Plant Prod., 2023, 46(3), 335-351
https://plantproduction.scu.ac.ir/
ISSN (P): 2588-543X; **ISSN (E):** 2588-5979
Doi: 10.22055/ppd.2024.45295.2134
Received: 17 November 2023
Accepted: 21 December 2023

Plant Productions
Research Article

Identification of superior genotypes of barley for cultivation in the south regions of Fars province using MGIDI و FAI-BLUP indices

Hassan Zali[1*], Alireza Pour-Aboughadareh[2]

1. Researcher 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
2. Researcher Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

Citation: Zali, H., & Pour-Aboughadareh, A.R, (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.

Abstract

Introduction

Barley (*Hordeum vulgare* L.) has been known as one of the most adapted cereal crops to various environmental conditions. In addition, this cereal crop ranks fourth in the world in terms of economic importance after wheat, rice, and corn. Identification of high-yielding genotypes with highly desirable growth traits is one of the most important goals in barley breeding programs. However, the present study aimed to select superior genotypes based on grain yield and some morpho-phenological traits using different selection models.

Materials and methods

To identify superior genotypes of barley for cultivation in the warm and dry conditions in the southern regions in the Fars province, 21 genotypes were investigated in a randomized complete block with three replications during the 2021-2023 cropping seasons. During the plant growth and development, several morpho-phenological traits were recorded. Agronomic traits measured were days to spike emergence (DHE), days to maturity (DMA), plant height (PLH), grain filling period (GFP), grain yield (GY), 1000-kernel weight (TKW), spike length (SL), spike density (SD), awn length (AL), spike weight (SPW), number of grains per spike (NGS), row type (RT) and number of spikes per m^2 (NS). After collecting experimental data, statistical analyses were computed using SAS and R softwares

Results and Discussion

Results of the analysis of variance (ANOVA) showed that there is a significant difference among the investigated genotypes in terms of all the measured traits (except for Awn length and spike length). Based on the multi-trait genotype-ideotype distance index (MGIDI), genotypes G1

* **Corresponding Author:** Hassan Zali
E-mail: hzasli90@yahoo.com

© 2023 The Author(s). Published by Shahid Chamran University of Ahvaz. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (http://creativecommons.org/licenses/by/4.0), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

(Oxin), G7, G3, and G14 with the lowest values were identified as superior genotypes. Moreover, the ideotype design via the best linear unbiased prediction (FAI-BLUP) model identified genotypes G20, G8, G2 (Golchin) and G1 (Oxin) as the desirable genotypes compared with other genotypes. The Venn diagram revealed that genotypes G1 and G7 were selected using both selection indices, simultaneously. The MGIDI index showed a positive and significant correlation with DHE (0.58**), while it negatively and significantly correlated with GFP (-0.51*) and GY (-0.74 **). The FAI-BLUP index showed a significant positive relationship with SL (0.50 *) and SPW (0.45*), while it negatively and significantly correlated with DHE (-0.47 *). To better evaluate and group the investigated genotypes, principal components analysis (PCA) was used. Results of the PCA showed that the first and second principal components explained 30.5 and 20.6 percent, respectively. Moreover, the results of the PCA showed that the selected genotypes based on MGIDI and FAI-BLUP indices are located in the 1st and 2nd regions of the PCA diagram. In total, the results showed that there is a relative compliance between the MGIDI and FAI-BLUP indices with PCA. Additionlly, there was a high agreement between the MGIDI indices and the first principal component, and on the other hand, the second principal component showed a high agreement with the FAI-BLUP index.

Conclusion

In conclusion, the genotype G7 with the highest grain performance and the relative superiority in terms of MGIDI and FAI-BLUP indices was identified as a superior genotype compared to all reference genotypes. Hence, this genotype can be recommended for further comprehensive evaluation before commercial release in the southern regions in Fars province.

Key words: Biplot, Heat map, Multivariate selection, Multi-trait index, Venn plot

تولیدات گیاهی، ۱۴۰۱، ۴۵(۲)، ۳۳۵-۳۵۱
https://plantproduction.scu.ac.ir/
ISSN (P): 2588-543X; **ISSN (E):** 2588-5979
Doi: 10.22055/ppd.2024.45295.2134
تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۸/۲۶
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۹/۳۰

تولیدات گیاهی

مقاله پژوهشی

شناسایی ژنوتیپ‌های جو مناسب کشت در جنوب استان فارس با استفاده از شاخص‌های MGIDI و FAI-BLUP

حسن زالی[1*]، علیرضا پورابوقداره[2]

۱- استادیار پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران

۲- استادیار پژوهشی، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

چکیده

جو (*Hordeum vulgare* L.) به‌عنوان یکی از سازگارترین محصولات زراعی در بسیاری از مناطق مختلف جهان شناخته شده است. شناسایی ژنوتیپ‌هایی که عملکرد بالا را در بسیاری از صفات ترکیب می‌کنند یک کار چالش برانگیز بوده است. بنابراین، هدف از این مطالعه انتخاب ژنوتیپ‌های برتر جو بر اساس عملکرد دانه و تعدادی از صفات مورفوفنولوژیکی با استفاده از شاخص‌های MGIDI و FAI-BLUP بود. به‌منظور ارزیابی هفده لاین امیدبخش جو به همراه چهار ژنوتیپ شاهد، آزمایشی دوساله (۱۴۰۲-۱۴۰۰) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی و در سه تکرار در ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی داراب انجام شد. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی تفاوت معنی‌داری برای صفات مورد بررسی (به‌جزء طول ریشک و طول خوشه) وجود دارد. برمبنای شاخص فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI) ژنوتیپ‌های G1 (اکسین)، G7، G3 و G14 با کمترین مقدار این شاخص و براساس شاخص طراحی ایدئوتیپ از طریق پیش‌بینی نااریب بهترین خط (FAI-BLUP) ژنوتیپ‌های G20، G8، G2 (گلچین) و G1 (اکسین) با بیشترین مقدار جزء ژنوتیپ‌های برتر بودند. در نمودار ون پلات ژنوتیپ‌های G1 و G7 جزء ژنوتیپ‌های انتخابی مشترک بین شاخص‌های MGIDI و FAI-BLUP بودند. شاخص MGIDI با تعداد روز تا گل‌دهی همبستگی مثبت و معنی‌داری (۰/۵۸) نشان داد، در حالی‌که همبستگی منفی و معنی‌داری با طول دوره پر شدن دانه (*۰/۵۱-) و عملکرد دانه (**۰/۷۴-) داشت. شاخص FAI-BLUP همبستگی مثبت و معنی‌داری با صفات طول سنبله (*۰/۵۰) و وزن سنبله (*۰/۴۵) و همبستگی منفی و معنی‌داری با تعداد روز تا گل‌دهی (*۰/۴۷) نشان داد. نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی نشان داد که ژنوتیپ‌های انتخابی براساس هر دو شاخص MGIDI و FAI-BLUP در ناحیه ۱ و ۲ نمودار PCA قرار دارند. در مجموع، ژنوتیپ G7 با بیشترین عملکرد دانه نسبت به همه ژنوتیپ‌های شاهد و برتر از نظر شاخص‌های MGIDI و FAI-BLUP به‌عنوان ژنوتیپ مناسب، جهت بررسی‌های تکمیلی قبل از معرفی به‌عنوان رقم جدید در شهرستان‌های جنوبی استان فارس پیشنهاد می‌شود.**

کلید واژه‌ها: انتخاب چند متغیره، بای پلات، شاخص‌های چندصفتی، نقشه حرارتی، ون پلات

* **نویسنده مسئول:** حسن زالی
رایانامه: hzasli90@yahoo.com

مقدمه

جو (*Hordeum vulgare* L) به‌عنوان متحمل‌ترین گیاه زراعی نسبت به خشکی در بین غلات زودرس شناخته شده است و به‌دلیل تنوع ژنتیکی بالا، به‌خوبی با شرایط مختلف محیطی سازگار است (Bengtsson, 1992; Pureisa *et al.*, 2015; Pour-Aboughadareh *et al.*, 2022). جو از مهم‌ترین گیاهان خانواده غلات است و از نظر اهمیت اقتصادی در مقام چهارم جهان قرار گرفته است (Pour-Aboughadareh *et al.*, 2023a).

یکی از اهداف مهم اصلاح‌نباتات، شناسایی ژنوتیپ‌هایی با خصوصیات زراعی مطلوب و عملکرد دانه بالا است. معمولاً انتخاب ژنوتیپ‌هایی با کارایی بالا برای چند صفت به‌طور هم‌زمان دشوار و یا به عبارتی چالش برانگیز خواهد بود (Shayan *et al.*, 2020). از این‌رو، شاخص‌های گزینشی متعددی توسط به‌نژادگران برای شناسایی ژنوتیپ‌های برخوردار از مجموعه‌ای از صفات مطلوب زراعی توسعه و معرفی شده است. اولین شاخص برای انتخاب هم‌زمان در اصلاح نباتات توسط اسمیت (Smith, 1936) و در اصلاح دام توسط هازل (Hazel, 1943) پیشنهاد شد. این شاخص بر اساس انتخاب مقادیر ژنتیکی ناشناخته است، بنابراین استفاده از مقادیر فنوتیپی و کوواریانس‌های ژنتیکی برای تعیین چگونگی انتخاب یک بردار وزنی به‌منظور به حداکثر رساندن همبستگی مقادیر ژنتیکی ناشناخته و ارزش‌های فنوتیپی ضروری است (Hazel *et al.*, 1994).

در حال حاضر، شاخص کلاسیک اسمیت–هیزل (SH) با موفقیت مورد استفاده قرار گرفته است. با این حال، یکی از مشکلات استفاده از این شاخص، فقدان رویه‌ای برای وزن‌دادن به صفات با اهمیت اقتصادی است (Cerón-Rojas *et al.*, 2006; Stephens *et al.*, 2012). برخی از پارامترها مانند ضریب تنوع ژنتیکی (Bhering *et al.*, 2012) و وراثت‌پذیری خصوصی به‌عنوان وزن‌های اقتصادی نسبی مورد استفاده قرار می‌گیرند. 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 (Hazel, 1943)، وجود چندخطی که مطمئناً هنگام ارزیابی چندین صفت ظاهر می‌شود، می‌تواند منجر به ماتریس‌های شرطی ضعیف و ضرایب شاخص اریب شود؛ بنابراین، بر تخمین دستاوردهای ژنتیکی تأثیر می‌گذارد.

برای این منظور، چندین شاخص انتخاب براساس چند صفت برای گزینش ژنوتیپ‌های برتر پیشنهاد شده است. این شاخص‌ها، چالش‌های اصلی که اغلب اصلاح‌کنندگان را در انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها محدود می‌کند و شامل بیان ارزش اقتصادی این گونه صفات و تبدیل آن‌ها به وزن‌دهی اقتصادی واقعی می‌باشد را برطرف می‌سازد (Bizari *et al.*, 2017). 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 بالا و سایر صفات مورد بررسی در حد امکان می‌باشد. از جمله این روش‌ها می‌توان به شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG[1]) (Zali *et al.*, 2023)، شاخص فاصله ژنوتیپ–ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI) (Olivoto and Nardino, 2020) و شاخص FAI-BLUP (Rocha *et al.*, 2018) اشاره کرد.

شاخص MGIDI 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 (Olivoto and Nardino, 2020). استفاده از شاخص MGIDI در شناسایی ژنوتیپ‌های برتر جو برمبنای صفات

1- Selection index of ideal genotype

مورفولوژیک در سایر تحقیقات نیز گزار ش شده است (Shirzad *et al.*, 2022; Pour-Aboughadareha *et al.*, 2023a; Zali *et al.*, 2023a).

شاخص FAI-BLUP بر اساس تجزیه و تحلیل عاملی است که بر مبنای فاصله هر کدام از ژنوتیپ‌ها از ژنوتیپ ایده‌آل برآورد می‌شود. محاسبه چنین شاخص چند صفتی اثرات ژنتیکی را با مدل‌های ترکیبی پیش‌بینی می‌کند و محاسبه مقادیر ژنتیکی با استفاده از REML/BLUP (Resende, 2016) استراتژی مناسبی برای انتخاب ژنوتیپ‌ها است (Rocha *et al.*, 2018). Zali *et al.* (2023a) از شاخص FAI-BLUP به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌های برتر جو استفاده نمودند و در نهایت با استفاده از این شاخص یک ژنوتیپ زودرس را به‌عنوان ژنوتیپ برتر معرفی نمودند.

هدف از این تحقیق ارزیابی شاخص‌های مختلف انتخاب چندصفتی و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر جو بر اساس صفات مختلف مورفو-فنولوژیک بود.

مواد و روش‌ها

نحوه اجرای آزمایش

به‌منظور ارزیابی هفده لاین امیدبخش جو به‌همراه چهار ژنوتیپ شاهد (اکسین، گلچین، نوروز و WB-98-10)، یک آزمایش دوساله (۱۴۰۲-۱۴۰۰) در قالب طرح بلوک-های کامل تصادفی و در سه تکرار در ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی داراب انجام شد.

ژنوتیپ‌های مورد بررسی در پانزدهم آذر ماه در شش خط به‌طول شش متر به‌فاصله ۱۵ سانتی‌متر از یک‌دیگر کشت و به‌صورت تیپ آبیاری شدند. میزان بذر مصرفی با در نظر گرفتن وزن هزاردانه و بر مبنای ۳۰۰ دانه در متر مربع تعیین گردید. صفات مورد بررسی شامل عملکرد دانه، تعداد سنبله در متر مربع، تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، وزن هزار دانه، تراکم سنبله، طول دوره پر شدن دانه، طول ریشک، طول سنبله، ارتفاع بوته، تعداد روز تا ظهور سنبله و تعداد روز تا رسیدگی بود.

آمار هواشناسی منطقه اجرای آزمایش طی سال‌های زراعی ۱۴۰۰-۱۴۰۲ در شکل ۱ و شجره لاین‌های انتخابی در جدول ۱ نشان داده شده است.

شاخص‌های انتخاب مبتنی بر چند صفت

برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر جو و رتبه‌بندی آنها از شاخص‌های MGIDI (Olivoto and Nardino, 2020) و FAI-BLUP (Rocha *et al.*, 2018) استفاده شد.

شاخص MGIDI

مراحل محاسبه آن به‌صورت زیر بود:

۱- تغییر مقیاس صفات (شاخص‌ها): 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 (rX_{ij}) به صورت رابطه ۱ محاسبه گردید:

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

φ_{oj} و η_{oj} به‌ترتیب مقادیر اصلی حداقل و حداکثر برای صفت j هستند. φ_{nj} و η_{nj} به‌ترتیب مقادیر جدید حداقل و حداکثر برای صفت j پس از تغییر مقیاس هستند و θ_{ij}مقدار اصلی برای صفت jام از ژنوتیپ iام است. برای تغییر مقیاس، مقادیر η_{nj} و φ_{nj} به‌صورت زیر محاسبه شدند: برای صفاتی که در آن‌ها مقدار بالا مورد نظر است، φ_{nj} برابر با صفر و η_{nj}برابر با ۱۰۰ در نظر گرفته شد، در حالی‌که 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 (rX_{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:

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

که در آن F یک ماتریس g × f با مقادیر عامل‌ها است، Z یک ماتریس g × p با میانگین استاندارد شده (تغییر مقیاس یافته) است، A یک ماتریس p × f از

بارگذاری متعارف است و R یک ماتریس همبستگی p × p بین صفات است. علاوه بر این g، f و p به‌ترتیب 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 همه صفات مورد بررسی است. بنابراین، ایدئوتیپ را می‌توان با یک بردار I [1×p] تعریف کرد به طوری‌که I برابر ۱۰۰، ۱۰۰، ...، ۱۰۰ باشد. نمراتI نیز بر اساس رابطه (۲) تخمین زده 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:

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

γ_{ij} امتیاز i امین ژنوتیپ در فاکتور j ام است ($i = 1,2,\ldots,t; j = 1,2,\ldots,f$) که t و f به‌ترتیب تعداد ژنوتیپ ها و عامل‌ها است، γ_j نمره jام ایدئوتیپ است. ژنوتیپ‌هایی با کمترین مقدار MGIDI به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر هستند. دیفرانسیل انتخاب برای همه صفات/شاخص‌ها با در نظر گرفتن شدت انتخاب ۱۵ درصد انجام شد (Olivoto and Nardino, 2020).

شاخص FAI-BLUP

شاخص FAI-BLUP یک شاخص چندصفتی مبتنی بر تحلیل عاملی است و بر اساس فاصله هر کدام از ژنوتیپ-ها از ژنوتیپ ایده‌آل (ایدئوتیپ) برآورد گردید. پس از تعیین ایدئوتیپ، فواصل هر ژنوتیپ بر اساس ایدئوتیپ (فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ) برآورد و به احتمال خاصی[1] تبدیل شده و رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها را امکان‌پذیر می‌کند. از رابطه ۴ استفاده شد:

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

که در آن P_{ij} احتمال مشابه بودن ژنوتیپiام (i=1, 2,..., n) با ایدئوتیپ jام (j=1, 2,..., m)؛ d_{ij} فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ از ژنوتیپ iام تا ایدئوتیپ jام بر اساس میانگین استاندارد فاصله اقلیدسی است (Rocha *et al.*, 2018).

نرم افزارهای مورد استفاده

به‌منظور انجام تجزیه واریانس از نرم‌افزار SAS (Version 9.0) استفاده شد. برای برآورد شاخص‌های MGIDI وFAI-BLUP از بسته تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی metan (Olivoto and Lúcio, 2020) و برای تجزیه به مولفه‌های اصلی و تجزیه همبستگی از بسته Factoextra (Kassambara and Mundt, 2020) در نرم‌افزار R (Version 4.2.2) استفاده شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس مرکب (جدول ۲) نشان داد اثر سال برای تمام صفات مورد بررسی در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار است (به‌جزء صفت طول خوشه) که این نتایج تفاوت معنی‌دار بین سال‌های اجرای آزمایشات را نشان می‌دهد. همچنین نتایج نشان داد که بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی تفاوت معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد برای همه صفات مورد بررسی (به‌جزء طول ریشک و طول خوشه) وجود دارد که این مطلب تنوع بین ژنوتیپ‌ها را نشان می‌دهد و از طرفی شاید بتوان ژنوتیپ‌هایی با خصوصیات زراعی مطلوب را در صورت وجود شناسایی و انتخاب نمود.

در شکل ۲، نتایج نقشه حراراتی صفات مختلف مورد بررسی در آزمایش دوساله (۱۴۰۲-۱۴۰۰) نشان داده شده است. در تمام صفات مورد بررسی (به‌جزء تراکم خوشه) تفاوت میان نتایج سال اول و دوم اجرای آزمایش دو ساله کاملا مشهود بود. در واقع نتایج نشان‌دهنده بالا بودن مقدار همه صفات در سال دوم اجرای آزمایش نسبت به سال اول بود. نتایج داده‌های هواشناسی در شکل ۱ نشان داد که متوسط درجه دمای حداقل، حداکثر و میانگین در سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۱ از متوسط درجه حرارت در سال

1- spatial probability

زراعی ۱۴۰۱–۱۴۰۰ پایین‌تر است. در ضمن در سال زراعی ۱۴۰۲–۱۴۰۱، هم توزیع بارندگی مناسب‌تر است هم میزان بارندگی بیشتر می‌باشد. از طرفی در این سال در فروردین و اردیبهشت بارندگی ثبت شده است. بنابراین شاید همین عامل اقلیمی باعث شده است که در مجموع مقدار صفات در سال زراعی ۱۴۰۲–۱۴۰۱ از مقدار صفات در سال زراعی ۱۴۰۱–۱۴۰۰ بالاتر باشد. به‌عنوان مثال خنک بودن انتهای فصل مانع از بادزدگی جو شده و باعث افزایش وزن هزار دانه، که یکی از اجزای مهم عملکرد دانه است، شده است. در مجموع نتایج نقشه حراراتی با نتایج تجزیه واریانس مرکب تطابق دارد.

در جدول ۳ نتایج مقایسه میانگین صفات مختلف مورد بررسی نشان داده شده است. نتایج مقادیر حداکثر و حداقل صفات نشان داد تنوع قابل ملاحظه‌ای بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی وجود دارد. به‌عنوان نمونه از نظر زودرسی ژنوتیپ-های G13 و G21 (نوروز) با ۱۲۷ و ۱۳۶ روز، به‌ترتیب جزء زودرس‌ترین و دیررس‌ترین ژنوتیپ‌های این تحقیق بودند. همچنین ژنوتیپ‌های G6 و G7 با عملکرد دانه ۳۸۲۱ و ۵۳۲۹ کیلوگرم در هکتار به‌ترتیب جزء ضعیف-ترین و پرمحصول‌ترین ژنوتیپ‌ها در شرایط این تحقیق در سال‌های زراعی ۱۴۰۲–۱۴۰۰ بودند.

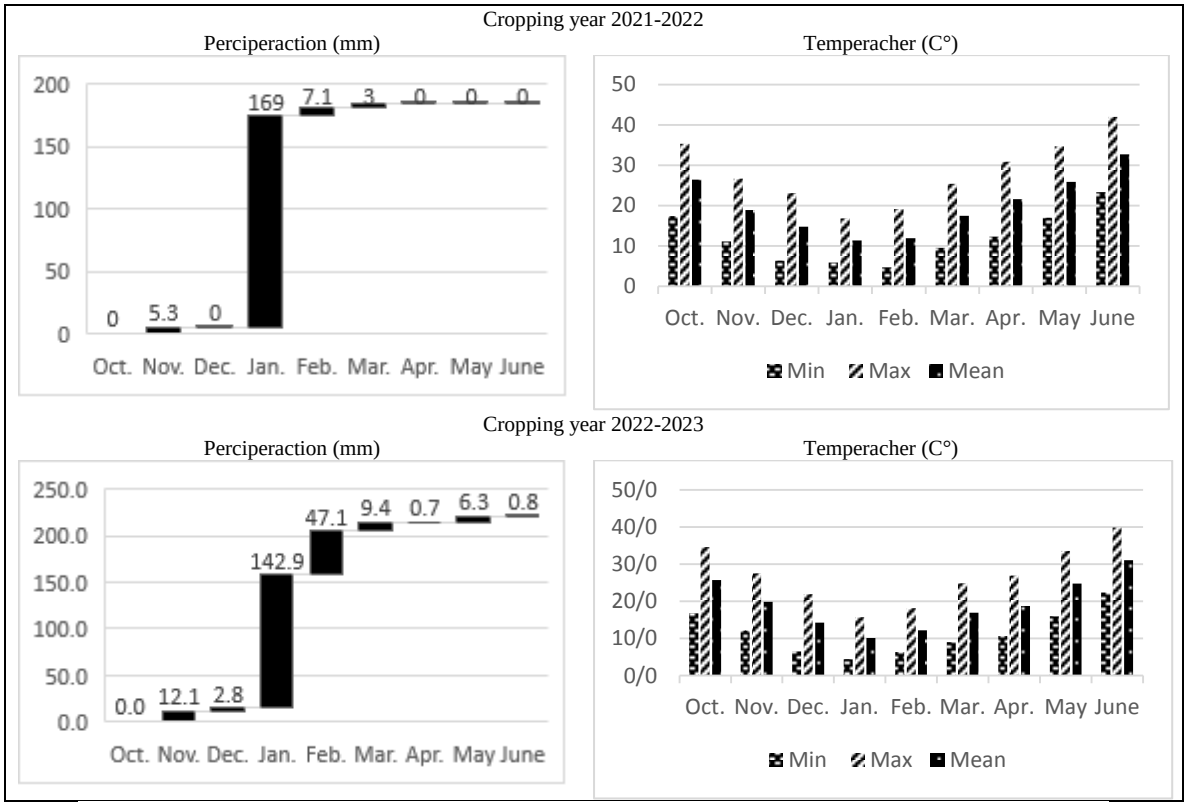


Figure 1. Monthly meteorological data in 2021–2023 cropping seasons in the Darab region.

Table 1. Pedigree of investigated barley genotypes in the present study

Genotypes	Pedigree
G1	Rojo/Sahra (**Auxin**)
G2	P.sto/3/Lbiran/Una80//Lignee640/4/Bllu/5/Petunia1(**Golchin**)
G3	Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/4/ Briges
G4	Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/4/Rihane-03
G5	Zarjau/80-5151//OK84817ICBH94-0402-0AP-0AP-17AP-0AP-12AP-11AP-0AP-0TR-0TR-0AREC
G6	Zarjau/80-5151//OK84817ICBH94-0402-0AP-0AP-17AP-0AP-12AP-16AP-0AP-0TR-0TR-0AREC
G7	Lignee 527/NK1272//JLB 70-63/3/Rhn-03//Lignee527/As45
G8	KAROON/KAVIR//Rhodes'S'//Tb/Chzo/3/Gloria'S' /4/Sahra/5/Yousef
G9	Anoidium/Arbayan-01/3/Lignee527/NK1272//JLB70-63/4/ Beecher
G10	Anoidium/Arbayan-01/3/Lignee527/NK1272//JLB70-63/4/Bgs/Dujia//L.1242
G11	Bgs/Dajia//L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/3/Alm/Una80//....)/4/Nosrat/5/Rhn-03//L.527/NK1272
G12	CIRU/TOCTE
G13	Courlis/Rhn-03//Jonoob
G14	Zahak/4/Bgs/Dajia//L.1242/3/(L.B.IRAN/Una8271//Gloria'S'/3/Alm/Una80//....)/4/Rojo…
G15	Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/4/Gloria'S'/Copal'S'//As46/Aths/3/Rhn-03
G16	Rojo/3/LB.IRAN/Una8271//Gloria"S"/Com"S"/4/Anoidium/Arbayan-01/3/Lignee527/…
G17	Merzaga(Orge077)/Alanda-01
G18	PENCO/CHEVRON-BAR/6/P.STO/3/LBIRAN/UNA80//LIGNEE640/4/BLLU/5/PETUNIA 1
G19	(Salt-4)LB.Iran/Una 8271//Gloria"S"/Come"s"-11M/3/Kavir/4/Karoon
G20	Yousef/3/Rhn-03//L.527/NK1272 (WB-98-10)
G21	GOB/Aleli//Canela/3/Arupo*2/Jet/4/Arupo/K8755//Mora (Norooz)

Table 2. Combined variance analysis for measured morpho-phonological traits in the studied barley genotypes

S.O.V	df	Mean square (MS)										
		DHE	DMA	PLH	GFP	TKW	GY	SL	AL	SPW	NGS	NS
Year	1	6414^{**}	14529^{**}	18408^{**}	1636^{**}	161.4^{**}	133148616^{**}	2.87^{ns}	1643^{**}	8.83^{**}	3415^{**}	47795^{**}
Error 1	4	15.09	8.71	74.2	11.3	9.73	184722	1.08	5.7	0.185	41.7	3264
Genotype	20	28.83^{**}	15.09^{**}	510.4^{**}	13.97^{**}	89.9^{**}	1048959^{**}	4.66^{**}	6.31^{**}	0.274^{**}	120^{**}	23260^{**}
Genotype × year	20	4.48^{ns}	2.38^{ns}	80.06^{ns}	6.94^{ns}	4.25^{ns}	95309^{**}	0.88^{ns}	2.65^{ns}	0.132^{**}	42.5^{**}	81817^{**}
Error 2	80	3.32	2.78	55.4	4.63	2.82	242866	1.08	1.56	0.057	19.33	1911
CV (%)		1.93	1.27	8.23	5.89	3.66	10.84	18.06	8.3	16.87	14.95	13.31

DHE: Days to spike emergence; DMA: Days to Maturity; PLH: Plant height (cm); GFP: Grain filling period (day); GY: Grain yield (kg ha^{-1}); TKW: 1000-kernel weight (g); SL: Spike length (cm); AL: Awning length (cm); SPW: Spike weight (g); NGS: Number of grains per spike; NS: Number of spikes per m^2.

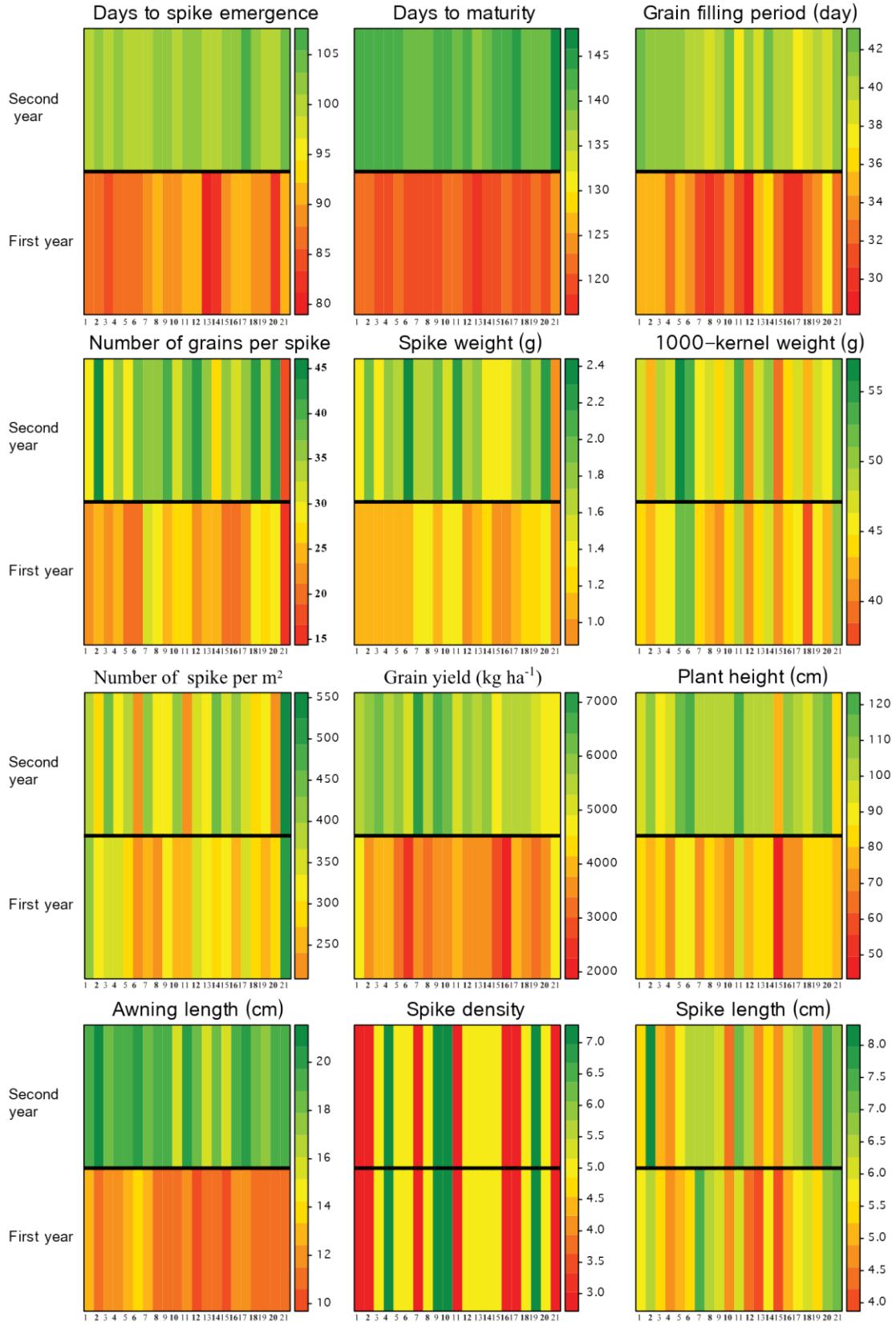


Figure 2. Heat maps related to the phenotypic variation of morpho-phonological traits in investigated barley genotypes.

Table 3. Mean values of measured traits for investigated barley genotypes

Genotypes code	Morpho-phonological traits											
	DHE (day)	DMA (day)	PLH (cm)	GFP (day)	TKW (g)	GY (kg h^{-1})	SL (cm)	SD	AL (cm)	SPW (g)	NGS	NS
G1	94	132	90	38.3	45.4	5086	5.5	3	15.8	1.25	25.5	406
G2	94	132	92	37.8	42.2	4607	7.2	3	15.8	1.53	34.6	318
G3	93	131	85	38	47.4	5024	5.2	5	15.5	1.27	25.3	390
G4	95	131	82	36.8	46.2	4712	4.8	7	15.5	1.46	30.5	334
G5	93	132	104	38.5	54.1	4523	5.3	5	16	1.43	25.4	327
G6	94	130	105	36.5	52.6	3821	5.8	5	16.8	1.72	29	224
G7	95	130	86	35.7	44.8	5329	6.8	3	15.5	1.56	32.9	337
G8	96	130	91	34.3	45	4257	6.3	5	15.2	1.56	32.2	277
G9	96	131	92	35.3	42.5	4960	6	7	15.2	1.56	32.7	316
G10	94	132	86	38	45.5	4802	4.6	7	13.2	1.42	29.7	336
G11	97	131	107	34.5	50.8	4409	6.6	3	15.8	1.79	32	249
G12	97	132	89	35	40.9	4857	5.4	5	14	1.36	32.2	358
G13	90	127	93	36.8	45.8	4588	4.4	5	13.7	1.45	29.8	322
G14	91	130	93	39.2	49	4670	5.6	5	14.7	1.31	25.3	365
G15	95	132	65	36.3	40	3844	4.4	5	12.7	1.14	27.4	337
G16	97	132	88	35	44	3847	5.6	3	15.8	1.17	25.9	328
G17	98	132	86	33.8	45.8	4703	6	3	16	1.36	28.8	348
G18	95	131	90	35.5	40.1	4400	6.5	5	14.7	1.54	36.1	290
G19	94	131	98	36.5	46.6	4100	5	7	14.5	1.47	29.4	279
G20	91	129	98	37.8	43.9	4211	7	5	15.3	1.8	35.9	244
G21	99	136	81	37.2	50.5	4662	6.8	3	14.8	0.92	16.9	512
Mean	95	131	91	36.5	45.9	4543	5.8	5	15.1	1	29.4	328
Min	90	127	65	33.8	40	3821	4.4	3	12.7	0.92	16.9	224
Max	99	136	107	39.2	54.1	5329	7.2	7	16.8	1.8	36.1	512
$LSD_{0.05}$	2.1	1.9	8.6	2.5	1.9	566	1.2	-	1.4	0.28	5.1	50.2

DHE: Days to spike emergence; DMA: Days to Maturity; PLH: Plant height (cm); GFP: Grain filling period (day); GY: Grain yield (kg ha^{-1}); TKW: 1000-kernel weight (g); SL: Spike length (cm); SD: Spike density; AL: Awning length (cm); SPW: Spike weight (g); NGS: Number of grains per spike; NS: Number of spikes per m^2.

به‌منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر برمبنای صفات مورد بررسی، از شاخص MGIDI استفاده شد (جدول ۴ و شکل ۳A). در شکل ۳A، ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده با استفاده از این شاخص با رنگ قرمز نشان داده شده‌اند و خارج از دایره قرمز مرکزی هستند. دایره قرمز مرکزی نقطه برش را با توجه به‌شدت انتخاب (۲۰ درصد) نشان می‌دهد.

در واقع در این تحقیق، ارزش ژنوتیپ‌ها بر اساس بالا بودن مقدار صفات عملکرد دانه، تعداد سنبله در متر مربع، تعداد دانه در سنبله، وزن سنبله، وزن هزار دانه، تراکم سنبله، طول دوره پر شدن دانه، طول ریشک و طول سنبله و از طرفی پایین بودن ارتفاع بوته، تعداد روز تا ظهور سنبله و تعداد روز تا رسیدگی تعیین شد (جدول ۳). در این شاخص، ژنوتیپ‌هایی با کمترین مقدار، ایده آل‌ترین ژنوتیپ‌ها هستند؛ بنابراین، ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده با استفاده از شاخص MGIDI عبارت از ژنوتیپ‌های G1 (اکسین)، G7، G3 و G14 بودند (شکل ۳A). Shirzad *et al.* (2022) از شاخص MGIDI برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر جو با استفاده از ۱۳ صفت مورفو-فنولوژیک استفاده نمودند و چون هیچ‌کدام از عامل‌ها، نتوانستند ژنوتیپ‌های برتر را بر اساس مقدار ایده‌آل همه صفات درونی خود دسته‌بندی نمایند؛ بنابراین نهایتاً ژنوتیپ‌هایی انتخاب نمودند که کمترین مقدار MGIDI را داشته و علاوه بر آن،

عملکرد دانه آن‌ها از متوسط عملکرد دانه ژنوتیپ‌های انتخاب‌نشده بالاتر باشد. کاربرد شاخص MGIDI در سایر گیاهان از جمله جو (Zali *et al.*, 2023a; Pour-Aboughadareha *et al.*, 2023b) و گندم وحشی (Pour-Aboughadareha and Poczaib, 2021) گزارش شده است.

شکل ۳B نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخابی 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 صفت برای عامل‌هایی که سهم کمتری در آن‌ها دارد از لحاظ صفات درون آن عامل به تیمار ایده‌آل نزدیک‌تر است. به‌عنوان مثال نتایج نشان داد که مقدار پایین تعداد روز تا رسیدگی و مقدار بالای وزن خوشه و تعداد دانه در خوشه در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عامل اول (FA1) موثر بوده است. بنابراین ژنوتیپG7 (نزدیک به لبه خارجی) برترین ژنوتیپ و ژنوتیپ G1 (نزدیک به لبه داخلی) یکی از ژنوتیپ‌های ضعیف از نظر عامل اول بودند. بنابراین، عامل اول تا حدودی توانسته ژنوتیپ‌هایی که هر مقدار سه صفت در آن به ایده‌آل نزدیک باشد را شناسایی کند. در واقع ژنوتیپ G7 با عملکرد دانه ۵۳۲۹ کیلوگرم در هکتار، وزن خوشه ۱/۵۶ گرم، تعداد ۳۳۷ خوشه در متر مربع، ۳۳ دانه در هر خوشه، وزن هزار دانه ۴۴/۸ گرم و ۱۳۰ روز طول دوره رسیدگی، یکی از ژنوتیپ‌های برتر در شرایط این آزمایش بود (جدول ۳).

در ضمن نتایج نشان داد عامل سوم (FA3) شامل صفات ارتفاع بوته و وزن هزار دانه بیشترین نقش را در انتخاب ژنوتیپ‌ها داشته و از طرفی عامل چهارم (FA4) شامل صفات عملکرد دانه، طول ریشک، طول خوشه و تراکم خوشه کمترین نقش را در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از شاخص MGIDI داشته است (شکل ۳B). 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 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 با استفاده از این شاخص آسان‌تر می‌شود.

Benakanahalli *et al.* (2021) بیان نمودند شاخص MGIDI به‌دلیل جدید بودن و سهولت در تفسیر داده‌ها با حداقل مسائل چندخطی، به‌عنوان ابزار جدیدی برای فرآیند انتخاب ژنوتیپ مورد نظر به‌طور 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 چالش‌برانگیز برای اصلاح‌کنندگان بوده است. MGIDI برای اصلاح کنندگانی که هدفشان انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات چندگانه است مفید می‌باشد؛ زیرا فرآیند انتخاب منحصربه‌فرد و قابل تفسیری را ارائه می‌دهد که ساختار همبستگی زیربنایی داده‌ها را در بر می‌گیرد و نیازی به ضریب وزنی دلخواه ندارد (Olivoto and Nardino, 2020).

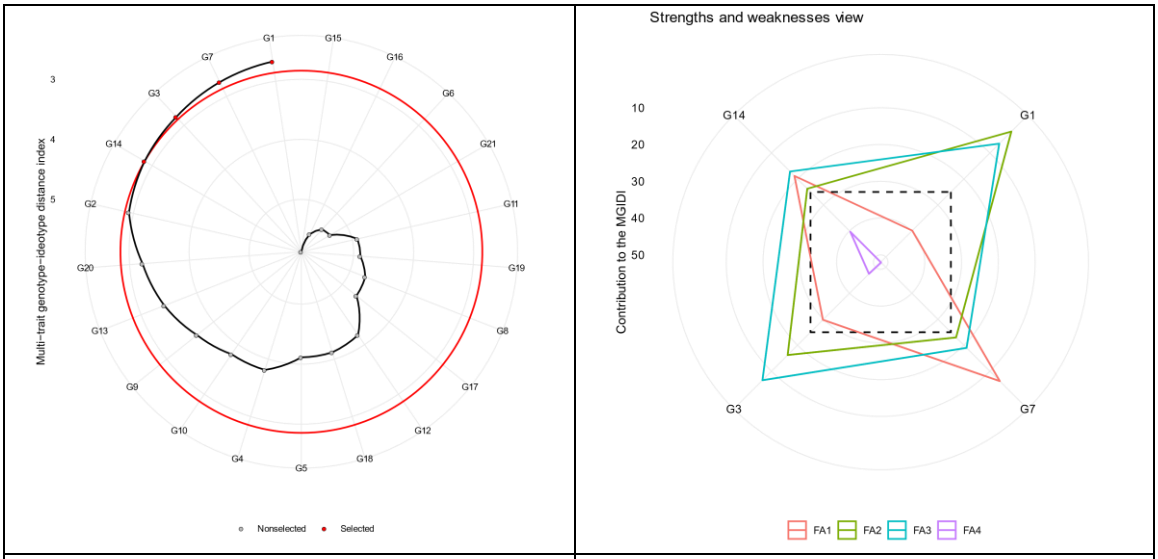


Figure 3. (A) Ranking of barley genotypes based on the MGIDI index. Selected genotypes are highlighted in red. (B) The strengths and weaknesses of genotypes are presented as the proportion of each factor on the computed MGIDI of all genotypes. The smaller the proportion explained by a factor (closer to the external edge), the closer the traits within that factor to the ideotype. FA1: DMA (days to maturity), SPW (spike weight) and NGS (number of grains per spike); FA2: DHE (Days to spike emergence) and GFP (grain filling period); FA3: PLH (plant height) and TKW (1000-kernel weight); and FA4: GY (grain yield), SL (spike length), SD (spike density) and AL (Awning length).

FAI-BLUP یک شاخص چند صفتی است که در این بررسی از حالت مدل مختلط به‌عنوان داده ورودی استفاده شده است. در این شاخص، ارزش ژنوتیپ‌ها براساس پیش فرض شاخص MGIDI انجام شد. بر اساس این شاخص ژنوتیپ‌هایی با بیشترین مقدار جزء ژنوتیپ‌های برتر می‌باشند (جدول ۴). دایره قرمز در شکل ۴ نشان دهنده نقطه برش FAI-BLUP با توجه به شدت انتخاب (۲۰ درصد) می‌باشد. بنابراین، ژنوتیپ‌های G20، G8، G2 (گلچین) و G1 (اکسین) به‌ترتیب با بیشترین مقدار FAI-BLUP به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند. کارایی شاخص FAI-BLUP در انتخاب ژنوتیپ‌های سویا توسط Volpato *et al.* (2021) گزارش شده است. آن‌ها بیان کردند شاخص FAI-BLUP یک ابزار مناسب برای انتخاب همزمان صفات مهم برای اصلاح سویا است. در تحقیق دیگری از شاخص FAI-BLUP برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر جو استفاده شد و براساس این شاخص یک ژنوتیپ پرمحصول و زودرس را شناسایی و معرفی نمودند (Zali *et al.*, 2023a).

نتایج همبستگی بین صفات و شاخص‌های مورد بررسی در شکل ۵ نشان داده شده است. نتایج نشان داد عملکرد دانه تنها با صفت NS (۰/۵۱*) همبستگی معنی‌داری دارد. شاخص MGIDI با DHE همبستگی مثبت و معنی‌داری (۰/۵۸**) نشان داد، در حالی‌که همبستگی منفی و معنی-داری با GFP (۰/۵۱-*) و GY (۰/۷۴-**) داشت. شاخص FAI-BLUP همبستگی مثبت و معنی‌داری با صفات SL (۰/۵۰*) و SPW (۰/۴۵*) و همبستگی منفی و معنی‌داری با DHE (۰/۴۷*) نشان داد. نتایج نشان داد همبستگی منفی و معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد بین شاخص‌های MGIDI و FAI-BLUP مشاهده شد (شکل ۵). نتایج نمودار ون‌پلات (شکل ۶)،که میزان ارتباط بین شاخص‌ها را نشان می‌دهد، نیز تأییدکننده این مطلب می‌باشد. در این نمودار ژنوتیپ‌های G1 و G7 جزء ژنوتیپ‌هایی انتخابی مشترک بین شاخص‌های MGIDI و FAI-BLUP بودند.

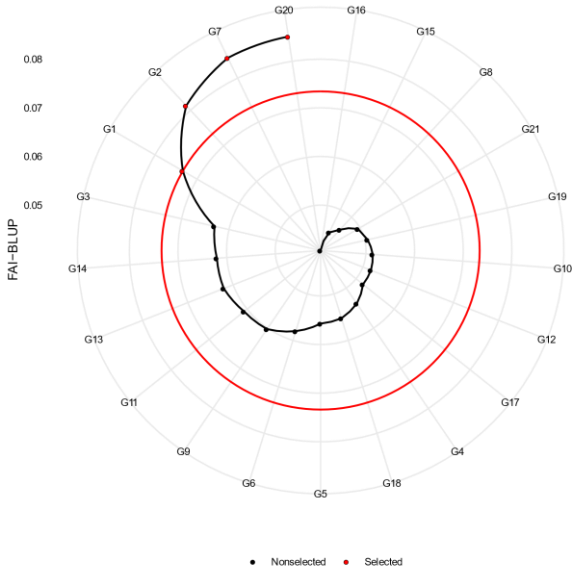


Figure 4. Ranking of barley genotype based on the FAI-BLUP model. Selected genotypes are highlighted in red.

Table 4. The results of selection indexes and its rank in the cropping years 2022-2023

Genotypes name	Genotypes code	Selection indexes			
		MGIDI	Rank	FAI	Rank
Auxin	G1	2.63	1	0.073	4
Golchin	G2	2.83	5	0.081	3
WB-00-3	G3	2.72	3	0.063	5
WB-00-4	G4	3.79	9	0.054	13
WB-00-5	G5	4.16	13	0.056	11
WB-00-6	G6	5.29	19	0.058	10
WB-00-7	G7	2.69	2	0.085	2
WB-00-8	G8	4.64	14	0.047	19
WB-00-9	G9	3.64	8	0.060	9
WB-00-10	G10	3.80	10	0.051	16
WB-00-11	G11	4.80	16	0.061	8
WB-00-12	G12	4.11	12	0.052	14
WB-00-13	G13	3.26	7	0.062	7
WB-00-14	G14	2.80	4	0.062	6
WB-00-15	G15	5.72	21	0.045	20
WB-00-16	G16	5.48	20	0.041	21
WB-00-17	G17	4.65	15	0.052	15
WB-00-18	G18	4.01	11	0.055	12
WB-00-19	G19	4.88	17	0.051	17
WB-98-10	G20	3.11	6	0.085	1
Norooze	G21	5.19	18	0.050	18

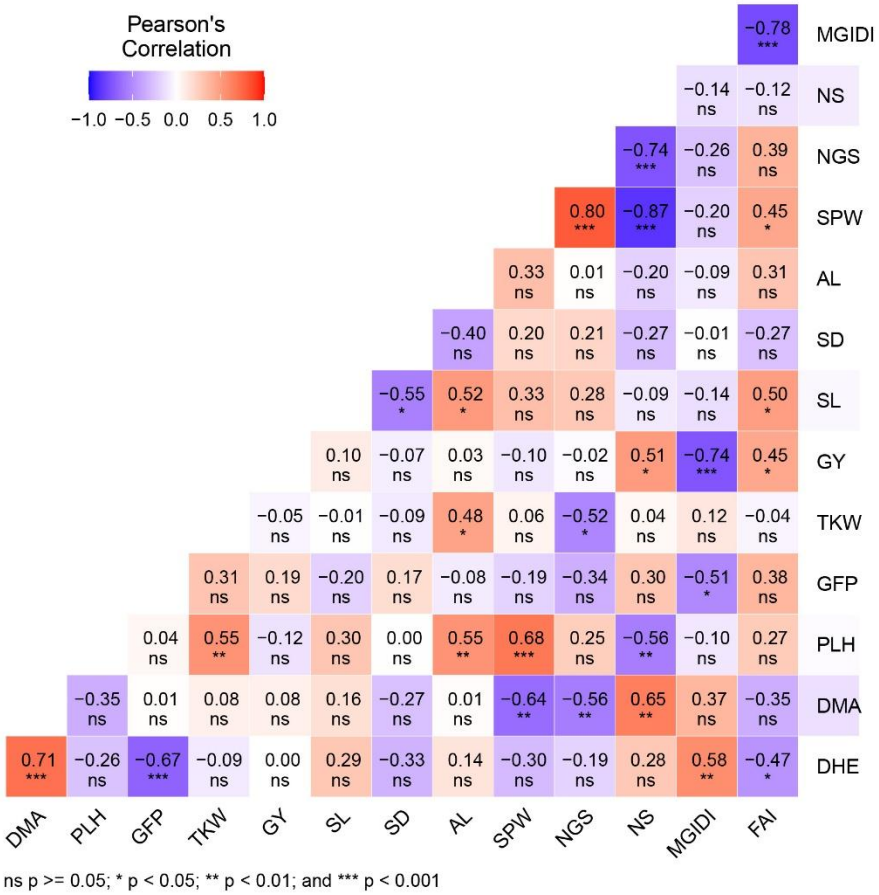


Figure 5. Correlation of morpho-phonological traits and selection indices in investigated barley genotypes. DHE: Days to spike emergence; DMA: Days to Maturity; PLH: Plant height (cm); GFP: Grain filling period (day); GY: Grain yield (kg ha^{-1}); TKW: 1000-kernel weight (g); SL: Spike length (cm); SD: Spike density; AL: Awning length (cm); SPW: Spike weight (g); NGS: Number of grains per spike; NS: Number of spikes per m^2.

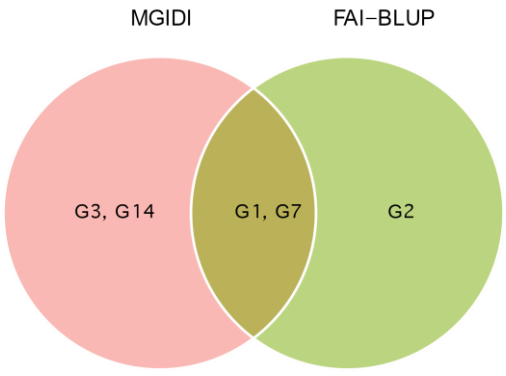


Figure 6. Venn plot indicating the relationships among the MGIDI and FAI models.

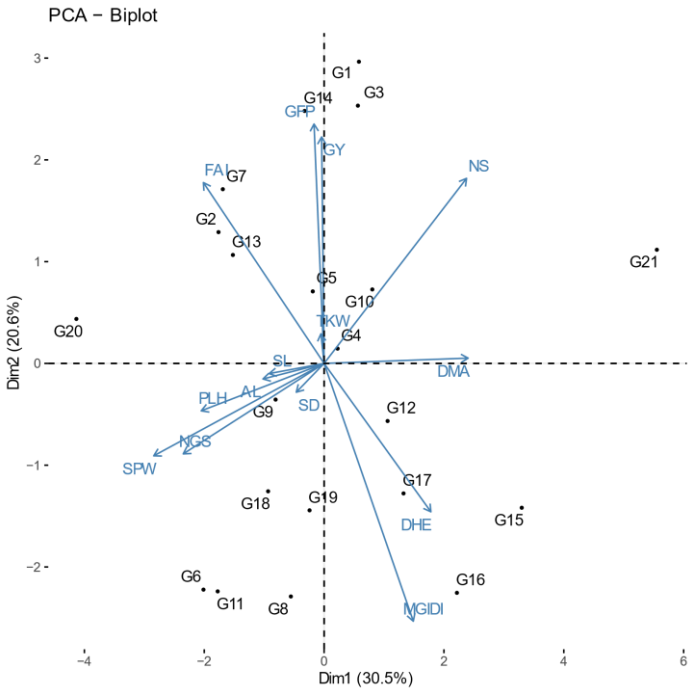


Figure 8. Biplot of principal components analysis for different investigated traits. DMA: Days to Maturity; SPW: Spike weight; NGS: Number of grains per spike; DHE: Days to spike emergence; GFP: Grain filling period (day); PLH: Plant height (cm); TKW: 1000-kernel weight (g); GY: Grain yield (kg ha^{-1}); SL: Spike length; SD: Spike density; AL: Awning length.

به‌منظور ارزیابی بهتر و گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد بررسی، از تجزیه به مولفه‌های اصلی استفاده شد. نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی نشان داد که دو مولفه‌های اصلی اول و دوم به‌ترتیب ۳۰/۵ و ۲۰/۶ درصد و در مجموع ۵۱/۱ درصد تغییرات را توجیه نمودند (شکل ۷). درصد پایین توجیه تغییرات توسط دو مولفه اول، به‌دلیل همبستگی پایین بین صفات در شرایط این تحقیق می‌باشد. نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های انتخابی براساس هر دو شاخص MGIDI و FAI-BLUP در ناحیه ۱ و ۲ نمودار PCA قرار دارند. در مجموع نتایج نشان داد که یک انطباق نسبی بین شاخص‌های مورد بررسی و تجزیه به مولفه‌های اصلی وجود دارد. در واقع انطباق بالایی بین شاخص‌های MGIDI با اولین مؤلفه اصلی اول وجود داشت و از طرفی دومین مؤلفه اصلی با شاخص FAI-BLUP انطباق بالایی نشان داد. احتمالا با توجه به این‌که بای‌پلات تجزیه به مؤلفه‌های اصلی تنها حدود ۵۱/۱ درصد تغییرات را توجیه نموده است؛ بنابراین عدم انطباق کامل منطقی به‌نظر می‌رسد.

نتیجه‌گیری

در مجموع نتایج نشان داد که براساس هر دو شاخص MGIDI و FAI-BLUP ژنوتیپ‌های G15 و G16 جزء ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها هستند. در بین ژنوتیپ‌های برتر، براساس شاخص‌های MGIDI و FAI-BLUP، ژنوتیپ‌های G1 (اکسین)، G2 (گلچین) و G20 (WB-98-10) جزء ژنوتیپ‌های شاهد بودند. از طرفی ژنوتیپ‌های G3، G7، و G14 جزء ژنوتیپ‌های انتخابی بر اساس شاخص‌های مورد بررسی بودند. در بین ژنوتیپ‌های انتخابی، ژنوتیپ G7 با بیشترین عملکرد دانه نسبت به همه ژنوتیپ‌های شاهد و برتر از نظر شاخص‌های MGIDI و FAI-BLUP جهت ارزیابی‌های دقیق‌تر قبل از معرفی به‌عنوان یک ژنوتیپ جدید برای مناطق جنوبی استان فارس معرفی می‌شود.

سپاس گزاری

این مقاله برگرفته از پروژه ملی موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر به شماره مصوب ۱۶۱-۰۰۱۲۴۰-۰۳۱۳-۰۳-۰۳-۰۴ می‌باشد. از 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 نموده‌اند کمال تشکر و قدردانی را داریم.

References

Bengtsson, B. O. (1992). Barley genetics-not only here for the beer. *Trends in Genetics*, 8(1), 3–5.

Benakanahalli, N. K., Sridhara, S., Ramesh, N., Olivoto, T., Sreekantappa, G., Tamam, N., Abdelbacki, A. M. M., Elansary, H. O. & Abdelmohsen, S. A. M. (2021). A framework for identification of stable genotypes based on MTSI and MGDII Indexes: an example in guar (*Cymopsis tetragonoloba* L.). *Agronomy*, 11, 1221.

Bhering, L. L., Laviola, B. G., Salgado, C. C., Sanchez, C. F. B., Rosado, T. T. & Alves, A. A. (2012). Genetic gains in physic nut using selection indexes. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47, 402–408.

Bizari, E. H., Pedroso Val, B. H., Pereira, E. M., Di Mauro, A. O. & Uneda-Trevisoli, S. (2017). Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. *Revista Ciencia Agronomy*, 48, 110-117.

Cerón-Rojas, J. J., Crossa, J., Sahagún-Castellanos, J., Castillo-González, F., & Santacruz-Varela, A. (2006). A selection index method based on eigen analysis. *Crop Science*, 46, 1711-1721.

Hazel, L. N. (1943). The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28, 476-490.

Hazel, L. H., Dickerson, G. E. & Freeman, A. E. (1994). The Selection index-then, now, and for the future. *Journal of Dairy Science*, 77(10), 3236-3251.

Kassambara, A. & Mundt, F. (2020). Factoextra: Extract and visualize the results of multivariate data analyses. R package version 1.0.7. https://CRAN.R-project.org/package=factoextra.

Olivoto, T. & Lúcio, A.D. (2020). Metan: an R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution*, 11(6), 783-789.

Olivoto, T. & Nardino, M. (2020). MGIDI: A novel multi-trait index for genotype selection in plant breeding. *Bioinformatics*, 1-22.

Pour-Aboughadareha, A. & Poczaib, P. (2021a). Dataset on the use of MGIDI index in screening drought-tolerant wild wheat accessions at the early growth stage. *Data in Brief*, 36, 107596.

Pour-Aboughadareh, A., Barati, A., Koohkan, S. A., Jabari, M., Marzoghian, A., Gholipoor, A., Shahbazi-Homonloom, K., Zali, H., Poodineh, O. & Kheirgo, M. (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), 4-12.

Pour-Aboughadareh, A., Barati, A., Gholipoor, A. Zali, H., Marzoghian, A., Koohkan, S. A. Shahbazi-Homonloo, K. & Houseinpour, A. (2023a). Deciphering genotype-by-environment interaction in barley genotypes using different adaptability and stability methods. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 26, 547-562.

Pour-Aboughadareh, A., Koohkan, S., Zali, H., Marzooghian, A., Gholipour, A., Kheirgo, M., Barati, A., Bocianowski, J. & Askari-Kelestani, A. (2023b). Identification of high-yielding genotypes of barley in the warm regions of Iran. *Plants*. 12(22): 1-13.

Pureisa, M., Nabipour , M. & Meskarbashee, M. (2015). Investigating of grain growth and contribution of stem reserves in grain yield of barley (*Hordeum vulgare* L.) cultivars under terminal drought conditions. *Plant Productions*, 38(1), 41-53. [In Persian]

Resende, M.D.V. (2016). Software Selegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16, 330-339.

Rocha J.R.dA.S.dC., Machado, J.C. & Carneiro, P.C.S. (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.

Shayan. S., Vahed, M. M., Mohammadi, S. A., Ghassemi-Golezani, K., Sadeghpour, F., & Yousefi, A. (2020). Genetic diversity and grouping of winter barley genotypes for root characteristics and ISSR markers. *Plant Productions*, 43(3), 323-336. [In Persian]

Shirzad, A., Asghari, A., Zali, H., Sofalian, O., & Mohammaddoust Chamanabad, H. (2022a). 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.

Smith, H. F. (1936). A discriminant function for plant selection. *Annals Eugenics*, 7, 240-250.

Stephens, M. J., Alspach, P. A., Beatson, R. A., Winefield, C., & Buck, E. J. (2012). Genetic parameters and development of a selection index for breeding red raspberries for processing. *Journal of the American Society of Horticultural Science*, 137, 236-242.

Volpato, L., Rocha, J. R. D. A. S. D. C., Alves, R. S., Ludke, W. H., Borém, A. & Silva, F. L. D. (2021). Inference of population effect and progeny selection via a multi-trait index in soybean breeding. *Acta Scientiarum Agronomy*, 43, 1-10.

Zali, H., Barati, A. & Pour-Aboughadareha, A. (2023a). Screening of barley elite genotypes using different selection indices based on multi-traits. *Crop Production Journal*, 15 (4), 159-182.

Zali, H., Barati, A., Pour-Aboughadareh, A., Gholipour, A., Koohkan, S., Marzoghiyan, A., Bocianowski, J., Bujak, H. & Nowosad, K. (2023b). Identification of superior barley genotypes using selection index of ideal genotype (SIIG). *Plants*, 12(9), 1843.