Plant Prod., 2025, 48(2),189-205
https://plantproduction.scu.ac.ir/
ISSN (P): 2588-543X; **ISSN (E):** 2588-5979
Doi: 10.22055/ppd.2025.48230.2221
Received: 27 October 2024
Accepted: 02 March 2025

Plant Productions
Research Article

Selection of bread wheat genotypes based on multi-trait selection index (MGIDI and SIIG)

Mahnaz Rahmati [1*], Rahmatollah Karimizadeh [2]

1. Assistant Professor, Department of Agricultural and Horticultural Research, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Resaerch, Education and Extension Organization (AREEO), Khorramabad, Iran
2. Associated Professor, Kohgiloyeh and Boyerahmad Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Dryland Agricultural Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gachsaran, Iran

Citation: Rahmati, M., Karimizadeh, R. (2025). Selection of bread wheat genotypes based on multi-trait selection index (MGIDI and SIIG). *Plant Productions,* 48(2), 189-205.

Abstract

Introduction

Crop development and breeding are critical for ensuring food security, improving nutritional quality, and mitigating the impact of changing climate. However, these processes are inherently complex, requiring the evaluation and selection of genotypes based on multiple traits. In this context, the Multi-traits Genotype-Ideotype Distance Index (MGIDI) and the Selection Index of Ideal Genotype (SIIG) have emerged as robust and versatile tools for identifying superior genotypes across a range of traits. These multivariate selection indices consolidate information from various agronomic characteristics into a single value, allowing for the effective ranking of genotypes based on their distance from an ideal genotype. The present study aimed to identify promising bread wheat genotypes using the MGIDI and SIIG indices, with a focus on yield and other key agronomic traits.

Material and Methods

In this study, 14 promising wheat lines - selected from the wheat breeding program of the Rainfed Agriculture Research Institute and provided by the ICARDA international research center – along with two check cultivars, were evaluated using a randomized complete blocks design (RCBD) with three replications. The experiment was conducted at the Sarab-Chengaei research station during the 2021-2023 cropping seasons. Each experimental plot consisted of eight cropping rows, each 6 meters long, spaced 15 cm apart, with a seeding density of 350 seeds per square meter. Fertilization was applied based on soil chemical analysis. The traits measured included days to heading, days to maturity, plant height, 1000-kernel weight, grain filling period, peduncle length, grain filling rate, awn length, number of spikelet per spike, spike density, number of grains per spike, grain weight per spike and grain yield. All plots were harvested using an experimental grain harvester.

* **Corresponding Author:** Mahnaz Rahmati
E-mail: avinmahnaz@gmail.com

© 2025 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

Results and Discussion

Combined variance analysis revealed that genotype effects were significant for days to heading, days to maturity, grain filling period, spike length, awn length, spike density and 1000-kernel weight. Genotypes G15, G14, G2, G10, and G8 recorded the highest grain yield, averaging 4169, 3911, 3907, 3870 and 3809 kg ha^{-1}, respectively. Based on the MGIDI index, lines G2 and G15 were identified as desirable genotypes. Factor analysis extracted five factors that collectively explained 88.9% of the total phenotypic variation among genotypes. According to the SIIG index, genotypes G2, G15 and G9 were superior, exhibiting the highest SIIG values. A positive and significant correlation was observed between grain yield and number of grains per square meter, grain filling rate, and peduncle length, indicating that these traits play a key role in enhancing yield performance. Cluster analysis classified the genotypes into three main clusters: Class 1 included early-maturing genotypes with low yield; Class 2 comprised genotypes with later maturity and low yield; and Class 3 contained early- maturing genotypes with high yield potential.

Conclusion

Line G15 and the Qaboos cultivar, which had the lowest MGIDI values and yields above the average of all genotypes, were identified as ideotypes based on the MGIDI index. According to the SIIG index, lines G15 and G9, along with the Qaboos control cultivar, were recognized as the top-performing genotypes. Therefore, line G15 is recommended for use in future breeding programs or as a promising candidate for cultivar release. The high yield performance of the Qaboos cultivar further supports its suitability for cultivation in regions with climatic conditions similar to those of the experimental site.

Keywords: Ideotype genotype, Rain-fed conditions, Selection differential

تولیدات گیاهی، ۱۴۰۴، ۴۸(۲)، ۱۸۹-۲۰۵
https://plantproduction.scu.ac.ir/
ISSN (P): 2588-543X; **ISSN (E):** 2588-5979
Doi: 10.22055/ppd.2025.48230.2221
تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۸/۰۶
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۲/۱۲

تولیدات گیاهی
مقاله پژوهشی

گزینش ژنوتیپ‌های گندم نان با استفاده از شاخص‌های انتخاب مبتنی بر چندین صفت (SIIG و MGIDI)

مهناز رحمتی[۱*]، رحمت‌الله کریمی‌زاده[۲]

۱- استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم آباد، ایران

۲- دانشیار، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی کهگیلویه و بویراحمد، موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گچساران، ایران

چکیده

یکی از اهداف مهم به‌نژادگران توسعهٔ ژنوتیپ‌های جدید با عملکرد بالا همراه با صفات مطلوب زراعی می‌باشد. بنابراین انتخاب ژنوتیپ یک گام مهم در برنامه‌های به‌نژادی با هدف شناسایی ژنوتیپ‌های برتر می‌باشد. در سال‌های اخیر شاخص‌های گزینش MGIDI و SIIG برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بر اساس عملکرد و صفات مختلف به طور همزمان معرفی شده‌اند. هدف از انجام این پژوهش گزینش لاین‌های امیدبخش گندم نان بر اساس عملکرد و سایر صفات زراعی با استفاده از شاخص‌های گزینش SIIG و MGIDI بود. در این پژوهش ۱۴ لاین انتخابی از برنامهٔ به‌نژادی گندم مؤسسهٔ تحقیقات کشاورزی دیم وارسالی از مرکز تحقیقات بین‌المللی ایکاردا به همراه دو رقم شاهد آفتاب و قابوس در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در ایستگاه تحقیقات سراب چنگایی در دو سال زراعی ۱۴۰۰ و ۱۴۰۲ ارزیابی شدند. بیشترین عملکرد دانه برای ژنوتیپ‌های G15، G14، G2 (رقم قابوس)، G10 و G8 به ترتیب با میانگین عملکرد دانه ۴۱۶۹، ۳۹۱۱، ۳۹۰۷، ۳۸۷۰ و ۳۸۰۹ کیلوگرم در هکتار حاصل شد. همبستگی مثبت و معنی‌داری بین عملکرد دانه با تعداد دانه در متر مربع و سرعت پرشدن دانه وطول پدانکل مشاهده شد که بیانگر اهمیت این صفات در بهبود عملکرد ژنوتیپ‌ها می‌باشد. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها به سه گروه ژنوتیپ‌های زودرس با عملکرد دانهٔ پایین (گروه ۱)، ژنوتیپ‌های دیررس با عملکرد دانهٔ پایین (گروه ۲) و ژنوتیپ‌های زودرس با عملکرد دانهٔ بالا (گروه ۳) گروه بندی شدند. بر اساس نتایج شاخص گزینش MGIDI، ژنوتیپ‌های G15 و G2 (رقم قابوس) با کمترین مقدار شاخص و بیشترین عملکرد نسبت به سایر ژنوتیپ‌های موردارزیابی به عنوان ژنوتیپ‌های ایده‌آل بر اساس شاخص MGIDI گزینش شدند. ارزیابی ژنوتیپ‌ها از نظر شاخص SIIG نیز نشان داد که ژنوتیپ‌های G2، G15 و G9 با بیشترین مقدار شاخص SIIG جزو برترین ژنوتیپ‌ها بودند. به این ترتیب، لاین G15 برای برنامه‌های به نژادی بعدی یا به عنوان لاین امیدبخش برای برنامهٔ معرفی رقم پیشنهاد می‌شود. عملکرد بالای رقم قابوس مزیت کشت این رقم را در منطقهٔ اجرای آزمایش و اقلیم‌های مشابه نشان می‌دهد.

کلید واژه‌ها: دیفرانسیل گزینش، ژنوتیپ ایده‌آل، شرایط دیم

---

* **نویسنده مسئول:** مهناز رحمتی
رایانامه: avinmahnaz@gmail.com

مقدمه

بهبود و اصلاح محصولات برای تضمین امنیت غذایی، بهبود کیفیت تغذیه و سازگاری با تغییرات آب و هوایی بسیار مهم است. در سال‌های اخیر افزایش عملکرد گندم نتیجهٔ تلاش‌های تحقیقاتی در برنامه‌های به نژادی گونه‌ها با هدف دستیابی به ژنوتیپ‌های برتر از نظرصفات زراعی، سازگاری و تغذیه‌ای بوده است که با مدیریت صحیح در مزرعه و استفاده از تکنیک‌های بهبودیافته همراه بوده‌است (Chaves *et al.*, 2020). از طرفی بهبود و اصلاح محصولات فرایندی مشکل و پیچیده است که به ارزیابی و انتخاب ژنوتیپ‌ها براساس چندین صفت نیاز دارد (Debnath *et al.*, 2024). انتخاب ژنوتیپ یک گام مهم در برنامه‌های به نژادی با هدف شناسایی ژنوتیپ‌های برتر با عملکرد بالا همراه با صفات مطلوب زراعی می‌باشد. به طور معمول شاخص‌های انتخاب خطی کلاسیک مثل شاخص اسمیت-هزل برای رتبه‌بندی و شناسایی ژنوتیپ‌ها بر اساس چندین صفت استفاده می‌شود، لکن این شاخص محدودیت‌هایی همچون ضرایب وزنی دلخواه و هم راستایی چندگانه را شامل می‌شود (Ceron-Rojas and Crossa, 2018). از سوی دیگر، شیوه‌های سنتی انتخاب ژنوتیپ‌ها به علت منابع، زمان، مهارت و دانش ناکافی غالباً با محدودیت مواجه هستند. بنابراین، استفاده از تکنیک‌های انتخاب مؤثر و کارا که بتوانند بر اساس چندین صفت، ژنوتیپ‌ها را طبقه‌بندی نمایند، ضروری است. یکی از این روش‌ها شاخص فاصلهٔ ژنوتیپ-ایدئوتیپ چندصفتی (MGIDI)[1] می‌باشد (Olivoto and Nardino, 2021). شاخص MGIDI، یک تکنیک قوی برای انتخاب ژنوتیپ-های برتر بر اساس چندین صفت مختلف می‌باشد. شاخص MGIDI، یک شاخص انتخاب چند متغیره است که اطلاعات مربوط به صفات مختلف را در یک ارزش جمع می‌کند و ژنوتیپ‌ها بر اساس فاصله‌شان از یک ژنوتیپ ایده‌آل رتبه‌بندی می‌کند (Olivoto and Nardino, 2020). یک ژنوتیپ فرضی با بهترین ارزش‌های ممکن برای هر صفت به عنوان ژنوتیپ ایده‌آل نامیده می‌شود. فرمول فاصلهٔ اقلیدوسی وزنی برای محاسبه فاصلهٔ بین ژنوتیپ ایده‌آل و هر ژنوتیپ به‌کار می‌رود (Olivoto and Lucio, 2020). به هر صفت بسته به ارزش آن صفت یا نزدیکی آن به ژنوتیپ‌های برتری که کمترین فاصله را از ژنوتیپ ایده‌آل دارند، وزنی اختصاص داده می‌شود. در شاخص MGIDI از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای تقسیم‌بندی صفات به مؤلفه‌ها استفاده می‌شود. به عبارتی از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای کاهش ابعاد داده‌ها با تبدیل صفات همبسته به مؤلفه‌های غیرهمبسته استفاده می‌شود. به این ترتیب در شاخص MGIDI از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی استفاده می‌شود تا صفات به عامل‌هایی که نمایندهٔ ابعاد مختلف داده‌ها می‌باشند، گروه‌بندی شوند. از این عامل‌ها می‌توان برای شناسایی ژنوتیپ‌ها براساس چندین صفت به دور از هم‌راستایی چندگانه استفاده نمود.

شاخص MGIDI به به‌نژادگران این امکان را می‌دهد که معیارهای انتخاب جامعی مانند وزن‌دهی به ژنوتیپ‌ها و نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌ها را بررسی نمایند (Olivoto and Nardino, 2020). شاخص MGIDI یک نمایش گرافیکی از ژنوتیپ‌ها بر اساس نمرات عامل آن‌ها است که موقعیت آن‌ها در هر عامل را نشان می‌دهد. این نمایش گرافیکی می‌تواند به مقایسه ژنوتیپ‌ها با ژنوتیپ ایده‌آل کمک نماید. شاخص MGIDI، چشم‌اندازهایی را در بهبود و اصلاح محصول در زمینه‌های مختلف از جمله سازوکارهای پاسخ به خشکی، ارزش غذایی و بهره‌وری، عملکرد بالا، زودرسی و تحمل به تنش‌ها نشان داده است (Debnath *et al.*, 2024). شاخص MGIDI، یک ابزار قوی برای انتخاب ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های به نژادی است، زیرا با مدیریت مبتنی بر چند صفت، داده‌های جدید، قوی، آسان و کاربردی برای ارزیابی داده‌های چند متغیره ارائه می‌دهد (Debnath *et al.*, 2024). شاخص MGIDI توسط برخی از محققان برای انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و برای ارزیابی بیشتر بر اساس صفات مختلف در گندم

1- Multi trait genotype ideotype distance index

استفاده شده است (Al-Ashkar *et al.,* 2023; Nardino *et al.,* 2022; Lima *et al.,* 2022).

یکی دیگر از شاخص‌های انتخاب بر پایهٔ انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عملکرد و صفات مختلف به‌طورهمزمان، شاخص SIIG[2] می‌باشد. شاخص SIIG برگرفته از مدل TOPSIS[3] اولویت‌بندی بر اساس شباهت به راه حل ایده‌آل می‌باشد که نخستین بار به وسیله ونگ و یون (۱۹۸۱) به عنوان یک روش تصمیم گیری چند معیاره معرفی شد (Zali *et al.,* 2015). از روش SIIG می‌توان برای رتبه‌بندی و مقایسه بهتر ژنوتیپ‌های مختلف و انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها و تعیین فواصل بین ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی آن‌ها استفاده نمود (Zali *et al.,* 2015). در این شاخص صفات مختلف در قالب یک آمارهٔ جدید ترکیب می‌شوند و می‌توان بر اساس آن روند بهتری برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها ارائه داد. یکی از مزایای استفاده از شاخص‌های انتخاب بر اساس چندین صفت مانند MGIDI و SIIG در نظرگرفتن تمام صفات اندازه‌گیری شده و اثرات آن در انتخاب ژنوتیپ‌ها است. به‌عبارت دیگر، در این روش‌ها صفات مختلف در انتخاب ژنوتیپ‌ها به‌طور مستقیم سهیم خواهند بود. در تحقیق حاضر به منظور شناسایی بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد و سایر صفات زراعی از شاخص گزینش ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) نیز استفاده شد. از شاخص SIIG در گندم (Tadili *et al.,* 2020; Dastfal *et al.,* 2022; Najafi-Mirak *et al.,* 2018) به منظور شناسایی ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد و سایر صفات زراعی استفاده شده است.

هدف از انجام این تحقیق گزینش ژنوتیپ‌های امیدبخش گندم نان بر اساس عملکرد و سایر صفات زراعی با استفاده از شاخص‌های گزینشی SIIG و MGIDI بود.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش ۱۴ لاین گزینشی از برنامه‌های به‌نژادی گندم مؤسسهٔ تحقیقات کشاورزی دیم و ارسالی از مرکز تحقیقات بین‌المللی ایکاردا به همراه دو رقم شاهد (آفتاب و قابوس) در ایستگاه تحقیقات سراب چنگایی شهرستان خرم‌آباد در دو سال زراعی ۱۴۰۰ و ۱۴۰۲ ارزیابی شدند. فهرست ارقام و لاین‌ها در جدول ۱ ارائه شده است. اطلاعات هواشناسی مکان اجرای آزمایش در شکل ۱ ارائه شده است. مزرعه مکان اجرای آزمایش در سال قبل از اجرای آزمایش زیر کشت نخود بود. ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار در شرایط دیم در هشت ردیف به طول شش متر با فاصله ردیف ۱۵ سانتی‌متر کاشته شدند. کاشت با استفاده از بذرکار آزمایشی انجام پذیرفت. برای ضدعفونی بذر در برابر بیماری‌های قارچی از سم سیستمیک دیفنوکونازول استفاده شد. عمق کاشت چهار سانتی‌متر در نظر گرفته شد. مقدار مصرف کودهای اوره (نیترات آمونیوم)، فسفاته (از منبع کود سوپرفسفات تریپل) و پتاس (سولفات پتاسیم) به میزان ۱۰۰، ۵۰ و ۵۰ کیلوگرم در هکتار و به طور یکنواخت در کرت‌های آزمایشی مصرف شد. در مرحلهٔ پنجه‌زنی از علف‌کش‌های تاپیک و گرانستار به میزان یک لیتر و ۲۰ گرم در هکتار برای کنترل علف‌های هرز پهن برگ و باریک برگ استفاده شد. صفات مورد ارزیابی شامل روز تا سنبله‌دهی و رسیدگی، طول مدت پرشدن دانه، ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک، تعداد سنبلچه در سنبله، تراکم سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، وزن هزار دانه، تعداد دانه در مترمربع، سرعت پرشدن دانه و عملکرد دانه بودند. عملکرد دانه از وزن دانه در هر کرت به دست آمد که به کیلوگرم در هکتار تبدیل شد. تعداد روز تا سنبله‌دهی از تاریخ سبز شدن تا ظهور سنبله ۵۰ درصد بوته‌ها در کرت و تعداد روز تا رسیدگی از تاریخ سبز شدن تا زرد شدن کامل پدانکل ۵۰ درصد بوته‌ها در کرت محاسبه شد.

2- Selection index of ideal genotype

3- The technique for order of preference by similarity to ideal solution

سرعت پرشدن دانه از تقسیم عملکرد دانه به طول مدت پرشدن دانه، طول مدت پرشدن دانه از تفاوت روز تا رسیدگی و روز سنبله‌دهی، تعداد دانه در کرت از تقسیم وزن کل دانه در هر کرت بر وزن تک دانه، تراکم سنبله از تقسیم تعداد سنبلچه در سنبله بر طول سنبله (میلی‌متر) محاسبه شد. وزن هزار دانه پس از محاسبه وزن ۲۰۰ دانه و ضرب آن در عدد ۵ به دست آمد. در این مطالعه کلیهٔ صفات مورد ارزیابی تجزیه واریانس و مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها به روش LSD انجام شد. تجزیهٔ همبستگی به روش پیرسون انجام پذیرفت. به منظور گزینش بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد و سایر صفات زراعی از شاخص‌های SIIG و MGIDI استفاده شد.

نحوه محاسبه شاخص SIIG به شرح ذیل می‌باشد.

تشکیل ماتریس داده‌ها:

با توجه به تعداد ژنوتیپ‌ها و صفات مختلف مورد بررسی، ماتریس داده‌ها به‌صورت زیر تشکیل شد.

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

در این ماتریس xij، مقدار صفت iام (i=1,2,….n) در رابطه با ژنوتیپ jام (j=1,2,….m) می‌باشد.

تبدیل ماتریس داده‌ها به یک ماتریس نرمال (ماتریس R):

از رابطه ذیل برای نرمال کردن داده‌ها استفاده شد

$$r_{ij} = \frac{x_{ij}}{\sqrt{\sum_{i=1}^{n} x_{ij}^2}} \qquad [2]$$

ماتریس R به‌صورت زیر تشکیل شد

$$R = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} \dots & r_{1m} \\ r_{21} & r_{22} \dots & r_{2m} \\ r_{n1} & r_{n2} \dots & r_{nm} \end{bmatrix} \qquad [3]$$

پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ غیر ایده‌آل (ضعیف):

در این مرحله برای هر صفت به‌طور جداگانه، بهترین ژنوتیپ و ضعیف‌ترین گزینش شد.

محاسبهٔ فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ ضعیف:

در این مرحله برای هر صفت، فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل (d_i^+) و ژنوتیپ ضعیف (d_i^-) به‌ترتیب از روابط زیر محاسبه شد

$$d_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^{m} (r_{ij} - r_j^+)^2} \qquad [4]$$

i= 1,……., n

$$d_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^{m} (r_{ij} - r_j^-)^2} \qquad [5]$$

i= 1,……., n

در روابط فوق rij، مقدار نرمال شده شاخص (صفت) iام (i= 1,2,…. n) در رابطه با ژنوتیپ jام (j=1,2…..m) می‌باشد. r_i^+ و r_i^-: به‌ترتیب مقدار نرمال شده ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ ضعیف برای هر شاخص (صفت) iام (i=1,2,……n) است. هم‌چنین d_i^+ فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و d_i^- فاصله از ژنوتیپ ضعیف می‌باشد.

محاسبه شاخص گزینش ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG):

شاخص گزینش ژنوتیپ ایده‌آل از رابطه زیر محاسبه شد.

$$0 \leq SIIG \leq 1 \qquad [6]$$ i= 1,2……, m,

$$SIIG = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-}$$

نحوهٔ محاسبهٔ شاخص MGIDI به شرح ذیل می‌باشد:

۱- تغییر مقیاس صفات: X_{ij} یک جدول دو طرفه با i ردیف یا ژنوتیپ و j ستون یا صفت می‌باشد. مقدار تغییر مقیاس یافته برای ردیف i و ستون j ((rX_{ij})) به صورت رابطه ۷ محاسبه گردید:

$$rX_{ij} = \frac{\eta_{nj} - \varphi_{nj}}{\eta_{0j} - \varphi_{0j}} \times (\theta_{ij} - \eta_{0j}) + \eta_{nj} \qquad [7]$$

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 هستند و θ_{ij} مقدار اصلی برای صفت نام jام از ژنوتیپ iام است. برای تغییر مقیاس، مقادیر η_{nj} و φ_{nj} به صورت 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 حالی که 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 ۱۰۰-۰ است که مفهوم گزینش 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 ۸ انجام شد:

$$F=Z(A^T\ R^{-1})^T \qquad [8]$$

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 به ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها عامل‌های باقی مانده (عامل‌هایی که مقدار ویژه آن‌ها از یک بیشتر است) و شاخص‌های محاسبه شده را نشان می‌دهند.

۳- تعریف ژنوتیپ ایده‌آل (ایدئوتیپ): طبق تعریف معادله ۷، 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. نمرات I نیز بر اساس رابطه ۸ تخمین زده شدند.

۴- محاسبهٔ شاخص MGIDI: در مرحلهٔ آخر، فاصله اقلیدسی بین نمرات ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های ایده‌آل به عنوان شاخص MGIDI با استفاده از رابطه ۹ محاسبه شد:

$$\mathrm{MGIDI} = \sum_{i=1}^{f}\left[(y_{ij} - y_j)^2\right]^{0.5} \qquad [9]$$

y_{ij} امتیاز i امین ژنوتیپ در فاکتور jام است (1,2,….,
i= t; j=1, 2, …., f) که t و f به ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها و عامل‌ها است، y_j نمره jام ژنوتیپ ایده‌آل است. ژنوتیپ‌های با کم‌ترین مقدار MGIDI به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر هستند. دیفرانسیل گزینش برای همه صفات با در نظر گرفتن شدت گزینش ۱۵ درصد انجام شد.

برای محاسبه سود گزینش (SG%) از رابطه ۱۰ استفاده شد.

$$SG\ (\%) = \frac{(\bar{X}_s - \bar{X}_0) \times h^2}{\bar{X}_0} \qquad [10]$$

$\bar{X}_s$: میانگین ژنوتیپ‌های گزینش شده $\bar{X}_0$: میانگین جمعیت اولیه h^2: وراثت‌پذیری عمومی

برای انجام تجزیه واریانس و مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها از نرم افزار MSTAT-C، برای محاسبهٔ شاخص SIIG از نرم‌افزار Excel، برای تجزیهٔ خوشه‌ای از نرم افزار SPSS، برای محاسبهٔ شاخص MGIDI (استفاده از بسته تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی Metan)، تجزیهٔ عاملی و تجزیهٔ همبستگی (استفاده از بسته تجزیه GGALLY) از نرم‌افزار R استفاده شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس مرکب نشان داد که برای کلیهٔ صفات بجز صفت وزن هزار دانه اثر سال بیشترین سهم را در توجیه مجموع مربعات کل به خود اختصاص داد که نشاندهندهٔ دامنهٔ وسیع‌تر اثرات اصلی سال نسبت به اثرات اصلی ژنوتیپ بود (جدول ۲). برهم‌کنش ژنوتیپ×سال برای صفات روز تا سنبله‌دهی، طول پدانکل، ارتفاع بوته، سرعت پرشدن دانه، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، تعداد دانه در مترمربع و عملکرد دانه معنی‌دار بود (جدول ۲) که بیانگر واکنش متفاوت ژنوتیپ‌ها در سال‌های اجرای آزمایش می‌باشد. سهم برهم‌کنش ژنوتیپ×سال در توجیه تنوع کل نسبت به اثر سال و ژنوتیپ برای کلیه صفات بجز صفت وزن‌هزار دانه کمتر بود که با نتایج برخی پژوهشگران مشابه بود (Rahmati *et al.* 2018). در بین صفات مورد ارزیابی، عملکرد دانه، تعداد دانه در متر مربع و سرعت پرشدن دانه ضریب تغییرات بیشتر و صفات روز تا سنبله‌دهی و رسیدگی، ضریب تغییرات کمتری داشتند که نشان دهندهٔ

تأثیر سال بر عملکرد دانه، تعداد دانه در مترمربع و سرعت پرشدن دانه می‌باشد. مطالعات پیشین تأثیر کم محیط بر صفات فنولوژیک و تأثیر بیشتر محیط بر عملکرد دانه را گزارش نمودند (Abedini *et al*., 2016; Zarei *et al*., 2011).

Table 1. Pedigree of selected wheat lines and check cultivars in 2021-2023 cropping seasons

Genotype code	Pedigree
G1	Aftab
G2	Qaboos
G3	WBLL1*2/4/YACO/PBW65/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ/5/KACHU #1/6/ PBW343*2/KUKUNA*2// FRTL/PIFED/7/PBW343*2/KUKUNA*2// FRTL/PIFED-CMSS11Y00785T-099TOPM-099Y-099M-0SY-4M-0WGY
G4	MUNAL #1/FRANCOLIN #1/5/KIRITATI/4/2*BAV92// IRENA/KAUZ /3/HUITES/6/ BECARD/FRNCLN-CMSS11B00801T-099TOPY-099M-099NJ-099NJ-7WGY-0B
G5	NELOKI//SOKOLL/EXCALIBUR-CMSA11Y00507S-099Y-099M-099NJ-099NJ-25WGY-0B
G6	WAXWING/KIRITATI*2/3/C80.1/3*BATAVIA//2*WBLL1/4/COPIO/5/ND643//2*ATTILA*2/PASTOR/3/ WBLL1*2/KURUKU/4/WBLL1*2/BRAMBLING-CMSS11B00790T-099TOPY-099M-099NJ-099NJ-39WGY-0B
G7	VORB/4/PASTOR//HXL7573/2*BAU/3/WBLL1-PTSS11Y00143S-0SHB-099B-099Y-099B-099Y-22Y-020Y-0B
G8	NADI/COPIO//NADI-CMSS11B00910T-099TOPY-099M-099NJ-099NJ-37WGY-0B
G9	SOKOL/PASTOR/HXL7573/2*BAU /3/KAUZ/PASTOR//BAV92/RAYON IRBWG-2012-027MAR-0G-0G-0G-0G-5G
G10	FRANCOLIN #1//WBLL1*2/BRAMBLING/6/WBLL1*2/KURUKU*2/5/ REH/HARE //2*BCN/3/ CROC 1/AE.SQUARROSA (213)//PGO/4/ HUITES/7/FRANCOLIN #1/WBLL1CMSS12Y00710T-099TOPM-099Y-099M-0SY-40M-0WGY
G11	BORL14*2/3/WBLL1*2/TUKURU//CROSBILL #1CMSS12B00631T-099TOPY-099M-0SY-4M-0WGY
G12	BABAX/LR42//BABAX*2/3/KUKUNA/4/CROSBILL #1/5/BECARD*2/6/ KACHU/KIRITATICMSS12B00995T-099TOPY-099M-0SY-19M-0WGY
G13	KACHU//WBLL1*2/BRAMBLING/3/KACHU/KIRITATICMSS12Y00241S-099Y-099M-0SY-9M-0WGY
G14	SUP152/BAJ #1/3/KACHU//WBLL1*2/BRAMBLINGCMSS12 B00147S-099M-0SY-39M-0WGY
G15	SUP152/BLOUK #1/3/PRL/2*PASTOR*2//VORB/4/SUP152/BLOUK #1CMSS12Y00707T-099TOPM-099Y-099M-0SY-33M-0WGY
G16	KACHU/SAUAL/4/VARIS/MISR 2/3/FRET2/KUKUNA//FRET2/5/ KACHU/SAUALCMSS10B01033T-099TOPY-099M-099NJ-099NJ-20WGY-0B

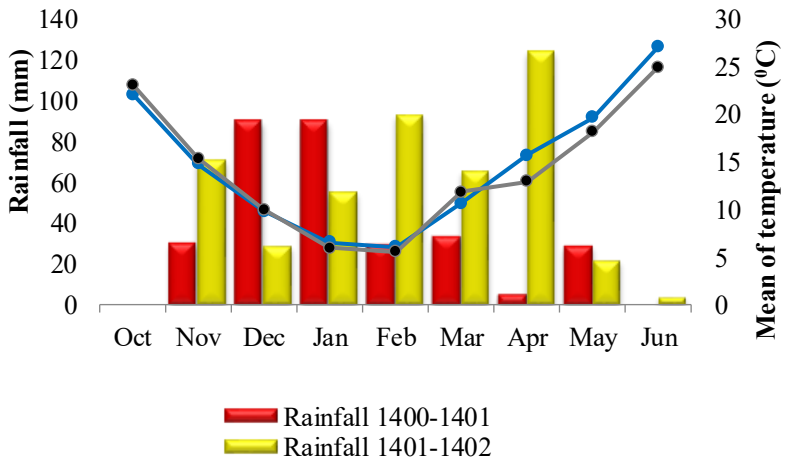


Figure 1. Average rainfall and average monthly temperature in the years of the experiment

میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها بین ۴۱۶۹-۲۹۵۸ کیلوگرم در هکتار بود (جدول ۳). بیشترین عملکرد دانه در ژنوتیپ G15 به میزان ۴۱۶۹ کیلوگرم در هکتار که پس از آن ژنوتیپ‌های G14، G2 (رقم قابوس)، G10 و G8 به ترتیب با میانگین عملکرد دانه ۳۹۱۱، ۳۹۰۷، ۳۸۷۰ و ۳۸۰۹ کیلوگرم در هکتار در مراتب بعدی قرار گرفتند. تعداد دانه در سنبله ژنوتیپ‌ها بین ۴۲-۳۳ دانه متغیر بود (جدول ۳). ژنوتیپ‌های G2 و G15 با عملکرد دانه بالا از تعداد دانه در سنبله بالایی (۴۲-۴۱ گرم) برخوردار بودند. تعداد روز تا رسیدگی ژنوتیپ‌ها بین ۱۸۴-۱۸۰ روز بود. ژنوتیپ‌های G2، G14 و G15 با عملکرد دانه بالا و ۱۸۱ روز تا رسیدگی جزو ژنوتیپ‌های زودرس بودند. ژنوتیپ G11 با ۱۸۴ روز تا رسیدگی دیررس‌ترین ژنوتیپ در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی بودند. از نظر ارتفاع بوته ژنوتیپ G2 با ارتفاع بوته ۸۷ سانتی‌متر بلندترین ژنوتیپ بود. بررسی سرعت پرشدن دانه ژنوتیپ‌ها نشان داد که این صفت بین ۱۰۱-۷۲ گرم در روز متغیر بود. ژنوتیپ G15 با عملکرد دانه بالا از سرعت پرشدن دانه بالاتری (۱۰۱ گرم در روز) نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برخوردار بود. ژنوتیپ‌های G2 و G15 از بیشترین تعداد دانه در مترمربع برخوردار بودند. ژنوتیپ G11 با عملکرد دانه بالا از شاخص برداشت سنبله بالایی (۶۴ درصد) برخوردار بود. بیشترین طول پدانکل در ژنوتیپ G2 (۱۴ سانتی‌متر) مشاهده شد. ژنوتیپ G15 از طول ریشک بالایی (۶ سانتی‌متر) برخوردار بود.

نتایج همبستگی صفات نشان داد، همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری بین عملکرد دانه با صفات سرعت پرشدن دانه ($r=۰/۹^{**}$) و تعداد دانه در متر مربع ($r=۰/۷^{**}$) وجود داشت (شکل ۲). نتایج مقایسه میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی نیز با نتیجه به دست آمده مطابقت داشت. به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های G15، G2 و G14 با عملکرد دانه بالا از بیشترین مقدار صفات تعداد دانه در مترمربع و سرعت پرشدن دانه برخوردار بودند (جدول ۳). همبستگی مثبت و معنی‌داری بین تعداد روز تا رسیدگی و وزن هزار دانه مشاهده شد. این امر بیانگر این است که ژنوتیپ‌های با وزن هزار دانه بالا، دیررس‌تر بودند. در این مطالعه همبستگی بالایی بین صفات مرتبط با عملکرد شامل وزن هزار دانه و تعداد دانه در سنبله با عملکرد دانه مشاهده نشد. این رابطهٔ ضعیف می‌تواند ناشی از کمی بودن صفت عملکرد دانه و سهیم بودن صفات مختلف در عملکرد دانه باشد. همبستگی مثبت و معنی‌داری بین عملکرد دانه و طول پدانکل ($r=۰/۶۱^{*}$) مشاهده شد. از طرفی همبستگی مثبت و معنی‌داری بین طول پدانکل و ارتفاع بوته ($r=۰/۶۷^{**}$) مشاهده شد. برخی پژوهشگران ارتفاع بوته بیشتر و در نتیجه طول پدانکل بلندتر را یکی از دلایل عملکرد بالای ارقام در شرایط تنش دانستند (Mohammadi *et al*., 2007). همبستگی مثبت و معنی‌دار بین وزن دانه در سنبله با ارتفاع بوته ($r=۰/۵۲^{*}$) و تعداد دانه در سنبله ($r=۰/۶۳^{**}$) مشاهده شد. این نتیجه با یافته‌های سایرمحققان مبنی بر رابطهٔ مثبت بین وزن دانه در سنبله با ارتفاع بوته و تعداد دانه در سنبله در گندم مطابقت داشت (Kabiri *et al*., 2023). همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری بین صفات روز تا رسیدگی و روز تا سنبله‌دهی مشاهده شد. رابطهٔ مثبت و معنی‌دار بین روز تا رسیدگی و روز تا سنبله‌دهی بیانگر این است که ژنوتیپ‌هایی که دیرتر سنبله می‌دهند دیررس‌تر می‌باشند که با نتایج پژوهش‌های ارائه شده توسط سایر محققان مطابقت داشت (Kianpour *et al.,* 2024; Rahmati *et al*., 2022; Kabiri *et al*., 2023). همبستگی منفی و معنی‌داری بین تعداد دانه در مترمربع و وزن هزار دانه ($r=-۰/۵۴^{*}$) مشاهده شد. تعداد سنبلچه در سنبله همبستگی مثبت و معنی‌داری با ارتفاع بوته ($r=۰/۷۱^{**}$) و طول پدانکل ($r=۰/۵۷^{*}$) نشان داد. همبستگی مثبت و معنی‌داری بین مدت پرشدن دانه با طول پدانکل ($r=۰/۵۳^{*}$) مشاهده شد.

Table 2. Combined variance analysis of different traits evaluated of bread wheat genotypes during two cropping seasons 2021-2023

S.O.V	df	Mean of squares							
		DHE	DMA	PL	PLH	GFP	GFR	SL	AL
Year (Y)	1	565.3	25.4	3087.7	33121	830.3	14643.2	14.6	21.7
Error (a)	6	2.15	1.9	6.96	11.97	0.79	661.9	0.75	0.14
Genotype(G)	15	24.3**	7.97*	14.2	183.4	10.57**	587.7	1.93**	1.17**
G × Y	15	6.5**	2.8	14.1**	78.9**	3.51	451.5*	0.38	0.24
Error (b)	90	2.3	2.7	3.49	15.13	2.3	213.8	0.23	0.36
CV (%)		1.07	0.9	16.9	4.9	3.8	16.1	5.3	10.9

Table 2. Continued

S.O.V	df	Mean of squares						
		SNPS	SD	NGPS	GWPS	TKW	NGSM	GY
Year (Y)	1	22	0.02	98.4	0.16	0.15	470448615	54394622
Error (a)	6	0.35	0.0001	43.1	0.06	11.2	3077491	5621594
Genotype(G)	15	3.85	0.001**	68.7	0.14	68.6**	11763508	13044975
G × Y	15	1.9**	0.0001	55.3**	0.07*	8.1	5929978*	11456650**
Error (b)	90	0.83	8.76	21.6	0.03	6.9	2711535	29930015
CV (%)		5.8	5.3	12.3	13.2	7.1	16.6	16

DHE: Days to heading, DMA: Days to mature, PL: Peduncle length, PLH: Plant height, GFP: Grain filling period, GFR: Grain filling rate, SL: Spike length, AL: Awn length, SNPS: Spikelet number per spike, SD: Spike density, NGPS: Number of grain per spike, GWPS: Grain weight per spike, TKW: 1000 kernel weight, NGSM: Number of grain per square meter, GY: Grain yield

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

Table 3. Mean of traits evaluated and selection index of ideal genotype (SIIG)

Gen	DHE	DMA	GFP	PLH	PL	SL	AL	SNPS	SD
G1	140	180	40	73	11	9.3	6.0	15	0.16
G2	141	181	40	87	14	8.8	5.2	17	0.20
G3	140	180	40	75	9	8.9	5.4	15	0.17
G4	142	182	40	80	11	10.4	6.3	16	0.15
G5	145	183	38	73	10	8.9	5.9	15	0.17
G6	143	182	39	79	11	8.7	5.1	16	0.19
G7	144	182	38	84	11	9.2	5.3	16	0.18
G8	142	183	41	86	12	8.9	5.6	15	0.17
G9	145	183	38	81	13	8.7	5.5	16	0.18
G10	142	182	40	79	12	9.5	5.4	16	0.17
G11	145	184	39	76	8	8.2	5.7	15	0.19
G12	142	182	40	74	11	8.9	5.4	15	0.17
G13	143	182	39	77	11	8.4	5.1	16	0.19
G14	142	181	40	72	11	8.9	5.2	15	0.17
G15	141	181	41	78	12	8.8	6.0	15	0.18
G16	142	183	41	85	11	8.6	4.9	17	0.19
Max	145	184	41	87	14	10.4	6.3	17	0.20
Min	140	180	38	72	8	8.2	4.9	15	0.15
Mean	142	182	40	79	11	8.9	5.5	16	0.18
LSD 5%	1.52	1.62	1.51	3.86	1.86	0.47	0.6	0.9	0.009
LSD1%	2.01	2.15	2.0	5.12	2.46	0.63	0.8	1.2	0.01

DHE: Days to heading, DMA: Days to mature, PL: Peduncle length, PLH: Plant height, GFP: Grain filling period, GFR: Grain filling rate, SL: Spike length, AL: Awn length, SNPS: Spikelet number per spike, SD: Spike density. If difference between the means is greater than or equal to value of LSD, then the difference is declared significant the chosen α-level (0.05 or 0.01)

Table 3. Continued

Gen	NGPS	GWPS	TKW	GY	NGSM	GFR	SIIG
G1	37	1.4	37	3362	9069	82	0.39
G2	41	1.4	34	3907	11983	97	0.67
G3	39	1.3	34	2958	8546	72	0.27
G4	35	1.4	39	3642	9368	90	0.52
G5	38	1.4	36	3710	11180	98	0.48
G6	39	1.4	36	3698	10496	93	0.50
G7	41	1.7	41	3563	8966	94	0.56
G8	37	1.6	43	3809	8785	93	0.58
G9	41	1.5	37	3741	10329	99	0.63
G10	37	1.4	37	3870	10457	97	0.55
G11	35	1.2	35	3196	9046	83	0.26
G12	33	1.4	42	3786	9241	93	0.46
G13	39	1.4	37	3307	8662	83	0.42
G14	34	1.1	33	3911	11796	98	0.44
G15	42	1.5	35	4169	11830	101	0.64
G16	34	1.3	37	3149	9333	77	0.39
Max	42	1.7	43	4169	11983	101	0.67
Min	33	1.1	33	2958	8546	72	0.26
Mean	38	1.4	37	3611	9943	91	0.49
LSD 5%	4.6	0.18	2.6	572.8	1635.7	14.5	
LSD 1%	6.1	0.24	3.4	758.8	2166.7	19.2	

NGPS: Number of grain per spike, GWPS: Grain weight per spike, TKW: 1000 kernel weight, NGSM: Number of grain per square meter, GY: Grain yield, SIIG: Selection index of ideal genotype

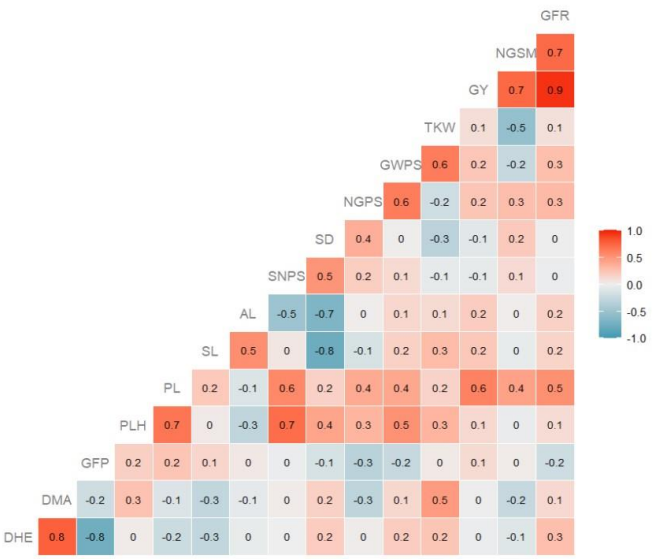


Figure 2. Phenotypic correlation among traits evaluated on bread wheat genotypes. The color of each cell represents the strength and direction of the correlation, with darker colors indicating strong correlations

نتایج مربوط به تجزیهٔ عاملی منجر به شناسایی پنج عامل شد که مقادیر ویژه بیشتر از یک (به ترتیب ۳/۵۳، ۳/۲۳، ۲/۸۶، ۲/۴ و ۱/۳۲) داشتند (جدول ۴). این پنج عامل در مجموع ۸۸/۹ درصد از تغییرات بین صفات را توجیه نمودند. در مطالعه‌ای ۱۴ صفت اصلی به پنج عامل پنهانی کاهش یافت که ۸۷ درصد از داده‌های اصلی را توجیه نمودند (Olivoto and Nardino, 2021). بعد از چرخش واریماکس، میزان اشتراک از ۰/۷۲ (برای طول ریشک) تا ۰/۹۸ (برای سرعت پرشدن دانه) با میانگین ۰/۸۹ متغیر بود که این امر بیانگر این است که درصد بالای تغییرات هر متغیر به‌وسیله این عامل‌ها توجیه شده‌است. عامل اول، ۲۳/۶ درصد واریانس کل را توجیه نمود و بزرگترین ضرایب عاملی آن مربوط به صفات عملکرد دانه، طول پدانکل، سرعت پرشدن دانه و تعداد دانه در مترمربع بود. نام پیشنهادی برای این عامل، عامل عملکرد دانه در نظر گرفته شد. این عامل نشان‌دهندهٔ ارتباط قوی بین عملکرد دانه با طول پدانکل، تعداد دانه در مترمربع و سرعت پرشدن دانه می‌باشد. نتایج همبستگی ساده صفات نیز بیانگر وجود همبستگی مثبت و بسیار معنی‌دار بین عملکرد دانه با صفات مذکور بوده است. ارتفاع بوته، تعداد سنبلچه در سنبله و تراکم سنبله به‌طور منفی و طول سنبله و ریشک به‌طور مثبت دومین عامل را تحت تأثیر قرار دادند و ۲۱/۵ درصد تغییرات را تبیین نمودند. نام پیشنهادی این عامل صفات مرتبط با سنبله می‌باشد. در سومین عامل، روز تا سنبله‌دهی، روز تا رسیدگی و مدت پرشدن دانه دارای بار عاملی مثبت و بزرگ بودند که ۱۹ درصد از کل تغییرات را تبیین نمودند. چهارمین عامل وزن دانه در سنبله و وزن هزاردانه (با نام پیشنهادی وزن دانه) ۱۶ درصد از کل تغییرات را توجیه نمود. تعداد دانه در سنبله پنجمین عامل را در جهت منفی تحت تأثیر قرار داد که ۸/۸ درصد تغییرات را توجیه نمودند. نتایج نشان داد که مدت پرشدن دانه (۰/۹۸) و پس از آن تعداد دانه در مترمربع (۰/۹۷) بالاترین اشتراک و در نتیجه نقش نسبی بالا در عملکرد دانه را داشتند.

به منظور گزینش بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد و سایر صفات زراعی از شاخص SIIG و MGIDI استفاده شد. در این مطالعه شاخص‌های SIIG و MGIDI بر اساس کلیه صفات مورد ارزیابی به دست آمد. به عبارتی گزینش ژنوتیپ‌ها بر اساس این شاخص‌ها نشان‌دهندهٔ گزینش بر اساس عملکرد و سایر صفات زراعی به‌طور همزمان بوده است. براساس نتایج شاخص گزینش MGIDI، ژنوتیپ‌های G2 و G15 به عنوان ژنوتیپ مطلوب مورد گزینش قرار گرفتند (شکل ۳). پژوهش‌گران ۱۷ لاین اینبرد جو به همراه دو رقم شاهد را با استفاده از شاخص MGIDI ارزیابی نمودند (Pour-Aboughadareh *et al*. 2022). بر اساس نتایج شاخص MGIDI، سه لاین با کمترین مقدار این شاخص جزء برترین ژنوتیپ‌ها بودند. Shirzad *et al*. (2023) برای گزینش ژنوتیپ‌های برتر جو، ۱۰۸ لاین خالص همراه با چهار رقم شاهد با استفاده از شاخص MGIDI ارزیابی نمودند. بر اساس نتایج شاخص MGIDI، نه لاین به عنوان برترین لاین‌ها نسبت به سایر لاین‌ها و ارقام شاهد تعیین شدند.

برای هر ژنوتیپ گزینش شده، سهم هر عامل در شاخص MGIDI از بیشترین عامل توجیه کننده (نزدیک به مرکز نمودار) تا کمترین عامل توجیه کننده (دور از مرکز نمودار) طبقه‌بندی شد (شکل ۴). کوچک‌ترین سهم توجیه شده توسط هر عامل که به لبهٔ خارجی نزدیک تر است بیانگر نزدیک بودن صفات در آن عامل به ژنوتیپ ایده‌آل است. به این ترتیب، ژنوتیپ‌های G2 و G15 جزو ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عامل اول بودند که دارای بیشترین عملکرد دانه، تعداد دانه در متر مربع، سرعت پرشدن دانه و طول پدانکل بودند (شکل ۴). در حالی که عامل چهارم قوت کمتری برای گزینش این ژنوتیپ‌ها نشان داد. در عامل اول، بالا بودن مقادیر عملکرد دانه، تعداد دانه در مترمربع، سرعت پرشدن و طول پدانکل عامل اصلی گزینش ژنوتیپ‌ها بوده است. نتایج همبستگی عملکرد دانه با تعداد دانه در متر مربع، سرعت پرشدن دانه و طول پدانکل بیانگر این است که عملکرد دانه همبستگی قوی و مثبتی با تعداد دانه در متر مربع، سرعت پرشدن دانه و طول پدانکل داشته است. بیشتر ژنوتیپ‌ها بجز ژنوتیپ‌های G2 و G4 در عامل دوم خوب بودند.

ژنوتیپ‌های G1 و G3 با بیشترین فاصله از مرکز شکل ۴ جزو ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از سومین عامل بود. در حالی که عامل اول قوت کمتری برای گزینش این ژنوتیپ‌ها نشان داد. این امر بیانگر این است که ژنوتیپ‌های G1 و G3 جزو ژنوتیپ‌های زودرس با عملکرد پایین می‌باشند. نقطه قوت عامل چهارم به سمت گزینش ژنوتیپ‌های G8، G4 و G7 بود. ژنوتیپ‌های G3، G7 و G13 جزو ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عامل پنجم بودند. در حالی‌که عامل اول قوت کمتری برای گزینش این ژنوتیپ‌ها نشان داد. به این ترتیب ژنوتیپ‌های مذکور از عملکرد پایینی برخوردار بودند.

میانگین صفات ژنوتیپ‌های گزینش شده در برابر ژنوتیپ‌های گزینش نشده در جدول ۵ ارائه شده است. همان‌طورکه مشخص است دیفرانسیل گزینش آماره MGIDI برای تمامی صفات، بجز صفات روز تا سنبله‌دهی و رسیدگی، وزن هزاردانه و طول سنبله مثبت بود. این موضوع بیانگر توانایی شاخص MGIDI در شناسایی ژنوتیپ‌های برتری است که می‌توانند به عنوان ژنوتیپ ایده‌آل برای اصلاح با صفات زراعی مطلوب استفاده شود. بیشترین و کمترین مقدار درصد دیفرانسیل گزینش به ترتیب مربوط به صفات تعداد دانه در مترمربع (۹/۷۹ درصد) و وزن هزار دانه (۶/۷۹-٪) بود. سود گزینش شاخص MGIDI، ۹/۶۳ درصد برای صفات مورد ارزیابی که افزایش آنها مدنظر است و ۰/۸۳- درصد برای صفاتی که کاهش آن‌ها مد نظر است، محاسبه شد. دو صفت با سود گزینش نامطلوب شامل وزن هزار دانه و طول سنبله بودند

Table 4. Eigen values, explained variance, and factorial loadings after varimax rotation obtained in the factor analysis

Traits	Factorial loadings					Communality
	FA1	FA2	FA3	FA4	FA5	
DHE	0.04	0.05	0.96	0.15	-0.01	0.95
DMA	0.03	0.11	0.75	0.38	-0.44	0.91
PL	-0.67	-0.36	0.33	-0.37	-0.23	0.88
PLH	-0.21	-0.66	0.15	-0.59	-0.14	0.87
GFP	-0.01	-0.16	0.84	-0.1	0.33	0.84
GFR	-0.93	0.17	-0.24	-0.07	-0.12	0.98
SL	-0.16	0.55	0.49	-0.45	0.02	0.77
AL	-0.14	0.82	0.00	-0.11	-0.08	0.72
SNPS	-0.01	-0.78	0.22	-0.23	-0.23	0.76
SD	0.07	-0.89	-0.21	0.29	-0.12	0.93
NGPS	-0.2	-0.23	-0.04	0.04	-0.93	0.96
GWPS	-0.09	-0.02	-0.17	-0.72	-0.63	0.95
TKW	0.09	0.18	-0.19	-0.90	0.14	0.91
NGSM	-0.85	-0.05	0.08	0.48	-0.07	0.97
GY	-0.95	0.16	0.02	-0.1	-0.03	0.94
Eigen values	3.53	3.23	2.86	2.4	1.32	
Variance (%)	23.6	21.5	19	16	8.82	
Cumulative variance (%)	23.6	45.1	64.1	80.1	88.9	

DHE: Days to heading, DMA: Days to mature, PL: Peduncle length, PLH: Plant height, GFP: Grain filling period, GFR: Grain filling rate, SL: Spike length, AL: Awn length, SNPS: Spikelet number per spike, SD: Spike density, NGPS: Number of grain per spike, GWPS: Grain weight per spike, TKW: 1000 kernel weight, NGSM: Number of grain per square meter, GY: Grain yield, FA: Factor analysis

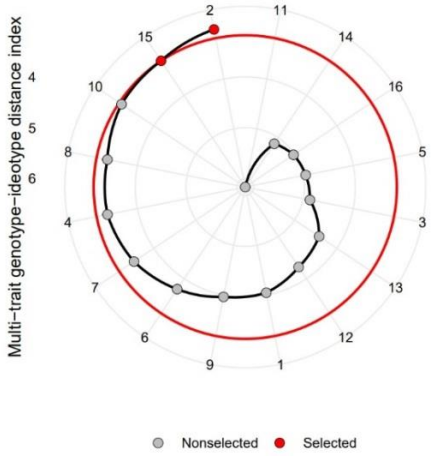


Figure 3. Ranking of genotype based on MGIDI index

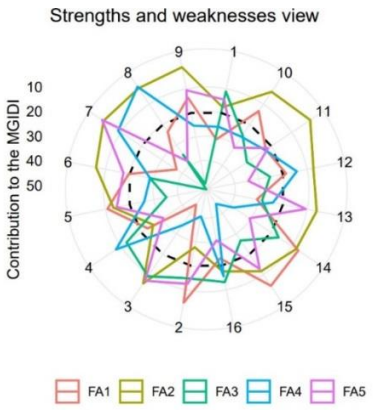


Figure 4. Strengths and weakness view of the selected genotypes is shown as the proportion of each factor on the computed MGIDI values. The smallest the proportion explained by a factor (closer to the external edge), the closer the traits within that factor are to the ideotype. The dashed line shows the theoretical value if all the factors had contributed equally

Table 5. Factors linked to correlated traits, selection differential, and indicators and selection gain

Traits	Factor	Xo	Xs	%SD	SG
PL	FA1	11.1	11.1	0.19	0.002
GFR	FA1	90.8	92.9	2.34	0.58
NGSM	FA1	9943	10916	9.79	4.8
GY	FA1	3611	3663	1.43	0.17
PLH	FA2	78.8	81.2	2.93	1.73
SL	FA2	8.95	8.81	-1.51	-1.19
AL	FA2	5.49	5.58	1.64	1.31
SNPS	FA2	15.7	16.1	2.58	1.85
SD	FA2	0.18	0.19	5.3	4.68
DHE	FA3	143	141	-0.79	-0.59
DMA	FA3	182	181	-0.37	-0.24
GFP	FA3	39.8	40.4	1.61	1.03
GWPS	FA4	1.39	1.41	1.23	0.6
TKW	FA4	37.1	34.5	-6.79	-6.08
NGPS	FA5	37.8	38.2	1.28	0.15

Xo: Mean of the original population; Xs: Mean of the selected population; %SD: Percent selection differential

نتایج شاخص SIIG نشان داد که ژنوتیپ‌های G2، G15 و G9 با بیشترین مقدار شاخص SIIG و به ترتیب به میزان ۰/۶۸، ۰/۶۴ و ۰/۶۳ جزو برترین ژنوتیپ‌ها بودند (جدول ۳). همان‌طورکه از نتایج مشخص است ژنوتیپ G15 از بیشترین عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، طول ریشک، تعداد دانه در مترمربع، سرعت و مدت پرشدن دانه در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی برخوردار بود. ژنوتیپ G2 (رقم قابوس) با عملکرد دانه ۳۹۰۷ کیلوگرم در هکتار در رتبه بعدی از نظر عملکرد دانه پس از ژنوتیپ G15 (با عملکرد دانه ۴۱۶۹ کیلوگرم در هکتار) قرار گرفت. از سایر ویژگی‌های این ژنوتیپ شامل بیشترین طول پدانکل، تعداد دانه در سنبله ، طول ریشک، تعداد دانه در مترمربع و تراکم سنبله بود. نتایج شاخص SIIG نشان داد که ژنوتیپ G11 با کمترین مقدار شاخص (۰/۲۶) ضعیف‌ترین ژنوتیپ از نظر اکثر صفات مورد ارزیابی بود. به‌طوری‌که ژنوتیپ مذکور از عملکرد دانه، وزن هزاردانه، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله، و طول پدانکل نسبتا پایینی برخوردار و جزو دیررس‌ترین ژنوتیپ‌ها بود.

در مجموع، برآورد شاخص‌های انتخاب SIIG و MGIDI برای ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات مختلف نشان داد که ژنوتیپ‌های G2 و G15 با داشتن بیشترین مقدار SIIG و کمترین مقدار MGIDI، به عنوان برترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند. Fadakar Navrood *et al.* (2023) برای ارزیابی پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های بادام زمینی از شاخص‌های MGIDI و SIIG استفاده نمودند. بر مبنای شاخص‌های انتخاب MGIDI و SIIG دو ژنوتیپ به عنوان برترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند. Solat Petloo *et al.* (2022) برای گزینش اکوتیپ‌های جغجغک بر اساس صفات زراعی تحت رژیم های مختلف آبیاری از دو شاخص MGIDI و SIIG استفاده نمودند. برآورد این دو شاخص انتخاب برای اکوتیپ‌های مختلف نشان داد که یک اکوتیپ E6 با داشتن بیشترین مقدار SIIG و کمترین مقدار MGIDI در رژیم‌های مختلف رطوبتی متحمل‌ترین بود.

در تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها به سه گروه تقسیم شدند (شکل ۵). در اولین، دومین و سومین گروه به ترتیب تعداد ۶، ۳ و ۷ ژنوتیپ قرار گرفت. به این ترتیب که ژنوتیپ‌های ۸، ۴، ۱۲، ۳، ۱۰ و ۱ در گروه اول، ژنوتیپ‌های ۱۴، ۱۱ و ۵ در گروه دوم و ژنوتیپ‌های ۱۶، ۲، ۱۵، ۱۳، ۹، ۷ و ۶ در گروه سوم قرار گرفتند. به منظور مقایسه گروه‌های مختلف از نظر صفات مورد ارزیابی، مقادیر کلیه صفات به نمره Z تبدیل شده و سپس مقایسه انجام پذیرفت. اولین گروه، کمترین تعداد روز تا رسیدگی، بیشترین طول سنبله، طول ریشک، مدت پرشدن دانه و وزن هزار دانه، طول پدانکل و ارتفاع بوته پایین، تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد دانه در سنبله کمتر، کمترین تراکم سنبله، تعداد دانه در مترمربع، سرعت پرشدن دانه و عملکرد دانه را نشان داد. دومین گروه، بیشترین تعداد روز تا رسیدگی، کمترین طول پدانکل، ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و مدت پرشدن دانه، بیشترین تعداد دانه در مترمربع و سرعت پرشدن دانه و عملکرد دانه پایین را نشان داد. سومین گروه، تعداد روز تا رسیدگی کمتر، طول سنبله، طول ریشک و وزن هزار دانه کمتر، بیشترین عملکرد دانه، ارتفاع بوته، طول پدانکل و تعداد دانه در سنبله، تعداد دانه در متر مربع و سرعت پر شدن دانه بیشتر مشاهده شد. با توجه به این که در شرایط دیم به‌نژادگران به دنبال ژنوتیپ‌های زودرس با عملکرد بالا می‌باشند، ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و زودرس در گروه ۳ می‌توانند به عنوان ژنوتیپ‌های امیدبخش برای کاشت در اراضی دیم یا استفاده در برنامه‌های به نژادی آینده در نظر گرفته شوند. ۲۷ لاین به همراه شش رقم شاهد گندم از نظر صفات مختلف زراعی در شرایط دیم مورد ارزیابی قرار گرفت (Rahmati *et al.*, 2022). بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها به سه گروه تقسیم شدند و ژنوتیپ‌های گروه اول که متشکل از ۱۴ ژنوتیپ بودند با عملکرد دانه بالا و زودرسی به عنوان ژنوتیپ‌های مناسب شناخته شدند.

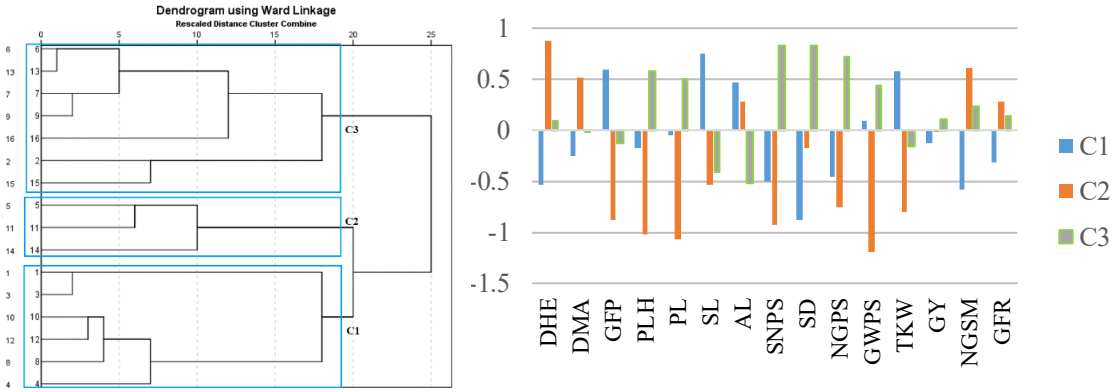


Figure 5- Cluster analysis for traits evaluated of 16 wheat genotypes. The left figure showed the cluster analysis using the WARD method and the right figure showed a comparison of three classes of cluster analysis for traits evaluated of 16 wheat genotypes

نتیجه‌گیری

براساس نتایج این تحقیق، ژنوتیپ‌های G15 و G2 (رقم قابوس) با کمترین مقدار MGIDI و بیشترین عملکرد نسبت به سایر ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی به عنوان ژنوتیپ‌های ایده‌آل بر اساس شاخص MGIDI گزینش شدند. همچنین بر اساس شاخص SIIG، ژنوتیپ‌های G2 (رقم قابوس)، G15 و G9 بهترین بودند. به این ترتیب، لاین G15 برای استفاده در برنامه‌های به نژادی بعدی یا به عنوان لاین امیدبخش برای برنامه معرفی رقم پیشنهاد می‌شود. عملکرد بالای رقم قابوس نیز مزیت کشت این رقم در منطقهٔ اجرای آزمایش و اقلیم‌های مشابه نشان می‌دهد.

سپاس‌گزاری

این مقاله از پروژهٔ تحقیقاتی به شماره مصوب ۹۹۱۳۴۰-۰۹۶-۱۵-۵۶-۰ در مؤسسهٔ تحقیقات کشاورزی دیم کشور استخراج شده است. بدین‌وسیله از مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان که امکانات لازم برای اجرای این پروژه را فراهم نمود، تشکر و قدردانی می‌شود.

References

Abedini, S., Mohammadi-Nejad, Gh., & Nakhoda, B. (2016). Evaluation of agronomic traits and yield potential diversity inbreed wheat inbred lines (*Triticum aestivum* L.) derived from Roshan × Falat cultivar. *Journal of Crop Breeding*, 8, 1-10. [In Persian]

Al-Ashkar, I., Sallam, M., Almutairi, K., Shady, M., Ibrahim, A., & Alghamdi, S.S. (2023). Detection of high-performance wheat genotypes and genetic stability to determine complex interplay between genotypes and environments. *Agronomy*, 13, 1-24.

Ceron-Rojas, J.J., & Crossa, J. (2022). The statistical theory of linear selection indices from phenotypic to genomic selection. *Crop Science*, 62(2), 537–63.

Chaves, M.S., Silva, G.B.P., Caierão, E., Federizzi, L. C., & Martinelli, J. A. (2020). A century of wheat breeding in Brazil: the origin and inheritance of the Lr34 locus in wheat varieties released from 1922 to 2016. *Crop Breeding and Applied Biotechnology,* 20, 1-11.

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]

Debnath, P., Chakma, K., Bhuiyan, M.S.U., Thapa, R., Pan, R., & Akhter, D. (2024). A novel multi trait genotype ideotype distance index (MGIDI) for genotype selection in plant breeding: application, prospects and limitation. *Crop Design*, 3(4), 100074

Fadakar Navrood, F., Asghari Zakaria, R., Mostafav Rad, M., Zare, N., & Moghaddaszadeh Ahrabi, M. (2023). Evaluation of seed yield stability of groundnut genotypes by multi-characteristic selection indicators. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 54(3), 191-205. [In Persian]

Kabiri, A., Zafarian, F., Omrani, A., & Abbasian, A. (2023). Evaluation of yield and yield components in promising wheat lines multivariate statistical methods. *Journal of Crop Breeding*, 5 (45), 135-148. [In Persian]

Kianpour, S., Rahnama, A., Monsefi, A., &Abdolshahi, R. (2024). Evaluating morpho-phenological and yield traits of bread wheat cultivars and near-isogenic lines in response to terminal heat stress in Ahvaz, Iran. *Cereal Research,* 13(4), 331-349. [In Persian]

Lima, G.W., Silva, C.M., Mezzomo, H.C., Casagrande, C.R., Olivoto, T., & Nardino, M. (2022). Genetic diversity in tropical wheat germplasm and selection via multitrait index. *Agronomy Journal*, 114, 887–899

Mohammadi, A., Majidi-Heravan, E., Bihamta, R., & Heidarisharifabad, H. (2007). Evaluation of drought stress on agro-morphological characteristic in some wheat cultivars. *Pajouhesh and Sazandegi*, 73, 184-192.

Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Andarzian, B., Farzadi, H., Bahari, M., & Zali, H. (2018). Stability analysis of grain yield of durum wheat promising lines in warm and dry areas using parametric and non-parametric methods. *Journal of Crop Production and Processing*, 8 (2), 79-96. [In Persian]

Nardino, M., Perin, E.C., Aranha, B.C., Carpes, S.T., Fontoura, B.H., de Sousa, D.J.P., Freitas, D.S. (2022). Understanding drought response mechanisms in wheat and multi-trait selection. *PloS One*, 17, e0266368.

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.

Olivoto, T., & Nardino, M. (2021). MGIDI: toward an effective multivariate selection in biological experiments. *Bioinformatics*, 37 (10), 1383-1389

Olivoto, T., Diel, M., Schmidt, D., & D.Lucio, A. (2022). MGIDI: A powerfull tool to analyze plant multivariate data. *Plant Method*, 18, 121.

Rahmati, M., Ahmadi, A., & Hosseinpour, T. (2018). Study of genetic variability, heritability and relationship between grain yield and yield-related traits on bread wheat genotypes under dry land conditions. *Journal of Crop Breeding*, 10 (25): 167-175. [In Persian]

Rahmati, M., Ahmadi, A., Minapoor, A., & Hamidiyan, K. (2022). Grain yield potential of wheat genotypes on farmers' fields under rainfed conditions. *Journal of Crop Science Research in Arid Regions*, 4 (1), 263-275. [In Persian]

Shirzad, A., Asghari, A., Zali, H., Sofalian, O., & Mohammaddoust-Chamanabd, H. (2023). 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].

Solat Petloo, N., Asghari Zakaria, R., Ebadi, A., Sharifi Ziveh, P. (2022). Selection of Cow Cockle (*Vaccaria hispanica*) ecotypes based on agronomic traits under different irrigation regims. *Journal of Crop Breeding*. 14 (43), 135-144. [In Persian]

Tadili, S., Asghari, A., Karimizadeh, R., Sofalian, O., & Mohammaddoust-Chamanabad, H.R. (2020). Evaluation of drought stress tolerance in advanced lines durum wheat using the selection index of ideal genotype (SIIG). *Journal of crop Ecophysiology*, 14 (1), 45-61. [In Persian]

Pour-Aboughadareh, A., Zali, H., Gholipour, A., Koohkan, S.A., Barati, A., Jabari, M., Kheirgo, M., & Marzoghiyan, A. (2022). Selection of barley superior promising lines using selection indexes of multi-trait. *Agricultural Science and Sustainable Production*, 33(3), 1-16. [In Persian]

Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asghari, 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.

Zarei, S., Amini, A., Mahfoozi, S., & Bihamta, M.R. (2011). Study of genetic diversity for morphophysiological and agronomic traits of Iranian local wheat genotypes under drought stress conditions. *Iranian Society of Agronomy and Plant Breeding Sciences*, 4, 123-138. [In Persian]