (به‌جز وزن هزار دانه)، بنابراین وزن هزار دانه تصحیح و تجزیه‌های بعدی با استفاده از داده‌های تصحیح شده انجام شد (نتایج نشان داده نشده است).

نتایج مقایسه میانگین نشان داد که ژنوتیپ‌های دو ردیفه L47، L52، L53 و L47 و ژنوتیپ شش ردیفه L5 با ۱۲۶ روز رسیدگی، جزء زودرس‌ترین ژنوتیپ‌ها بودند و ژنوتیپ‌های شش ردیفه L11، L14، L24، L25 و L58 و از طرفی ژنوتیپ دو ردیفه L56 با ۱۴۱ روز رسیدگی نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها دیررس‌تر بودند. ژنوتیپ شاهد L1 با ۱۲۶ روز تا رسیدگی جزء ژنوتیپ‌های زودرس و ژنوتیپ‌های شاهد L71 و L72 به ترتیب با ۱۳۷ و ۱۳۶ روز تا رسیدگی جزء ژنوتیپ‌های نسبتاً دیررس بودند. در مجموع جوهای دو ردیفه با میانگین ۱۳۲/۶ روز تا رسیدگی نسبت به جوهای شش ردیفه با میانگین ۱۳۶/۲ روز تا رسیدگی، زودرس‌تر بودند (جدول ۳). زودرسی یکی از صفات مهم در مناطق گرم و خشک جنوب کشور است و چنانچه ارقام دیررس در این مناطق کاشته شوند با توجه به تنش گرمایی انتهای فصل احتمال بادزدگی و چروکیده شدن دانه و در نهایت کاهش عملکرد دانه وجود دارد. در ضمن همبستگی معنی‌داری (**۰/۶) بین رسیدگی و تعداد روز تا گل‌دهی مشاهده شد (شکل ۲).

در این تحقیق ژنوتیپ دو ردیفه L56 با ۷۰ سانتی‌متر ارتفاع، پاکوتاه‌ترین ژنوتیپ بود. همچنین کمترین ارتفاع بوته (کمتر از

مطلوب باشد تغییر مقیاس صفر است. بنابراین، ایدئوتیپ را می‌توان با یک بردار $I [1 \times p]$ تعریف کرد به طوری که I برابر ۱۰۰، ۱۰۰، ...، ۱۰۰ باشد. نمرات I نیز بر اساس رابطه (۲) تخمین زد شدند.

۴- محاسبه شاخص MGIDI: در مرحله آخر، فاصله اقلیدسی بین نمرات ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های ایده‌آل به‌عنوان شاخص MGIDI با استفاده از رابطه ۳ محاسبه شد:

$$MGIDI = \sum_{i=1}^f [(\gamma_{ij} - \gamma_j)^2]^{0.5} \quad \text{رابطه (۳)}$$

γ_{ij} امتیاز i امین ژنوتیپ در فاکتور j ام است ($i = 1, 2, \dots, t; j = 1, 2, \dots, f$) به ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها و عامل‌ها است، γ_j نمره زام ایدئوتیپ است. ژنوتیپ‌هایی با کمترین مقدار MGIDI به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر هستند. دیفرانسیل انتخاب برای همه شاخص‌ها با در نظر گرفتن شدت انتخاب ۲۰ درصد انجام شد.

شاخص FAI-BLUP

شاخص FAI-BLUP یک شاخص چندصفتی مبتنی بر تحلیل عاملی است و بر اساس فاصله هر کدام از ژنوتیپ‌ها از ژنوتیپ ایده‌آل (ایدئوتیپ) برآورد شد. پس از تعیین ایدئوتیپ، فواصل هر ژنوتیپ بر اساس ایدئوتیپ (فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ) برآورد و به احتمال خاصی تبدیل شده و رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها را امکان‌پذیر می‌کند. برای محاسبه شاخص FAI-BLUP از رابطه ۴ استفاده شد:

$$P_{ij} = \frac{\frac{1}{d_{ij}}}{\sum_{i=1; j=1}^{i=n; j=m} \frac{1}{d_{ij}}} \quad \text{رابطه (۴)}$$

که در آن P_{ij} احتمال مشابه بودن ژنوتیپ‌ام ($i=1, 2, \dots, n$) با ایدئوتیپ زام ($j=1, 2, \dots, m$)؛ فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ از

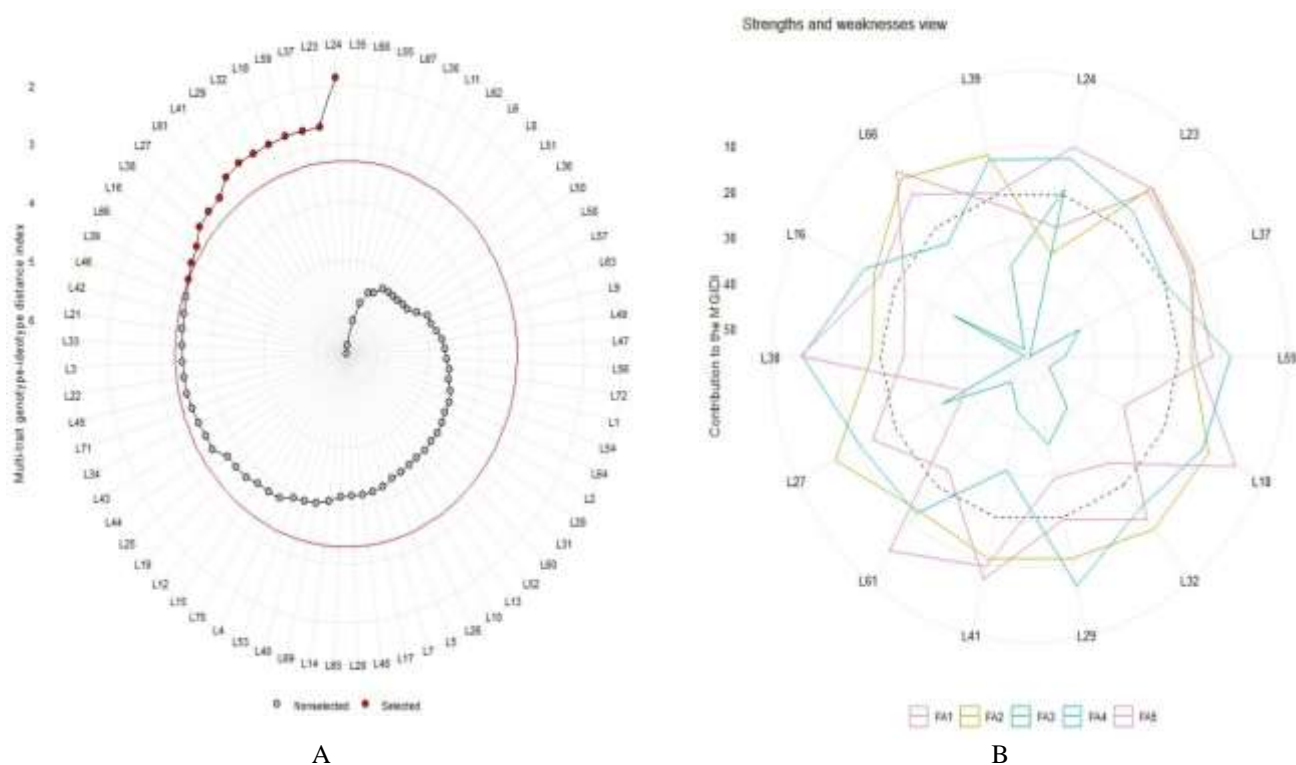
جدول ۳- مقایسه میانگین صفات مختلف مورفولوژیک در ژنوتیپ‌های جو بدون پوشینه.

RT	SD	SS	SPS	PL	AL	SL	TKIV	SPW	NGS	NSP	YLD	GFP	AT	PLH	DMA	DHE	Gen.
P	0	T	4	13	1A	P	T0	51*	T00	T*7	T10	T4	T	110	139	49	L2
T	0	T	V	T*	T*	A	TV	1/0*	T0A	01P	T*4*	T1	V	110	139	40	L3
T	T	T	4	1A	1A	A	T4	10A*	T0*	T0T	T*0A	T3	0	1*7	13A	40	L4
P	0	T	4	13	1A	P	TV	T/0*	T0*	T0A	T0P*	T0	V	111	139	41	L5
P	T	1	4	A	1A	P	T0	1A*	T10	1A*	T*0A	T*	0	1*7	13*	49	L6
P	0	T	4	1*	1A	V	T*	1A*	T0T	T0*	T0T*	T0	V	4*	139	44	L7
P	0	1	4	V	T*	P	T1	1/1A	T00	T0*	T0**	T0	0	1*4	139	44	L8
P	0	T	4	13*	1V	P	T0	10T*	T0P	T0V	T0P*	T0	V	11*	13*	49	L9
P	0	0	0	A	T*	V	T0	1/4*	T4P	T1*	T*4*	T*	T	1*4	13*	44	L10
P	0	1	0	13	T*	A	T0	10P*	T0V	T0A	T11*	T1	V	1*7	131	44	L11
P	0	T	V	10	10	P	T*	1A*	T0A	T0*	T0*	T0	0	1*0	130	49	L12
P	0	T	4	1A	T*	A	T0	1A*	T0V	T10	T0A	T1	V	11A	139	49	L13
P	0	T	V	A	1A	P	T*	1A*	T0T	T0*	T0*	T*	V	1*4	131	44	L14
P	0	T	4	1V	13	V	T0	1/3*	T0T	T*1	T1A	TV	0	1*4	134	44	L15
P	0	0	V	13	1A	V	T*	10A	T0A	T0*	T*1*	T0	V	11*	13*	44	L16
P	0	T	4	1*	1A	0	T*	10A	T10*	T0P	T0*	T*	0	4*	13A	40	L17
P	0	T	V	13	1V	P	T*	1A*	T0A	01P	T0P*	T*	V	11*	13*	49	L18
P	0	T	V	13	1A	V	T0	0/1	T0V	T*	T10*	T0	0	1*4	130	49	L19
P	0	1	V	1V	1V	P	0	10A	T0*	T0*	T0P*	T0	T	4*	13*	49	L20
P	0	T	V	13	1P	P	T1	10A	T0*	T11	T0T*	T*	0	1*7	13A	44	L21
P	0	1	4	1*	10P	P	T0	10P	T00	T0*	T1P*	T1	T	4*	130	44	L22
P	0	T	4	13	T1	V	T1	0/4*	T0/1	T0*	T1*	T*	0	1*7	139	44	L23
P	0	T	0	A	T*	V	T*	0/1*	T00	T0*	T0*	T*	T	4A	131	49	L24
P	0	1	4	A	1A	V	T*	1A*	T0A	T0A	T0*	T*	T	1*7	131	4A	L25
T	T	T	4	13	1A	A	T0	1/3*	T0T	T0P	T0P*	T1	V	11V	13A	49	L26
P	0	1	4	10	1V	P	T0	1A*	T0A	0/3*	T0P*	T*	V	4*	139	40	L27
T	0	1	4	10	T1	A	T0	1/3*	1A*	T0*	T0P*	T*	V	4*	13*	44	L28
P	0	0	V	1V	1P	P	T0	1/3*	1A*	T0*	T0*	T*	V	11*	13*	40	L29
P	0	T	4	13	1P	P	T0	1/0*	T*/1	10P	1A01	T0	V	11P	13*	40	L30
P	0	0	4	10	1P	P	T*	10P*	T*/1	T0A	T0V*	T0	0	11*	130	49	L31
T	T	T	4	1A	T*	A	T*	10P	T1A	T0*	T0*	T*	0	110	130	40	L32
T	T	T	4	1A	T*	A	T*	1/3*	T0T	T0*	T0*	T0	0	11*	13*	44	L33
P	0	0	V	1*	1A	V	T0	10P*	T0T	T0*	T0*	T*	T	1*4	13A	4A	L34
P	0	1	4	0	1A	V	T*	1A*	T0T	T0*	T0*	T*	V	1**	139	44	L35
P	0	1	4	1*	T1	A	T*	T0*	T0A	T0*	T0*	T*	V	111	13*	49	L36
T	T	T	4	13	1A	A	T*	1/3*	T0T	T0*	T0*	T*	0	11*	13*	44	L37
P	0	T	0	4	1V	V	T*	T0*	T0A	T0*	T0*	T*	T	1*0	13A	49	L38
P	0	0	V	1V	1P	0	T*	0/3*	T00	T0A	T0*	T1	T	1*7	13*	44	L39
P	0	T	4	1A	1P	P	T*	10P	T10	T1*	T1A*	T1	V	11*	139	40	L40
T	0	T	4	11	T*	A	T*	1/3*	1A/1	P*4	T*4*	T*	V	11V	13*	40	L41
T	T	0	4	A	1A	A	T*	1/3*	T0P	T0A	T0T*	T0	0	130	13*	44	L42
T	T	T	4	1*	1A	A	T*	1/3*	T1/1	T0*	T0*	T*	0	11V	13*	44	L43
T	T	1	4	A	T*	A	T*	1/3*	1A/1	0P*	T0*	T*	V	11*	13*	40	L44

ادامه جدول ۳

RT	SD	SS	SPS	PL	AL	SL	TKW	SPW	NGS	NSP	YLD	GFP	AT	PLH	DMA	DHE	Gen.
۲	T	0	4	۱۲	۱۹	۲	T1	۱۰۸۸	T۱۷T	T1A	T۱۸T۷	T۷	V	۱-۱	۱۳۳	4۷	L45
T	T	T	4	۱۲	۱۹	4	T0	-۹۰	T۱۹A	T1۰	T0-T	T1	V	۱-۷	۱۲۹	۸۷	L46
T	T	T	4	۱۲	۱۹	4	T۲	-۲۴	T۱۸A	T۲۲	T۲۹A	T۷	V	۱۱۲	۱۲۲	۸۹	L47
۲	0	T	4	۱۲	T-	4	T1	T۱۴	T۱۵D	T۴1	T۱۶-4	T1	V	۱-۸	۱۲۲	40	L48
T	T	T	4	۱۲	T-	4	T1	۱۰-4	T۱۵V	T11	T0--	T۴	V	۱۱۸	۱۲۸	4۴	L49
T	T	T	4	۱-	T1	4	T۹	۱۰۲۲	۱۰۲۲	T۱۵	T-44	T۴	V	۱۲۹	۱۲۹	40	L50
T	T	T	4	۱-	T1	4	T۴	۱۰۲۸	۱۰۲۲	T۲۲	T-۸۲	T۹	V	۱۲۸	۱۲۷	4۸	L51
T	T	T	4	۱-	T1	4	T1	۱۰۲۸	۱۰۲۲	T۲۲	T-۸۲	T۹	V	۱۲۰	۱۲0	4۲	L52
T	T	T	4	۱۲	T-	4	T۷	۱۰۲۲	۱۰۲۲	T۲۲	T۷۰	T0	V	۱۱0	۱۲۲	4۱	L53
T	T	T	4	۱۲	۱۹	4	T0	۱0۲۲	۱۰۲۲	T۲۲	T۲۲۲	T1	V	۱۲۰	۱۲0	4۴	L54
T	T	T	0	T1	۱۲	4	T-	۱۰۲۲	T-۸	۱۰0	۱۲۲-	T0	V	۱۲۹	۱۲۲	41	L55
T	T	T	4	0	۱۷	V	T1	۱۰۲۲	۱۰۲۲	T11	T۲۲	T۲	V	۷-	۱۲۲	4۲	L56
۲	0	T	4	۷	۱۹	V	T-	T۲۲	۱۰۲۲	T۲۲	T۸	T۸	V	۱-0	۱۲۷	4۹	L57
۲	0	T	0	۱۲	T-	V	T۷	T۲۸	۱۰۲۲	T-۲	T۲۲	T۴	V	4۴	۱۲۲	4۹	L58
۲	0	T	V	۱۲	۱۸	۲	T0	T۲1	4۲V	4۲V	T۱۹A	T0	V	۸0	۱۲۰	40	L59
۲	0	T	0	۱0	۱۲	۲	T0	T۲1	T۱۹	T11	T۱۱۲	T۷	V	۱-۷	۱۲۰	4۴	L60
۲	0	T	0	۱۲	۱0	۲	T۸	T۱۲	T۱1	T۱۲	T۲۲	T1	V	4۸	۱۲۰	4۷	L61
۲	0	T	T	۱۸	۱۲	0	T۴	۱۰۲۲	T01	T1۷	T۱۲0	T1	T	۱-۲	۱۲۸	4۴	L62
۲	0	T	4	4	۱۷	V	T-	T۱۰	T۱۷T	T۱۵	T۲۲	T1	V	۱۱۲	۱۲۰	4۹	L63
۲	0	T	4	۱۲	۱۸	4	T-	T۲۲	T0A	T11	T۲0۲	T1	T	۱۱۰	۱۲۰	4۷	L64
T	T	T	4	۱۲	۱۹	4	T۸	۱۰۲۰	T-1	T۲۲	T۱۱۷	T1	V	۱۱۴	۱۲۷	4۲	L65
T	T	T	4	۱-	۱۷	۱-	T0	۱0۲	T-۸	4۲V	T۲۲V	T۹	T	۱۱۷	۱۲۲	4۷	L66
۲	0	T	0	۱0	۱0	V	T1	T۲۲	۱۲V	۱۲V	۱۲0	T1	T	۱-۸	۱۲۰	4۲	L67
T	0	T	T	۱۸	۱۲	0	T1	۱0۲	۱۱۷	۱۲-	4۱-	T1	V	۱۱0	۱۲۷	4۴	L68
۲	0	T	4	۱-	۱۹	V	T1	T۰	T۲A	41T	T۱۵۲	T0	V	۱-۱	۱۲۲	4۹	L69
۲	0	T	۲	۱۱	۱۸	۲	T۸	۱04	T0۲	T1۰	T۲۰	T۹	۲	۱-4	۱۲۹	۱--	L70
۲	0	0	V	۱۲	۱۷	0	T1	۱۰۰	T۹A	T۸V	T۲۲0	T1	V	۱۱۱	۱۲۲	40	L71
۲	0	T	4	۱۲	۱۹	V	T0	T-۰۰	T11	T۸A	T-1۰	T-	۲	۱-۰	۱۲۷	4۷	L72
۲	0	T	4	۲	۱۷	V	T۹	۱۰۸۷	T-۲	T۲۲	T10۲	T1	۲	۱-۸	۱۲۲	40	L73
-	T,۲	T۷	۸0	۱۲	۱0۲	۸۲	T۸A	۱۰۲	T-۷	T۱۵T	T۲۲	T۲۲	۲	۱۱۲A	۱۲۲	4۷۰	پانگن جومای در رویه
-	T۹	T۰	T۷	۱۲	۱۷0	۲۲	T1۲	۱۰۸	T۹A	T۲۲T	T۲A	T۲	۲	۱-01	۱۲۲T	4۲۴	پانگن جومای شش رویه
-	T۴	T۹	T۹	۱۲	۱۸T	T1	T۹1	۱۰۲	T۲T	T۱۵T	T۲T	T۲	۲	۱-0T	۱۲۹A	40۲	پانگن کل
-	-	T۲	T۲	T۷	T1	T۷	۸۲	۱۰۰	۸۷	۷۲	۷۲	۱-۲	-	۱۰۰	01	۱۲۲	LSD0.05

DHE: روز تا ظهور سنبله؛ DMA: روز تا رسیدگی؛ PLH: ارتفاع بوته (سانتی‌متر)؛ AT: نوع خمار رشک؛ GFP: طول دوره پر شدن دانه؛ YLD: عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)؛ NSP: تعداد سنبله در متر مربع؛ NGS: تعداد دانه در سنبله؛ SPW: وزن سنبله (گرم)؛ TKW: وزن هزار دانه (گرم)؛ SL: طول سنبله (سانتی‌متر)؛ AL: طول رشک (سانتی‌متر)؛ PL: طول پداندکل (سانتی‌متر)؛ SPS: فرار گرفتن سنبله؛ SS: حالت فرار گرفتن ساقه؛ SD: تراکم سنبله؛ RT: تعداد رویف سنبله.



شکل ۳- (A) الگوی رتبه‌بندی و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر جو بدون پوشینه با استفاده از شاخص MGIDI. (B) نقاط قوت و ضعف

ژنوتیپ‌های برتر انتخاب شده با استفاده از شاخص MGIDI. فاکتور اول (FA1) شامل صفات تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه، طول سنبله، تراکم سنبله و تعداد ردیف در سنبله؛ فاکتور دوم (FA2): تعداد روز تا رسیدگی، طول دوره پر شدن دانه و وزن سنبله؛ فاکتور سوم (FA3): عملکرد دانه و تعداد سنبله در متر مربع؛ فاکتور چهارم (FA4): نوع خار ریشک، طول ریشک، طول پدانکل و حالت قرار گرفتن سنبله؛ فاکتور پنجم (FA5): ارتفاع بوته و حالت قرار گرفتن ساقه

منفی، بیشتر تحت تأثیر طول ریشک و حالت قرار گرفتن سنبله و به‌طور مثبت تحت تأثیر نوع خار ریشک و طول پدانکل بود. ارتفاع بوته و حالت قرار گرفتن ساقه عامل پنجم را به‌ترتیب در جهت منفی و مثبت تحت تأثیر قرار دادند و ۷/۰۶ درصد تغییرات کل را تبیین کردند (جدول نشان داده نشده است).

شاخص MGIDI برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از ۱۷ صفت مورفولوژیک مورد بررسی محاسبه شد (شکل ۳). در شکل ۳A ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر اساس این شاخص با رنگ قرمز نشان داده شده‌اند. دایره قرمز مرکزی نقطه برش را با توجه به شدت انتخاب ۲۰ درصد نشان می‌دهد. در واقع در این تحقیق،

کرد که ۷/۷۲ درصد از تنوع کل داده‌ها را توجیه نمودند. عامل اول تحت تأثیر صفات تعداد روز تا رسیدگی، وزن هزار دانه و طول سنبله به‌طور منفی و تعداد دانه در سنبله، تراکم سنبله و تعداد ردیف به‌طور مثبت بود و ۹/۲۸ درصد تنوع فنوتیپی صفات را تبیین کرد. عامل دوم بیشتر تحت تأثیر تعداد روز تا رسیدگی به‌طور منفی و طول دوره پر شدن و وزن سنبله به‌طور مثبت بود و ۳/۱۵ درصد از تغییرات کل مربوط به این عامل را تبیین کرد. عملکرد دانه و تعداد سنبله در مترمربع به‌طور منفی عامل سوم را تحت تأثیر قرار دادند و ۴/۱۲ درصد تغییرات را توجیه نمودند. عامل چهارم که ۶/۸ درصد تغییرات کل را تبیین کرده بود به‌طور

جو استفاده شد و بیان شد که ژنوتیپ‌های انتخابی با استفاده از شاخص MGIDI از عملکرد دانه بالایی برخوردار بودند (۲۶).

شکل ۳B نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخابی با استفاده از شاخص MGIDI را نشان می‌دهد. سهم عامل‌ها در شاخص MGIDI به دو دسته عامل‌هایی با سهم کمتر و سهم بیشتر طبقه‌بندی می‌شوند. بر اساس این نمودار کمترین سهم توجیه شده توسط یک عامل (نزدیک به لبه خارجی) نشان‌دهنده نزدیک بودن صفات درون آن عامل به حالت ایده‌آل است. نقطه‌چین نشان‌دهنده ارزش نظری است، در صورتی که همه عوامل به یک اندازه نقش داشته باشند. با توجه به اینکه هر تیمار برای عامل‌هایی که سهم کمتری در آن‌ها دارد از لحاظ صفات درون آن عامل به تیمار ایده‌آل نزدیک‌تر است (۱۲)، نتایج نشان داد که مقدار پایین صفات تعداد دانه در سنبله، تراکم سنبله و دو ردیفه بودن و از طرفی مقدار بالای وزن هزار دانه و طول سنبله و همچنین مقدار متوسط تعداد روز تا گل‌دهی عامل مؤثر در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عامل اول بود. به‌عنوان مثال ژنوتیپ L66 با وزن هزار دانه ۳۵ گرم و طول سنبله ۱۰ سانتی‌متر ولی تعداد دانه در سنبله ۲۰/۸، ژنوتیپ برتر از نظر عامل اول بود. در مجموع عامل اول نتوانسته ژنوتیپ‌هایی که هر شش صفت در آن ایده‌آل باشد را شناسایی کند.

در عامل دوم، بالا بودن مقدار صفات تعداد روز تا رسیدگی، وزن سنبله و طول دوره پر شدن دانه عامل اصلی انتخاب ژنوتیپ‌ها بود. در واقع ژنوتیپ L24 که از نظر عامل ۲ نزدیک به مرکز بود یکی از دیررس‌ترین ژنوتیپ‌ها (۱۴۱ روز) ولی با طول دوره پر شدن ۴۵ روز و وزن سنبله ۲/۱۰ گرم بود (جدول ۳). ژنوتیپ L27 با بیشترین فاصله از مرکز (شکل ۳B)، جزء ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عامل دوم بود که یک ژنوتیپ زودرس، اما طول دوره پر شدن و وزن سنبله آن از ژنوتیپ L24 پایین‌تر بود؛ بنابراین، عامل دوم از بین صفات تعداد روز تا رسیدگی، طول دوره پر شدن و وزن سنبله، تنها ژنوتیپ‌های با

ارزش ژنوتیپ‌ها بر اساس بالا بودن مقدار صفات طول دوره پر شدن دانه، عملکرد دانه، تعداد سنبله در مترمربع، تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، وزن هزار دانه، طول سنبله، طول ریشک، طول پدانکل، حالت قرار گرفتن سنبله، حالت قرار گرفتن ساقه، تراکم سنبله، تعداد ردیف سنبله و از طرفی پایین بودن ارتفاع بوته، تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا رسیدگی و نوع خار ریشک (نرم) تعیین شد (جدول ۳). در این شاخص ژنوتیپ‌هایی با کمترین مقدار MGIDI، ژنوتیپ‌های برتر هستند (۱۲)؛ بنابراین، ژنوتیپ‌های انتخاب شده با استفاده از شاخص MGIDI عبارت از ژنوتیپ‌های L29, L32, L18, L59, L37, L23, L24, L41, L61, L27, L38, L16, L66, L39, L46 بودند. همچنین نتایج نشان داد که هیچ‌کدام از ژنوتیپ‌های شاهد جزء ژنوتیپ‌های برتر نبودند (شکل ۳).

با توجه به جدید بودن شاخص MGIDI، کاربرد آن در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در تعداد محدودی از تحقیقات گزارش شده است. شیرزاد و همکاران (۲۰) برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر جو از شاخص MGIDI استفاده نمودند و ضمن معرفی نه ژنوتیپ برتر جو بیان داشتند که اثبات کارایی و توسعه شاخص جدیدی مثل MGIDI نیاز به تحقیقات بیشتری در سایر گیاهان دارد. از طرفی بناکاناهالی و همکاران (۱) در بررسی ۸۵ ژنوتیپ گوار، از شاخص MGIDI استفاده نمودند و بیان کردند که ژنوتیپ‌های منتخب نه تنها از نظر عملکرد دانه، بلکه از نظر محتوای صمغ، پروتئین، فیبر و خاکستر محصول گوار برتر بودند. زالی و پورابوقداره (۲۸) از شاخص MGIDI و FAI-BLUP برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر جو استفاده نمودند و در نهایت، ژنوتیپ WB-00-07 را با بیشترین عملکرد دانه نسبت به همه ژنوتیپ‌های شاهد و برتر از نظر شاخص‌های MGIDI و FAI-BLUP، به‌عنوان ژنوتیپی مناسب در شهرستان‌های جنوبی استان فارس پیشنهاد کردند. در تحقیقی دیگر از شاخص‌های مختلف MGIDI, FAI-BLUP و SIIG به‌منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر

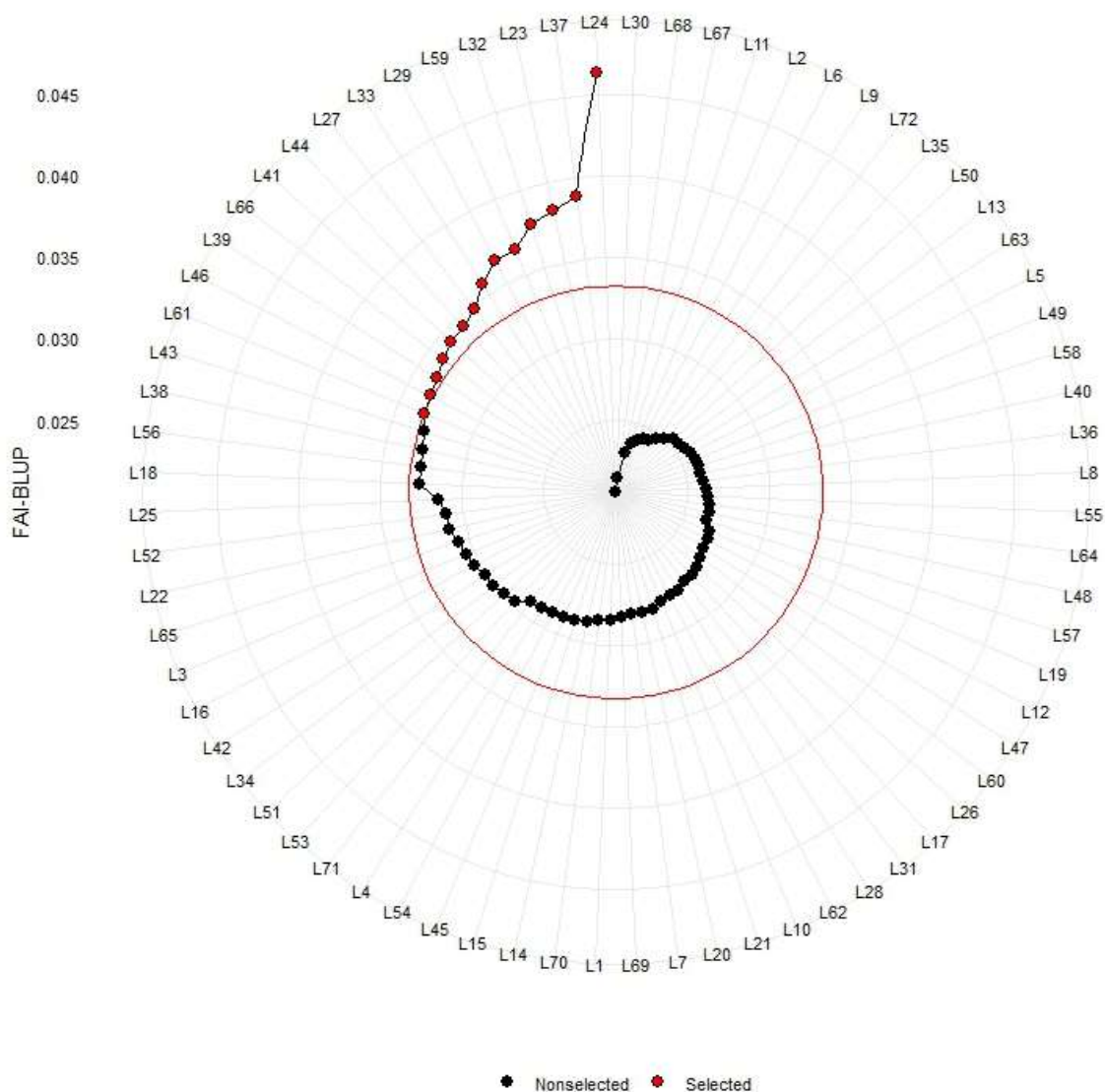
طول دوره پر شدن و وزن سنبله بالا اما دیررس را به عنوان ژنوتیپ ایده آل معرفی نموده است.

عامل سوم ژنوتیپ‌ها را بر اساس مقدار بالای هر دو صفت عملکرد دانه و تعداد سنبله در متر مربع گزینش کرده است؛ از این رو ژنوتیپ L24 ژنوتیپ برتر بر اساس عامل سوم (نزدیک به لبه خارجی) بود. عامل چهارم ژنوتیپ‌ها را بر اساس نوع خار ریشک، طول ریشک و طول پدانکل پایین و حالت سنبله گزینش کرد و ژنوتیپ‌های L38 و L41 به ترتیب برترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ بر اساس این عامل بود. عامل پنجم ژنوتیپ‌های با طول ارتفاع بلند و حالت قرار گرفتن ساقه را انتخاب نموده است؛ بنابراین ژنوتیپ‌های L61 و L38 جزء ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از این عامل بودند (شکل ۳B). درکل نتایج نشان داد که هیچ کدام از عامل‌ها، نتوانستند ژنوتیپ‌های برتر را بر اساس مقدار ایده آل همه صفات درونی خود دسته‌بندی نمایند. به همین دلیل نهایتاً ژنوتیپ‌هایی انتخاب می‌شوند که کمترین مقدار MGIDI (شکل ۳A) را داشته باشند.

شاخص FAI-BLUP برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از ۱۷ صفت مورفولوژیک مورد بررسی محاسبه شد (شکل ۴). در شکل ۴ ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر اساس این شاخص با رنگ قرمز نشان داده شده‌اند. دایره قرمز مرکزی نقطه برش را با توجه به شدت انتخاب ۲۰ درصد نشان می‌دهد. در واقع در این تحقیق، ارزش ژنوتیپ‌ها بر اساس مفروضات شاخص MGIDI تعیین شد. در این شاخص ژنوتیپ‌هایی با بیشترین مقدار FAI-BLUP، ژنوتیپ‌های برتر هستند؛ بنابراین، ژنوتیپ‌های انتخاب شده با استفاده از شاخص FAI-BLUP عبارت از ژنوتیپ‌های L41، L44، L27، L33، L29، L59، L32، L23، L37، L24، L46، L66، L61 و L43 بودند. همچنین نتایج نشان داد که هیچ کدام از ژنوتیپ‌های شاهد (L1، L71 و L72) جزء ژنوتیپ‌های برتر نبودند (شکل ۴). ویان و همکاران (۲۴) بیان کردند FAI-BLUP یک شاخص مناسب در شناسایی لاین‌های اینبرد نو ترکیب سویا بوده است. گزارشات مشابهی از کارایی شاخص FAI-BLUP در انتخاب هیبریدهای برتر در سورگوم (۹ و ۲۱) و لوبیا (۱۷) گزارش شده است.

بناکاناهالی و همکاران (۱) بیان نمودند شاخص MGIDI به دلیل جدید بودن و سهولت در تفسیر داده‌ها با حداقل مسائل چندخطی، به عنوان ابزار جدیدی برای فرآیند انتخاب ژنوتیپ مورد نظر به طور همزمان در برنامه‌های اصلاح نباتات در چندین محیط عمل می‌کند. کارایی انتخاب ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های اصلاحی اگر بر اساس صفات متعدد باشد می‌تواند مؤثرتر باشد، اما شناسایی ژنوتیپ‌هایی که عملکرد بالا را در بسیاری از صفات ترکیب می‌کنند، یک کار چالش برانگیز برای اصلاح کنندگان بوده است. MGIDI برای اصلاح کنندگانی که هدفشان انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات چندگانه است مفید است؛ زیرا فرآیند انتخاب منحصر به فرد و قابل تفسیری را ارائه می‌دهد که ساختار همبستگی زیربنایی داده‌ها را در بر می‌گیرد و نیازی به ضریب وزنی دلخواه ندارد (۱۲).

نتایج همبستگی بین صفات مورد بررسی و شاخص MGIDI در شکل ۲ نشان داده شده است. نتایج نشان داد که شاخص MGIDI بیشترین همبستگی منفی و معنی‌دار را با صفات عملکرد دانه (** $0/91$ -)، تعداد سنبله در مترمربع (** $0/91$ -)، حالت ساقه (** $0/37$ -) و طول دوره پر شدن دانه (* $0/25$ -) داشت؛ بنابراین در شرایط این تحقیق ژنوتیپ‌های انتخابی با شاخص MGIDI از عملکرد دانه و تعداد سنبله در مترمربع بالایی نسبت به بیشتر ژنوتیپ‌ها انتخاب نشده برخوردار بودند، بنابراین در شرایط این تحقیق این مطلب یک مزیت برای شاخص MGIDI است که ژنوتیپ‌های جو بدون پوشینه انتخابی عملکرد دانه بالایی دارند.



شکل ۴. الگوی رتبه‌بندی و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر جو بدون پوشینه با استفاده از شاخص FAI-BLUP.

انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس اطلاعات چند صفت هستند که در این تحقیق از آن استفاده شد. اهمیت این شاخص‌ها در ارزیابی ژنوتیپ‌ها در حال گسترش است. یکی از اهداف اصلاح‌کنندگان محصولات زراعی، یافتن کاربرد تکنیک‌های چندمتغیره در انتخاب ژنوتیپ مناسب با بهره‌وری مؤثر در شرایط محیطی متنوع است (۲۱). در تحقیق حاضر، ژنوتیپ‌های جو بدون پوشینه بر اساس

دوره پر شدن دانه (**۰/۳۸) داشت و از طرفی همبستگی معنی‌دار، اما منفی با تعداد دانه در سنبله (**۰/۳۱-) داشت. از طرفی همبستگی بالا و معنی‌دار، ولی منفی بین شاخص MGIDI و FAI-BLUP (**۰/۸۲-) مشاهده شد. برای آسان‌تر کردن انتخاب ژنوتیپ‌هایی با چندین ویژگی، شاخص‌های MGIDI و FAI-BLUP روش‌های جدیدی برای

تعداد دانه در سنبله و وزن سنبله از ژنوتیپ‌های دو ردیفه برتر بودند.

نتایج هر دو روش MGIDI و FAI-BLUP مشابه بودند و ژنوتیپ‌های یکسانی را به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر شناسایی نمودند. در هر دو روش ژنوتیپ L24 برترین ژنوتیپ بود و بیشترین عملکرد دانه (۶۴۰۴ کیلوگرم در هکتار) و تعداد سنبله در مترمربع (۶۴۹) و از طرفی وزن سنبله بالا (۲/۱۰ گرم) را به‌خود اختصاص داده بود. ژنوتیپ‌های L30 (۱۴۵۱ کیلوگرم در هکتار) و L35 (۹۸۸ کیلوگرم در هکتار) که به‌ترتیب ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها از نظر شاخص‌های FAI-BLUP و MGIDI و حائز کمترین عملکرد دانه و تعداد سنبله در مترمربع بودند. در نهایت بیشتر ژنوتیپ‌های انتخابی از نظر صفات عملکرد دانه، تعداد سنبله در مترمربع، تعداد دانه در سنبله و طول دوره پرشدن از بسیاری از ژنوتیپ‌ها برتر بودند، بنابراین نتایج این تحقیق نشان داد که این شاخص‌ها قادر به شناسایی ژنوتیپ‌های برتر با توجه به صفات مورد بررسی هستند و می‌توان از این روش‌ها برای غربال اولیه ژنوتیپ‌های ایده‌آل در آزمایشات مقدماتی بهره برد. همچنین ژنوتیپ‌های L24، L23، L37، L59، L18، L32، L29، L41، L61، L27، L38، L16، L66، L39 و L46 به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر برای انجام آزمایشات تکمیلی انتخاب شدند.

سپاسگزاری

این مقاله برگرفته از پروژه ملی و سفارشی موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر به شماره مصوب ۹۹۱۲۴۶-۱۵۳-۰۳-۰۳-۰۴ است. بدین‌وسیله از سازمان جهاد کشاورزی استان تهران و موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر به سبب تأمین هزینه‌های مالی و همچنین از تمامی همکاران محترم ایستگاه تحقیقات کشاورزی داراب، بخش غلات که در انجام این پروژه ما را یاری کرده‌اند کمال تشکر و قدردانی را داریم.

اطلاعات چند صفت ارزیابی شدند (جدول ۳). ارزیابی نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخابی (شکل ۳B) به‌عنوان یک ابزار جدید برای تدوین استراتژی‌های مدیریت بهتر محصول عمل می‌کند. استفاده از شاخص‌هایی مانند MGIDI و FAI-BLUP در مطالعات ارزیابی ژنوتیپ‌ها برای به حداقل رساندن محاسبات غیرضروری، شناخته شده است؛ بنابراین، توصیه ارقام برتر در مطالعات اصلاح نباتات در مورد محصولات زراعی ممکن است با استفاده از این شاخص‌ها آسان‌تر شود. از طرفی یکی از ویژگی‌های این شاخص‌ها این است که همه صفات بدون توجه به همبستگی با عملکرد دانه در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر نقش دارند و اگر ژنوتیپی وجود داشته باشد که بیشتر صفات مطلوب در آن وجود داشته باشد این شاخص‌ها قادر به شناسایی آنها هستند و از این طریق می‌توانند کارایی انتخاب ژنوتیپ‌های برتر را افزایش دهند. شاخص FAI-BLUP و MGIDI امکان رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها را بر اساس چند صفت و بدون وجود چندخطی فراهم می‌کنند و مانند شاخص کلاسیک اسمیت-هیزل (۶ و ۲۳) و شاخص‌های مشتق شده از آن، نیازی به تعیین وزن ندارند. علاوه بر این، همبستگی ژنتیکی مثبت یا منفی در هر عامل در نظر گرفته می‌شود و رابطه میان صفات آنها حفظ شده و به ایدئوتیپ‌ها (ژنوتیپ‌های ایده‌آل) ارزش زیستی می‌دهند (۲۳).

نتیجه‌گیری کلی

نتایج مقایسه میانگین جوهای دو ردیفه و شش ردیفه نشان داد میانگین ژنوتیپ‌های دو ردیفه از نظر صفات تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا رسیدگی، تعداد سنبله در مترمربع، وزن هزار دانه، طول سنبله، طول ریشک و طول پدانکل از میانگین ژنوتیپ‌های شش ردیفه برتر بودند. از طرفی میانگین ژنوتیپ‌های شش ردیفه از نظر ارتفاع بوته، طول دوره پر شدن دانه، عملکرد دانه،

منابع مورد استفاده

1. Benakanahalli, N. K., S. Sridhara, N. Ramesh, T. Olivoto, G. Sreekantappa, N. Tamam, A. M. M. Abdelbacki, H. O. Elansary and S. A. M. Abdelmohsen. 2021. A framework for identification of stable genotypes based on MTSI and MGDII Indexes: an example in guar (*Cymopsis tetragonoloba* L.). *Agronomy* 11 (6): 1-20.
2. Bizari, E. H., B. H. Pedroso Val, E. M. Pereira, A. O. di Mauro and S. Uneda-Trevisoli. 2017. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. *Revista Ciencia Agronomy* 48: 110-117.
3. Cerón-Rojas, J. J. and J. Crossa. 2018. Linear Selection Indices in Modern Plant Breeding. Springer International Publishing, Mexico.
4. FAO. 2019. FAO STAT service. Available online at: fao.org/faostat/en/#data/QC. Accessed 20 August 2019.
5. Goldenberg, Z. V. and M. B. Kvachadze. 1990. Content of protein and amino acid tryptophan in the grain of some forms of barley. *Soobshcheniya Akademii Nauk Gruzinskoi SSR* 139: 397-400.
6. Hazel, L. 1943. The genetic basis for constructions selection indices. *Genetics* 28: 476-490.
7. Kikuchi, S., S. Taketa, M. Ichii and S. Kawaski. 2003. Efficient fine mapping of the naked caryopsis gene (*nud*) by HEGS (High Efficiency Genome Scanning)/AFLP in barley. *Theoretical and Applied Genetics* 108: 73-78.
8. Nardino, M., E. C. Perin, B. C. Aranha, S. T. Carpes, B. H. Fontoura, D. J. P. de Sousa and D. S. de Freitas. 2022. Understanding drought response mechanisms in wheat and multi-trait selection. *Plos One* 17(4): 1-22.
9. Oliveira, I. C. M., T. D. S. Marcal, K. D. C. Bernardino, P. C. D. O. Ribeiro, R. A. D. C. Parrella, P. C. S. Carneiro, R. E. Schaffert and J. E. D. S. Carneiro. 2019. Combining ability of biomass sorghum lines for agroindustrial characters and multitrait selection of photosensitive hybrids for energy cogeneration. *Crop Science* 59(1): 1554-1566.
10. Olivoto, T., A. D. C. Licio, J. A. G. da Silva, V. S. Marchioro, V. Q. de Souza and E. Jost. 2019b. Mean performance and stability in multi-environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal* 111: 2949-2960.
11. Olivoto, T. and A. D. Lucio. 2020. Metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution* 11: 783-789.
12. Olivoto, T. and M. Nardino. 2020. MGIDI: A novel multi-trait index for genotype selection in plant breeding. *Bioinformatics* 1: 1-22.
13. Olivoto, T. and M. Nardino. 2021. MGIDI: Toward an effective multivariate selection in biological experiments. *Bioinformatics* 37: 1383-1389.
14. Pour-Aboughadareh, A., A. Barati, S. A. Koohkan, M. Jabari, A. Marzoghian, A. Gholipour, K. Shahbazi-Homonloom H. Zali, O. Poodineh and M. Kheirgo. 2022. Dissection of genotype-by-environment interaction and yield stability analysis in barley using AMMI model and stability statistics. *Bulletin of the National Research Centre* 46 (19): 1-12.
15. Prasad, N. V. P. and I. J. Joye. 2020. Dietary fiber from whole grains and their benefits on metabolic health. *Nutrients* 12(10): 3045.
16. Rabiei, B., M. Valizdah, B. Ghareyazieand and M. Moghaddam. 2004. Evaluation of selection indices for improving rice grain shape. *Field Crops Research* 89: 359-367.
17. Rocha, J. R. dA. S. dC., K. V. Nunes, A. L. N. Carneiro, T. D. S. Marcal, F. V. Salvador, P. C. S. Careiro and J. E. S. Carneiro. 2019. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. *Agronomy Journal* 111: 1181-1189.
18. Rocha J. R. dA. S. dC., J. C. Machado and P. C. S. Carneiro. 2018. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. *Global Change Biology and Bioenergy* 10(1): 52-60.
19. Rocha, J. R., A. S. do, C. de, J. C. Machado and P. C. S. Carneiro. 2017. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. *Gl. Ch. Biotechnology & Bioengineering* 9: 1-9.
20. Shirzad, A., A. Asghari, H. Zali, O. Sofalian and H. Mohammaddoust Chamanabad. 2022. 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 Farsi).
21. Silva, M. J., P. C. S. Careiro, J. E. Careiro, C. M. B. Damasceno, N. N. L. D. Parrella, M. M. Pastina, M. L. F. Simeone, R. E. Schaffert and R.A. Parrella. 2018. Evaluation of the potential of lines and hybrids of biomass sorghum. *Industrial Crops and Products* 125: 379-385.

22. Simic, G., A. Lalic, D. Horvat, Z. Zdunic, D. K. Komlenic, A. Bucic-Kojic, M. Planinic and M. Tisma. 2021. Production and analysis of the flour from the hull-less barley. *Food Measure* 15: 2679-2687.
23. Smith, H. F. 1936. A discriminant function for plant selection. *Annual Eugenics* 7: 240-250.
24. Woyann, L. G., D. Meira, A. D. Zdziarski, G. Matei, A. S. Milioli, A. C. Rosa, L. A. Madella and G. Benin. 2019. Multiple-trait selection of soybean for biodiesel production in Brazil. *Industrial Crops and Products* 140: e111721.
25. Taketa, S., S. Kikuchi, T. Awayama, S. Yammamoto, M. Ichii and S. Kawasaki. 2004. Monophyletic origin of naked barley inferred from molecular analysis of a marker closely linked to the naked caryopsis gene (*nud*). *Theoretical and Applied Genetics* 108: 1236-1242.
26. Zali, H., A. Barati and A. R. Pour-Aboughadareh. 2023. Screening of barley elite genotypes using different selection indices based on multi-traits. *Journal of Crop Production* 15(4): 159-182. (In Farsi).
27. Zali, H., A. Barati, A. R. Pour-Aboughadareh, A. Gholipour, S. Koochkan, A. Marzoghiyan, J. Bocianowski, H. Bujak and K. Nowosad. 2023. Identification of superior barley genotypes using selection index of ideal genotype (SIIG). *Plants* 12: 1843.
28. Zali, H. and A. R. Pour-Aboughadareh. 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 Farsi).
29. Zali, H., O. Sofalian, T. Hasanloo, A. Asghari and S. M. Hoseini. 2015. Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method. *Biological Forum - An International Journal* 7(2): 703-711.
30. Zohary, D. and M. Hopf. 2000. Domestication of Plants in the Old World: The Origin and Spread of Cultivated Plants in West Asia. Europe and the Nile Valley, Clarendon Press, Oxford, UK.

Selection of Hull-Less Barley Superior Genotypes for the Warm Climate of Southern Fars in Iran

H. Aflatooni¹, O. Sofalian², H. Zali^{3*} and A. Asghari²

1 and 2. PhD Student of Plant Breeding and Professor, Respectively, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agricultural Sciences and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran.

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

*: Corresponding author: HZali90@yahoo.com

(Received: November 08-2023; Accepted: April 20-2024)

Extended Abstract

Introduction

Barley (*Hordeum vulgare* L.) is one of the widely-adapted crops for cultivation in the diverse conditions around Iran. Moreover, this cereal crop ranks fourth in the world in terms of economic importance after wheat, rice, and corn. Simultaneous application of several traits in selection of superior high-performing genotypes can be a difficult task, as each genotype can be superior in terms of some traits. With increase in number of traits, it becomes difficult to select the appropriate genotype, necessitating reliance on selection indices. Using the selection indices, all traits become one index and it becomes easier to rank and identify superior genotypes. Thus, the aim of this study was to select superior hull-less barley genotypes based on grain yield and some morphological traits using different indicators.

Materials and Methods

To select superior barley genotypes, 69 genotypes of hull-less barley were evaluated in the non-repeating Augment design with three incomplete blocks along with three hull-less barley check genotypes (Loot, EH-85-9 and EH-87-4) in Darab Agricultural Research Station, south of Iran, during the 2020-2021 cropping season of. The studied genotypes were planted in six lines 6 m at length with a distance of 15 cm from each other. Seeding was done in 400 seeds m⁻². Seeds were sown using an experimental plot planter (Wintersteiger, Ried, Austria). Fertilizers were used as 150 kg ha⁻¹ nitrogen (twice), and di-ammonium phosphate and potassium sulfate in 100 and 50 kg ha⁻¹, respectively (before planting). All experimental plots were harvested with an experimental grain harvester (Wintersteiger, Ried, Austria). The studied traits included days to spike appearance (DHE), days to maturity (DMA), plant height (PLH), thousand kernel weight (TKW), length of grain filling period (GFP), grain yield (YLD), spike length (SL), awn length (AL), grains/spike (NGS), awn type (AT), peduncle length (PL), spike density (SD), spike weight (SPW), spikes m⁻² (NSP), stem situation (SS), spike situation (SPS) and row type (RT). The multi-trait genotype-ideotype distance index (MGIDI) and ideotype design via best linear unbiased prediction (FAI-BLUP) were calculated using 17 morphological traits to select superior genotypes.

Results and Discussion

According to the results of analysis of variance, a significant difference was observed between the studied lines for all traits (except TKW) at the probability levels of 5 and 1%. The results of factor analysis for the 17 studied traits identified five hidden factors that explained 72.7% of the total variance of the data. The results showed that low values of the NGS, SD and RT and high values of the TKW, LS and DHE were effective factors in selecting

superior genotypes using the first factor. Based on this factor, L66 was superior. In the second factor, high values of the DMA, SPW and GFP were the main factors in selecting genotypes, and based on this factor, L27 genotype was ideal. The third factor selected genotypes based on high values of both trait YLD and NSP. L24 genotype was the superior one based on the third factor. Fourth factor selected genotypes based on low AI, PL, AT and SPS (L38 genotype was superior), and fifth factor selected genotypes with high value of PLH and SS and based on this factor L38 and L61 genotypes were ideal. Based on the MGIDI index, genotypes L24, L23, L37, L59, L18, L32, L29, L41, L61, L27, L38, L16, L66, L39 and L46 with the lowest values were identified as superior genotypes. Moreover, FAI-BLUP index identified genotypes L24, L37, L23, L32, L59, L29, L33, L27, L44, L41, L66, L46, L61 and L43 as the desirable genotypes compared with other genotypes. None of the check genotypes were among the superior genotypes based on both MGIDI and FAI-BLUP indices. The results showed that the MGIDI index has the most negative and significant correlation with grain yield (-0.91^{**}), spikes m^{-2} (-0.91^{**}), stem situation (-0.37^{**}) and grain filling period (-0.25^{*}). The results also showed that FAI-BLUP has a positive and significant correlation with spikes m^{-2} (0.86^{**}), grain yield (0.84^{**}), and grain filling period (0.38^{**}), and on the other hand, it had a significant but negative correlation with grains/spike (-0.31^{**}). Finally, a highly significant negative correlation was observed between MGIDI index and FAI-BLUP index (-0.82^{**}).

Conclusions

In general, the results showed that the two-row genotypes were on average superior to the six-row genotypes in terms of the DHE, DMA, NSP, TKW, SL and PL. On the other hand, the six-row genotypes were superior to the two-row genotypes in terms of PLH, GFP, YLD, NGS, and SPW. Our results revealed that the MGIDI and FAI-BLUP indices have ideal potential to identify the high-yielding genotypes with desirable traits. Hence, the use of these indices can be useful in screening the superior genotypes in the early steps of breeding programs for barley. The results of both MGIDI and FAI-BLUP indices were similar and identified the same genotypes as superior genotypes and finally, L24, L23, L37, L59, L18, L32, L29, L41, L61, L27, L38, L16, L66, L39 genotypes were identified as superior genotypes.

Keywords

Factors analysis, Grain yield, Indices based on multiple traits, Morphological traits