



Identification of superior bread wheat genotypes using composite indices for cultivation in warm regions

Ali Reza Askari Kalestani^{1*}, Seyed Mahmoud Tabib Ghaffary², Hassan Zali³, Mohsen Esmailzadeh Moghadam⁴

1. 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. Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Safiabad Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Desful, 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
4. Professor, Seed and Plant Improvement Department, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

Citation: Askari Kalestani, A.R., Tabib Ghaffary, S.M., Zali, H., Esmailzadeh Moghadam, M. (2025). Identification of superior bread wheat genotypes using composite indices for cultivation in warm regions. *Plant Productions*, 47(4),491-510.

Abstract

Introduction

Wheat (*Triticum aestivum* L.) is a socioeconomically important crop in Iran. Achieving genetic gain in quantitative traits through selection is essential for successful breeding programs. Identification of high-yielding genotypes with high desirable growth traits is a primary objective in wheat breeding. This study aimed to identify superior bread wheat genotypes based on grain yield and morpho-phenological traits while comparing different selection indices, including the Selection Index of Ideal Genotype (SIIG), Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index (MGIDI), and ideotype design using the Best Linear Unbiased Prediction (FAI-BLUP).

Materials and Methods

The study was conducted during the 2022-2023 cropping season to identify superior bread wheat genotypes for warm and dry conditions in southern Iran (Darab in Fars province and Safiabad-Dezful). The experiment followed an augment design with six incomplete blocks and three control varieties: Sarang, Mehrgan, and Barat. Traits measured included plant height (PLH), days to heading (DHE), days to maturity (DMA), thousand kernel weight (TKW), seed filling rate (SFR), seed filling period (SFP), and grain yield (YLD). Genetic parameters were estimated

* **Corresponding Author:** Ali Reza Askari Kalestani
E-mail: ar.askary@areeo.ac.ir



using the Restricted Maximum Likelihood (REML) method. Statistical analyses were subsequently computed using SAS and R software.

Results and Discussion

The likelihood ratio test (LRT) revealed that genotype effects were significant at the 1% probability level for PLH, DHE, DMA, SFR, SFP, and YLD (excluding TKW). Heritability estimates varied, with the highest heritability observed for PLH (0.879) and the lowest for SFR (0.124). These findings, supported by the heat map of traits, highlighted substantial genetic diversity among the wheat genotypes.

Heritability estimates across traits ranged from 0.124 (SFP) to 0.879 (PLH). For the Darab region, the SIIG index was the most effective, while in Dezful and across both regions, the FAI-BLUP index outperformed the other indices. The FAI-BLUP index demonstrated superior performance in selecting genotypes with multiple desirable traits and exhibited significant correlations with a larger number of traits compared to the other indices. In Darab, the SIIG index identified G5, G36 and G42 as superior genotypes. In Dezful, the FAI-BLUP index identified G26, G30 and G37 as the best genotypes, and for the combined regions, G30, G35 and G36 genotypes were identified as superior genotypes using the FAI-BLUP index.

Conclusion

Overall, the FAI-BLUP index emerged as the most effective selection tool for identifying superior bread wheat genotypes under the conditions of this study. A two-dimensional analysis of selection indices and grain yield highlighted G50, G52, and G60 as promising genotypes for preliminary trials in Darab and Dezful regions.

Keywords: Differential selection, Genetic diversity, Grain yield, REML / BLUP method



شناسایی ژنوتیپ‌های برتر گندم نان با استفاده از شاخص‌های ترکیبی برای کشت در مناطق گرم

علی‌رضا عسکری کلستانی^{۱*}، سید محمود طیب غفاری^۲، حسن زالی^۳، محسن اسماعیل‌زاده مقدم^۴

- 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 بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی صفی آباد، دزفول، ایران
- ۳- 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
- ۴- استاد پژوهشی، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

چکیده

گندم از نظر اقتصادی و اجتماعی یک محصول مهم در ایران است. بهبود بهره ژنتیکی صفات کمی از طریق انتخاب، هسته اصلی هر برنامه اصلاحی موفق است. شناسایی ژنوتیپ‌هایی که عملکرد بالا را در بسیاری از صفات بطور ترکیبی دارند یک کار چالش برانگیز است. بنابراین، هدف از این تحقیق در ابتدا انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بر اساس عملکرد دانه و تعدادی صفات مورفو- فنولوژیک و در نهایت مقایسه شاخص‌های مختلف ترکیبی شامل شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)، شاخص فاصله ژنوتیپ ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI) و شاخص طراحی ایدئوتیپ از طریق پیش بینی نااریب بهترین خط (FAI-BLUP) بود. این آزمایش در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۲ به صورت طرح آزمایشی آگمنت با شش بلوک ناقص و سه شاهد سارنگ، مهرگان و برات در دو منطقه داراب و صفی‌آباد دزفول اجراء گردید. صفات ارتفاع بوته، تعداد روز تا خوشه‌دهی، تعداد روز تا رسیدگی، وزن هزار دانه، سرعت پر شدن دانه، دوره پر شدن دانه و عملکرد دانه اندازه‌گیری شدند. پارامترهای ژنتیکی با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) برآورد شد. نتایج آزمون REML نشان داد که برای صفات ارتفاع بوته، تعداد روز تا خوشه‌دهی، تعداد روز تا رسیدگی، سرعت پر شدن دانه، دوره پر شدن دانه و عملکرد دانه (به جزء وزن هزار دانه) تفاوت معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد وجود دارد. این نتایج و نقشه حرارتی صفات، نشان دهنده وجود تنوع ژنتیکی در بین ژنوتیپ‌های گندم مورد بررسی بود. همچنین وراثت‌پذیری عمومی ژنوتیپ‌ها از ۰/۱۲۴ (طول دوره پر شدن دانه) تا ۰/۸۷۹ (ارتفاع بوته) متغیر بود. در منطقه داراب شاخص SIIG برتری داشت و در منطقه دزفول و میانگین دو منطقه، شاخص FAI-BLUP نسبت به

* نویسنده مسئول: علی‌رضا عسکری کلستانی

رایانامه: ar.askary@areeo.ac.ir

شاخص‌های دیگر دارای برتری بود. در داراب بر اساس شاخص SIIG ژنوتیپ‌های G5، G36 و G42 به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر شناسایی شدند. در دزفول شاخص FAI-BLUP، ژنوتیپ‌های G26، G30 و G37 را به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر معرفی نمود. برای میانگین دو منطقه ژنوتیپ‌های G30، G35 و G36 به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از شاخص FAI-BLUP معرفی شدند. همچنین شاخص انتخاب FAI-BLUP به‌طور میانگین در داراب، دزفول و میانگین دو منطقه از صفات بیشتری با دیفرانسیل‌گزینه‌ش مطلوب در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر استفاده کرده است. در مجموع، نتایج بررسی شاخص‌های مختلف انتخاب نشان داد که در شرایط این تحقیق، شاخص انتخاب FAI-BLUP نسبت به دو شاخص دیگر برتری نسبی دارد. نتایج نمودار دو بعدی بررسی همزمان شاخص‌های انتخاب و عملکرد دانه نشان داد که ژنوتیپ‌های G50، G52 و G60 را می‌توان به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر، جهت کشت در آزمایش‌های مقدماتی گندم نان مناطق داراب و دزفول معرفی کرد.

کلید واژه‌ها: تنوع ژنتیکی، دیفرانسیل‌گزینه‌ش، روش REML/BLUP، عملکرد دانه

مقدمه

(Jalal Kamali and Duveiller, 2008). در این مناطق، گندم رشد رویشی زیادی کرده و پتانسیل تولید عملکرد بالایی دارد، ولی به دلیل افزایش ناگهانی درجه حرارت در ماه‌های انتهایی رشد، گیاه در دوره مرحله گلدهی تا رسیدگی فیزیولوژیک با تنش گرمای انتهایی فصل رشد مواجه شده و عملکرد کمی و کیفی آن به مقدار زیادی کاهش می‌یابد. با توجه به نقش تنوع ژنتیکی در پیش‌برد برنامه‌های به‌نژادی، ارزیابی لاین‌های جدید گندم نان متمحل به گرما بر اساس ویژگی‌های مورفولوژیک مطلوب، منجر به افزایش عملکرد دانه خواهد شد. در این برنامه‌ها، انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بر اساس چندین صفت بطور همزمان انتخاب، که این امر می‌تواند منجر به افزایش عملکرد شود. داده‌های چند متغیره در آزمایش‌های بیولوژیکی رایج است و استفاده از چند صفت برای تصمیم‌گیری بهتر برای انتخاب ژنوتیپ‌ها بسیار مهم است. با این حال، همواره شناسایی ژنوتیپ‌ها یا تیمارهایی با چندین صفت برتر، یک کار چالش برانگیز بوده است. با توجه به اینکه شاخص‌های اصلی کلاسیک، بدلیل چند خطی بودن و انتخاب ضرایب وزنی دلخواه، دارای دقت کمتری می‌باشند، محققین پیشنهاد شاخص‌هایی مانند شاخص (Zali et al., 2015; Zali et al., 2023)، SIIG¹، شاخص

گندم نان (*Triticum aestivum* L.) به‌عنوان یکی از غلات مهم و عضوی از خانواده Poaceae است که به‌طور گسترده در بسیاری از مناطق جهان کشت می‌گردد (Cuong et al., 2020; Wei et al., 2022). این گیاه، کالری تقریباً ۳۰ درصد از جمعیت جهان (۴/۵ میلیارد نفر) و ۲۰ درصد از کل پروتئین مورد نیاز بدن را تأمین می‌کند (Mondal et al., 2016). نان گندم دارای ویتامین B، تیامین و محتوای B2-ریبوفلاوین بالایی است. ظرفیت تولید جهانی گندم در سال ۲۰۲۱-۲۰۲۰، حدود ۷۶۸/۹ میلیون تن بود (Lark et al., 2021). در اقلیم‌های مدیترانه-ای که زمستان‌های ملایمی دارند و گندم به‌طور عمومی در پاییز کشت می‌شودف تنش گرما فقط به دوره زایشی گندم محدود می‌شود. در این مناطق هر گونه تاخیر در کاشت، باعث مصادف شدن دوره پر شدن دانه با درجه حرارت‌های بالا می‌شود. بررسی‌ها نشان داده است که تنش گرما در این مرحله، گسترده‌ترین نوع تنش گرمایی در جهان است (Wahid et al., 2007). در ایران سالانه حدود ۶/۵ میلیون هکتار به زیر کشت گندم می‌رود که حدود ۱۰ درصد از این سطح زیر کشت در مناطق جنوبی از جمله خوزستان و جنوب استان فارس با تنش گرمای انتهایی فصل در طی مرحله گلدهی و دوره پر شدن دانه مواجه می‌شود که باعث کاهش پنج تا ۴۰ درصدی عملکرد در این مناطق می‌شود

انتخاب ژنوتیپ‌های برتر استفاده شد (León *et al.* , 2021; Olivoto & Nardino, 2021; Pour-Aboughadareh & Poczai, 2021; Uddin *et al.* , 2021; Zali & Pour-Aboughadareh, 2023). این

شاخص نیاز به یک جدول دوطرفه به‌عنوان داده ورودی دارد که امکان رتبه‌بندی سطرها بر اساس صفات مطلوب در ستون‌ها را فراهم می‌کند. این شاخص قادر است بیش از یک صفت و نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخاب شده را ارزیابی کند (Olivoto & Nardino, 2021).

در میان شاخص‌های انتخاب جدید، شاخص انتخاب فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ (FAI-BLUP) می‌باشد (Rocha *et al.* , 2018) که از روش مدل ترکیبی استفاده می‌کند. شاخص FAI-BLUP از تجزیه و تحلیل عاملی و جدول فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ برای انتخاب چندین صفت استفاده می‌کند. روش FAI-BLUP اثرات ژنوتیپ و محیط را به ترتیب ثابت و تصادفی در نظر می‌گیرد. علاوه بر این، از BLUP برای پیش‌بینی مقادیر ژنتیکی از داده‌های فنوتیپی استفاده می‌کنند و اثرات خطای موجود در این داده‌ها را حذف می‌کنند (Resende *et al.* , 2014). در آزمایشات به‌ژنادهی، عملکرد و اجزای آن، پارامترهای اساسی هستند که برای انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل باید مورد توجه قرار گیرند. در دهه‌های اخیر، روش حداکثر درست-نمایی محدود شده (REML⁵) به عنوان یک روش برآورد پارامترها معرفی شد (Lynch & Walsh, 1998). REML یک نسخه از روش حداکثر درست‌نمایی (ML⁶) است که نسبت به روش ML دارای یکسری مزایا می‌باشد. در این روش برآورد پارامترهای واریانس، بوسیله برآورد اثرات ثابت اریب است (Patterson & Thompson, 1971). از مزایای این روش نسبت به روش‌های کلاسیک، برآورد مولفه‌های واریانس نظیر واریانس ژنتیکی، وراثت-پذیری، واریانس محیطی و اشتباه استاندارد، بازدهی مناسب برای طرح‌های آزمایشی نظیر طرح‌های آلفا لائیس و طرح-های آگمنت با یک تکرار می‌باشد و در نهایت، می‌توان

MGIDI¹ (Olivoto & Nardino, 2021) ، شاخص FAI-BLUP² (Rocha *et al.* , 2018) ، شاخص MTSI³ (Cerón- Rojas & Crossa, 2022) و غیره را ارائه کردند.

Zali *et al.* (2015) روش شاخص انتخاب SIIG را به‌عنوان یک روش ساده و آسان جهت انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها، معرفی کردند. شاخص SIIG صفات مختلف یا شاخص‌های مختلف را در قالب یک آماره جدید ترکیب می‌کند و روند بهتری برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها ارائه می‌دهد. این شاخص، یک شاخص انتخاب در برنامه‌های اصلاحی می‌باشد که محقق تصمیم نهایی خود را در انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها می‌گیرد (Zali *et al.* , 2023). این شاخص برای هر ژنوتیپ، نشان می‌دهد که چقدر به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک است. اگر یک ژنوتیپ به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر باشد، مقدار SIIG آن نزدیک به یک خواهد بود، اما هرچه یک ژنوتیپ از ژنوتیپ ایده‌آل دورتر باشد، مقدار SIIG آن کمتر از یک خواهد بود. (Tahmasebi *et al.* , 2018). استفاده از روش SIIG در بسیاری از تحقیقات به منظور بررسی و انتخاب لاین‌های برتر در گندم نان (Yaghotipoor *et al.* , 2017)، گندم دوروم (Tadili *et al.* , 2020)، جو (Barati *et al.* , 2022; Zali *et al.* , 2023; Zali & Pour-Aboughadareh, 2023) ؛ کلزا (Zali *et al.* , 2015) و آفتابگردان (Gholizadeh *et al.* , 2021) گزارش شده است.

یکی دیگر از شاخص‌های انتخاب چند صفتی مبتنی بر تجزیه عاملی، شاخص فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI⁴) می‌باشد (Olivoto & Nardino, 2021). در ابتدا، در اصلاح نباتات شاخص MGIDI بر اساس اطلاعات مربوط به چندین صفت طراحی و با موفقیت برای

- 1 -The multi-trait genotype-ideotype distance index
- 2 -Factor analysis ideotype-design-Best linear unbiased prediction
- 3 -Multi-trait stability index
- 4 -Multi-trait genotype-ideotype distance index

- 5 -Restricted maximum likelihood
- 6 -Maximum likelihood

از تفاضل تعداد روز رسیدگی از تعداد روز تا خوشه‌دهی بدست آمد. همچنین سرعت پر شدن دانه از طریق تقسیم حداکثر وزن دانه بر طول دوره پر شدن دانه حاصل می‌گردد (Egli, 2004).

محاسبه‌های آماری شاخص SIIG

مراحل محاسبه این شاخص انتخاب در زیر آورده شده است (Zali et al., 2015):

۱- تشکیل ماتریس داده‌ها

با استفاده از صفات و ژنوتیپ‌ها، ماتریس داده‌ها بصورت زیر تشکیل می‌گردد:

$$D = \begin{bmatrix} X_{11} & X_{12} & \dots & X_{1m} \\ X_{21} & X_{22} & \dots & X_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ X_{n1} & X_{n2} & \dots & X_{nm} \end{bmatrix} \quad [\text{رابطه ۱}]$$

X_{ij} مقدار ژنوتیپ i ام ($i = 1, 2, \dots, n$) در رابطه با صفت j ام ($j = 1, 2, \dots, m$)

۲- تبدیل ماتریس D به ماتریس نرمال R

از رابطه ۲ برای نرمال کردن داده‌ها استفاده گردید:

$$r_{ij} = \frac{x_{ij}}{\sqrt{\sum_{i=1}^n x_{ij}^2}} \quad [\text{رابطه ۲}]$$

بعد از نرمال نمودن، ماتریس R به صورت رابطه ۳ بدست آمد.

$$R = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & \dots & r_{1m} \\ r_{21} & r_{22} & \dots & r_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{n1} & r_{n2} & \dots & r_{nm} \end{bmatrix} \quad [\text{رابطه ۳}]$$

۳- محاسبه فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل (d_i^+) و ژنوتیپ غیر-ایده‌آل (d_i^-)

در این مرحله فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل طبق رابطه ۴ و فاصله از ژنوتیپ غیرایده‌آل، طبق معادله ۵ محاسبه گردید:

$$d_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^+)^2} \quad i = 1, \dots, n \quad [\text{رابطه ۴}]$$

$$d_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^-)^2} \quad i = 1, \dots, n \quad [\text{رابطه ۵}]$$

r_{ij} مقدار نرمال شده ژنوتیپ i ام ($i = 1, 2, \dots, n$) در رابطه با صفت j ام ($j = 1, 2, \dots, m$) و r_j^+ و r_j^- به ترتیب مقادیر نرمال شده ژنوتیپ‌های ایده‌آل و غیرایده‌آل برای هر صفت j ام ($j = 1, 2, \dots, m$) می‌باشد.

به کاهش تعداد برآورد منفی پارترهای ژنتیکی که به دلیل مشکلاتی نظیر مناسب نبودن طرح آزمایشی در روش‌های کلاسیک ایجاد می‌شود، اشاره کرد (Holland, 2006).

هدف از این پژوهش، ابتدا گزینش لاین‌های برتر گندم نان بر اساس عملکرد دانه و برخی صفات مهم زراعی در دو منطقه گرم و خشک داراب و دزفول بود و در نهایت مقایسه شاخص‌های مختلف انتخاب بود.

مواد و روش‌ها

این تحقیق به منظور بررسی ۶۰ لاین پیشرفته نسل F6 در قالب طرح حجیم‌شده آگمنت با سه شاهد برات، مهرگان و سارنگ در شش بلوک ناقص و در دو ایستگاه تحقیقاتی اقلیم گرم جنوب (زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۲) یعنی داراب و صفی‌آباد دزفول اجراء گردید. شجره ژنوتیپ‌های مورد بررسی، در جدول یک و میانگین برخی داده‌های مهم هواشناسی دو منطقه، در جدول دو آورده شده است. کرت‌های آزمایش شامل شش خط به فاصله ۲۰ سانتی‌متر و مساحت کاشت ($6 \times 1/2 = 7/2 \text{ m}^2$) و مساحت برداشت با حذف نیم متر از ابتدا و انتهای هر کرت ($5 \times 1/2 = 6 \text{ m}^2$) بود. میزان بذر لازم برای هر تیمار براساس وزن هزار دانه و برحسب ۴۵۰ دانه در متر مربع محاسبه و تعیین شد. میزان کود لازم براساس آزمون خاک و فرمول کودی توصیه شده تعیین گردید. عملیات خاک‌ورزی شامل شخم، دیسک، لولر و ایجاد فارو در زمین آیش اجراء گردید. کشت آزمایش‌ها با بذر کار خطی در تاریخ مناسب کشت (۱۵ آذر) انجام گرفت. برای کنترل علف‌های هرز باریک برگ و پهن برگ از سموم علف‌کش آکسیال و بروماید در اواسط بهمن (قبل از شروع طویل شدن ساقه) استفاده شد. در طول مراحل رشد و نمو گیاه یادداشت‌برداری از برخی صفات زراعی شامل تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی و ارتفاع بوته انجام گردید. پس از برداشت محصول هر کدام از ژنوتیپ‌ها، برخی صفات دیگر از جمله وزن هزار دانه، سرعت پر شدن دانه، طول دوره پر شدن دانه و عملکرد دانه مورد بررسی قرار گرفت. طول دوره پر شدن

۵-محاسبه شاخص SIIG: d_i^+ فاصله از ژنوتیپ ایده آل و d_i^- فاصله از ژنوتیپ غیرایده آل. [رابطه ۶]

$$SIIG_i = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \quad i = 1, 2, \dots, n, \quad 0 \leq SIIG_i \leq 1$$

Table 1. Pedigree of investigated bread wheat genotypes

Genotypes	Pedigree
G1	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR /4/IR/FR
G2	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR /4/Alvand//Aldan"s"/IAS58/3/Vee/Nac
G3	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR /4/IR/FR
G4	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR /4/IR/FR
G5	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR /4/IR/FR
G6	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR /4/Alvand//Aldan"s"/IAS58/3/Vee/Nac
G7	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR /4/Alvand//Aldan"s"/IAS58/3/Vee/Nac
G8	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR /4/Alvand//Aldan"s"/IAS58/3/Vee/Nac
G9	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR /4/Alvand//Aldan"s"/IAS58/3/Vee/Nac
G10	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR /4/Alvand//Aldan"s"/IAS58/3/Vee/Nac
G11	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR /4/Alvand//Aldan"s"/IAS58/3/Vee/Nac
G12	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR /4/Alvand//Aldan"s"/IAS58/3/Vee/Nac
G13	SLVS*2/PASTOR/IR/FR
G14	IR/FR/Dez
G15	IR/FR/Dez
G16	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/Alvd//Aldan/Ias/3/Flt
G17	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/Alvd//Aldan/Ias/3/Flt
G18	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/Alvd//Aldan/Ias/3/Flt
G19	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/Alborz/5/K62909/4/Cno//K58/Tob/3/Wa
G20	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/Alvd//Aldan/Ias/3/Flt
G21	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR (S-91-13)/6/DEZ/SW891882
G22	PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI /5/Alvd//Aldan/Ias/3/Siren
G23	PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI /5/Alvd//Aldan/Ias/3/Siren
G24	PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI /5/SLVS*2/PASTOR
G25	PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI /5/SLVS*2/PASTOR
G26	DEZ/SW891882/CBRD-3/STORK X DICOCCOIDES
G27	DEZ/SW891882/CBRD-3/STORK X DICOCCOIDES
G28	DEZ/SW891882/CBRD-3/STORK X DICOCCOIDES
G29	DEZ/SW891882/CBRD-3/STORK X DICOCCOIDES
G30	DEZ/SW891882/CBRD-3/STORK X DICOCCOIDES
G31	DEZ/SW891882/CBRD-3/STORK X DICOCCOIDES
G32	DEZ/SW891882/CBRD-3/STORK X DICOCCOIDES
G33	DEZ/SW891882/CBRD-3/STORK X DICOCCOIDES
G34	DEZ/SW891882/CBRD-3/STORK X DICOCCOIDES
G35	DEZ/SW891882/5/PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI
G36	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR/4/Kayson/Genaro 81//Tevee-1/5/DEZ/SW891882
G37	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR/4/Kayson/Genaro 81//Tevee-1/5/DEZ/SW891882
G38	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR/4/IRENA/BABAX//PASTOR/5/DEZ/SW891882
G39	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR/4/IRENA/BABAX//PASTOR/5/DEZ/SW891882
G40	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR/4/IRENA/BABAX//PASTOR/5/DEZ/SW891882
G41	Bow"s"/Vee"s"/1-60-3/3/Cocoraque 75/4/Chamran/5/Parula/6/OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR
G42	Bow"s"/Vee"s"/1-60-3/3/Cocoraque 75/4/Chamran/5/Parula/6/OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR
G43	Bow"s"/Vee"s"/1-60-3/3/Cocoraque 75/4/Chamran/5/Parula/6/OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR
G44	Bow"s"/Vee"s"/1-60-3/3/Cocoraque 75/4/Chamran/5/Parula/6/DEZ/SW891882
G45	Bow"s"/Vee"s"/1-60-3/3/Cocoraque 75/4/Chamran/5/Parula/6/DEZ/SW891882
G46	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/Attila-4y//Arvand1/Glenson81/7/PRL/2*PASTOR
G47	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/Attila-4y//Arvand1/Glenson81/7/PRL/2*PASTOR
G48	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/Attila-4y//Arvand1/Glenson81/7/PRL/2*PASTOR
G49	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/WEEBILL 1/7/PRL/2*PASTOR
G50	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/WEEBILL 1/7/PRL/2*PASTOR
G51	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/WEEBILL 1/7/PRL/2*PASTOR
G52	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/Baaz/7/OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR
G53	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/Baaz/7/OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR
G54	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/KAUZ/PASTOR//PBW343/7/OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR
G55	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/KAUZ/PASTOR//PBW343/7/PRL/2*PASTOR
G56	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/KAUZ/PASTOR//PBW343/7/PRL/2*PASTOR
G57	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/KAUZ/PASTOR//PBW343/7/PRL/2*PASTOR
G58	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/KAUZ/PASTOR//PBW343/7/PRL/2*PASTOR
G59	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/KAUZ/PASTOR//PBW343/7/PRL/2*PASTOR
G60	PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI/5/KAUZ/PASTOR//PBW343/6/DEZ/SW891882
G61	Sarang
G62	Mehregan
G63	Barat

Table 2. Monthly meteorological data in 2022–2023 cropping year in the Darab and Dezful regions.

Month	Dezful				Darab			
	Temperature (°C)			Precipitation (mm)	Temperature (°C)			Precipitation (mm)
	Max	Min	Mean		Max	Min	Mean	
Oct.	38.80	18.53	27.63	0	29.16	12.66	22.73	0
Nov.	24.96	13.03	19.90	2.12	21.66	9.40	16.73	8
Dec.	21.58	9.93	16.00	0.90	15.83	2.80	10.60	1
Jan.	16.25	6.00	11.41	4.80	11.86	1.36	7.70	47
Feb.	16.54	5.03	11.29	2.90	12.76	3.10	8.93	21
Mar.	22.61	10.32	16.90	3	19.24	6.58	14.06	9
Apr.	22.51	9.77	16.83	5.29	21.83	8.61	16.70	3
May.	31.19	15.22	24.12	0.16	28.32	14.22	22.90	3
Jun.	38.22	22.45	31.64	0	34.35	20.54	28.93	0
Sum	25.85	12.25	19.15	19.17	21.66	8.80	16.58	92

تجزیه به عامل‌ها: در مرحله بعد، تجزیه عاملی برای

محاسبه کاهش ابعاد داده‌ها و ساختار روابط انجام شد.

این تحلیل بر اساس رابطه ۸ انجام گردید:

$$F = Z(A^T R^{-1})^T \quad [\text{رابطه ۸}]$$

F یک ماتریس $g \times f$ (g و f به ترتیب تعداد

ژنوتیپ‌ها و عامل‌های باقیمانده) با مقادیر عامل‌ها، Z

یک ماتریس $g \times p$ (p شاخص‌های محاسبه شده) میانگین

استاندارد شده، A یک ماتریس $p \times f$ از بارگذاری

متعارف^۲ و R ماتریس همبستگی $p \times p$ بین صفات است.

۱- تعریف ژنوتیپ ایده‌آل (ایدئوتیپ): ایدئوتیپ دارای

بالاترین مقدار تغییر مقیاس (۱۰۰) برای صفات مورد

بررسی است. بنابراین، ایدئوتیپ را می‌توان با یک بردار I

$[I \times p]$ تعریف کرد. به طوری که، I برابر ۱۰۰، ۱۰۰، ...،

۱۰۰ باشد. نمرات I نیز بر اساس رابطه (۸) تخمین زده

می‌شود.

۲- محاسبه شاخص MGIDI: فاصله اقلیدسی بین نمرات

ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های ایده‌آل به عنوان شاخص

MGIDI با استفاده از رابطه ۹ محاسبه شد:

$$MGIDI = \sum_{i=1}^f [(Y_{ij} - \gamma_j)^2]^{0.5} \quad [\text{رابطه ۹}]$$

γ_j امتیاز i امین ژنوتیپ در فاکتور j ام است (i =

$1, 2, \dots, f$; $j = 1, 2, \dots, t$) که f و t به ترتیب تعداد

ژنوتیپ‌ها و عامل‌ها است، j نمره j ام ژنوتیپ ایده‌آل

است. ژنوتیپ‌هایی با کمترین مقدار MGIDI به ژنوتیپ

ایده‌آل نزدیک‌تر هستند و بنابراین مقادیر مطلوب را برای

همه شاخص‌های محاسبه شده نشان می‌دهد. دیفرانسیل

شاخص MGIDI

مراحل محاسبه این شاخص انتخاب به صورت زیر

می‌باشد (Olivoto & Nardino, 2020):

۱- تغییر مقیاس صفات: X_{ij} یک جدول دو طرفه با i

ردیف یا ژنوتیپ و j ستون یا صفت می‌باشد که به

صورت رابطه ۷ محاسبه شد:

$$rX_{ij} = \frac{\eta_{nj} - \varphi_{nj}}{\eta_{oj} - \varphi_{oj}} \times (\theta_{ij} - \eta_{oj}) + \eta_{nj} \quad [\text{رابطه ۷}]$$

η_{oj} و φ_{oj} به ترتیب مقادیر اصلی حداقل و حداکثر

برای صفت j هستند. η_{nj} و φ_{nj} به ترتیب مقادیر جدید

حداقل و حداکثر برای صفت j پس از تغییر مقیاس ۱

هستند و θ_{ij} مقدار اصلی برای صفت j ام از ژنوتیپ i ام

است. این روش تغییر مقیاس، تمام ویژگی‌ها را در

محدوده ۰ تا ۱۰۰ قرار می‌دهد که تعریف ایدئوتیپ را

آسان می‌کند. در این حالت، یک ایدئوتیپ برای تمام

ویژگی‌ها مقدار ۱۰۰ خواهد داشت. بدین معنی که روش

تغییر مقیاس جهت مورد نظر انتخاب را (افزایش یا

کاهش مقادیر صفات) در نظر می‌گیرد. بدین صورت

که مثلاً اگر یک صفت مانند عملکرد زیادی مقدار آن

به ژنوتیپ ایدئوتیپ نزدیک باشد کلمه افزایش در نظر

گرفته می‌شود و اگر انتخاب ژنوتیپ‌ها با عملکرد بالا

موفقیت‌آمیز باشد عدد ۱۰۰ در مقابل آن صفت قرار می‌-

گیرد و اگر این امر محقق نگردد عدد صفر در مقابل آن

قرار می‌گیرد. این موضوع در مورد دو روش انتخاب

دیگر مورد بررسی در این تحقیق نیز صدق می‌کند.

نتایج و بحث

تجزیه و تحلیل REML بر اساس آماره BLUP نشان داد که اثر ژنوتیپ برای اکثر صفات ارزیابی شده (به جز صفت TKW) بر اساس آزمون نسبت درست-نمایی در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود (جدول ۳) که نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های گندم است. این نتایج امکان تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی را نشان می‌دهد که نتایج حاصل از نقشه حرارتی صفات در دو منطقه مورد بررسی و میانگین دو منطقه، آن را تایید می‌کند (شکل ۱). برای کلیه صفات ارزیابی شده، اثر متقابل محیط \times ژنوتیپ از واریانس ژنتیکی بیشتر بود. تخمین وراثت‌پذیری عمومی بین میانگین ژنوتیپ‌ها از ۰/۱۲ (SFP) تا ۰/۸۷ (PLH) متغیر بود (جدول ۳). در زمینه وراثت‌پذیری محاسبه شده در مورد صفات مورد بررسی ذکر این نکته لازم به نظر می‌رسد که در نسل‌های پیشرفته حاصل از خودگشنی، واریانس افزایشی سهم بالایی از واریانس ژنوتیپی را تشکیل می‌دهد و سهم واریانس غالبیت در واریانس ژنتیکی به شدت کاهش میابد (Hosseini et al., 2005).

در مجموع عملکرد دانه در داراب بالاتر از دزفول بود (شکل ۱). این مطلب احتمالاً به دلیل شرایط ایده‌آل-تر داراب در تولید گندم نسبت به دزفول می‌باشد. این نتیجه می‌تواند توسط اصلاح کنندگان و کشاورزان برای بهینه‌سازی عملکرد گندم نان در محیط‌هایی با عملکرد پایین در آب و هوای گرمسیری ایران قابل ارزیابی باشد. بنابراین، مطالعات اضافی (مانند آزمون پایداری) از ژنوتیپ‌های انتخاب شده می‌تواند برای توسعه ژنوتیپ-هایی با عملکرد بالا یا بهبود پایداری و بهره‌وری عملکرد دانه از طریق استراتژی‌های اصلاح مناسب استفاده شود (Zali et al., 2023).

طبق نتایج ارسالی از اداره هواشناسی دو ایستگاه تحقیقاتی داراب و دزفول، میزان بارندگی در منطقه داراب (۹۲ میلی‌متر)، بیشتر از منطقه دزفول (۱۷/۱۹ میلی‌متر) بوده است. همچنین متوسط درجه دمای حداقل

انتخاب برای همه صفات با در نظر گرفتن شدت انتخاب ۲۰ درصد انجام شد.

شاخص FAI-BLUP

پس از تعیین ژنوتیپ ایده‌آل، فاصله بین ژنوتیپ ایده‌آل و هر ژنوتیپ را تخمین زده و سپس آن را به احتمال مکانی خاصی تبدیل کنید تا بتوان ژنوتیپ‌ها را رتبه‌بندی کرد. فرمول محاسبه شاخص FAIBLUP به-شرح زیر است (Rocha et al., 2018):

$$P_{ij} = \frac{\frac{1}{d_{ij}}}{\sum_{i=1, j=1}^{i=n, j=m} \frac{1}{d_{ij}}} \quad [\text{رابطه ۱۰}]$$

که در آن P_{ij} احتمال مشابه بودن ژنوتیپ i ام با ژنوتیپ ایده‌آل j ام، d_{ij} فاصله ژنوتیپ ایده‌آل از ژنوتیپ i ام تا ژنوتیپ ایده‌آل j ام بر اساس فاصله اقلیدسی است. اجزای واریانس ژنتیکی برای هر صفت به کمک مدل REML محاسبه شد. این مدل محدودیت تجزیه و تحلیل واریانس را برای داده‌های نامتعادل و نامتجانس برطرف می‌کند و بهترین برآورد برای مقادیر ژنتیکی و اجزای واریانس را ارائه می‌دهد. روش REML/BLUP با در نظر گرفتن مقادیر ژنوتیپی به‌جای مقادیر ژنتیکی، دقت بهتری در تحلیل داده‌های ژنتیکی و انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های اصلاحی فراهم می‌کند. برای تجزیه منفرد داده‌ها، مدل‌های خطی و رابطه ۱۱ برای محاسبه اجزای واریانس استفاده می‌شوند.

$$Y_{ij} = \mu + B_i + E_j + \varepsilon_{ij} \quad [\text{رابطه ۱۱}]$$

μ میانگین صفت مربوطه، B_i اثر بلوک i ام، E_j اثر اینتری j ام است.

نرم افزارهای مورد استفاده

تجزیه REML با استفاده از برنامه SAS V9.1 انجام شد. محاسبه شاخص‌های انتخاب MGIDI و FAI-BLUP با استفاده از نرم‌افزار R (بسته تجزیه آزمایش-های چندمحیطی (metan)) و رسم شکل‌های حرارتی فنوتیپی با استفاده از نرم‌افزار ACBD-R-V4 صورت گرفت. برای محاسبه شاخص SIIG از برنامه تهیه شده در نرم‌افزار R استفاده شد (Zali et al., 2023).

عسکری کلسستانی و همکاران: شناسایی ژنوتیپ‌های برتر گندم...

شدن دانه گندم و در نهایت افزایش وزن هزار دانه گردیده است (شکل ۱).

در میان شاخص‌های انتخاب اخیر منتشر شده، شاخص SIIG و دو شاخص مبتنی بر تحلیل عاملی و فاصله ژنوتیپ- ایده آل MGIDI و FAI-BLUP پیشنهاد شده است. در محاسبه سه شاخص مورد بررسی فرض می‌شود که ژنوتیپ‌هایی با بیشترین عملکرد دانه، وزن هزار دانه، سرعت پر شدن دانه، طول دوره پر شدن دانه، پاکوتاهی و زودرسی ایده آل و ژنوتیپ‌هایی با کمترین عملکرد دانه، وزن هزار دانه، سرعت پر شدن دانه، طول دوره پر شدن دانه، پابلندی و دیررسی غیر ایده آل می‌باشد.

نتایج نشان داد که در منطقه داراب شاخص‌های MGIDI، FAI-BLUP و SIIG برای شش صفت از هفت صفت مورد مطالعه، دیفرانسیل انتخاب مورد نظر مطلوب را ارائه کردند که نشان‌دهنده میزان موفقیت ۸۶ درصد در انتخاب صفات با مقادیر مورد نظر بود. صفت عملکرد دانه با دیفرانسیل انتخاب نامطلوب در دو شاخص MGIDI و FAI-BLUP و دیفرانسیل انتخاب نامطلوب صفت DHE در شاخص SIIG بودند (جدول ۵).

(۸/۸۰ درجه سانتی‌گراد)، حداکثر (۲۱/۶۶ درجه سانتی-گراد) و میانگین (۱۶/۵۸ درجه سانتی‌گراد) در منطقه داراب از منطقه دزفول (متوسط درجه دمای حداقل (۱۲/۲۵ درجه سانتی‌گراد)، حداکثر (۲۵/۸۵ درجه سانتی‌گراد) و میانگین (۱۹/۱۵ درجه سانتی‌گراد)) کمتر بود (جدول ۲). بنابراین می‌توان این نتیجه را گرفت عوامل آب و هوایی سبب گردیده است که در مجموع مقدار صفات در منطقه داراب از مقدار این صفات در منطقه دزفول بالاتر باشد (شکل ۱). در ضمن این نتیجه را با یک مثال از تاثیر عوامل آب و هوایی بر روی یکی از اجزای اصلی عملکرد دانه گندم نان یعنی وزن هزار دانه تفسیر کرد. یکی از پیامدهای افزایش درجه حرارت محیط، تهدید تولید گندم در بسیاری از کشورها است. این افزایش درجه حرارت به ویژه در مرحله زایشی و پر شدن دانه تولید گندم را با محدودیت بیشتری مواجه می‌نماید. غالباً توجه به تنش‌های گرمائی پس از ظهور سنبه و تاثیر آن بر عملکرد بیشتر مورد توجه محققین است (Farhad *et al.*, 2023; Mishra *et al.*, 2021)، در این تحقیق، خنک بودن انتهای فصل بدلیل بارش و دمای کمتر هوا در منطقه داراب نسبت به دزفول مانع از تنش خشکی آخر فصل شده است که این امر سبب بهتر پر

Table 3. REML analysis results for measuring morphophenological traits in bread wheat genotypes

Statistics	SFP	SFR	YLD	PLH	DMA	DHE
General heredity	0.124	0.211	0.585	0.879	0.727	0.519
Genotypic variance	0.001	8.303	94102.731	14.231	1.342	0.050
Genotype × environment interaction	0.013	1413.918	435639.302	19.716	7.734	8.238
The variance of the check	1.137	219397.952	440.910	137.105	149.524	114.213
Standard error (BLUP/BLUE)	2.279	1017.105	10276.963	191.032	297.388	219.717
Average of genotypes	1.114	41.588	6238.742	101.525	147.925	106.341
Average of check	1.192	39.722	6520.389	100.160	149.444	109.722
The difference of the average error of genotypes	1.138	6.787	612.092	6.881	2.092	4.527
LSD genotypes	0.089	11.884	269.496	4.763	1.101	0.904
The difference of the mean error of the control	2.059	10.884	180.957	6.165	3.731	2.645
LSD check	0.153	2.787	521.551	5.277	1.722	4.223
Maximum likelihood test	156.285**	120.585**	145.781**	140.325**	160.251**	189.25**

DHE: Days to heading; DMA: Days to maturity; PLH: Plant height; YLD: Grain yield; SFR: Seed filling rate; SFP: Seed filling period; TKW: Thousand grain weight

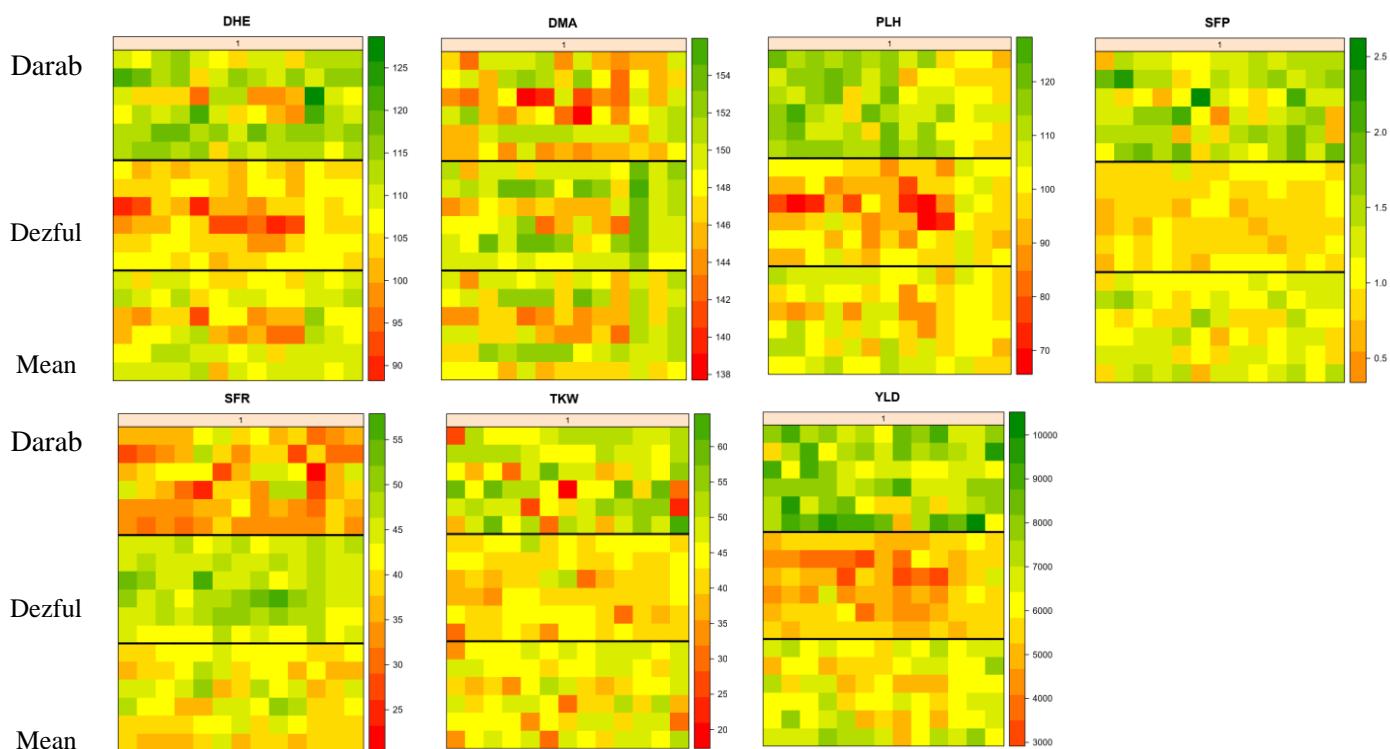


Figure 1. Heat maps related to the phenotypic variation of morpho-phonological traits in investigated bread wheat genotypes.

DHE: Days to heading; DMA: Days to maturity; PLH: Plant height; YLD: Grain yield; SFR: Seed filling rate; SFP: Seed filling period; TKW: Thousand grain weight

صفت DHE، DMA، PLH و SFR دیفرانسیل انتخاب نامطلوب را نشان دادند (جدول ۵).

ژنوتیپ‌های انتخاب شده در منطقه دزفول بوسیله شاخص‌های MGIDI شامل ژنوتیپ‌های G23، G26، G27، G29، G30، G31، G32، G36، G37، G47، G50، G55 و G60 بود. شاخص FAI-BLUP ژنوتیپ‌های G18، G26، G27، G30، G32، G36، G37، G50 و G60 را ژنوتیپ‌های برتر معرفی نمود و ژنوتیپ‌های G10، G14، G15، G24، G35، G36، G37، G39، G47 و G50 جزء ژنوتیپ‌های برتر توسط شاخص SIIG بودند (شکل ۲d، ۲e و جدول ۴).

Zine *et al.* (2015) در گندم، Zali *et al.* (2023) در جو، Pour-Aboughadareh & Poczaï. (2021) در گندم استفاده از شاخص MGIDI را گزارش دادند. محاسبه چندمتغیره FAI-BLUP با استفاده از مدل‌های ترکیبی و ارزش‌های ژنتیکی با استفاده از REML/BLUP یک استراتژی خوب برای انتخاب است (Resende *et al.*, 2014).

در شکل ۲ ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر اساس دو شاخص MGIDI و FAI-BLUP با رنگ قرمز خارج از دایره مرکزی قرمز نشان داده شده‌اند. دایره قرمز مرکزی نقطه برش را با توجه به فشار انتخاب نشان می‌دهد. ژنوتیپ‌های انتخاب شده در منطقه داراب بوسیله شاخص‌های MGIDI شامل ژنوتیپ‌های G23، G24، G28، G30، G32، G35، G36، G38، G40، G45، G50، G52، G57 و G60 بود. شاخص FAI-BLUP ژنوتیپ‌های G25، G28، G35، G36، G38، G39، G40، G45 و G50 را ژنوتیپ‌های برتر معرفی نمود و ژنوتیپ‌های G2، G3، G5، G19، G21، G23، G25، G30، G36، G41 و G52 جزء ژنوتیپ‌های برتر توسط شاخص SIIG بودند (شکل ۲a، ۲b و جدول ۴).

در منطقه دزفول شاخص MGIDI و FAI-BLUP برای هفت صفت مورد مطالعه دیفرانسیل انتخاب مطلوب را نشان دادند اما در شاخص SIIG از هفت صفت مورد مطالعه چهار

پژوهش‌های ژنتیکی مدرن، امکان تولید و انتخاب نژادهای بهینه-تر با صفات مطلوب و متناسب با شرایط محیطی موجود را فراهم می‌کند (Jahufer & Casler, 2015).

نمودار "نقاط قوت و ضعف"، یعنی نسبتی از شاخص MGIDI که توسط هر عامل در تجزیه به عامل‌ها توضیح داده شده است. این نمودار ابزار مهمی برای شناسایی نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌ها یا تیمارها است که پیشرفت مهمی را نسبت به شاخص‌های موجود نشان می‌دهد. این رویکرد نموداری، عینی، موثر و سراسر است. از دیدگاه اصلاح‌کننده، این نمودار امکان شناسایی صفات یا گروه‌هایی از صفات را در ژنوتیپ‌های انتخابی-یاحتی در ژنوتیپ‌های غیرانتخاب‌شده نشان می‌دهد (Olivoto *et al.*, 2019).

شکل ۲c، ۲f و ۲i نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده بر اساس مشارکت هر عامل در شاخص MGIDI را نشان می‌دهد. در این نمودار، عامل‌ها به دو دسته با سهم بیشتر و سهم کمتر تقسیم می‌شوند. هرچه مشارکت یک عامل کمتر باشد (نزدیک‌تر به لبه خارجی)، ویژگی‌های داخل آن عامل نزدیک‌تر به ژنوتیپ ایده‌آل خواهد بود. دایره نقطه‌چین نشان‌دهنده ارزش نظری است که اگر همه عوامل به طور مساوی مشارکت داشته باشند (اولیوتو و همکاران، ۲۰۲۱). در منطقه داراب، ژنوتیپ‌های انتخابی شامل G23، G24، G28، G50، G58 و G60 و براساس صفات DHE، SFR، SFP و TKW (شکل ۲c-جدول ۶) بود، در منطقه دزفول ژنوتیپ‌های G18، G37، G47، G50، G55 و G60 برتر از نظر صفات SFP، TKW و YLD (شکل ۲f-جدول ۶) بودند و در میانگین بین دو منطقه ژنوتیپ‌های انتخابی شامل G19، G26، G30، G31، G32، G38، G57 و G60 و بر مبنای صفات PLH، SFR و TKW (شکل ۲i-جدول ۶) بود. در واقع این صفات کمترین ضرایب عاملی را در عامل اول داشتند که در هر منطقه بر مبنای آن صفات نزدیک به ژنوتیپ ایده‌آل بودند. ژنوتیپ انتخابی G35 در منطقه داراب (شکل ۲c-جدول ۶)، ژنوتیپ‌های G18، G37، G47، G50، G55 و G60 در منطقه دزفول (شکل ۲f-جدول ۶) و G36، G50، G52 (شکل ۲i-جدول ۶) کمترین مشارکت را در عامل دوم داشتند. بنابراین صفت DMA در منطقه داراب،

(2021) *al.* (2018) *et al.* Meier *et al.*، کارایی شاخص انتخاب FAI-BLUP را در بهبود محصولات کشاورزی گزارش کرده‌اند. (Zali & Zali *et al.*, 2023; Pour-Aboughadareh, 2023) در گیاه جو، (Dastfal *et al.*, 2022) در گیاه گندم دوروم (Tahmasebi *et al.*, 2018) در گیاه گندم نان استفاده از شاخص انتخاب SIIG جهت انتخاب ژنوتیپ‌های برتر توصیه کردند.

در میانگین دو منطقه شاخص MGIDI با شش صفت و شاخص FAI-BLUP با هفت صفت دیفرانسیل، انتخاب مطلوب را دارا بودند که در شاخص MGIDI صفت عملکرد دانه دارای دیفرانسیل انتخاب نامطلوب بود. همچنین در شاخص SIIG صفات DHE، PLH و SFR دارای دیفرانسیل انتخاب نامطلوب بودند (جدول ۵). ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده در میانگین دو منطقه بوسیله شاخص‌های MGIDI شامل ژنوتیپ‌های G19، G26، G28، G30، G31، G32، G35، G36، G38، G50، G52، G57 و G60 بود. شاخص FAI-BLUP ژنوتیپ‌های G29، G30، G35، G36، G38، G50، G52، G57 و G60 را ژنوتیپ‌های برتر معرفی نمود و ژنوتیپ‌های G2، G3، G5، G7، G10، G12، G19، G24، G25، G36، G42، G50 و G60 جزء ژنوتیپ‌های برتر توسط شاخص SIIG بودند (شکل ۲f، ۲g و جدول ۴).

در منطقه داراب در مقایسه با شاخص‌های FAI-BLUP و MGIDI، شاخص SIIG تعداد صفت بیشتری را جهت انتخاب ژنوتیپ‌های برتر ارائه نمود. در صورتی که در منطقه دزفول و میانگین دو منطقه شاخص FAI-BLUP با توجه به دیفرانسیل انتخاب مطلوب هفت صفت نسبت به شاخص دو شاخص دیگر برتر بود (جدول ۵).

دیفرانسیل گزینش نقش بسیار مهمی در اصلاح نباتات ایفا می‌کند و یکی از عوامل اساسی در توسعه برنامه‌های بهبودی نباتات است. دیفرانسیل گزینش به همراه دانش و فن آوری‌های به‌نژادی، برنامه‌های اصلاحی را در جهت بهبود صفات موردنظر در گیاهان به پیش می‌برد. به طور خلاصه، دیفرانسیل گزینش نقش کلیدی در توسعه برنامه‌های بهبودی گیاهان ایفا می‌کند. ارتباط تنوع ژنتیکی با صفات مطلوب و ارزیابی موثر فوتیپ‌ها و

گرمای آخر فصل منجر به کاهش دوره پر شدن دانه و تولید دانه-های کوچکتر می گردد (Khan & Kabir, 2014) شروع تنش گرما باعث می شود که گندم رشد رویشی خود را متوقف و به فاز زایشی و تولید سنبله وارد شود.

صفات DHE، DMA، PLH و SFR در منطقه دزفول و صفات SFP و TKW در میانگین دو منطقه عامل اصلی انتخاب ژنوتیپ ایده آل بودند. وزن هزار دانه یکی از مهمترین عوامل تعیین کننده عملکرد نهایی است، در این مطالعه نشان داده شده است ژنوتیپ های ضعیفی که وزن هزار دانه کم دارند عملکرد پایینی دارند. در حقیقت، تسریع رسیدگی گیاه تحت تنش

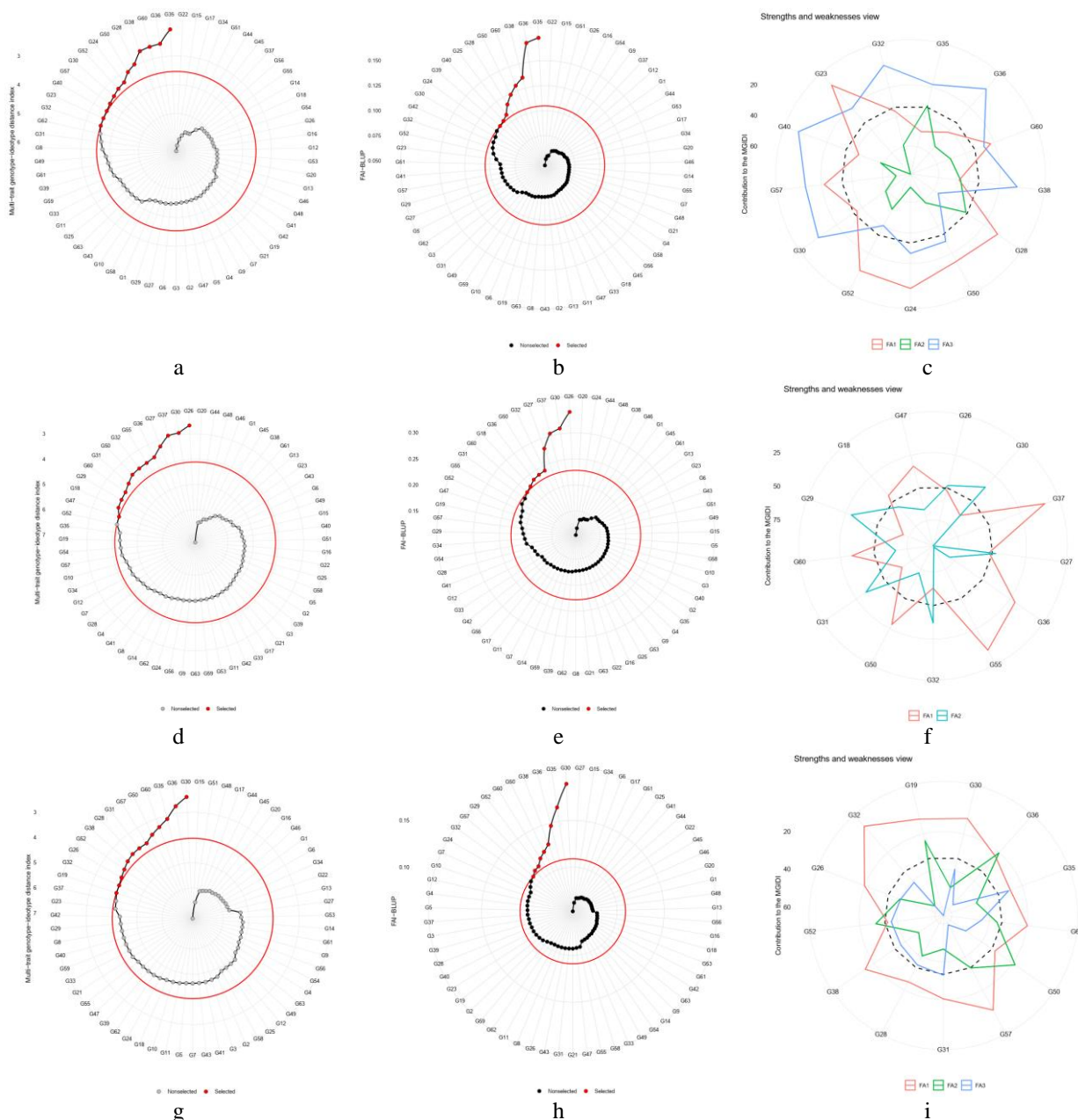


Figure 2. The ranking of bread wheat genotypes studied, respectively, for MGIDI selection index in Darab (a), Dezful (g) and the average of two regions (e), for FAI-BLUP selection index in Darab regions (b), Dezful (e) and the average of the two regions (h) and the strength and weakness chart of the MGIDI selection index in the regions of Darab (c), Dezful (f) and the average of the two regions (i)

Table 4. Grouping, ranking and SIIG selection index values in investigated bread wheat genotypes

Gen.	Darab	Rank	Dezful	Rank	Mean	Rank	Gen.	Darab	Rank	Dezful	Rank	Mean	Rank
G1	0.342	54	0.413	50	58	0.285	G33	0.459	35	0.463	46	0.405	39
G2	0.544	11	0.500	31	11	0.531	G34	0.291	60	0.487	39	0.263	60
G3	0.627	5	0.497	32	5	0.584	G35	0.464	34	0.383	53	0.399	42
G4	0.475	31	0.527	21	20	0.490	G36	0.689	2	0.599	7	0.687	1
G5	0.675	3	0.534	20	3	0.634	G37	0.451	39	0.659	1	0.520	15
G6	0.316	58	0.379	54	59	0.284	G38	0.446	41	0.282	61	0.313	53
G7	0.528	17	0.541	17	13	0.528	G39	0.329	57	0.396	51	0.252	61
G8	0.414	47	0.511	27	40	0.401	G40	0.366	53	0.365	57	0.295	57
G9	0.339	55	0.514	24	49	0.350	G41	0.548	10	0.475	43	0.526	14
G10	0.516	21	0.623	3	9	0.550	G42	0.723	1	0.490	35	0.686	2
G11	0.481	29	0.647	45	31	0.457	G43	0.532	15	0.328	59	0.460	28
G12	0.535	14	0.560	11	12	0.530	G44	0.479	30	0.369	55	0.405	38
G13	0.487	27	0.501	29	27	0.464	G45	0.440	42	0.414	49	0.369	48
G14	0.497	25	0.580	9	18	0.503	G46	0.434	45	0.316	60	0.345	50
G15	0.263	61	0.560	10	56	0.301	G47	0.434	44	0.553	13	0.445	35
G16	0.407	50	0.485	40	41	0.400	G48	0.457	36	0.391	52	0.395	44
G17	0.330	56	0.517	23	54	0.312	G49	0.524	19	0.555	12	0.497	19
G18	0.472	33	0.488	37	32	0.453	G50	0.558	9	0.616	6	0.587	4
G19	0.643	4	0.432	47	7	0.570	G51	0.233	62	0.494	33	0.243	63
G20	0.492	26	0.281	62	51	0.339	G52	0.543	12	0.520	22	0.516	16
G21	0.558	8	0.357	58	33	0.446	G53	0.409	49	0.512	26	0.393	43
G22	0.418	46	0.365	56	52	0.339	G54	0.455	37	0.586	8	0.470	24
G23	0.599	6	0.276	63	26	0.467	G55	0.397	52	0.651	2	0.459	30
G24	0.527	18	0.618	4	8	0.557	G56	0.436	43	0.492	34	0.386	46
G25	0.591	7	0.479	41	6	0.584	G57	0.482	28	0.543	15	0.459	29
G26	0.402	51	0.402	18	45	0.392	G58	0.511	23	0.477	42	0.467	25
G27	0.228	63	0.513	25	62	0.248	G59	0.514	22	0.487	38	0.485	21
G28	0.473	32	0.418	48	36	0.435	G60	0.524	20	0.617	5	0.533	10
G29	0.410	48	0.501	30	47	0.376	G61	0.531	16	0.490	36	0.505	17
G30	0.537	13	0.506	28	22	0.483	G62	0.499	24	0.537	19	0.481	23
G31	0.453	38	0.469	44	37	0.419	G63	0.446	40	0.550	14	0.446	34
G32	0.304	59	0.541	16	55	0.305							

به گرما در ذخایر ژرم پلاسما تاکید داشتند که برای اصلاح تحمل به گرما در گندم لازم است علاوه بر ارزیابی و انتخاب در برابر تنش در مرحله پر شدن دانه، به تنوع زنتیکی گندم‌های ایرانی در واکنش به تنش گرما در مرحله گرده‌افشانی نیز توجه شود.

در نهایت با توجه به نتایج نمودار قوت و ضعف انتخاب شاخص MGIDI می‌توان این نتیجه‌گیری را گرفت که در منطقه داراب دو ژنوتیپ G50 و G32، در منطقه دزفول دو ژنوتیپ G18 و G36 و در مجموع دو منطقه، دو ژنوتیپ G26 و G60 با توجه به اینکه تمام صفات اندازه‌گیری شده در این ژنوتیپ‌ها دارای ضرایب عاملی کم در کلیه عامل‌ها بودند به ژنوتیپ ایده‌آل بسیار نزدیک‌تر نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها بودند.

در واقع با شروع تنش گرما تبدیل مرحله رویشی به زایشی تسریع می‌گردد که به کاهش ارتفاع گیاه تحت تنش گرما منجر میشود (Poudel & Poudel, 2020). ژنوتیپ‌های انتخابی G57 و G40، G38، G36، G30 در صفت PLH و YLD در منطقه داراب (شکل ۲c- جدول ۶) و ژنوتیپ‌های انتخابی G28 و G35 در میانگین دو منطقه در صفات DHE و DMA (شکل ۲i-جدول ۶) نقش بالایی از نظر عامل سوم داشتند. کاهش تعداد روز از کاشت تا خوشه‌دهی و تعداد روز تا رسیدگی به دلیل وقوع تنش گرمایی انتهای فصل و کاهش در دوره رشد و نمو گندم گزارش شده است (Farooq *et al.*, 2011; Driedonks *et al.*, 2016;) (Farooq *et al.* (2011) ضمن شناسایی نمونه‌های متحمل

Table 5. Predicted selection differential for selected selection indices in selected bread wheat genotypes

Traits	Darab						
	SIIG			FAI-BLUP		MGIDI	
	AG	SD	ASG	SD	ASG	SD	ASG
DHE	110.600	2.150	112.750	-4.094	106.461	-5.248	105.300
SFR	36.390	-2.973	33.416	0.229	36.615	0.844	37.230
SFP	1.341	0.448	1.789	0.128	1.469	0.068	1.410
TKW	47.440	10.610	58.050	3.155	50.592	3.220	50.660
DMA	146.900	-0.773	146.166	-3.864	143.076	-4.403	142.500
PLH	110.700	0.133	110.833	-5.536	105.153	-4.075	106.600
YLD	7554.000	20.305	7574.706	-378.84	7176.281	-171.000	7383.000
Traits	Dezful						
	SIIG			FAI-BLUP		MGIDI	
	AG	SD	ASG	SD	ASG	SD	ASG
SFP	0.896	0.112	1.008	0.040	0.936	0.025	0.921
TKW	41.5000	4.019	45.519	2.764	44.244	2.670	44.200
YLD	4950.000	707.820	5657.821	242.519	5192.462	185.000	5135.000
DHE	102.000	1.820	103.820	-4.526	97.923	-5.370	97.100
DMA	149.000	0.102	149.102	-3.437	145.615	-3.330	146.000
PLH	92.200	3.594	95.794	-3.691	88.538	-6.000	86.200
SFR	46.600	-1.317	45.282	1.089	47.692	1.940	48.500
Traits	Mean						
	SIIG			FAI-BLUP		MGIDI	
	AG	SD	ASG	SD	ASG	SD	ASG
PLH	110.500	3.115	104.615	-3.883	97.576	-4.153	97.310
SFR	41.490	-3.182	38.307	1.082	42.576	1.928	43.420
YLD	6252.000	452.807	6704.707	38.090	6290.244	-38.350	6214.000
SFP	1.119	0.264	1.383	0.036	1.154	0.005	1.124
TKW	44.470	5.409	49.879	2.039	46.506	1.728	46.200
DHE	106.5000	2.884	109.384	-3.925	102.576	-5.272	101.200
DMA	148.000	-3.307	147.692	-2.843	145.153	-3.344	144.700

DHE: Days to heading; DMA: Days to maturity; PLH: Plant height; YLD: Grain yield; SFR: Seed filling rate; SFP: Seed filling period; TKW: Thousand grain weight; AG: Average of all genotypes; SD: Selection Differential; ASG: The average of the selected genotypes

Table 6. Eigenvalues, explained variance and factor loading after Varimax rotation in factor analysis in MGIDI and FAI-BLUP selection indices

Traits	Darab			Dezful		Mean of two regions		
	FA1	FA2	FA3	FA1	FA2	1	2	3
DHE	<u>-0.770</u>	0.531	0.166	-0.232	<u>0.925</u>	-0.424	0.397	<u>0.786</u>
DMA	-0.003	<u>0.938</u>	-0.070	0.191	<u>0.839</u>	0.060	-0.038	<u>0.951</u>
PLH	0.164	0.371	<u>0.576</u>	-0.478	<u>0.559</u>	<u>-0.712</u>	0.102	0.275
SFR	<u>-0.861</u>	-0.007	0.232	0.493	<u>-0.631</u>	<u>-0.619</u>	0.565	0.309
SFP	<u>0.955</u>	0.072	0.148	<u>-0.909</u>	0.272	0.191	<u>-0.968</u>	-0.125
TKW	<u>0.697</u>	0.068	0.325	<u>-0.845</u>	-0.049	-0.096	<u>-0.925</u>	-0.004
YLD	0.086	0.220	<u>-0.832</u>	<u>-0.621</u>	0.094	<u>0.848</u>	0.066	0.164
Eigenvalues	2.8	1.38	1.16	3.36	1.54	3.19	1.43	1.23
Relative variance (%)	4.003	1.97	1.67	4.8	0.22	4.65	2.04	1.76
Cumulative variance (%)	40.03	59.82	76.51	48	70	45.69	66.16	83.81

DHE: Days to heading; DMA: Days to maturity; PLH: Plant height; YLD: Grain yield; SFR: Seed filling rate; SFP: Seed filling period; TKW: Thousand grain weight

شاخص SIIG با دو شاخص دیگر کمتر بود. در منطقه داراب، ژنوتیپ‌های (G50 و G36)، در منطقه دزفول ژنوتیپ‌های (G36، G37 و G60) و در میانگین دو منطقه نیز ژنوتیپ (G36، G50 و G60) بین شاخص‌های انتخاب مورد بررسی، مشترک بود.

جدول ۷ نتایج ضریب تطابق و ژنوتیپ‌های مشترک بین شاخص‌های انتخاب مورد بررسی را نشان می‌دهد، که نشان‌دهنده میزان ارتباط بین شاخص‌ها می‌باشد. نتایج نشان داد بیشترین میزان تطابق بین شاخص‌ها، مربوط به شاخص MGIDI و FAI-BLUP می‌باشد و ارتباط

عسکری کلسستانی و همکاران: شناسایی ژنوتیپ‌های برتر گندم...

G50، G52 و G60 (شکل ۳d)، بر اساس شاخص FAI-BLUP ژنوتیپ‌های G32، G36، G47، G50، G52 و G60 (شکل ۳e) و بر اساس شاخص SIIG ژنوتیپ‌های G10، G12، G14، G15، G24، G36، G37، G49، G50، G54، G55 و G60 (شکل ۳f) انتخاب شدند. همچنین در میانگین دو منطقه بر اساس شاخص MGIDI ژنوتیپ‌های G26، G28، G31، G50، G52 و G60 (شکل ۳g)، بر اساس شاخص FAI-BLUP ژنوتیپ‌های G24، G50، G52 و G60 (شکل ۳h) و نهایتاً بر اساس شاخص SIIG ژنوتیپ‌های G2، G3، G5، G7، G10، G12، G24، G50، G52 و G60 (شکل ۳i) انتخاب شدند.

بررسی نتایج انتخاب ژنوتیپ‌ها در کلیه نمودار دو بعدی نشان داد که تمامی ژنوتیپ‌های انتخابی از سه شاهد برتر بودند. در نهایت بر اساس این نمودارها، ژنوتیپ‌های G50، G52 و G60 را می‌توان به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر در این تحقیق معرفی کرد. Zali et. (2023) طی تحقیقی که در چهار منطقه اقلیم گرم و خشک کشور انجام شده بود بر اساس شاخص انتخاب، برای هر منطقه و کل مناطق، ژنوتیپ‌های برتر را شناسایی و معرفی کرد.

نتایج بررسی شاخص‌های انتخاب، تجزیه عامل‌ها و دیفرانسیل‌گزینش نشان داد که در برخی موارد شاخص‌های انتخاب، نتوانستند ژنوتیپ‌های برتر را بر اساس مقدار ایده‌آل عملکرد دانه انتخاب کنند یا این‌که اگر بر اساس تمام صفات، شاخصی ژنوتیپی انتخاب کرده است برخی ژنوتیپ‌های انتخابی دارای عملکرد دانه پایینی می‌باشند؛ بنابراین برای گزینش ژنوتیپ‌های ایده‌آل با عملکرد دانه بالا از نمودار دو بعدی عملکرد دانه و شاخص‌های انتخاب استفاده شد. نهایتاً ژنوتیپ‌هایی انتخاب گردیدند که دارای شاخص انتخاب برتر و عملکرد دانه آن‌ها از متوسط عملکرد دانه بالاتر بودند (Shirzad et al., 2022).

شکل ۳ ژنوتیپ‌های شاهد با رنگ قرمز و ژنوتیپ‌های انتخاب شده برتر با رنگ سبز نمایش داده شده است. نتایج نمودار دو بعدی نشان داد که در منطقه داراب بر اساس شاخص MGIDI ژنوتیپ‌های G28، G50، G52 و G60 (شکل ۳a)، بر اساس شاخص FAI-BLUP ژنوتیپ‌های G24، G28، G50، G52 و G60 (شکل ۳b) و بر اساس شاخص SIIG ژنوتیپ‌های G3، G5، G19، G21، G23، G50 و G52 (شکل ۳c) انتخاب شدند. همچنین در منطقه دزفول بر اساس شاخص MGIDI ژنوتیپ‌های G32، G36، G47

Table 7. Coincidence index and shared genotypes for each pair of investigated indice

Region	Index 1	Index 2	Shared genotypes	Coincidence index
Darab	MGIID	SIIG	G23, G30, G36, G50, G52	37.60
	MGIID	FAI-BLUP	G36, G40, G50, G60 G24, G28, G30, G32,	70.79
	SIIG	FAI-BLUP	G25, G36, G42, G50	37.60
Dezful	MGIID	SIIG	G36, G37, G47, G50, G55, G60	45.12
	MGIID	FAI-BLUP	G18, G26, G27, G30, G31, G32, G36, G37, G47, G50, G55, G60	90.26
	SIIG	FAI-BLUP	G36, G37, G50, G55, G60	37.60
Mean	MGIID	SIIG	G36, G50, G60	22.56
	MGIID	FAI-BLUP	G30, G32, G35, G36, G38, G50, G52, G57, G60	67.68
	SIIG	FAI-BLUP	G24, G36, G50, G60	30.08

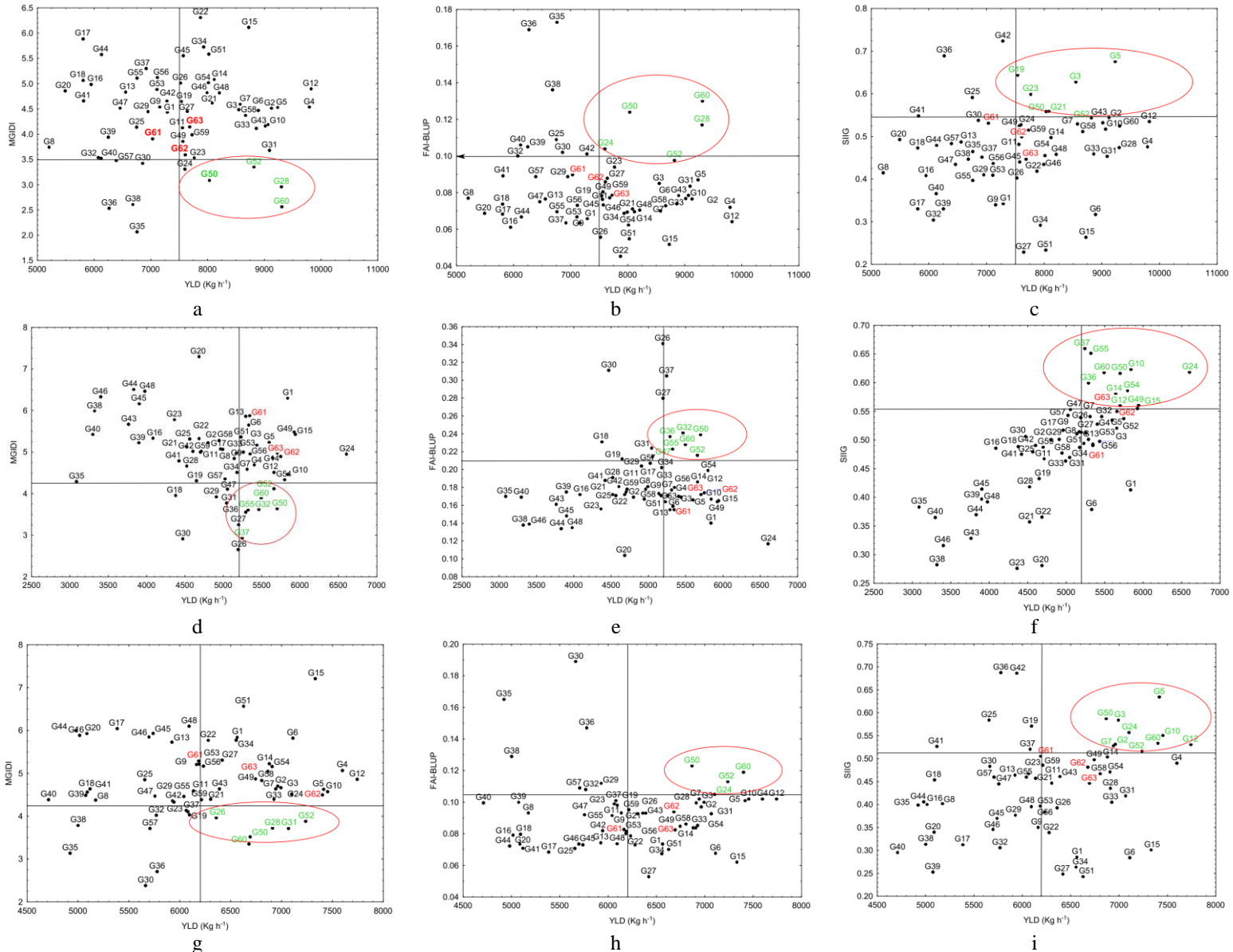


Figure 3. Two-dimensional diagram of grain yield and MGIDI index (a), FAI-BLUP (b) and SIIG (c) in Darab region, two-dimensional diagram of grain yield and MGIDI index (d), FAI-BLUP (e) and SIIG (f) in Dezful region and two-dimensional diagram of grain yield and MGIDI index (g), FAI-BLUP (h) and SIIG (i) in the average of two regions

BLUP، در نظر گرفتن تمام صفات اندازه گیری شده است. اغلب پژوهشگران و اصلاح گران سعی می کنند چندین صفت مورد نظر را در یک ژنوتیپ جدید ترکیب کنند تا عملکرد بالایی در تولید بدست آورند. با استفاده از این روش ها، می توان صفات مهم را شناسایی کرده و ژنوتیپ هایی با صفات مطلوب را به سادگی انتخاب کرد. بنابراین، این شاخص ها به عنوان روش های جدیدی برای

نتیجه گیری

در مناطق گرمسیری، انتخاب ژنوتیپ ها صرفا بر اساس عملکرد بالای دانه ممکن است نتایج مطلوبی به همراه نداشته باشد. در واقع، در این نواحی بهتر است صفات دیگری مانند ارتفاع کمتر بوته و زودرسی نیز مد نظر قرار بگیرند. انتخاب بر اساس صفات متنوع می تواند در بهبود برنامه های به ژنرادی به شدت مفید باشد. یکی از مزایای سه شاخص انتخاب SIIG، MGIDI و FAI-

نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های G50، G52 و G60 را می‌توان به عنوان ژنوتیپ‌های برتر در این تحقیق معرفی کرد که جهت آزمایشات تکمیلی دو منطقه گرم داراب و دزفول در آزمایش‌های مقدماتی گندم نان به همراه ژنوتیپ‌های انتخابی بین‌المللی ارسالی از مرکز تحقیقات سیمیت مکزیک کشت و مورد بررسی قرار داد.

سپاس‌گزاری

این مقاله برگرفته از پروژه ملی موسسه اصلاح و تهیه و نهال و بذر به شماره مصوب ۰۳-۵۰-۰۳-۰۷۲-۰۱۰۷۰۹ می‌باشد. از موسسه اصلاح و تهیه و نهال و بذر به سبب تامین هزینه‌های مالی و همچنین از تمامی همکاران محترم ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی داراب و مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی صفی‌آباد دزفول، بخش غلات که در انجام این پروژه ما را یاری نموده‌اند، کمال تشکر و قدردانی داریم.

انتخاب ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های به‌نژادی استفاده می‌شوند.

نتایج بررسی شاخص‌های مختلف انتخاب در این تحقیق نشان داد که شاخص انتخاب FAI-BLUP به‌طور میانگین در داراب، دزفول و میانگین دو منطقه از صفات بیشتری با دیفرانسیل‌گزینش مطلوب در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر استفاده کرده است. علاوه بر دیفرانسیل‌گزینش، همبستگی بین صفات با این شاخص‌ها نتایج نشان داد که شاخص انتخاب FAI-BLUP در مجموع با تعداد بیشتری از صفات در مقایسه با دو شاخص انتخاب دیگر همبستگی معنی‌داری داشت (نتایج گزارش نشده است) و می‌توان گفت در شرایط این تحقیق این شاخص نسبت به دو شاخص دیگر برتری نسبی در انتخاب ژنوتیپ‌های ایده‌آل داشته است.

نتایج انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس دو شاخص عملکرد دانه و شاخص انتخاب در نمودار دو بعدی نشان داد که تمامی ژنوتیپ‌های انتخابی از سه شاهد برتر بودند. این

References

- Barati, A., Zali, H., Marzoqian, A., Naghipour, F., Pour-Aboughadareh, A., & Kelestani, A. A. (2022). Selection of hull-less barley lines using the selection index of ideal genotype (SIIG) in Ahvaz and Darab regions. *Crop Production*, 15 (2), 161-181. [In Persian]
- Cerón- Rojas, J. J., & Crossa, J. (2022). The statistical theory of linear selection indices from phenotypic to genomic selection. *Crop Science*, 62 (2), 537-563.
- Cuong, D. M., Kwon, S.-J., Nguyen, B. V., Chun, S. W., Kim, J. K., & Park, S. U. (2020). Effect of salinity stress on phenylpropanoid genes expression and related gene expression in wheat sprout. *Agronomy*, 10 (3), 390.
- Dastfal, M., Aghaee-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]
- Driedonks, N., Rieu, I., & Vriezen, W. H. (2016). Breeding for plant heat tolerance at vegetative and reproductive stages. *Plant Reprod*, 29, 67-79.
- Egli, D. B. (2004). Seed-fill duration and yield of grain crops. *Advances in Agronomy*, 83, 243.
- Farhad, M., Kumar, U., Tomar, V., Bhati, P. K., Krishnan J, N., Barek, V., Brestic, M., & Hossain, A. (2023). Heat stress in wheat: a global challenge to feed billions in the current era of the changing climate. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 7, 1203721.
- Farooq, M., Bramley, H., Palta, J. A., & Siddique, K. H. M. (2011). Heat stress in wheat during reproductive and grain-filling phases, *Critical Reviews in Plant Sciences*, 30, 491507.
- Gholizadeh, A., Ghaffari, M., & Shariati, F. (2021). Use of selection index of ideal genotype (SIIG) in order to select new high yielding sunflower hybrids with desirable agronomic characteristics. *Journal of Crop Breeding*, 13 (38), 116-123. [In Persian]

- Holland, J. B. (2006). Estimating genotypic correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc MIXED. *Crop Science*, 46 (2), 642-654.
- Hosseini, M., Honarnejad, M., & Tarang A. R. (2005). Study of gene effects and combining ability of quantitative characteristics and grain quality in rice. *Iranian Journal of Agriculture Science*. 32 (1): 21-32. [In Persian]
- Jahufer, M., & Casler, M. (2015). Application of the Smith- Hazel selection index for improving biomass yield and quality of switchgrass. *Crop Science*, 55 (3), 1212-1222.
- Jalal Kamali, M.R., & Duveiller. E. (2008). Wheat production and research in Iran: A success story. *International Symposium on Wheat Yield Potential, Challenges to International Wheat Breeding*, 54 -58 pp., Mexico, CIMMYT.
- Khan, A. A., & Kabir, M. R. (2014). Evaluation of spring wheat genotypes (*Triticum aestivum* L.) for heat stress tolerance using different stress tolerance indices, *Cercetari agronomice in Moldova*, 47 (4), 49-63.
- Lark, T. J., Schelly, I. H., & Gibbs, H. K. (2021). Accuracy, bias, and improvements in mapping crops and cropland across the United States using the USDA cropland data layer. *Remote Sensing*, 13 (5), 968.
- León, R., Rosero, A., García, J.-L., Morelo, J., Orozco, A., Silva, G., De la Ossa, V., Correa, E., Cordero, C., & Villalba, L. (2021). Multi-trait selection indices for identifying new cassava varieties adapted to the Caribbean region of Colombia. *Agronomy*, 11 (9), 1694.
- Lynch, M., & Walsh, B. (1998). Genetics and analysis of quantitative traits (Vol. 1). *Sinauer Sunderland, MA*.
- Meier, C., Marchioro, V. S., Meira, D., Olivoto, T., & Klein, L. A. (2021). Genetic parameters and multiple-trait selection in wheat genotypes. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 51, e67996.
- Mishra, D., Shekhar, S., Chakraborty, S., & Chakraborty, N. (2021). High temperature stress responses and wheat: impacts and alleviation strategies. *Environmental and experimental botany*, 190, 104589.
- Mondal, S., Singh, R., Mason, E., Huerta-Espino, J., Autrique, E., & Joshi, A. (2016). Grain yield, adaptation and progress in breeding for early-maturing and heat-tolerant wheat lines in South Asia. *Field crops research*, 192, 78-85.
- Olivoto, T., Lúcio, A. D., da Silva, J. A., Sari, B. G., & Diel, M. I. (2019). Mean performance and stability in multi- environment trials II: Selection based on multiple traits. *Agronomy Journal*, 111 (6), 2961-2969.
- Olivoto, T., & Nardino, M. (2020). MGIDI: A novel multi-trait index for genotype selection in plant breeding. *Agricultural and Food Sciences, Biology*, 2020.2007. 2023.217778.
- Olivoto, T., & Nardino, M. (2021). MGIDI: Toward an effective multivariate selection in biological experiments. *Bioinformatics*, 37 (10), 1383-1389.
- Patterson, H. D., & Thompson, R. (1971). Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 58(3), 545-554.
- Poudel, P. B., & Poudel, M. R. (2020). Heat stress effects and tolerance in wheat: A review. *Journal of Biology*, 9 (3), 1-6.
- Pour-Aboughadareh, A., & Poczai, P. (2021). Dataset on the use of MGIDI index in screening drought-tolerant wild wheat accessions at the early growth stage. *Data in Brief*, 36, 107096.
- Resende, M. d., Silva, F. e., & Azevedo, C. (2014). Estatística matemática, biométrica e computacional: Modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência. *Viçosa: UFV*.
- Rocha, J. R. d. A. S. d. C., 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 Bioenergy*, 10 (1), 52-60.

- Shirzad, A., Asghari, A., Zali, H., Sofalian, O., & Chamanabad, H. M. (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 Persian]
- Silva, L. A., Peixoto, M. A., Peixoto, L. d. A., Romero, J. V., & Bhering, L. L. (2021). Multi-trait genomic selection indexes applied to identification of superior genotypes. *Bragantia*, 80, e3621.
- Tadili, S., Asghari, A., Karimizadeh, R., Sofalian, O., & Chamanabad, H. M. (2020). Evaluation of drought stress tolerance in advanced lines durum wheat using the selection index of ideal genotype (SIIG). *Journal of Crop Ecophysiology*, 45-62. [In Persian]
- Tahmasebi, S., Dastfal, M., Zali, H., & Rajaie, M. (2018). Drought tolerance evaluation of bread wheat cultivars and promising lines in warm and dry climate of the south. *Cereal Research*, 8 (2), 209-225. [In Persian]
- Uddin, M. S., Billah, M., Afroz, R., Rahman, S., Jahan, N., Hossain, M. G., Bagum, S. A., Uddin, M. S., Khaldun, A. B. M., & Azam, M. G. (2021). Evaluation of 130 eggplant (*Solanum melongena* L.) genotypes for future breeding program based on qualitative and quantitative traits, and various genetic parameters. *Horticulturae*, 7 (10), 376.
- Wahid, A., Gelani, S., Ashraf, M., & Foolad, M. R. (2007). Heat tolerance in plants: an overview. *Environmental and Experimental Botany*, 61 (3): 199 -223.
- Wei, C., Jiao, Q., Agathokleous, E., Liu, H., Li, G., Zhang, J., Fahad, S., & Jiang, Y. (2022). Hormetic effects of zinc on growth and antioxidant defense system of wheat plants. *Science of The Total Environment*, 807, 150992.
- Yaghotipoor, A., Farshadfar, E. A., & Saeidi, M. (2017). Evaluation of drought tolerance in bread wheat genotypes using new mixed method. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 10 (2), 247-256.
- Zali, H., Barati, A., Pour-Aboughadareh, A., Gholipour, A., Koohkan, S., Marzoghiyan, A., Bocianowski, J., Bujak, H., & Nowosad, K. (2023). Identification of superior barley genotypes using selection index of ideal genotype (SIIG). *Plants*, 12 (9), 1843.
- Zali, H., & Pour-Aboughadareh, A. (2023). Identification of superior genotypes of barley for cultivation the south regions of Fars province using MGIDI and FAI-BLUP indices. *Plant Productions*, 46(3), 335-351. [In Persian]
- Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asgharii, A., & Hoseini, S. M. (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.
- Zine, ZAF. Hannachi, F., & Benmahammed, A. (2021). Utilization of Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index (MGIDI) increases expected genetic gains for simultaneous improvement of wheat ttait: Conference: BGRI 2021 Technical Workshop October 6-8.