ارزش‌گذاری متغیرها به‌عنوان شاخص انتخاب برای بهبود عملکرد دانه در گندم نان

کاوه صادقی[۱]، محمدهادی پهلوانی[۲،*]، محسن اسماعیل‌زاده مقدم[۳] و خلیل زینلی‌نژاد[٤]

۱- دانشجوی دکتری، گروه اصلاح‌نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان
۲- دانشیار، گروه اصلاح‌نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان
۳- استاد، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج
٤- استادیار، گروه اصلاح‌نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان

(تاریخ دریافت: ۱٤۰۰/۱۱/۰٦ - تاریخ پذیرش: ۱٤۰۰/۱۲/۱۸)

چکیده

شناسایی شاخص‌های انتخاب مهم‌ترین مرحله یک پروژه اصلاحی است که با هدف بهبود عملکرد دانه صورت می‌گیرد. تعریف شاخص انتخاب معمولاً با ارزشیابی متغیرها در روش‌های آماری چندمتغیره انجام می‌شود. در پژوهش حاضر ارتباط بین عملکرد دانه و اجزای آن در ژنوتیپ‌های گندم نان با روش‌های آماری چندمتغیره صورت گرفت. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در ۳ تکرار در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان در سال زراعی ۹۸-۱۳۹۷ اجرا گردید. ده رقم تجاری گندم نان به‌همراه نتاج حاصل از تلاقی مستقیم و معکوس آن‌ها در یک آرایش دی‌آلل از نظر صفات مورفولوژیکی، فنولوژیکی به‌ویژه عملکرد دانه و اجزای آن مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج ضرایب همبستگی ژنوتیپی و فنوتیپی نشان داد که بین عملکرد دانه و صفات طول سنبله، وزن سنبله، تعداد پنجه بارور، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن هزاردانه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت همبستگی مثبت و معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد وجود داشت. بر اساس نتایج حاصل از تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام، صفات عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، تعداد دانه در سنبله اصلی و وزن سنبله اصلی به‌ترتیب وارد مدل رگرسیونی شده و در مجموع ۹۸ درصد از تغییرات عملکرد دانه را توجیه کردند. بر اساس نتایج تجزیه علیت، عملکرد بیولوژیک بالاترین اثر مستقیم را بر عملکرد دانه داشت. پس از عملکرد بیولوژیک، بیشترین اثر مستقیم بر عملکرد دانه مربوط به صفت وزن سنبله اصلی بود. همچنین با در نظر گرفتن مقادیر ویژه بزرگ‌تر از یک در تجزیه به عامل‌ها، ۸ عامل پنهانی شناسایی شد که در مجموع ۷۵/۱۸ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه نمودند. به‌طور کلی می‌توان نتیجه گرفت که عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، تعداد دانه در سنبله و وزن سنبله نسبت به سایر صفات می‌توانند به‌عنوان شاخص‌های مناسب در برنامه‌های اصلاحی برای انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا در شرایط مزرعه مورد استفاده قرار گیرند. همچنین ژنوتیپ‌های گنبد♀ × احسان♂ و احسان از بیشترین ارزش برای صفات مورد بررسی برخوردار بودند که در تحقیقات به‌نژادی آینده می‌توان از آن‌ها استفاده کرد.

واژگان کلیدی: تجزیه علیت، رگرسیون گام‌به‌گام، همبستگی ژنوتیپی، GGE biplot

* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: **hpahlevani@gau.ac.ir**

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-04-16]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.2.6.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.2.6]

مقدمه

گندم (*Triticum aestivum* L.) یکی از مهم‌ترین محصولات زراعی در سرتاسر جهان محسوب می‌شود که در طی دهه‌های اخیر پیشرفت‌های زیادی را از لحاظ خصوصیات و عادات زراعی و عملکرد دانه تجربه نموده است. این گیاه هر ساله حدود ٦٠ تا ٧٠ درصد اراضی زیر کشت محصولات زراعی ایران را به خود اختصاص می‌دهد (Shahbazian *et al*., 2007). با توجه به پیش‌بینی جمعیت ۹ میلیارد نفری برای سال ۲۰۵۰ علی‌رغم افزایش عملکرد محصولات زراعی، همچنان نگرانی‌ها در مورد امنیت غذایی جهان ادامه دارد؛ بنابراین افزایش عملکرد گندم نان نقش مؤثری در تأمین غذای بشر خواهد داشت (Rakshit *el al*., 2012). به‌نژادگران گندم علاقه‌مند به ژنوتیپ‌هایی هستند که عملکرد دانه مطلوبی داشته باشند. عملکرد دانه یک صفت کمی است و توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شود، همچنین توارث‌پذیری عملکرد دانه به‌دلیل اثر متقابل ژنوتیپ × محیط پایین است، بنابراین انتخاب مستقیم بر اساس عملکرد دانه در جهت بهبود آن چندان مؤثر نمی‌باشد. کنترل بهتر اثرات محیطی در برنامه‌های اصلاحی به‌منظور بهبود عملکرد، می‌تواند از طریق انتخاب غیرمستقیم برای صفاتی که ارتباط خوبی با عملکرد داشته و کمتر به تغییرات محیطی حساس باشند، صورت گیرد (Dawari and Luthra, 1991). صفات مورفولوژیک به‌دقت و با سادگی زیادی قابل اندازه‌گیری هستند و همچنین توارث‌پذیری نسبتاً بالایی دارند، بنابراین گزینش بر اساس این صفات ممکن است راه مطمئن و سریع‌تری برای غربال کردن جوامع گیاهی و بهبود عملکرد دانه فراهم سازد (Yin *et al*., 2002). بررسی روابط بین عملکرد و اجزای آن کارایی برنامه‌های اصلاحی را از طریق انتخاب شاخص‌های مناسب افزایش می‌دهد. از جمله روش‌های بسیار مفید برای شناسایی روابط بین صفات، تجزیه همبستگی‌های فنوتیپی و ژنوتیپی و پی‌بردن به اثرات مستقیم و غیرمستقیم با استفاده از تجزیه و تحلیل ضرایب مسیر (تجزیه علیت) است. از روش تجزیه ضرایب مسیر برای تحلیل ماهیت روابط بین عملکرد و اجزای آن در اصلاح‌نباتات به‌طور گسترده‌ای استفاده شده است. از روش تجزیه علیت در گندم (Khodadadi *et al*., 2011; Janmohammadi *et al*., 2014; Dorrani-Nejad *et al*., 2016; Soleymani and Naseri, 2020; Neyestani *et al*., 2020)، آفتابگردان (Saremi-Rad *et al*., 2018)؛ جو (Ahmadi *et al*., 2014; Aklilu *et al*., 2020)، ذرت (Sadeghi and Rotbeh, 2016)، چاودار (Nayebi Aghbolag *et al*., 2019)، برنج (Saraei *et al*., 2018) برای تعیین روابط میان صفات استفاده شده است.

تجزیه به عامل‌ها یکی دیگر از روش‌های آماری چندمتغیره است که به‌منظور شناسایی عوامل پنهانی، تعیین میزان اهمیت و ارتباط هر یک از آن‌ها در ایجاد تغییرات کل داده‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرد. تشخیص صفات مؤثر بر عملکرد این اجازه را به به‌نژادگر می‌دهد که بر صفات مشخصی که موجب تنوع شده‌اند، تمرکز و سرمایه‌گذاری نماید. از روش تجزیه به عامل‌ها در گندم (Hamza *et al*., 2017; Valizadeh *et al*., 2019; Dashtaki *et al*., 2022)، نخود (Roohi *et al*., 2019)، جو (Radaei Alamoli *et al*., 2020) و لوبیا (Keshavarznia *et al*., 2013) برای بررسی روابط بین صفات استفاده شده است. استفاده از تجزیه بای‌پلات ژنوتیپ × صفت (Genotype × Trait, GT) بای‌پلات GT، شناسایی صفاتی که به‌طور غیرمستقیم برای انتخاب صفت هدف مدنظر قرار می‌گیرند را تسهیل می‌کند (Xu *et al*., 2017). تجزیه بای‌پلات GT همبستگی ژنتیکی بین صفات را نشان می‌دهد و به بررسی ارتباط بین ژنوتیپ، صفت و ارزیابی ژنوتیپ‌ها بر اساس چندین صفت می‌پردازد (Yan and Fregeau-Reid, 2018). بای‌پلات GT برای بررسی روابط صفات و ارزیابی ژنوتیپ‌ها در گندم نان (Motamedi and Safari, 2017; Gholizadeh *et al*., 2018; Rahmati *et al*, 2020)، گندم دوروم (Mohammadi and Amri, 2011) استفاده شده است.

در این پژوهش روابط بین عملکرد دانه، اجزای عملکرد و سایر خصوصیات زراعی جهت تحقق سه هدف شامل: (۱) بررسی سهم متغیرها با بررسی مدل تجزیه علیت و ارزش‌گذاری آن‌ها به‌عنوان شاخص انتخاب برای بهبود عملکرد دانه در گندم نان؛ (۲) شناسایی و تجزیه عوامل پنهانی و نامحسوس مؤثر بر روابط متغیرها با روش آماری تجزیه به عامل‌ها و (۳) انتخاب بهترین ژنوتیپ‌های گندم بر اساس عملکرد دانه و سایر صفات زراعی مرتبط با عملکرد و بررسی روابط بین صفات آن‌ها با روش بای‌پلات GT، مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت.

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-04-16]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.2.6.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.2.6]

مواد و روش‌ها

در این مطالعه ۱۰۰ ژنوتیپ گندم نان شامل ۱۰ رقم تجاری و نتاج حاصل از تلاقی مستقیم و معکوس آن‌ها (جدول ۱) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار طی سال زراعی ۹۸-۱۳۹۷ در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی مورد ارزیابی قرار گرفتند. کشت ۱۰۰ ژنوتیپ والد و نتاج گندم نان در یک بلوک کامل به‌دلیل طولانی شدن طول بلوک و افزایش غیریکنواختی خاک، منجر به اختلاط بین اثر تیمار و غیریکنواختی خاک می‌شود؛ بنابراین با توجه به کوتاه بودن عرض بلوک برای ایجاد یکنواختی، هر بلوک کامل به دو قسمت تقسیم شده و در زیر یکدیگر قرار داده شدند تا یکنواختی برای کل بلوک فراهم گردد. میزان عناصر مورد نیاز بر اساس آزمایش خاک به مزرعه اضافه شد. کود فسفر (۱۰۵ کیلوگرم فسفر خالص در هکتار) و پتاس (۷۰ کیلوگرم پتاس خالص در هکتار)، به‌ترتیب از منبع سوپرفسفات تریپل و سولفات پتاسیم، همراه با عملیات تکمیلی زمین به خاک اضافه گردید. کود نیتروژن (۱۰۵ کیلوگرم نیتروژن خالص در هکتار از منبع اوره) نیز در سه قسمت مساوی در زمان‌های کاشت، پنجه‌دهی و غلاف‌دهی اضافه گردید. ژنوتیپ‌های مورد بررسی در آبان‌ماه ۱۳۹۷ به‌صورت کرتی روی خطوط، کشت شدند و تلاقی کامل ژنوتیپ‌ها در اردیبهشت‌ماه ۱۳۹۸ انجام شد. بعد از تلاقی کامل ژنوتیپ‌های مورد بررسی، کاشت بذرهای هیبرید با توجه به تعداد کم آن، قوه نامیه و وزن هزاردانه به‌صورت خطی بر اساس تراکم ۱۸۰ دانه در مترمربع در آذرماه ۱۳۹۸ انجام گرفت. هر کرت آزمایشی شامل ٦ خط‌کشت به طول یک متر (۲۰ سانتی‌متر فاصله بین خطوط) بود. کلیه عملیات داشت شامل کود دهی، وجین علف‌های هرز و آبیاری بر اساس نیاز گیاه انجام شد. برداشت در هر کرت به‌صورت دستی با توجه به مرحله رشد گیاه و رسیدگی آن انجام شد. در این پژوهش برخی از ویژگی‌های مورفولوژیکی و فنولوژیکی از جمله درصد جوانه‌زنی، روز تا سبز شدن، روز تا ساقه‌رفتن، روز تا گل‌دهی، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، دوره پر شدن دانه، ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول ریشک، طول سنبله، وزن سنبله اصلی، تعداد برگ، شاخص سطح برگ، تعداد پنجه بارور، تعداد گره، شاخص کلروفیل برگ، تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه، عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت و عملکرد دانه در بوته اندازه‌گیری شد.

تجزیه و تحلیل آماری: بررسی نرمال بودن توزیع داده‌ها از طریق آزمون کولموگروف-اسمیرنوف (Kolmogorov-Smirnov) با استفاده از نرم‌افزار SPSS ver.21 صورت گرفت. ضرایب همبستگی ژنتیکی بین صفات با استفاده از واریانس‌ها و کوواریانس‌های ژنتیکی از طریق رابطه ارائه‌شده توسط هالند (Holland, 2006) به شرح زیر محاسبه گردید.

$$\hat{r}_{gij}=\frac{\hat{\sigma}_{Gij}}{\hat{\sigma}_{Gi}\,\hat{\sigma}_{Gj}}$$

که در آن $\hat{r}_{gij}$ ضریب همبستگی ژنتیکی بین صفت i و j، $\hat{\sigma}_{Gij}$ کوواریانس بین صفت i و j، $\hat{\sigma}_{Gi}$ واریانس صفت iام و $\hat{\sigma}_{Gj}$ واریانس صفت jام می‌باشد.

برای حذف اثر صفات غیرمؤثر یا کم‌تأثیر روی صفت عملکرد دانه، از روش رگرسیون گام‌به‌گام استفاده شد. برای تعیین میزان اثرات مستقیم و غیرمستقیم صفات مختلف بر عملکرد دانه از تجزیه ضرایب مسیر استفاده گردید. در این تحقیق، تجزیه علیت روی صفاتی که در روش رگرسیون گام‌به‌گام وارد مدل شده بودند انجام گرفت. در نهایت برای بررسی و درک روابط پیچیده بین صفات و شناسایی عوامل پنهانی از تجزیه به عامل‌ها استفاده شد. برای استخراج عامل‌ها از روش مؤلفه‌های اصلی و برای چرخش عامل‌ها از روش واریماکس استفاده گردید. برای تعیین تعداد عامل‌های مناسب، آن تعداد از عامل‌ها که دارای مقادیر ویژه بزرگ‌تر از یک بودند انتخاب و برای ماتریس ضرایب عامل‌ها به‌کار رفتند. در هر عامل اصلی و مستقل ضرایب عاملی ۰/۵ به بالا، صرف‌نظر از علامت آن‌ها معنی‌دار در نظر گرفته شدند. از تجزیه بای‌پلات ژنوتیپ در صفت (GT) برای تشخیص الگوها و روابط بین ژنوتیپ‌ها و صفات مورد مطالعه استفاده شد. برای انجام محاسبات از نرم‌افزارهای آماری PATH2، SAS ver9.1 و SPSS ver.21 استفاده شد. به‌منظور رسم بای‌پلات از نرم‌افزار GGE biplot استفاده شد.

نتایج و بحث

تجزیه همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی بین صفات: با استفاده از مطالعه همبستگی و روش‌های آماری چندمتغیره این امکان فراهم می‌شود که صفات مهم و تعیین‌کننده عملکرد و میزان سهم نسبی هریک بر عملکرد مشخص شود.

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-04-16]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.2.6.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.2.6]

جدول ۱- شماره و نام ژنوتیپ‌های گندم

Table 1. The number and name of wheat genotypes

شماره Number	نام ژنوتیپ ♂×♀	Genotype name ♀×♂	شماره Number	نام ژنوتیپ ♂×♀	Genotype name ♀×♂	شماره Number	نام ژنوتیپ ♂×♀	Genotype name ♀×♂
1	کلاته	Kalate	36	مروارید × مهرگان	Morvarid × Mehregan	71	برات × گنبد	Barat × Gonbad
2	برات	Barat	37	مهرگان × شوش	Mehregan × Shosh	72	برات × چمران۲	Barat × Chamran2
3	بهاران	Bahahran	38	سیروان × مهرگان	Sirvan × Mehregan	73	مهرگان × بهاران	Mehregan × Bahahran
4	مهرگان	Mehregan	39	گنبد × مهرگان	Gonbad × Mehregan	74	احسان × بهاران	Ehsan × Bahahran
5	احسان	Ehsan	40	چمران۲ × مهرگان	Chamran2 × Mehregan	75	مروارید × بهاران	Morvarid × Bahahran
6	مروارید	Morvarid	41	مروارید × احسان	Morvarid × Ehsan	76	بهاران × شوش	Bahahran × Shosh
7	شوش	Shosh	42	شوش × احسان	Shosh × Ehsan	77	سیروان × بهاران	Sirvan × Bahahran
8	سیروان	Sirvan	43	سیروان × احسان	Sirvan × Ehsan	78	بهاران × گنبد	Bahahran × Gonbad
9	گنبد	Gonbad	44	گنبد × احسان	Gonbad × Ehsan	79	بهاران × چمران۲	Bahahran × Chamran2
10	چمران۲	Chamran2	45	چمران۲ × احسان	Chamran2 × Ehsan	80	احسان × مهرگان	Ehsan × Mehregan
11	کلاته × برات	Kalate × Barat	46	مروارید × شوش	Morvarid × Shosh	81	مهرگان × مروارید	Mehregan × Morvarid
12	بهاران × کلاته	Bahahran × Kalate	47	مروارید × سیروان	Morvarid × Sirvan	82	شوش × مهرگان	Shosh × Mehregan
13	کلاته × مهرگان	Kalate × Mehregan	48	مروارید × گنبد	Morvarid × Gonbad	83	مهرگان × سیروان	Mehregan × Sirvan
14	کلاته × احسان	Kalate × Ehsan	49	چمران۲ × مروارید	Chamran2 × Morvarid	84	مهرگان × گنبد	Mehregan × Gonbad
15	مروارید × کلاته	Morvarid × Kalate	50	شوش × سیروان	Shosh × Sirvan	85	مهرگان × چمران۲	Mehregan × Chamran2
16	کلاته × شوش	Kalate × Shosh	51	گنبد × شوش	Gonbad × Shosh	86	احسان × مروارید	Ehsan × Morvarid
17	کلاته × سیروان	Kalate × Sirvan	52	چمران۲ × شوش	Chamran2 × Shosh	87	احسان × شوش	Ehsan × Shosh
18	کلاته × گنبد	Kalate × Gonbad	53	چمران۲ × سیروان	Chamran2 × Sirvan	88	احسان × سیروان	Ehsan × Sirvan
19	چمران۲ × کلاته	Chamran2 × Kalate	54	گنبد × سیروان	Gonbad × Sirvan	89	احسان × گنبد	Ehsan × Gonbad
20	بهاران × برات	Bahahran × Barat	55	چمران۲ × گنبد	Chamran2 × Gonbad	90	احسان × چمران۲	Ehsan × Chamran2
21	مهرگان × برات	Mehregan × Barat	56	برات × کلاته	Barat × Kalate	91	شوش × مروارید	Shosh × Morvarid
22	برات × احسان	Barat × Ehsan	57	کلاته × بهاران	Kalate × Bahahran	92	سیروان × مروارید	Sirvan × Morvarid
23	مروارید × برات	Morvarid × Barat	58	مهرگان × کلاته	Mehregan × Kalate	93	گنبد × مروارید	Gonbad × Morvarid
24	برات × شوش	Barat × Shosh	59	احسان × کلاته	Ehsan × Kalate	94	مروارید × چمران۲	Morvarid × Chamran2
25	سیروان × برات	Sirvan × Barat	60	کلاته × مروارید	Kalate × Morvarid	95	سیروان × شوش	Sirvan × Shosh
26	گنبد × برات	Gonbad × Barat	61	شوش × کلاته	Shosh × Kalate	96	شوش × گنبد	Shosh × Gonbad
27	چمران۲ × برات	Chamran2 × Barat	62	سیروان × کلاته	Sirvan × Kalate	97	شوش × چمران۲	Shosh × Chamran2
28	بهاران × مهرگان	Bahahran × Mehregan	63	گنبد × کلاته	Gonbad × Kalate	98	سیروان × گنبد	Sirvan × Gonbad
29	بهاران × احسان	Bahahran × Ehsan	64	کلاته × چمران۲	Kalate × Chamran2	99	سیروان × چمران۲	Sirvan × Chamran2
30	بهاران × مروارید	Bahahran × Morvarid	65	برات × بهاران	Barat × Bahahran	100	گنبد × چمران۲	Gonbad × Chamran2
31	شوش × بهاران	Shosh × Bahahran	66	برات × مهرگان	Barat × Mehregan			
32	بهاران × سیروان	Bahahran × Sirvan	67	احسان × برات	Ehsan × Barat			
33	گنبد × بهاران	Gonbad × Bahahran	68	برات × مروارید	Barat × Morvarid			
34	چمران۲ × بهاران	Chamran2 × Bahahran	69	شوش × برات	Shosh × Barat			
35	مهرگان × احسان	Mehregan × Ehsan	70	برات × سیروان	Barat × Sirvan			

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-04-16]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.2.6.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.2.6]

مقادیر همبستگی ژنتیکی (بالای قطر) و فنوتیپی (پایین قطر) صفات مورد مطالعه در جدول ۲ درج شده است. نتایج حاصل از ضرایب همبستگی فنوتیپی نشان داد که کلیه‌ی صفات مورد بررسی به‌جز صفات درصد جوانه‌زنی، روز از کاشت تا سبز شدن، روز از سبز شدن تا ساقه‌دهی، تعداد برگ، شاخص سطح برگ، شاخص کلروفیل برگ و طول ریشک همبستگی فنوتیپی معنی‌داری را با عملکرد دانه دارند (جدول ۲). با توجه به نتایج، عملکرد بیولوژیک، بالاترین ضریب همبستگی فنوتیپی مثبت و معنی‌دار را با عملکرد دانه نشان داد. بالا بودن ضریب همبستگی فنوتیپی عملکرد دانه با عملکرد بیولوژیک نیز نشانگر آن است که با افزایش کل زیست‌توده، عملکرد دانه افزایش داشته است. با توجه به آن‌که دانه، حاصل فعالیت فتوسنتزی اندام‌هایی چون ساقه و برگ می‌باشد، بنابراین همبستگی شدید و بالای این دو صفت، دور از انتظار نیست و این نشان می‌دهد که برای داشتن عملکرد دانه بالا در دو شرایط، به گیاهانی با رشد سبزینه‌ای خوب و قدرت رویشی مناسب، احتیاج است (Sing and Sing, 2001; Joseph and Kumar, 1999; Dabiri *et al*., 2009).

همچنین نتایج نشان داد که بین عملکرد دانه با شاخص برداشت همبستگی فنوتیپی مثبت و معنی‌داری وجود دارد که بیان‌کننده این مطلب است که با افزایش شاخص برداشت عملکرد دانه افزایش یافته است (جدول ۲). در غلات دانه‌ریز افزایش شاخص برداشت ممکن است باعث بهبود عملکرد در شرایط تنش شود. به‌طور کلی نتایج به‌دست آمده مبین این موضوع می‌باشد که افزایش شاخص برداشت سبب کارایی بیشتر توزیع مجدد ماده خشک به دانه می‌شود که این امر امکان استفاده از شاخص برداشت در برنامه‌های اصلاحی برای عملکرد دانه در نسل‌های اولیه می‌باشد. عملکرد بیولوژیک با عملکرد دانه همبستگی معنی‌داری داشت، این موضوع دلالت بر امکان افزایش عملکرد به‌واسطه افزایش شاخص برداشت تا ۵۰ درصد یا در نتیجه افزایش کل بیومس با حفظ شاخص برداشت دارد. بهبود شاخص برداشت به افزایش ظرفیت فیزیولوژی فتوسنتز و انتقال آن‌ها به درون اندام‌های اقتصادی مهم (دانه‌ها) اشاره دارد (Golparvar *et al*., 2002). از طرفی گفته می‌شود در غلات دانه‌ریز افزایش بیومس تقریباً به حد نهایی خود رسیده است (Dofing and Knight, 1992)؛ بنابراین افزایش عملکرد دانه از طریق تخصیص بیشتر مواد فتوسنتزی به مخازن (دانه‌ها) عملی خواهد بود که در این صورت شاخص برداشت افزایش محسوسی خواهد داشت.

با توجه به همبستگی فنوتیپی مثبت و معنی‌دار بین صفات روز تا گل‌دهی، روز تا رسیدگی و طول دوره پر شدن دانه با عملکرد می‌توان احتمال داد که با افزایش دوره رسیدگی، عملکرد دانه گیاه افزایش داشته است. با توجه به اینکه ۸۰ تا ۹۰ درصد کربوهیدرات‌ها برای رشد دانه، از فتوسنتز بعد از گرده‌افشانی حاصل می‌شود در محیط‌های مساعد ژنوتیپ‌هایی که از طول دوره رشد بالاتری برخوردار باشند، می‌توانند مقدار بیشتری مواد فتوسنتزی را به مخازن انتقال داده و نهایتاً عملکرد بالایی داشته باشند.

با توجه به این موضوع می‌توان صفت طول رسیدگی را به‌عنوان یک شاخص انتخاب مستقل در جهت اصلاح ارقام مختلف گندم در نظر گرفت. در توافق با نتیجه پژوهش حاضر، اسلام و همکاران (Islam *et al*., 2015)، در مطالعه‌ای به همبستگی مثبت و معنی‌دار عملکرد با صفات روز تا گلدهی و روز تا رسیدگی کامل دانه اشاره کردند. با توجه به نتایج، صفت ارتفاع بوته همبستگی مثبتی را با صفت عملکرد بیولوژیک دارا بود. مقدار مثبت و بالای این همبستگی بیانگر اهمیت ارتفاع بوته در افزایش عملکرد بیولوژیک بوده و در پی آن افزایش محصول را شامل خواهد شد. وجود همبستگی مثبت و معنی‌دار بین ارتفاع بوته با عملکرد دانه می‌تواند به‌دلیل ذخایر بیشتر ساقه و انتقال آن به دانه‌ها در طول پر شدن دانه‌ها باشد (جدول ۲). در این آزمایش همبستگی فنوتیپی بین عملکرد دانه با صفات تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه مثبت و معنی‌دار بود و رابطه بین تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه منفی و معنی‌دار بود. در پژوهشی گزارش شد که با افزایش تعداد دانه در سنبله معمولاً دانه‌ها کوچک‌تر می‌شوند، در نتیجه وزن هزاردانه کاهش می‌یابد (Subhashchandra *et al*., 2009). همچنین در طی مطالعه‌ای

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-04-16]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.2.6.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.2.6]

ارتباط عملکرد دانه با اجزای عملکرد گندم، همبستگی بین عملکرد دانه با صفات وزن هزاردانه و تعداد دانه در سنبله مثبت و معنی‌دار گزارش گردید (Chalish and Houshmand, 2011). در پژوهشی، همبستگی منفی و معنی‌داری را بین وزن هزاردانه و تعداد دانه در سنبله گزارش نمودند (Farahani and Arzani, 2006)، که این نتایج با تحقیق حاضر همخوانی دارد.

ضرایب همبستگی بین صفات در این مطالعه نشان می‌دهد که علامت همبستگی‌های ژنوتیپی و فنوتیپی در اکثر موارد مشابه هستند، ولی از نظر مقدار در بسیاری از موارد با هم اختلاف دارند. از آن‌جایی‌که صفات مورد بررسی کمی هستند و محیط تأثیر قابل‌ملاحظه‌ای بر روی آن‌ها داشته است، وجود این اختلافات دور از انتظار نیست. نتایج ضرایب همبستگی ژنوتیپی نشان می‌دهد بین عملکرد دانه و صفات طول سنبله، وزن سنبله، تعداد پنجه بارور، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن هزاردانه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت همبستگی ژنوتیپی مثبت و معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد وجود دارد. صفات عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت همبستگی ژنوتیپی مثبت و معنی‌داری با صفات طول سنبله، وزن سنبله، تعداد پنجه بارور، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن هزاردانه داشتند. همچنین صفت ارتفاع بوته با صفات تعداد روز تا ساقه‌دهی، طول پدانکل و طول ریشک همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت. صفت طول سنبله همبستگی ژنوتیپی مثبت و معنی‌داری با صفات تعداد روز تا ساقه‌دهی، تعداد روز تا سبز شدن، طول دوره پر شدن دانه و طول ریشک داشت. این نتایج با نتایج مطالعه عابدینی و همکاران (Abedini *et al*., 2016) مطابقت داشت.

تجزیه رگرسیون چندمتغیره خطی به روش گام‌به‌گام: برای تبیین سهم اثر تجمعی صفات در تعیین عملکرد دانه در بوته، از روش رگرسیون مرحله‌ای چندمتغیره خطی (گام‌به‌گام) استفاده گردید. برای این منظور در تجزیه رگرسیون به روش گام‌به‌گام صفت عملکرد دانه به‌عنوان متغیر وابسته و باقی صفات به‌عنوان صفات مستقل در نظر گرفته شدند (جدول ۳). نتایج نشان داد که صفات عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، تعداد دانه در سنبله اصلی و وزن سنبله اصلی وارد مدل شدند که حدود ۹۸ درصد از تغییرات عملکرد دانه را توجیه نمودند. صفات عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت، بخش اعظم تغییرات را به خود اختصاص دادند. همان‌طور که ملاحظه می‌شود نتایج این تجزیه با تجزیه ضرایب همبستگی مطابقت دارد. به‌طوری که عملکرد بیولوژیک، شاخص بسیار خوبی برای توجیه عملکرد بود و همچنین شاخص برداشت که دارای ضریب همبستگی معنی‌داری با عملکرد دانه بود، هردو وارد مدل گردیدند و از جمله صفات دیگری که وارد مدل رگرسیونی شدند، تعداد دانه در سنبله اصلی و وزن سنبله اصلی بود که بایستی اثرات مستقیم و غیرمستقیم آن‌ها را در نظر گرفت. این نتایج با پژوهش‌های که در مورد گندم (Golparvar *et al*., 2002; Dabi *et al*., 2016; Ahmad *et al*., 2018; Baye *et al*., 2020; Semnaninejad *et al*., 2021) انجام شده است، همخوانی داشت.

پس از عملکرد بیولوژیک، بیشترین اثر مستقیم بر عملکرد دانه مربوط به صفت وزن سنبله اصلی (۰/٤۱) بود، که از طریق عملکرد بیولوژیک بیشترین اثر غیرمستقیم مثبت بر عملکرد دانه را نشان داد. پس از صفت وزن سنبله اصلی، صفت تعداد دانه در سنبله بیشترین اثر مستقیم (۰/۳۹) بر عملکرد دانه را داشت. در همین راستا اوکویاما و همکاران (Okuyama *et al*., 2004) و بای و همکاران (Baye *et al*., 2020) در گندم نشان دادند که تعداد دانه در سنبله آثار مستقیم و مثبتی روی عملکرد دانه داشته است. صفت وزن سنبله اصلی بیشترین تأثیر غیرمستقیم و مثبت را بر عملکرد داشت. صفت شاخص برداشت در میان صفات وارد شده به مدل رگرسیون کمترین اثر مستقیم (۰/۳۲) بر عملکرد دانه را داشت. همچنین شاخص برداشت از طریق وزن سنبله اصلی نیز به‌طور غیرمستقیم سبب افزایش در عملکرد دانه شد (جدول ٤). به‌طور کلی بر اساس نتایج تجزیه علیت، صفت عملکرد بیولوژیک، دارای بالاترین اثر مستقیم و مثبت بر روی عملکرد دانه بود و لذا می‌توان این صفت را به‌عنوان بهترین صفت مؤثر بر عملکرد که به مقدار زیادی بر عملکرد تأثیر داشته و در بالا بردن آن نقش دارد، در نظر گرفت.

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-04-16]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.2.6.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.2.6]

[DOI: 10.52547/pgr.8.2.6] [DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.2.6.2] [Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-04-16]

جدول ۲- ضرایب همبستگی ژنوتیپی (بالای قطر) و فنوتیپی ساده (پایین قطر) بین صفات مختلف در ارقام گندم

Table 2. Genotypic (upper diameter) and phenotypic (lower diameter) correlation coefficients between different traits of wheat genotypes

صفات Traits	GP	NDE	NDS	ND50F	NDM	GPL	NL	LAI	SPAD	AL	FLL	PEL	PAL	PW	NFT	NFSP	NN	NSP	PL	TSW	BY	HI	SPY
GP	1	0.02	0.3	-0.02	0.22	0.2	0.07	0.08	0.1	0.29**	0.11	-0.04	0.14	0.08	-0.04	-0.07	0.07	0.02	0.17	0.12	0.01	0.02	0.01
NDE	0.04	1	-0.07	0.05	-0.12	-0.13	-0.11	-0.06	-0.02	-0.04	0.03	-0.03	-0.04	-0.04	-0.09	0.02	-0.17	-0.07	-0.07	-0.12	-0.11	-0.06	-0.09
NDS	0.44**	-0.06	1	-0.11	0.55**	0.54**	0.18	0.1	0.29**	0.53**	0.25*	0.18	0.48**	0.07	0.14	-0.01	0.02	0.29**	0.32**	0.04	0.09	0.06	0.04
NDF	-0.1	0.11	-0.14	1	0.01	-0.47	-0.06	-0.09	0.01	-0.08	0.03	-0.04	-0.03	-0.05	0.02	0.01	0.06	0.03	-0.1	-0.07	0.03	0.01	0.04
NDM	0.33**	-0.14	0.59**	0.02	1	0.88**	0.15	0.04	0.23*	0.34**	0.12	0.03	0.37**	0.14	0.13	0.08	0.04	0.21	0.13	0.1	0.14	0.11	0.16
GPL	0.35**	-0.17	0.61**	-0.35	0.92**	1	0.16	0.08	0.2	0.34**	0.1	0.05	0.34**	0.15	0.1	0.06	0.01	0.17	0.16	0.12	0.11	0.1	0.12
NL	0.10	-0.09	0.23*	-0.03	0.23**	0.23**	1	0.72**	0.03	0.23*	-0.01	0.01	0.12	0.21	0.07	0.07	0.02	0.14	0.16	0.12	0.18	0.17	0.13
LAI	0.12	-0.03	0.14	-0.08	0.09	0.12	0.71**	1	0.16	0.29**	0.05	0.06	0.15	0.21	0.04	0.04	0.07	0.08	0.13	0.09	0.18	0.16	0.13
SPAD	0.15	-0.01	0.31**	0.01	0.24**	0.22*	0.04	0.19*	1	0.33**	0.14	0.12	0.16	0.05	0.1	0.01	0.06	0.06	0.17	-0.03	0.09	0.05	0.07
AL	0.51**	-0.01	0.60**	-0.09	0.41**	0.42**	0.27**	0.33**	0.38**	1	0.32**	0.1	0.35**	0.08	0.04	-0.07	0.01	0.04	0.23*	0.14	0.11	0.09	0.09
FLL	0.24**	0.03	0.28**	0.01	0.14	0.12	-0.03	0.07	0.19*	0.38**	1	-0.02	0.23*	0.01	-0.01	0.07	-0.05	0.2	0.08	0.03	0.03	0.02	0.06
PEL	-0.11	-0.04	0.20*	-0.04	0.03	0.04	0.06	0.13	0.15	0.13	-0.02	1	0.12	-0.02	0.26**	0.01	0.01	0.02	0.46**	-0.02	0.18	0.16	0.13
PAL	0.23**	-0.06	0.54**	-0.05	0.43**	0.42**	0.14	0.18*	0.19*	0.463**	0.31**	0.14	1	0.48**	0.21	0.3	0.06	0.41**	0.18	0.14	0.37*	0.33**	0.28**
PW	0.09	-0.08	0.08	-0.13	0.17*	0.20*	0.25**	0.25**	0.02	0.11	0.01	-0.07	0.50**	1	0.11	0.62**	0.07	0.42**	0.21	0.27*	0.58**	0.43**	0.50**
NFT	-0.09	-0.14	0.15	0.02	0.14	0.12	0.03	0.01	0.12	0.07	0.01	0.38**	0.19*	0.07	1	0.07	0.09	0.09	0.18	0.04	0.54**	0.49**	0.39**
NFSP	-0.09	-0.05	-0.03	-0.07	0.04	0.06	0.08	0.06	-0.02	-0.14	0.01	-0.03	0.35**	0.75**	0.06	1	0.02	0.51**	0.1	-0.04	0.4**	0.51**	0.56**
NN	-0.05	-0.21	0.11	0.04	0.14	0.11	0.10	0.04	0.08	0.04	-0.11	0.32**	0.17*	0.09	0.89**	0.09	1	0.1	0.09	-0.07	0.14	0.1	0.09
NSP	0.07	-0.11	0.34**	-0.01	0.25**	0.23**	0.19*	0.12	0.09	0.07	0.18*	-0.01	0.49**	0.53**	0.02	0.60**	0.06	1	0.23	0.04	0.31**	0.28**	0.3**
PL	0.25**	-0.06	0.37**	-0.14	0.14	0.18*	0.21*	0.17*	0.19*	0.31**	0.09	0.49**	0.19*	0.23**	0.16*	0.11	0.18*	0.28**	1	0.08	0.27**	0.24*	0.19
TSW	0.11	-0.11	0.04	-0.10	0.14	0.17*	0.13	0.10	-0.03	0.13	0.04	-0.06	0.28**	0.38**	0.07	-0.31**	0.03	0.08	0.10	1	0.23*	0.21	0.24*
BY	-0.04	-0.12	0.10	0.03	0.16	0.14	0.21*	0.20*	0.09	0.14	0.05	0.20*	0.40**	0.62**	0.53**	0.51**	0.47**	0.36**	0.26**	0.31**	1	0.71**	0.75**
HI	0.04	-0.07	-0.12	-0.11	-0.02	0.01	-0.15	-0.13	-0.02	-0.11	-0.01	-0.19	-0.16	-0.06	-0.15	-0.01	-0.05	-0.22	-0.20	-0.11	-0.30	1	0.41**
SPY	-0.04	-0.15	0.05	0.20*	0.19*	0.26**	0.14	0.13	0.07	0.09	0.27**	0.28**	0.36**	0.62**	0.50**	0.55**	0.48**	0.30**	0.21*	0.28**	0.94**	0.51**	1

GP: درصد جوانه‌زنی؛ NDE: روز تا سبز شدن؛ NDS: روز از سبز شدن تا ساقه‌دهی؛ NDF: روز از سبز شدن تا گل‌دهی؛ NDM: روز از سبز شدن تا رسیدگی کامل؛ GPL: طول دوره پر شدن دانه؛ NL: تعداد برگ؛ LAI: شاخص سطح برگ؛ SPAD: شاخص کلروفیل برگ؛ AL: طول ریشک؛ FLL: طول برگ پرچم؛ PEL: طول پدانکل؛ PAL: طول سنبله؛ PW: وزن سنبله؛ NFT: تعداد پنجه بارور؛ NFSP: تعداد دانه در سنبله؛ NN: تعداد گره؛ NSP: تعداد سنبلچه در سنبله؛ PL: ارتفاع بوته؛ TSW: وزن هزاردانه؛ BY: عملکرد بیولوژیک؛ HI: شاخص برداشت؛ PY: عملکرد تک‌بوته

GP: Germination percentage; NDE: Days to emergence; NDS: Days from emergence to shoot; NDF: Days from emergence to flowering; NDM: Days from emergence to full maturity; GPL: Grain filling period length; NL: No. of leaves; LAI: Total Leaf area index; AL: Awn length; FLL: Flag leaf length; PEL: Peduncle length; PAL: Panicle length; PW: Panicle weight; NFT: No. of fertile tiller; NFSP: No. of filled seeds per panicle; NN: No. of nodes; NSP: No. of spikelets; PL: Plant height; TSW: Thousand seeds weight; BY: BiologicYield; HI: Harvest index; PY: Single plant yield

* و **: به‌ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

* and **: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively

جدول ۳- رگرسیون گام‌به‌گام عملکرد دانه (متغیر وابسته) با سایر صفات (متغیرهای مستقل)

Table 3. Step-wise regression analysis of grain yield (dependent variable) with the other traits (independent variables)

صفات وارد شده در مدل Traits entered into the model	خطای استاندارد Standard error	ضرایب رگرسیون Regression coefficients	ضریب تبیین R^2 Adjusted R square	F
عملکرد بیولوژیک Biological yield	0.6033	-9.406**	0.89	865.54
شاخص برداشت Harvest index (%)	0.1197	0.477**	0.96	12179.61
تعداد دانه در سنبله No. of filled seeds per panicle	0.1151	20.142**	0.97	8779.95
وزن سنبله اصلی Spike weight (g)	0.1129	– 0.048**	0.98	6848.23

**: معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد

**: Significant at 1% probability level

جدول ٤- تجزیه ضرایب علیت اثرات مستقیم و غیرمستقیم صفات ارزیابی شده بر روی عملکرد دانه تک‌بوته

Table 4. Path coefficients analysis of direct and indirect effects of evaluated traits on the grain yield of a single plant

صفات Traits	اثر مستقیم Direct Effect	اثرات غیرمستقیم Indirect effects				جمع اثرات غیرمستقیم Addition of indirect effects
		عملکرد بیولوژیک Biological yield	شاخص برداشت Harvest index (%)	تعداد دانه در سنبله No. of filled seeds per panicle	وزن سنبله اصلی Spike weight (g)	
عملکرد بیولوژیک Biological yield	1.046	-----	0.169	-0.357	0.087	-0.101
شاخص برداشت Harvest index (%)	0.327	-0.112	-----	0.053	0.242	0.188
تعداد دانه در سنبله No. of filled seeds per panicle	0.393	-0.078	0.025	-----	0.216	0.164
وزن سنبله اصلی Spike weight (g)	0.416	0.110	0.068	0.027	-----	0.212
اثرات باقیمانده Residual effects	0.059					

تجزیه به عامل‌ها: از تجزیه به عامل‌ها برای شناسایی عوامل پنهانی مؤثر بر ماتریس داده‌ها استفاده می‌گردد. در این روش که مبتنی‌بر تجزیه و تحلیل ماتریس واریانس- کوواریانس متغیرها است، عواملی فراتر از متغیرها که در حالت عادی قابل مشاهده و قابل تشخیص نیستند ولی نقش مهمی بر ساختار داده‌ها و روابط بین متغیرها دارند تعریف و ارائه می‌گردند. این عوامل پنهانی کشف شده را می‌توان به‌عنوان متغیرهای جدیدی که اطلاعات متغیرهای اولیه را در خود خلاصه نموده‌اند مورد تحلیل و تفسیر قرار داد. با در نظر گرفتن مقادیر ویژه بزرگ‌تر از یک در تجزیه به عامل‌ها، ۸ مؤلفه در نظر گرفته شد کـه ۷۵/۱۸ درصـد تغییرات داده‌ها را توجیه نمودند (جدول ۵).

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-04-16]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.2.6.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.2.6]

لازم به ذکر است که مقادیر KMO (Kaiser–Meyer–Olkin) به‌دست آمده (۰/۶۳) و نیز معنی‌دار بودن آزمون بارتلت، بیانگر کافی بودن مقادیر همبستگی متغیرهای اولیه برای انجام تجزیه به عامل‌ها بود. عامل اول که بیشترین حجم از تغییرات داده‌ها را تبیین کرد (۲۳/۳۸ درصد) دارای ضرایب بزرگ و مثبت برای صفات طول سنبله، وزن سنبله و تعداد دانه در سنبله بود (جدول ٦). اگر گزینش بر اساس عامل اول صورت بگیرد این انتخاب بیشترین تأثیر را بر روی صفات با طول سنبله، وزن سنبله و تعداد دانه در سنبله بالا خواهد داشت و ژنوتیپ‌های برگزیده دارای اجزای عملکرد بالایی خواهند بود. عامل دوم که ۱۳/۵۲ درصد از تغییرات را تبیین کرد دارای ضرایب مثبت و بزرگ برای صفات درصد جوانه‌زنی، تعداد روز از سبز شدن تا رسیدگی کامل و طول دوره پر شدن دانه بود که این عوامل را می‌توان عوامل مؤثر بر خصوصیات رسیدگی نام‌گذاری کرد. همچنین عامل سوم ضرایب بزرگ برای صفات تعداد پنجه بارور، تعداد گره، عملکرد بیولوژیک و عملکرد بوته داشت لذا می‌توان این عامل را عامل مؤثر بر عملکرد اقتصادی نام‌گذاری کرد. عامل چهارم ۷/۸۸ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه می‌کند و شامل صفات شاخص کلروفیل برگ، طول ریشک و شاخص برداشت است که این عامل تحت عنوان عامل شاخص برداشت نام‌گذاری شد. عامل پنجم ٦/٤١ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه کرد و شامل صفات تعداد برگ و شاخص سطح برگ بود. عامل ششم شامل صفات طول برگ‌پرچم، طول پدانکل و ارتفاع گیاه بود که ۵/۳۷ درصد از کل تغییرات داده‌ها را تبیین کرد که این عوامل را می‌توان عوامل مؤثر بر رشد رویشی نام‌گذاری کرد. عامل هفتم ٤/٩٤ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه کرد و شامل صفات تعداد سنبلچه و وزن هزاردانه بود. عامل هشتم ٤/٧١ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه کرد و شامل صفات تعداد روز از کاشت تا سبز شدن، روز از سبز شدن تا ساقه‌دهی و روز از سبز شدن تا گل‌دهی است.

گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس روش بای‌پلات: در این تحقیق، تجزیه بای‌پلات ژنوتیپ × صفت برای بررسی هم‌زمان صفات و جایگاه ژنوتیپ‌ها در ارتباط با آن‌ها استفاده شد. بای‌پلات نمایش داده شده ٦٩/٩ درصد از تغییرات کل را توجیه کرد. نمای چندضلعی بای‌پلات نمایش داده شده برای شناسایی ژنوتیپ‌هایی که برخوردار از بیشترین ارزش‌ها برای یک یا چند صفت می‌باشد در شکل ۱ ارائه شده است. همان‌طور که در این شکل نمایان است، ژنوتیپ‌های ٤٤، ۱۷، ۳۲، ۱۰، ٦، ۸۹ و ۵ در رئوس چندضلعی قرار گرفته‌اند که بای‌پلات را به ۷ ناحیه تقسیم نمودند. ارزشمندترین ژنوتیپ، ژنوتیپی است که بیشترین صفات از جمله صفات عملکرد و اجزای عملکرد را در یک ناحیه داشته باشد. صفاتی نظیر تعداد سنبلچه در سنبله، عملکرد تک‌بوته، عملکرد بیولوژیک، وزن سنبله، طول سنبله، روز تا سبز شدن، روز تا رسیدگی کامل و طول دوره پرشدن دانه در ناحیه ژنوتیپ ٤٤ (گنبد♀ × احسان♂) واقع شدند که بیان‌کننده این است که ژنوتیپ گنبد♀ × احسان♂، بیشترین مقادیر را برای این صفات دارا می‌باشد. والد احسان هم برای این صفات بعد از ژنوتیپ گنبد♀ × احسان♂ در رتبه دوم قرار گرفت. بای-پلات GT برای بررسی روابط صفات و ارزیابی ژنوتیپ‌ها در گندم نان (Gholizadeh *et al*., 2018; Rahmati *et al*, 2020)، گندم دوروم (Mohammadi and Amri, 2011)، پنبه (Xu *et al*., 2017) و اسفناج (Sabaghnia *et al*, 2016) استفاده شده است.

انتخاب بر اساس عملکرد به‌دلیل وراثت‌پذیری پایین آن، مخصوصاً تحت شرایط مزرعه، ناکافی است؛ بنابراین می‌توان صفاتی را که دارای بیشترین تأثیر بوده و رابطه معنی‌دار با عملکرد دانه دارند، در برنامه‌های به‌نژادی در اولویت قرار داد.

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-04-16]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.2.6.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.2.6]

جدول ۵- مقادیر ویژه، درصد واریانس و درصد واریانس تجمعی برای ۸ عامل استخراج شده به روش مؤلفه‌های اصلی

Table 5. Eigen values, variance and cumulative variance percentage for 8 factors extracted by principal components method

عامل‌ها Factors	مقدار ویژه Eigen values	درصد واریانس Variance (%)	درصد واریانس تجمعی Cumulative variance (%)
عامل اول (First factor)	5.37	23.38	23.38
عامل دوم (Second factor)	3.11	13.52	36.90
عامل سوم (Third factor)	2.21	9.61	46.51
عامل چهارم (Fourth factor)	1.66	7.88	53.73
عامل پنجم (Fifth factor)	1.47	6.41	60.15
عامل ششم (Sixth factor)	1.23	5.37	65.52
عامل هفتم (Seventh factor)	1.13	4.94	70.47
عامل هشتم (Eighth factor)	1.08	4.71	75.18

جدول ٦- ضرایب عاملی در تجزیه به عامل‌ها به روش مؤلفه‌های اصلی و چرخش واریماکس

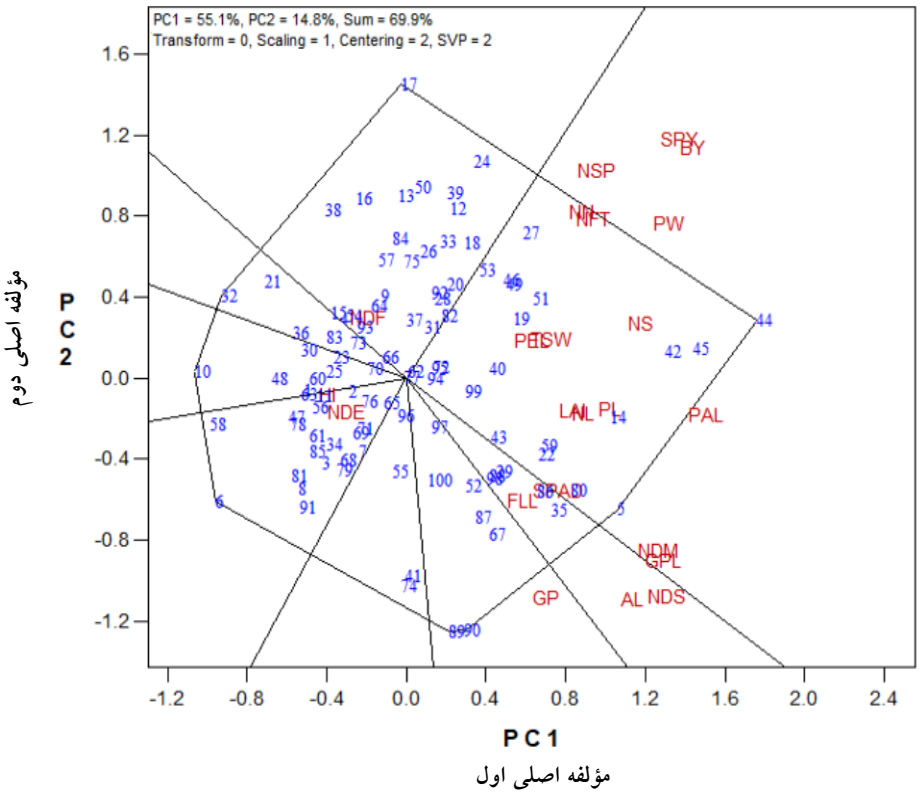
Table 6- Factor coefficients in factor analysis using principal components and varimax rotation

صفات Traits	عامل اول First factor	عامل دوم Second factor	عامل سوم Third factor	عامل چهارم Fourth factor	عامل پنجم Fifth factor	عامل ششم Sixth factor	عامل هفتم Seventh factor	عامل هشتم Eighth factor
GP	-0.07	0.58	-0.17	0.32	0.06	0.04	0.24	-0.14
NDE	-0.05	-0.31	-0.23	0.26	-0.08	-0.01	-0.03	0.30
NDS	0.07	0.05	0.01	0.45	0.06	0.32	-0.06	0.68
NDF	-0.05	-0.14	0.16	0.06	0.00	-0.36	-0.20	0.71
NDM	0.08	0.90	0.12	0.18	0.08	-0.09	0.02	0.06
GPL	0.10	0.90	0.05	0.15	0.08	0.05	0.09	-0.21
NL	0.10	0.20	0.02	-0.04	0.89	0.07	0.06	0.06
LAI	0.10	-0.01	0.02	0.17	0.90	0.09	0.02	-0.02
SPAD	-0.01	0.13	0.17	0.53	0.15	0.11	-0.30	-0.04
AL	-0.07	0.34	0.05	0.72	0.27	0.18	0.14	0.01
FLL	0.12	0.01	-0.06	-0.03	-0.11	0.72	-0.01	0.08
PEL	-0.08	-0.02	0.36	0.02	0.05	0.74	-0.17	0.04
PAL	0.52	0.42	0.13	0.40	0.01	0.11	0.08	0.14
PW	0.84	0.05	0.08	0.05	0.19	0.00	0.32	-0.11
NFT	0.00	0.10	0.91	0.01	-0.05	0.17	0.01	0.07
KPS	0.92	-0.05	0.06	-0.09	0.00	-0.03	-0.12	-0.10
NN	0.02	0.13	0.89	-0.08	0.02	0.13	-0.05	-0.01
NSP	-0.10	0.29	-0.10	0.03	0.03	0.17	0.77	0.20
PL	0.18	0.09	0.08	0.20	0.12	0.77	0.07	-0.06
TSW	0.10	0.09	0.09	0.04	0.07	-0.02	0.87	-0.01
BY	0.60	-0.02	0.62	0.07	0.14	0.10	0.30	0.13
HI	-0.08	-0.07	0.01	0.10	-0.10	-0.43	-0.23	-0.71
SPY	0.61	-0.05	0.65	0.09	0.12	-0.04	0.23	-0.10

GP: درصد جوانه‌زنی؛ NDE: روز تا سبز شدن؛ NDS: روز از سبز شدن تا ساقه‌دهی؛ NDF: روز از سبز شدن تا گل‌دهی؛ NDM: روز از سبز شدن تا رسیدگی کامل؛ GPL: طول دوره پر شدن دانه؛ NL: تعداد برگ؛ LAI: شاخص سطح برگ؛ Spad: شاخص کلروفیل برگ؛ AL: طول ریشک؛ FLL: طول برگ پرچم؛ PEL: طول پدانکل؛ PAL: طول سنبله؛ PW: وزن سنبله؛ NFT: تعداد پنجه بارور؛ NFSP: تعداد دانه در سنبله؛ NN: تعداد گره؛ NSP: تعداد سنبلچه در سنبله؛ PL: ارتفاع بوته؛ TSW: وزن هزاردانه؛ BY: عملکرد بیولوژیک؛ HI: شاخص برداشت؛ PY: عملکرد تک‌بوته

GP: Germination percentage; NDE: Days to emergence; NDS: Days from emergence to shoot; NDF: Days from emergence to flowering; NDM: Days from emergence to full maturity; GPL: Grain filling period length; NL: No. of leaves; LAI: Total Leaf area index; AL: Awn length; FLL: Flag leaf length; PEL: Peduncle length; PAL: Panicle length; PW: Panicle weight; NFT: No. of fertile tiller; NFSP: No. of filled seeds per panicle; NN: No. of nodes; NSP: No. of spikelets; PL: Plant height; TSW: Thousand seeds weight; BY: BiologicYield; HI: Harvest index; PY: Single plant yield

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-04-16]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.2.6.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.2.6]



شکل ۱- نمای چندضلعی بای‌پلات ژنوتیپ × صفت بر اساس مؤلفه‌های اصلی اول و دوم برای شناسایی ارزشمندترین ژنوتیپ‌های گندم نان از نظر صفات مورد مطالعه

Figure 1. Polygon view of genotype × trait's plot based on the first and second main components to identify the most valuable bread wheat genotypes in terms of studied traits

در مجموع با نتایج گرفته شده از تجزیه علیت و همچنین نتایج حاصل از تجزیه‌ی رگرسیون و تجزیه‌ی ضرایب همبستگی ژنوتیپی و فنوتیپی می‌توان عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، تعداد دانه در سنبله و وزن سنبله را به‌عنوان بهترین و مهم‌ترین صفات مؤثر بر عملکرد دانه و به‌عنوان شاخص‌های مطلوب در انتخاب ژنوتیپ‌های گندم معرفی نمود. با توجه به اینکه ژنوتیپ گنبد♀ × احسان♂ و احسان برای صفاتی نظیر تعداد سنبلچه در سنبله، عملکرد تک‌بوته، عملکرد بیولوژیک، وزن سنبله، طول سنبله، تعداد روز از سبز شدن تا رسیدگی کامل و طول دوره پر شدن دانه، بیشترین مقادیر را داشتند، در تحقیقات به‌نژادی می‌توان از آن‌ها استفاده نمود.

References

Abedini, S,. Mohammadi-Nejad, G. and 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).

Ahmad, T., Kumar, A., Pandey, D. and Prasad, B. (2018). Correlation and path coefficient analysis for yield and its attributing traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L. em Thell). *Journal of Applied and Natural Science*, **10:** 1078-1084.

Ahmadi, A,. Pourghasemi, R. and Hosseinpour, T. (2014). Relationship between grain yield and yield components of barley genotypes by multivariate statistical methods. *Agroecology Journal*, **10:** 1-13 (In Persian).

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-04-16]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.2.6.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.2.6]

Aklilu, E., Dejene, T. and Worede, F. (2020). Genotypic and phenotypic correlation and path coefficient analysis for yield and yield related traits in barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces in North Gondar, Ethiopia. *Indian Journal of Pure & Applied Biosciences*, **8:** 24-36.

Baye, A., Berihun, B., Bantayehu, M. and Derebe, B. (2020). Genotypic and phenotypic correlation and path coefficient analysis for yield and yield-related traits in advanced bread wheat (*Triticum aestivum* L.) lines. *Cogent Food & Agriculture*, **6:** 1-17.

Chalish, L. and Houshmand, S. (2011). Estimate of Heritability and relationship of some durum wheat characters using recombinant inbred lines. *Electronic journal of crop Production*, **2:** 223-238.

Dabi, A., Mekbib, F. and Desalegn, T. (2016). Estimation of genetic and phenotypic correlation coefficients and path analysis of yield and yield contributing traits of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. International *Journal Natural Resource Ecology Management*, **1:** 145-154.

Dabiri, M., Bahramnejad, M. and Baghbanzadeh, M. (2009). Ammonium salt catalyzed multicomponent transformation: simple route to functionalized spirochromenes and spiroacridines. *Tetrahedron*, **65:** 9443-9447.

Dashtaki, M., Bihamta, M.H., Majidi, E. and Azizinejad, R. (2022). Effect of end-of-season drought stress on yield, yield components and some morphological and phenological characteristics of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Plant Research* (*Iranian Journal of Biology*), **1:** 34-47 (In Persian).

Dawari, N.H. and Luthra, O.P. (1991). Character association studies under high and low environments in wheat. *Indian Journal of Agricultural Research*, **25:** 515-518.

Dofing, S. and Knight, C. (1992). Alternative model for path analysis of small-grain yield. *Crop Science*, **32:** 487-489.

Dorrani-Nejad, M,. Mohammadi-Nejad, G. and Nakhoda, B. (2016). Assessment of relationship between agronomic traits and grain yield in recombinant inbred lines derived from roshan × falat wheat varieties under drought stress. *Journal of Crop Breeding*, **8:** 52-59 (In Persian).

Farahani, A. and Arzani, A. (2006). Investigating genetic variation of cultivars and F1 hybrids of durum wheat using agronomic and morphologic characters. *Journal of Sciences and Technology of Agriculture and Natural Resources*, **10:** 341-354.

Gholizadeh, A., Dehghani, H., Amini, A. and Akbarpour, O. (2018). Study on trait relations of wheat genotypes using the Biplot method. *Iranian Journal of Field Crop Science*, **3:** 121-136 (In Persian).

Golparvar, A.R., Ghanadha, M.R., Zali, A.A. and Ahmadi, A. (2002). Evaluation of morphological traits as selection criteria in breeding of wheat. *Iranian Journal of Crop Sciences*, **4:** 202-205 (In Persian).

Hamza, H., Asghari, A., Mohammadi, S.A., Sofalian, O. and Mohammadi, S. (2017). Grouping of spring wheat recombinant inbred lines base some agronomic traits. *Journal of Agronomy and Plant Breeding*, **13:** 43-54 (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:** 642-654.

Islam, M.A., Raffi, S.A., Hossain, M.A. and Hasan, A.K. (2015). Character association and path coefficient analysis of grain yield and yield related traits in some promising early to medium duration rice advanced lines. *International Journal of Experimental Agriculture*, **5:** 8-12.

Janmohammadi, M., Sabaghnia, N. and Nouraein, M. (2014). Path analysis of grain yield and yield components and some agronomic traits in bread wheat. *Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis*, **62:** 945-952.

Joseph, J. and Santhosh Kumar, A. (1999). Character association and cause effect analysis in some F2 population of green gram. *Legume Research*, **22:** 99-103.

Keshavarznia, R., Mohammadi Nargesi, B. and Abassi, A.R. (2013). Study of genetic diversity of common bean based on morphological traits under both normal and drought stress conditions. *Iranian Journal of Field Crop Science*, **44:** 305-315 (In Persian).

Khodadadi, M., Dehghani, H. and Fotokian, M.H. (2011). Study of heritability, path and factor analysis in winter wheat (Triticum aestivum L.) genotypes. *Journal of Agronomy Sciences*, **4:** 67-78 (In Persian).

Mohammadi, R. and Amri, A. (2011). Analysis of genotype × environment interaction in rain-fed durum wheat of Iran using GGE-biplot and non-parametric methods. *Canadian Journal of Plant Science*, **92:** 757-770.

Motamedi, M. and safari, P. (2018). Biplot Analysis of diallel data for water deficit stress tolerance in wheat. *Plant Genetic Researches*, **4:** 61-74 (In Persian).

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-04-16]
[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.2.6.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.2.6]

Nayebi Aghbolag, K.H., Sabaghnia, N., Asandi Somehsofla, M. and Janmohammadi, M. (2019). Study of Correlation Coefficients of Agronomic Traits and Path Analysis of Seed Yield in Rye. *Journal of Plant Productions*, **42:** 31-46 (In Persian).

Neyestani, E., Makarian, H., Ameri, A.A. and Haydari, M. (2020). Evaluation of yield relationship with yield components in different dry land wheat genotypes. *Journal of Plant Ecophysiology (Arsanjan Branch)*, **40:** 82-90 (In Persian).

Okuyama, L.A., Ferizzi, L.C. and Neto, J.F.B. (2004). Correlation and path analysis of yield and its components and plant traits in wheat. *Ciencica Rural, Santa Maria*, **34:** 1701-1708.

Radaei Alamoli, Z., Jahansouz, M., Soufizadeh, S. and Hosseini, S.M. (2020). Evaluation the growth characteristics, yield and yield components of wheat and barley under water and nitrogen stress conditions. *Iranian Journal of Field Crop Science*, **2:** 87-104 (In Persian).

Rahmati, M., Hosseinpour, T. and Ahmadi, A. (2020). Assessment of interrelationship between agronomic traits of wheat genotypes under rain-fed conditions using double and triple biplots of genotype, trait and yield. *Journal Iranian Dryland Agronomy*, **1:** 1-20 (In Persian).

Rakshit, S., Ganapathy, K., Gomashe, S., Rathore, A., Ghorade, R., Kumar. M.N., Ganesmurthy, K., Jain, S., Kamtar, M. and Sachan, J. (2012). GGE biplot analysis to evaluate genotype, environment and their interactions in sorghum multi-location data. *Euphytica*, **185:** 465-479.

Roohi, E., Pezeskpour, P. and Fatehi, S. (2019). Grouping of Kabuli chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes in Entezary planting using multivariate statistical methods. *Journal Iranian Dryland Agronomy*, **2:** 203-218 (In Persian).

Sabaghnia, N., Mohebodini, M. and Janmohammadi, M. (2016). Biplot analysis of trait relations of spinach (*Spinacia oleracea* L.) landraces. *Genetika*, **48:** 675-690.

Sadeghi, F. and Rotbeh, J. (2016). Evaluation of grain yield and yield components using descriptive and multivariate statistics. *Journal of Crop Breeding*. **8:** 212-221 (In Persian).

Saraei, M., Sam Daliri, M., Mohadesi, A. and Moradkhani, M. (2018). Correlation analysis between grain yield and some important traits related to rice lines using path analysis. *Journal of Crop Breeding*, **10:** 49-56 (In Persian).

Saremi-Rad, A., Seyed Hassan Pour, S.M., Mostafavi, K. and Sadeghi Give, H. (2018). Assessment of relationship between grain yield and some related traits in oilseed sunflower genotypes. *Iranian Journal of Agronomy & Plant Breeding*. **1:** 1-9 (In Persian).

Semnaninejad, H., Nourmohammadi, G., Rameeh, V. and Cherati, A. (2021). Correlation and path coefficient analyses of phenological traits, yield components and quality traits in wheat. *Brazilian Journal of Agricultural and Environmental Engineering*, **9:** 597-603.

Shahbazian, N., Dadi, A. and Iran Nejad, H. (2007). Reaction of winter wheat response to previous culture (fallow, wheat, soybeans and alfalfa) and manure application in Qazvin region. *Agricultural Sciences*, **13:** 125-135 (In Persian).

Singh, S. and Singh, T. (2001). Correlation and path analysis in common wheat (*Triticum aestivum* L.) under light texture soil. *Resources on Crops*, **2:** 99-101.

Soleymani, A. and Naseri, R. (2020). Evaluation of relationships between grain yield and agro-physiological traits of bread wheat genotypes under rainfed conditions. *Journal of Environmental Stresses in Crop Sciences*. **13:** 701-714 (In Persian).

Subhashchandra, B., Lohithaswa, H.C., Desai, A.S. and Hanchinal, R.R. (2009). Assessment of genetic variability and relationship between genetic diversity and transgressive segregation in tetraploid wheat. *Karnataka Journal of Agricultural Sciences*, **22:** 36-38.

Valizadeh, S., Ismaili, A., Ahmadi, H., Akbarpour, O.A., Bajalan, B. and Amini, A. (2020). Use of restricted maximum likelihood approach for estimation of genotypic correlation and heritability in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) under water deficit stress. *Plant Genetic Researches*, **6:** 183-200 (In Persian).

Xu, N., Fok, M., Li, J., Yang, X. and Yan, W. (2017). Optimization of cotton variety registration criteria aided with a genotype- by-trait biplot analysis. *Scientific Reports*, **7:** 17237.

Yan, W. and Fregeau-Reid, J. (2018). Genotype by yield×trait (GYT) Biplot: a novel approach for genotype selection based on multiple traits. *Scientific Reports*, **8:** 8242.

Yin, X., Chasalow, S.D., Stam, P.M., Kropff, J., Dourleijn, C.J., Bos, I. and Bindraban, P.S. (2002). Use of component analysis in QTL mapping of complex crop traits: a case study on yield in barley. *Plant Breeding*, **121:** 314-319.

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-04-16]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.2.6.2]

[DOI: 10.52547/pgr.8.2.6]

Valuations of Variables as Selection Index for Improving Grain Yield in Bread Wheat

Kaveh Sadeghi[1], Mohammadhadi Pahlavani[2,*], Mohsen Esmaeilzadeh Moghaddam[3], and Khalil Zaynali Nezhad[4]

1- Ph.D. Student, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran
2- Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran
3- Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
4- Assistant Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran

(Received: January 26, 2022 - Accepted: March 9, 2022)

Abstract

Identifying selection indices is the most important step of a breeding project that aims to improve grain yield. The definition of the selection index is usually done by evaluating the variables in multivariate statistical methods. In the present study, the relationship between grain yield and its components in bread wheat genotypes was determined by multivariate statistical methods. The experiment was conducted in a randomized complete block design with 3 replications in the research farm of Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources in the 2018-19 crop years. Ten commercial cultivars of bread wheat along with their offspring from direct and inverse crosses in a dialysis arrangement were evaluated for morphological and phenological traits, especially grain yield and its components. The results of genotypic and phenotypic correlation coefficients showed a positive and significant correlation (at 1% probability level) between grain yield and spike length, spike weight, number of fertile tillers, number of seeds per spike, number of spikes per spike, 1000-seed weight, biological yield and harvest index. Based on the results of stepwise regression analysis, biological yield, harvest index, number of grains per main spike and main spike weight were entered into the regression model, respectively, and explained a total of 98% of the variation in grain yield. Based on the results of path analysis, biological yield had the highest direct effect on grain yield. After biological yield, the most direct effect on grain yield was related to the weight of main spike. Also, by considering eigenvalues greater than one in factor analysis, 8 hidden factors were identified that explained a total of 75.18% of the data changes. In general, it can be concluded that biological yield, harvest index, number of seeds per spike and weight of spike compared to other traits can be used as appropriate indicators in breeding programs to select high-yield genotypes in field conditions. Genotypes Alo, Ehsan♂ × Gonbad♀ and Ehsan had the highest value for the studied traits, which can be used in future breeding researches.

Keywords: Path analysis, Stepwise regression, Genotypic correlation, GGE biplot

* **Corresponding Author, E-mail: hpahlevani@gau.ac.ir**

[Downloaded from journals.lu.ac.ir on 2024-04-16]

[DOR: 20.1001.1.23831367.1400.8.2.6.2]
[DOI: 10.52547/pgr.8.2.6]