علوم و تحقیقات بذر ایران
سال دهم/ شماره چهارم/ ۱۴۰۲ (۱۷ - ۱)
مقاله پژوهشی
DOI: 10.22124/jms.2023.7680

ارزیابی لاین‌های اینبرد نوترکیب گندم در مقایسه با ارقام شاهد از لحاظ مؤلفه‌های مختلف جوانه‌زنی بر اساس شاخص‌های چندصفتی

مبینا خرف‌مسکینی[۱]، عاطفه صبوری*[۲]، تیاگو اولیوتو[۳]، حسین‌علی فلاحی[۴]

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۹/۲۴ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۱۱/۱۵

چکیده

گندم به‌عنوان یکی از مهم‌ترین گیاهان زراعی، تأمین‌کننده اصلی غذای انسان می‌باشد. این تحقیق با هدف بررسی لاین‌های اینبرد نوترکیب گندم بر اساس مولفه‌های جوانه‌زنی و مقایسه آنها با ارقام شاهد منطقه برای انتخاب برترین لاین‌ها با استفاده از شاخص گزینشی فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ چندصفتی (MGIDI) انجام شد. به‌این منظور ۴۰ لاین اینبرد نوترکیب گندم (F8) به‌همراه شش رقم شاهد (آرمان، آراز، احسان، تیرگان، معراج و کلاته) ارزیابی شدند. با توجه به نتایج تجزیه واریانس تفاوت معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای همه صفات در سطح احتمال یک درصد مشاهده شد. نتایج تجزیه به عامل‌ها برای صفات مورد بررسی سه عامل را شناسایی کرد که ۸۶/۹۳ درصد از تنوع کل داده‌ها را توجیه نمودند. بر مبنای شاخص MGIDI نیز هفت لاین L3-4، L7-5، L7-4، L8-5، L4-4، L5-3 و L3-3 انتخاب شدند که با کمترین فاصله تا ژنوتیپ ایده‌آل جزء برترین ژنوتیپ‌ها بودند. بر اساس تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها به پنج گروه تقسیم شدند و ژنوتیپ‌های گروه پنجم، از لحاظ کلیه مؤلفه‌های جوانه‌زنی و صفات گیاهچه‌ای به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند که منطبق با ژنوتیپ‌های شناسایی شده بر مبنای شاخص MGIDI بود. بیشترین درصد دیفرانسیل گزینش و بهره ژنتیکی به شاخص بنیه بذر وزنی‌تر (به‌ترتیب ۱۶/۴۹ و ۱۴/۲۹درصد) اختصاص داشت که نشان می‌دهد برتر بودن ژنوتیپ‌های انتخابی از لحاظ این ویژگی برجسته‌تر می‌باشد. بر اساس نتایج، لاین‌های اینبرد نوترکیب مورد مطالعه از لحاظ صفات مورد بررسی، به‌طور معنی‌داری برتر از ارقام شاهد بودند. همچنین نتایج این بررسی نشان داد، استفاده از شاخص MGIDI می‌تواند به‌طور کارآمدی ژنوتیپ‌های برتر را شناسایی کند.

واژه‌های کلیدی: انتخاب غیر مستقیم، تجزیه به عامل‌ها، تجزیه خوشه‌ای، شاخص MGIDI

۱- دانشجوی کارشناسی‌ارشد اصلاح نباتات، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران. mobina.meskini@gmail.com
۲- دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران. a.sabouri@guilan.ac.ir
۳- دانشیار، گروه علوم گیاهی، دانشگاه فدرال سانتا کاتارینا، سانتا کاتارینا، ایالت ریوگرانده دوسول، برزیل. tiagoolivoto@gmail.com
۴- استادیار پژوهشی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران. hafallahi@gmail.com
*نویسنده مسئول: a.sabouri@guilan.ac.ir

مقدمه

گندم (*Triticum aestivum* L.) یکی از مهم‌ترین گیاهان زراعی است. بیشترین سطح زیر کشت غلات به گندم اختصاص دارد، سازگاری بسیار زیادی با اقلیم‌های مختلف دارد، در محدوده وسیعی از شرایط آب و هوایی جهان رشد می‌کند و تأمین‌کننده اصلی غذای انسان می‌باشد (Emam, 2003). این غله بخش مهمی از رژیم غذایی روزانه و منبع کربوهیدرات است (Litoriya *et al*., 2018). جوانه‌زنی، یعنی ظهور گیاهک از بذر، به‌عنوان مرحله‌ای مهم و حساس در فرآیند رشد گیاه محسوب می‌شود. زیرا این مرحله استقرار گیاهچه و رشد آتی گیاه را تعیین می‌کند و در نتیجه به تولید محصول موفق کمک می‌کند (Krichen *et al*., 2014; James *et al*., 2008). درصد بالای جوانه‌زنی و بنیه بذر باعث ایجاد گیاهانی می‌شود که جمعیت آن ها در مزرعه کافی و دارای رشد یکنواخت و یکدست هستند. این دو فاکتور دارای اثر قابل توجه در محصول نهایی و تعیین‌کننده ارزش کشت بذر می‌باشند (Souhani, 2015). به‌این ترتیب انتخاب برای صفات در طول مرحله جوانه‌زنی و ریشه‌زایی اولیه حائز اهمیت است (Murillo *et al*., 2001).

تنوع ژنتیکی اساس و پایه کار اصلاح نباتات است. به‌دلیل کاهش تنوع ژنتیکی، یک برنامه به‌نژادی بنیادی با تولید جمعیت لاین‌های اینبرد نوترکیب که با تلاقی ژنوتیپ‌ها و توسعه آن با نسل‌های متوالی خودگشنی حاصل می‌شود، ضروری است. افراد این جمعیت‌ها بسیار متنوع هستند و حتی می‌توانند از نظر صفات مختلف نسبت به والدین خود برتر باشند لذا برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بستر مناسبی را فراهم می‌کنند (Jalalifar *et al*., 2023; Young, 2000). با توجه به نقش تنوع ژنتیکی در پیش‌برد اهداف برنامه‌های به‌نژادی بدون شک بررسی لاین‌های جدید گندم با خصوصیات مورفولوژیک مطلوب از جمله روش‌های مناسب در جهت بهبود صفات مهم، اصلاح و معرفی ارقام تجاری است که نهایتاً منجر به افزایش تولید گندم خواهد شد (Dastfal *et al*., 2022). احمدی‌راد و همکاران (Ahmadirad *et al*., 2022) و آقایی و همکاران (Aghaei *et al*., 2023) لاین‌های اینبرد نوترکیب گندم را با ارقام شاهد مقایسه کردند. آن‌ها تنوع ژنتیکی قابل توجهی بین ژنوتیپ‌ها یافتند و تعدادی از لاین‌های امیدبخش برتر و پرمحصول که نسبت به والدین خود برتر بودند را انتخاب کردند.

به‌طور کلی هدف به‌نژادی گیاهی، اصلاح و بهبود ژنتیکی یک گونه در بهترین وجه ممکن است. بدیهی است که ارزش اقتصادی یک رقم به صفات مختلف آن بستگی دارد و چگونگی اعمال انتخاب برای چندین صفت به‌منظور حصول حداکثر ارزش اقتصادی همیشه مورد نظر به‌نژادگران بوده است. بنابراین گزینش یک امر ضروری در برنامه‌های به‌نژادی است. شاخص گزینشی یک روش انتخاب غیرمستقیم و یک تابع خطی از مقادیر فنوتیپی قابل مشاهده صفات مختلف می‌باشد. هدف از کاربرد یک شاخص گزینشی در اصلاح نباتات، تلاش برای گزینش ارزش ژنوتیپی برتر در جمعیت است. با استفاده از شاخص انتخاب برای هر ژنوتیپ، لاین و یا رقم؛ عددی به نام شاخص تخمین زده می‌شود که به‌عنوان معیاری منحصر به‌فرد برای انتخاب افراد قلمداد می‌شود (Baker, 1986; Rezaei, 1994). در این راستا سال‌های اخیر اولیوتو و ناردینو (Olivoto and Nardino, 2021) شاخصی با عنوان فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ چندصفتی (MGIDI)[1] را معرفی کردند. در این روش تمرکز بر انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس چند صفت به‌طور همزمان است و شامل یک فرآیند انتخاب منحصر به فرد با تفسیر آسان و بدون ضرایب وزنی می‌باشد. یعنی برای ارزیابی بهتر ژنوتیپ‌ها و تنوع ژنتیکی بین آن‌ها، همه صفات به‌صورت یک شاخص واحد درمی‌آیند و رتبه‌بندی و تعیین ژنوتیپ‌های برتر راحت‌تر انجام می‌شود. با توجه به تعریف ژنوتیپ-ایدئوتیپ بر اساس صفات موجود، در نهایت لاین، ژنوتیپ یا رقم با کمترین فاصله از ایدئوتیپ (کمترین مقدار MGIDI) به‌عنوان برترین ژنوتیپ تعیین می‌شود. نتایج استفاده از شاخص MGIDI توسط اولیوتو و ناردینو (Olivoto and Nardino, 2021) برای گزینش و غربال برترین لاین‌های گندم گرمسیری از بین ۴۴ ژنوتیپ نشان داد که MGIDI می‌تواند به‌طور مؤثری ژنوتیپ‌های برتر را بر اساس داده‌های چندصفتی انتخاب کند و در مقایسه با سایر روش‌های پیشین بهتر عمل کند و به محققین کمک کند تا تصمیم‌های استراتژیک بهتری برای انتخاب چند متغیره مؤثر در آزمایشات بیولوژیکی بگیرند.

[1] Multitrait Genotype-Ideotype Distance Index (MGIDI)

با توجه به ارزش و اهمیت لاین‌های اینبرد نوترکیب توسعه یافته در ایران و استفاده از آن‌ها به‌عنوان منابع ژنتیکی جدید، این تحقیق با هدف مقایسه و انتخاب برترین لاین‌ها بر اساس مؤلفه‌های جوانه‌زنی با استفاده از شاخص گزینشی چندصفتی طراحی شد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و طرح آزمایشی

مواد گیاهی مطالعه حاضر شامل ۴۰ لاین اینبرد نوترکیب گندم (F8) به‌همراه شش رقم شاهد که در مناطق شمالی کشور کشت می‌شود شامل ارقام آرمان، آراز، احسان، تیرگان، معراج و کلاته بود که از دانشگاه گنبد کاووس و مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران تهیه شدند (جدول ۱).

آزمایش جوانه‌زنی و بررسی ویژگی‌های بذور و گیاهچه‌ها در آزمایشگاه ژنومیکس دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان انجام شد. ابتدا بذور با استفاده از محلول هیپوکلریت سدیم یک درصد به‌مدت ۱۰ دقیقه ضدعفونی و سپس سه بار با آب مقطر شستشو شدند. آزمون جوانه‌زنی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار در واحدهای پتری‌دیش انجام شد. نمونه‌ها در داخل انکوباتور با دمای ۲۰ درجه سلسیوس (به‌عنوان دمای بهینه جوانه‌زنی گندم) قرار داده شدند. معیار بذور جوانه زده خروج ریشه‌چه به اندازه حداقل دو میلی‌متر بود. شمارش بذور جوانه‌زده دو بار در روز در زمان مشخص (در ۱۸، ۲۴، ۴۲، ۴۸، ۶۶، ۷۲، ۹۰، ۹۶، ۱۱۴ و ۱۲۰ ساعت) انجام شد و تا زمان تثبیت بذور جوانه زده ادامه یافت (Djanaguiraman *et al.*, 2004)

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های گندم مورد بررسی در مطالعه حاضر

Table 1. Information of studied wheat genotypes in the current study

شماره Number	کد لاین‌ها یا نام رقم Line code or cultivar name	والدین لاین‌ها Line's Parents	شماره Number	کد لاین یا نام رقم Line code or cultivar name	والدین لاین‌ها Line's Parents
1	L 1-1	Mehrgan×n-92-9	26	L 6-1	Mehrgan×Ehsan
2	L 1-2		27	L 6-2	
3	L 1-3		28	L 6-3	
4	L 1-4		29	L 6-4	
5	L 1-5		30	L 6-5	
6	L 2-1	Verobi×n-80-19	31	L 7-1	Mehrgan×Line17
7	L 2-2		32	L 7-2	
8	L 2-3		33	L 7-3	
9	L 2-4		34	L 7-4	
10	L 2-5		35	L 7-5	
11	L 3-1	Line17×n-80-19	36	L 8-1	Atrak ×n-80-19
12	L 3-2		37	L 8-2	
13	L 3-3		38	L 8-3	
14	L 3-4		39	L 8-4	
15	L 3-5		40	L 8-5	
16	L 4-1	Line17×Atrak	41	Araz	
17	L 4-2		42	Arman	
18	L 4-3		43	Kalateh	
19	L 4-4		44	Meraj	
20	L 4-5		45	Tirgan	
21	L 5-1	Karim×Atrak	46	Ehsan	
22	L 5-2				
23	L 5-3				
24	L 5-4				
25	L 5-5				

صفات مورد بررسی

پس از پایان ثبت جوانه‌زنی، طول ریشه‌چه و ساقه‌چه بذور با خط‌کش اندازه‌گیری شد و بعد از توزین و ثبت وزن‌تر آن‌ها به‌منظور ثبت وزن خشک، ابتدا نمونه‌ها به‌مدت ۲۴ ساعت در آون در دمای ۷۲ درجه سلسیوس قرار گرفتند. سپس توزین به وسیله ترازو با دقت سه رقم اعشار انجام

سپس توزین به وسیله ترازو با دقت سه رقم اعشار انجام شد. مؤلفه‌های جوانه‌زنی شامل طول ریشه‌چه و ساقه‌چه، وزن تر و خشک ریشه‌چه و ساقه‌چه محاسبه شدند و همچنین درصد تجمعی جوانه‌زنی، شاخص بنیه بذر طولی، شاخص بنیه بذر وزنی (تر)، شاخص بنیه بذر وزنی (خشک) طبق روابط زیر محاسبه شدند. شاخص بنیه بذر بر اساس روش عبدالبکی و اندرسون (Abdul-Baki and Anderson, 1973)، است. برای محاسبه سرعت جوانه‌زنی (R50)، یکنواختی جوانه‌زنی (GU)، حداکثر یا ماکزیمم جوانه‌زنی (Gmax) و مقادیر زمان لازم برای رسیدن به ۵، ۱۰، ۵۰، ۹۰ و ۹۵ درصد جوانه‌زنی (D5، D10، D50، D90 و D95) از برنامه Germin (Soltani and Maddah, 2010) استفاده شد.

(رابطه ۱):

$$\text{درصد جوانه‌زنی} = \left(\frac{\text{تعداد بذرهای جوانه زده تا روز i ام}}{\text{تعداد کل بذور}}\right) \times ۱۰۰$$

(رابطه ۲):

$$\text{شاخص بنیه بذر طولی} = \frac{(\text{طول ریشه‌چه} + \text{طول ساقه‌چه}) \times \text{درصد جوانه‌زنی}}{100}$$

(رابطه ۳):

$$\text{شاخص بنیه بذر وزنی (تر)} = \frac{(\text{وزن تر ریشه‌چه} + \text{وزن تر ساقه‌چه}) \times \text{درصد جوانه‌زنی}}{100}$$

(رابطه ۴):

$$\text{شاخص بنیه بذر وزنی (خشک)} = \frac{(\text{وزن خشک ریشه‌چه} + \text{وزن خشک ساقه‌چه}) \times \text{درصد جوانه‌زنی}}{100}$$

D50: زمان لازم برای رسیدن به ۵۰ درصد جوانه‌زنی است.

(رابطه ۵): سرعت جوانه‌زنی $R50 = \frac{1}{D50}$

(رابطه ۶): یکنواختی جوانه‌زنی $GU = D90 - D10$

D10 و D90 به‌ترتیب زمان لازم برای رسیدن به ۱۰ و ۹۰ درصد جوانه‌زنی است، هرچه مقدار یکنواختی جوانه‌زنی کمتر باشد نشان‌دهنده جوانه‌زنی همزمان و یکنواخت‌تر می‌باشد.

تجزیه‌های آماری

ابتدا مفروضات تجزیه واریانس بررسی شد و پس از اطمینان از برقراری مفروضات، تجزیه واریانس داده‌ها با استفاده از نرم افزار SAS Ver.9 انجام شد. به‌منظور گروهبندی ژنوتیپ‌های گندم مورد مطالعه تجزیه خوشه‌ای انجام شد. در تجزیه خوشه‌ای از الگوریتم‌های مختلف، CL، UPGMA و Ward و براساس معیار فاصله اقلیدسی استفاده شد. در نهایت چون روش Ward توانست تفکیک بهتری از ژنوتیپ‌های گندم را نشان دهد، انتخاب شد و برترین گروه از ژنوتیپ‌ها از لحاظ مجموعه صفات مورد بررسی، تعیین شد. صحت گروه‌بندی با استفاده از تجزیه تابع تشخیص آزمون شد.

به‌منظور محاسبه شاخص MGIDI در چهار مرحله اصلی و مطابق روش اولیوتو و ناردینو (Olivoto and Nardino, 2021) به شرح زیر با استفاده از بسته metan محیط برنامه‌نویسی R انجام شد. در مرحله نخست مقیاس-بندی مجدد صفات به‌طوری که همه دارای محدوده صفر تا ۱۰۰ باشند انجام شد. اگر فرض کنیم Xij، اعضای یک جدول دو طرفه با ردیف i (تعداد ژنوتیپ) و ستون j (تعداد صفت) باشد، مقدار تغییر مقیاس شده برای ردیف i و ستون j (rXij) به‌صورت رابطه ۷ محاسبه می‌شود:

(رابطه ۷):

$$rXij = \frac{\eta nj - \varphi nj}{\eta oj - \varphi oj} \times (\theta ij - \eta oj) + \eta nj$$

در رابطه ۷، ηnj و ϕnj به‌ترتیب مقادیر حداکثر و حداقل جدید برای صفت j پس از تغییر مقیاس هستند. برای صفاتی که در آن‌ها کمتر بودن مطلوب است باید از ηnj=0 و ϕnj=100 و برای صفاتی که در آنها بیشتر بودن مطلوب است، از ηnj=100 و ϕnj=0 استفاده کرد. ηoj و ϕoj به‌ترتیب مقادیر حداکثر و حداقل اولیه برای صفت j هستند و θij مقدار اصلی برای صفت j ام ژنوتیپ است. در مرحله دوم از تجزیه به عامل‌ها همراه با چرخه واریماکس برای تبیین ساختار همبستگی بین صفات و کاهش ابعاد داده‌ها استفاده شد و در نهایت نمرات فاکتورها برای هر ژنوتیپ محاسبه شد. در این مرحله فقط بارهای عاملی مربوط به فاکتورهایی که مقادیر ویژه بالاتر از یک دارند مدنظر قرار می‌گیرد. در مرحله سوم یک ایدئوتیپ بر اساس مقادیر شناخته شده و مطلوب صفات طراحی شد. طبق رابطه ۷ ایدئوتیپ به گونه‌ای تعریف شده است که دارای بالاترین مقدار مقیاس برابر با ۱۰۰ و صفر به‌ترتیب برای همه صفاتی که بیشتر بودن و کمتر بودن آن‌ها مطلوب است. در مرحله نهایی شاخص MGIDI محاسبه شد. این شاخص فاصله بین هر ژنوتیپ تا ایدئوتیپ است که مطابق رابطه ۸ محاسبه شد:

(رابطه ۸)

$$MGIDI_i = \left[\sum_{j=1}^{f}(\gamma ij - \gamma j)^2\right]^{0.5}$$

که در آن MGIDIi شاخص فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ چندصفتی برای ژنوتیپ i ام است. γij امتیاز برای ژنوتیپ i ام در فاکتور j ام است (i=1,2,...,g؛ j=1,2,...,f)، g و f به‌ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها و فاکتورها هستند. γj امتیاز j ام ایدئوتیپ است. پس از محاسبه شاخص MGIDI برای ژنوتیپ‌ها، ژنوتیپ‌های برتر که واجد حداقل این شاخص و کمترین فاصله از ژنوتیپ ایدئوتیپ بودند، انتخاب شدند. شاخص MGIDI با استفاده از بسته تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی metan (Olivoto and Lu´cio, 2020) در محیط برنامه‌نویسی R محاسبه و گراف‌ها با استفاده از پکیج ggplot2 (Wickham, 2016) ترسیم شدند.

دیفرانسیل انتخاب برای همه صفات با در نظر گرفتن شدت انتخاب ۱۵ درصد انجام شد. دیفرانسیل انتخاب (SD) به‌عنوان تفاوت بین میانگین ژنوتیپ‌های انتخاب شده ($\overline{X}_S$) و جمعیت اصلی ($\overline{X}_O$) محاسبه شد. سود انتخابی پیش‌بینی شده (SG) با استفاده از شاخص MGIDI برای هر صفت با استفاده از معادله ۹ محاسبه شد. که در آن $\overline{X}_S$ و $\overline{X}_O$ به‌ترتیب میانگین ژنوتیپ‌های انتخابی و جمعیت اصلی و h^2 وراثت‌پذیری است.

$$SG\ (\%) = \frac{(\overline{X}_S - \overline{X}_O)h^2}{\overline{X}_O}$$ (رابطه ۹):

نتایج و بحث

تجزیه واریانس: بر اساس نتایج، تفاوت معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای همه صفات در سطح احتمال یک درصد مشاهده شد که بیانگر وجود تنوع ژنتیکی قابل توجهی در بین ژنوتیپ‌ها می‌باشد. بنابراین می‌توان از این تنوع در برنامه‌های گزینش برای بهبود صفات جوانه‌زنی بهره برد (جدول ۲).

تجزیه خوشه‌ای: درخت دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای به روش Ward، به پنج گروه تقسیم شد تا بهترین تمایز و تفکیک بین ژنوتیپ‌ها به‌وجود آید (شکل ۱). بر اساس آزمون آماره لاندای ویلک (۰/۵۴۵)، نتایج تجزیه تابع تشخیص معنی‌دار ($P<.015$) به‌دست آمد که بیانگر تایید نقطه برش دندروگرام است. میانگین کلیه صفات (M) برای هر گروه به‌همراه درصد انحراف از میانگین کل (D) به‌منظور مقایسه گروه‌ها از لحاظ صفات مختلف، در جدول ۳ نشان داده شده است.

بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای، برترین گروه از لحاظ مؤلفه‌های جوانه‌زنی و ویژگی‌های گیاهچه‌ای، گروه پنجم شناسایی شد. اعضای گروه ۵ شامل لاین‌های L3-4، L4-3، L4-4، L7-4، L7-5، L8-4 و L8-5 بود. این لاین‌ها برای تمامی صفاتی که بیشتر بودن آن‌ها مطلوب است شامل طول ساقه‌چه و ریشه‌چه، وزن‌تر و خشک ساقه‌چه و ریشه‌چه، درصد تجمعی جوانه‌زنی، شاخص بنیه بذر طولی، شاخص بنیه بذر وزنی‌تر و خشک، حداکثر جوانه‌زنی و سرعت جوانه‌زنی، بالاترین درصد انحراف از میانگین مثبت را داشتند. از طرفی برای تمام صفاتی که کمتربودن آن‌ها مطلوب است شامل یکنواختی جوانه‌زنی (مقدار کمتر این صفت به معنی جوانه‌زنی یکنواخت‌تر می‌باشد) و زمان لازم برای رسیدن به ۵، ۱۰، ۵۰، ۹۰ و ۹۵ درصد جوانه‌زنی، بیشترین درصد انحراف از میانگین منفی را داشتند. بنابراین به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند. میانگین درصد جوانه‌زنی برای این گروه ۹۹/۸۲ بود. بیشترین شاخص بنیه طولی (۱۵۷/۵۸)، وزن تر (۰/۶۳) و وزن خشک (۰/۰۶۹) را به خود اختصاص دادند که به بالاتر بودن طول و وزن ریشه‌چه و ساقه‌چه لاین‌های این گروه برمی‌گردد. بیشترین تمایز گروه پنجم بر اساس میزان درصد انحراف از میانگین کل نیز به ویژگی‌های مورفولوژیکی گیاهچه‌ها و شاخص بنیه بذری آن‌ها مربوط می‌شود. بعد از گروه پنجم، گروه چهارم که شامل لاین‌های L1-2، L1-3، L1-4، L1-5، L3-3، L4-1، L4-2، L4-5، L5-2، L5-3، L5-5، L7-1، L7-3 و L8-2 بود، در مرتبه بعدی قرار گرفتند. میانگین درصد جوانه‌زنی لاین‌های این گروه، ۹۸/۷۶ درصد ثبت شد. درصد جوانه‌زنی بالای بذر سبب خروج سریع‌تر گیاهچه از خاک و استقرار و رشد سریع آنها می‌شود که این امر ناشی از بیشتر بودن ذخیره غذایی و خصوصیت فیزیولوژیک برتر بذرها است (Elias *et al.*, 2006). از طرفی تعیین درصد جوانه‌زنی روشی برای ارزیابی کیفیت بذر تحت شرایط آزمایشگاهی می‌باشد. بذرهایی که دارای قوه نامیه مطلوب هستند، بین ۹۰ تا ۱۰۰ درصد در آزمایشگاه جوانه می‌زنند و درصد ظهور گیاهچه آن‌ها معمولاً در مزرعه حدود ۸۵ تا ۹۰ درصد است (Copeland, 1995).

ضعیف‌ترین گروه از لحاظ کل صفات مرتبط با جوانه‌زنی و گیاهچه‌ها، گروه اول شناسایی شد که شامل ارقام شاهد آراز، آرمان، کلاته، معراج و تیرگان بود. اعضای این گروه برای تمامی صفاتی که مثبت بودن مطلوب است، درصد

انحراف منفی و برای صفاتی که کمتر بودن آن‌ها موردنظر است، یعنی یکنواختی جوانه‌زنی و D05، D10، D50، D90 و D95 (زمان لازم برای رسیدن به ۵، ۱۰، ۵۰، ۹۰ و ۹۵ درصد جوانه‌زنی) بیشترین درصد انحراف مثبت را نشان دادند. یکنواختی جوانه‌زنی در حقیقت طول فاز خطی در منحنی درصد تجمعی جوانه‌زنی در مقابل زمان را نشان می‌دهد. هرقدر طول این مرحله کوتاه‌تر باشد، حاکی از جوانه‌زنی همزمان بذور است. برعکس، طولانی بودن این مرحله نشان می‌دهد که بذور به‌طور همزمان جوانه نزده‌اند، بلکه جوانه‌زنی آنها در دوره زمانی بیشتری صورت گرفته است. جوانه‌زنی غیر همزمان در مدت طولانی‌تر احتمال حمله بیماری‌های خاک‌زی به بذر و گیاهچه را افزایش می‌دهد و سبب کاهش استقرار کامل گیاهچه‌ها خواهد شد (Latifi *et al*., 2004).مدت زمانی که لازم است تا جوانه‌زنی از ۵ درصد به ۹۵ درصد خود برسد نیز به گونه‌ای معرف یکنواختی جوانه‌زنی است و هر چه مقدار این مدت زمان کمتر باشد بیانگر جوانه‌زنی یکنواخت‌تر (همزمان) بذور می‌باشد (Soltani and Maddah, 2010). به‌عبارت دیگر هرچقدر این متغیرها (D05، D10، D50، D90 و D95) از ارزش کمتری برخوردار باشند نشان‌دهنده یکنواختی بیشتر و سرعت جوانه‌زنی بالاتر در بذور می‌باشد. گروه ارقام شاهد از لحاظ این صفات به شدت ضعیف‌تر از سایر ژنوتیپ‌ها ظاهر شدند و در مقابل، لاین‌های اینبرد نوترکیب بسیار بهتر عمل کردند. بنابراین می‌توان اذعان داشت این نتایج بیانگر پتانسیل بالای جوانه‌زنی لاین‌های اینبرد نوترکیب مورد مطالعه بودند که با ارقام شاهد اختلاف معنی‌داری نشان دادند. توان بالاتر این لاین‌ها در این مرحله رشدی که استقرار گیاه را در شرایط مزرعه تضمین می‌کند، می‌تواند نویدبخش عملکرد بالاتر این لاین‌ها در شرایط مزرعه‌ای باشد. صداقتی و همکاران (Sedaghati *et al*., 2022) نشان دادند ارتباط معنی‌داری بین ویژگی‌های گیاهچه‌ای از جمله طول و وزن‌تر و خشک گیاهچه لاین‌های جو با عملکرد آن‌ها در شرایط مزرعه‌ای وجود دارد. بنیه بذر به‌توان تولید گیاهچه قوی در کمترین زمان ممکن گفته می‌شود. این صفت مهم‌ترین عامل در استقرار و رشد گیاه می‌باشد که در نهایت منجر به افزایش عملکرد می‌شود (Hampton and TeKrony, 1995). به‌طور کلی یک شاخص مهم برای سنجش قدرت اولیه گیاهچه، داشتن وزن بالاتر گیاهچه است، زیرا با زیست‌توده اندام هوایی همبستگی زیادی دارد. از طرف دیگر، قدرت اولیه باعث استقرار سریع‌تر کانوپی می‌شود. این ویژگی‌ها به نوبه خود باعث افزایش فتوسنتز کانوپی و کارایی مصرف آب می‌شود. با توجه به مزایایی که برای گیاهان فراهم می‌شود، بنیه اولیه گیاهچه از دیرباز یکی از معیارهای انتخاب در برنامه‌های مختلف اصلاح زراعی بوده است (Shi *et al*., 2020).

شناسایی لاین‌های اینبرد نوترکیب به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر در پژوهش‌های مختلفی انجام شده است. حمزه و همکاران (Hamze *et al*., 2019) ۱۴۸ لاین اینبرد نوترکیب گندم حاصل از تلاقی Yecora Rojo و No. 49 را از نظر صفات مختلف فنولوژیکی در دو شرایط آبیاری کامل و تنش کم‌آبی مورد ارزیابی قرار دادند. بر اساس نتایج بین ژنوتیپ‌ها از لحاظ کلیه صفات مورد بررسی اختلاف معنی‌داری مشاهده شد و تنوع ژنتیکی قابل توجهی در بین ژنوتیپ‌ها از نظر کلیه صفات وجود داشت که منجر به انتخاب ژنوتیپ‌های برتر شد. بر اساس نتایج تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌ها به چهار گروه دسته‌بندی شدند و ژنوتیپ‌های گروه چهارم که متشکل از ۱۴ لاین بود، بالاترین مقادیر صفات فنولوژیک، تخصیص مواد فتوسنتزی و عملکرد دانه را در مقایسه با میانگین کل به خود اختصاص دادند و به‌عنوان ژنوتیپ‌های مناسب شناخته شدند.

اراحمدی و همکاران (Yarahmadi *et al*., 2021) در پژوهشی ۱۳۲ ژنوتیپ گندم بهاره شامل ۶۲ رقم ایرانی و خارجی و ۷۰ لاین پیشرفته را بررسی کردند. نتایج تجزیه واریانس آن‌ها نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر همه صفات تفاوت معنی‌داری داشتند. با استفاده از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها به پنج گروه تقسیم شدند و ژنوتیپ‌های گروه چهارم شامل ۱۹ ژنوتیپ از نظر میانگین صفات عملکرد دانه، طول دوره پر شدن دانه، وزن هزار دانه، وزن سنبله، وزن دانه در سنبله، روز تا سنبله‌دهی و سرعت پر شدن دانه، برتر از ژنوتیپ‌های سایر گروه‌ها بودند.

نظری و همکاران (Nazari *et al*., 2023) برای گزینش لاین‌های برتر گندم بر اساس صفات مورفوفنولوژیک بر روی ۲۴ ژنوتیپ گندم نان شامل ۲۱ لاین امیدبخش و سه رقم Sardari، Hashtrood و Sadra به‌عنوان شاهد آزمایشی انجام دادند. در نتایج تجزیه واریانس آن‌ها اثر ژنوتیپ فقط برای صفات روز تا سنبله‌دهی و عملکرد دانه معنی‌دار شد یعنی میان ژنوتیپ‌ها تنوع کافی از لحاظ این دو صفت وجود داشت. ژنوتیپ‌ها به کمک تجزیه خوشه‌ای

در چهار گروه قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های گروه دوم شامل هفت لاین از لحاظ اکثر صفات مخصوصاً عملکرد دانه دارای بیشترین مقدار بودند و به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند.

تجزیه به عامل‌ها

از آنجایی که شاخصMGIDI مبتنی بر تجزیه به عامل‌هاست، نتایج تجزیه به عامل‌ها در جدول ۴ ارائه شده است. بر اساس نتایج، سه عامل شناسایی شد که مقادیر ویژه بیشتر از یک (به‌ترتیب ۱۱/۱۳، ۲/۵۰ و ۱/۱۴) داشتند. این سه عامل به‌ترتیب با تبیین ۶۵/۴۹، ۱۴/۷۱ و ۶/۷۳ درصد واریانس، در مجموع ۸۶/۹۳ درصد از تغییرات و تنوع کل موجود بین صفات را توجیه نمودند و کمتر ۱۴ درصد از کل تغییرات به عامل‌های باقیمانده منتسب شد (جدول ۴). بنابراین بر اساس درصد بالای توجیه واریانس کل به وسیله سه عامل شناسایی شده، انتظار می‌رود بتوان بر اساس نتایج تجزیه به عامل‌ها به‌نحو مطلوبی ژنوتیپ‌های برتر را شناسایی نمود. در مطالعه اولیوتو و ناردینو (Olivoto and Nardino, 2021) ۱۴ صفت اصلی به پنج عامل پنهانی کاهش یافت که ۸۷ درصد از داده‌های اصلی را توضیح می‌داد. این کاهش ابعاد، تفسیر و تصمیم گیری توسط محققین را ساده‌تر می‌کند.

به‌منظور گروه‌بندی صفات مورد مطالعه بر مبنای نتایج تجزیه عاملی از بارهای عاملی استفاده و مقادیر بزرگتر از ۰/۵ به‌عنوان بارهای عاملی معنی‌دار در نظر گرفته شد و سپس هر صفت به عاملی اختصاص یافت که قدر مطلق بار عاملی بزرگتری در آن عامل داشت (Moghaddam *et al*., 2009). در عامل اول، صفات سرعت جوانه‌زنی، یکنواختی جوانه‌زنی، زمان لازم برای رسیدن به ۵ ، ۱۰، ۵۰، ۹۰ و ۹۵ درصد جوانه‌زنی. در عامل دوم، صفات طول ساقه‌چه، وزن‌تر ساقه‌چه، وزن خشک ساقه‌چه، وزن‌تر ریشه‌چه، وزن خشک ریشه‌چه، شاخص بنیه بذر وزنی (تر)، شاخص بنیه بذر وزنی (خشک) و در عامل سوم، صفات طول ریشه‌چه، درصد تجمعی جوانه‌زنی، شاخص بنیه بذر طولی قرار گرفتند.

انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بر اساس MGIDI

شکل ۲ رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها را بر اساس شاخص MGIDI نشان می‌دهد. در این روش، ژنوتیپ‌هایی با کمترین مقدار MGIDI، در حقیقت فاصله کمتری تا ایدئوتیپ یا ژنوتیپ هدف دارند و بنابراین ایده‌آل‌ترین ژنوتیپ‌ها از لحاظ مؤلفه‌های جوانه‌زنی و صفات گیاهچه‌ای هستند. ژنوتیپ‌های انتخاب شده با دایره‌های قرمز رنگ نشان داده شده‌اند. خط دایره‌ای قرمز رنگ در مرکز نمودار، نقطه برش را با توجه به‌شدت انتخاب (۱۵ درصد) نشان می‌دهد (Olivoto and Nardino, 2021). با شدت انتخاب ۱۵ درصد، هفت لاین L3-4، L7-5، L7-4، L8-5، L4-4، L5-3 و L3-3 انتخاب شدند که به‌ترتیب کمترین مقدار MGIDI را به‌خود اختصاص دادند و بهترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند. به‌طور کلی هر چه ژنوتیپ‌ها به سمت داخلی و مرکزی دایره نزدیک می‌شوند، با داشتن مقادیر بالاتر MGIDI ژنوتیپ‌های ضعیف‌تر هستند. بر این اساس، ارقام شاهد جزء ضعیف‌ترین‌ها هستند که نشان می‌دهد لاین‌های اینبرد نوترکیب مورد مطالعه به‌طور قابل توجهی از شاهدها برتر می‌باشند. نتایج این روش با نتایج تجزیه خوشه‌ای مطابقت دارد. با این تفاوت که روش MGIDI شناسایی ژنوتیپ‌های برتر را بسیار تسهیل می‌کند.

از این روش در پژوهش‌های متعددی استفاده شده است. پور ابوقداره و همکاران (Pour-Aboughadareh *et al*., 2022) برای انتخاب لاین‌های امیدبخش برتر جو با استفاده از شاخص‌های گزینشی مبتنی بر صفات مختلف، ۱۷ لاین امیدبخش به همراه دو ژنوتیپ شاهد را ارزیابی کردند. بر اساس شاخص MGIDI، لاین‌های شماره G11، G13 و G3 به‌عنوان برترین لاین‌ها تعیین شدند که آن‌ها را از سایر لاین‌ها و ژنوتیپ‌های شاهد متمایز کرد.

صابر و همکاران (Saber *et al*., 2022) ۵۰ ژنوتیپ مختلف گندم دوروم را از نظر تحمل به شوری در مرحلهجوانه‌زنی و رشد گیاهچه با استفاده از شاخص‌های گزینش چندصفتی بررسی کردند. در نتیجه تنوع ژنتیکی قابل توجهی بین ژنوتیپ‌های گندم از نظر تحمل به شوری در مرحله جوانه‌زنی وجود داشت و بر اساس شاخص MGIDI با شدت انتخاب ۳۰ درصد ژنوتیپ‌های ۶، ۲۳، ۵، ۳۰، ۳۴، ۲۹، ۳۱، ۲، ۱۰، ۳۹، ۱۳، ۹، ۴۷، ۱۲، ۵۲، ۴۸ و ۱ با داشتن کمترین مقادیر این شاخص، بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر تحمل به شوری بودند.

فداکار ناورود و همکاران (Fadakar Navrood *et al*., 2023) برای ارزیابی پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی، از شاخص MGIDI استفاده کردند. به‌منظور رتبه‌بندی، ژنوتیپ‌هایی که کمترین مقدار MGIDI را داشتند، به‌عنوان ژنوتیپ‌های مطلوب پایدار و ژنوتیپ‌هایی با دارا

جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس مؤلفه‌های جوانه‌زنی ژنوتیپ‌های مختلف گندم در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی

Table 2. Results of variance analysis of germination components of different wheat genotypes as randomized complete block design

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات Mean of Squares									
		وزن تر ساقه‌چه طول ریشه‌چه طول ساقه‌چه			وزن خشک ساقه‌چه	وزن تر ریشه‌چه وزن خشک ریشه‌چه		درصد تجمعی جوانه‌زنی	شاخص بنیه بذر طولی	شاخص بنیه بذر وزنی (تر)	شاخص بنیه بذر وزنی (خشک)
S.O.V Source of variations	df	Plumule Length	Radicle Length	Plumule fresh weight	Plumule dry weight	Radicle Fresh weight	Radicle dry weight	Cumulative germination percentage	Vigour length index	Vigour fresh weight index	Vigour dry weight index
بلوک Block	3	480.8**	1307.1**	0.002*	1.749E-04**	0.039**	2.982E-04**	1.144^{ns}	2197.6**	0.049**	8.995E-04**
ژنوتیپ Genotype	45	152.2**	240.9**	0.006**	7.967E-05**	0.012**	6.128E-05**	18.356**	779.0**	0.033**	2.810E-04**
خطا Error	135	24.143	59.447	0.001	1.063E-05	0.003	1.150E-05	4.941	134.0	0.004	3.525E-05
ضریب تغییرات CV	-	7.08	8.57	7.72	8.92	16.33	10.12	2.25	7.34	10.59	8.57

ادامه جدول ۲ Continued Table 2

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات Mean of Squares						
		سرعت جوانه‌زنی (R50)	یکنواختی جوانه‌زنی (GU)	زمان لازم تا ۵ درصد جوانه‌زنی (D05)	زمان لازم تا ۱۰درصد جوانه‌زنی (D10)	زمان لازم تا ۵۰ درصد جوانه‌زنی (D50)	زمان لازم تا ۹۰ درصد جوانه‌زنی (D90)	زمان لازم تا ۹۵درصد جوانه‌زنی (D95)
S.O.V Source of variations	df	Germination rate	Germination uniformity	Time required to reach 5% of maximum germination	Time required to reach 10% of maximum germination	Time required to reach 50% of maximum germination	Time required to reach 90% of germination Maximum	Time required to reach 95% of maximum germination
بلوک Block	3	4.867E-04**	388.9**	147.3**	183.0**	354.0**	767.2**	1552.0**
ژنوتیپ Genotype	45	3.940E-05**	335.0**	13.350**	14.326**	49.848**	442.7**	682.9**
خطا Error	135	8.900E-06	23.502	2.861	2.939	7.938	24.552	40.154
ضریب تغییرات CV	-	9.43	21.46	7.67	7.32	8.71	10.77	12.51

ns غیر معنی‌دار، * معنی‌داری در سطح احتمال پنج درصد و ** معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد

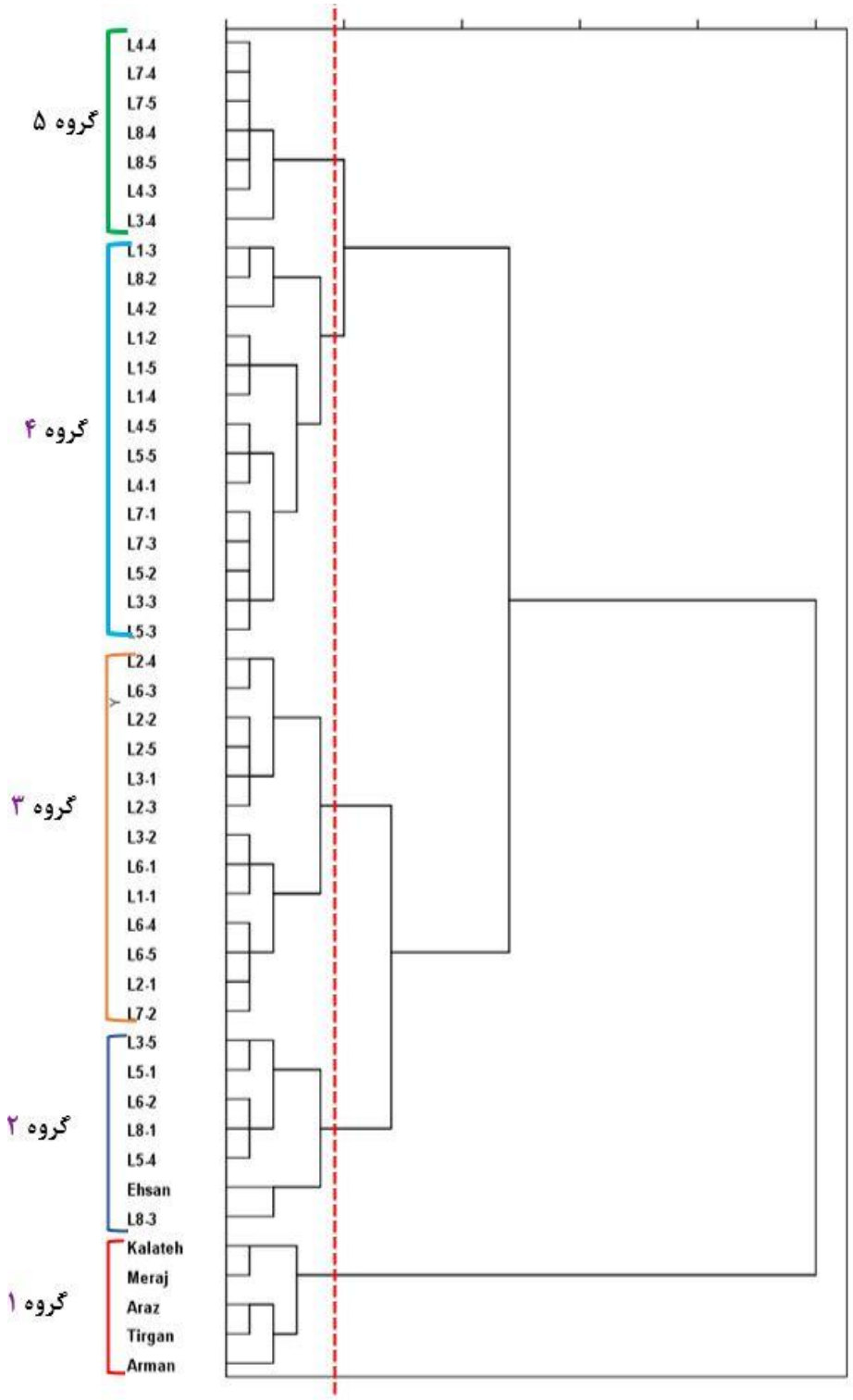
^{ns}, * and **: non-significant, significant at $p\leq0.05$ and $p\leq0.01$, respectively

جدول ۳- نتایج تجزیه خوشه‌ای شامل تعداد گروه‌ها و اعضای هر گروه به‌همراه میانگین، درصد انحراف از میانگین کل هر گروه، و میانگین کل برای مؤلفه‌های جوانه‌زنی و صفات گیاهچه‌ای

Table 3. Results of cluster analysis include the number of groups and members of each group along with the mean, percentage deviation from the total mean of each group, and total mean for germination components and seedling characteristics

		Group 1 گروه ۱		Group 2 گروه ۲		Group 3 گروه ۳		Group 4 گروه ۴		Group 5 گروه ۵	
اعضای گروه Group members		Araz, Arman, Kalateh Meraj, Tirgan		Ehsan, L3-5, L5-1 L5-4, L6-2, L8-1 L8-3		L1-1, L2-1, L2-2, L2-3, L2-4, L2-5, L3-1, L3-2, L6-1, L6-3, L6-4, L6-5, L7-2		L1-2, L1-3, L1-4, L1-5 L3-3, L4-1, L4-2, L4-5 L5-2, L5-3, L5-5, L7-1 L7-3, L8-2		L3-4, L4-3, L4-4 L7-4, L7-5, L8-4 L8-5	
صفات Traits	میانگین کل Total Mean	D* (%)	میانگین mean	D (%)	میانگین mean	D (%)	میانگین mean	D (%)	میانگین mean	D (%)	میانگین mean
طول ساقه‌چه (میلی‌متر) Plumule length (mm)	69.423	-14.93	59.060	3.56	71.893	-5.80	65.396	5.82	73.461	6.24	73.757
طول ریشه‌چه (میلی‌متر) Radicle length (mm)	89.919	-19.21	75.430	1.38	91.157	2.88	92.504	1.78	91.521	1.23	91.021
وزن تر ساقه‌چه (گرم) Plumule fresh weight (g)	0.323	-25.95	0.256	4.29	0.337	-8.61	0.295	6.56	0.344	13.30	0.366
وزن خشک ساقه‌چه (گرم) Plumule dry weight (g)	0.037	-23.89	0.030	3.99	0.038	-8.42	0.034	5.26	0.039	14.92	0.042
وزن تر ریشه‌چه (گرم) Radicle fresh weight (g)	0.313	-31.06	0.239	1.72	0.318	-10.26	0.281	4.69	0.328	24.87	0.391
وزن خشک ریشه‌چه (گرم) Radicle dry weight (g)	0.034	-16.70	0.029	2.63	0.034	-6.57	0.031	1.29	0.034	17.21	0.039
درصد تجمعی جوانه‌زنی Cumulative germination perc.	98.775	-4.66	94.375	0.40	99.167	0.95	99.712	-0.02	98.759	1.06	99.821
شاخص بنیه بذر طولی Vigour length index	157.584	-23.94	127.150	2.66	161.768	-0.08	157.456	3.44	163.006	4.41	164.530
شاخص بنیه بذر وزنی (تر) Vigour fresh weight index	0.629	-34.33	0.468	3.33	0.650	-8.70	0.574	5.48	0.663	20.12	0.755
شاخص بنیه بذر وزنی (خشک) Vigour dry weight index	0.069	-26.15	0.055	3.64	0.072	-6.74	0.065	3.27	0.072	17.16	0.081
سرعت جوانه‌زنی Germination rate (R50)	0.032	-26.55	0.025	-8.07	0.029	2.91	0.033	4.68	0.033	8.29	0.034
یکنواختی جوانه‌زنی Germination uniformity (GU)	22.586	49.39	44.625	0.59	22.718	-15.38	19.111	-16.06	18.959	-9.60	20.418
زمان لازم تا ۵ درصد جوانه‌زنی (ساعت) (D05) Time required to reach 5% of maximum germination (hr)	22.044	13.11	25.369	9.31	24.097	-0.23	21.993	-6.08	20.703	-7.49	20.393
زمان لازم تا ۱۰ درصد جوانه‌زنی (ساعت) (D10) Time required to reach 10% of maximum germination (hr)	23.410	13.77	27.149	8.09	25.304	0.84	23.213	-5.21	22.190	-7.52	21.650
زمان لازم تا ۵۰ درصد جوانه‌زنی (ساعت) (D50) Time required to reach 50% of maximum germination (hr)	32.342	20.21	40.536	6.86	34.560	-3.30	31.275	-5.38	30.601	-8.06	29.736
زمان لازم تا ۹۰ درصد جوانه‌زنی (ساعت) (D90) Time required to reach 90% of maximum germination (hr)	45.995	35.92	71.774	4.40	48.021	-7.98	42.324	-10.54	41.148	-8.54	42.069
زمان لازم تا ۹۵ درصد جوانه‌زنی (ساعت) (D95) Time required to reach 95% of maximum germination (hr)	50.660	38.03	81.750	7.93	54.676	-8.63	46.287	-13.19	43.976	-9.35	45.924

*: Deviation from the total average (%):انحراف از میانگین کل (درصد)



شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های گندم شامل لاین‌های اینبرد نوترکیب و شش رقم شاهد بر اساس روش Ward و با استفاده از مؤلفه‌های جوانه‌زنی و صفات گیاهچه‌ای

Figure 1. Dendrogram of cluster analysis of wheat genotypes including recombinant inbred lines and six control cultivars based on the Ward method by using germination components and seedling characteristics

جدول ۴- واریانس توجیه شده، مقادیر ویژه، بارهای عاملی پس از چرخش واریماکس و میزان اشتراک برآورد شده در تحلیل عاملی

Table 4. Explained variance, eigenvalues, factor loadings after varimax rotation and communalities estimated in the factor analysis

صفات Traits		بار عامل‌ها Factor loads			میزان اشتراک Communality	واریانس خاص Uniquenesses
		عامل اول Factor 1 (FA1)	عامل دوم Factor 2 (FA2)	عامل سوم Factor 3 (FA3)		
Plumule Length	طول ساقه‌چه	-0.229	-0.665	0.429	0.679	0.321
Radicle Length	طول ریشه‌چه	-0.302	-0.235	0.785	0.762	0.238
Plumule fresh weight	وزن تر ساقه‌چه	-0.295	-0.845	0.216	0.847	0.153
Plumule dry weight	وزن خشک ساقه‌چه	-0.232	-0.909	0.171	0.910	0.090
Radicle fresh weight	وزن تر ریشه‌چه	-0.294	-0.831	0.130	0.794	0.206
Radicle dry weight	وزن خشک ریشه‌چه	-0.150	-0.880	0.087	0.805	0.195
درصد تجمعی جوانه‌زنی Cumulative germination percentage		-0.292	-0.173	0.798	0.752	0.248
Vigour length index	شاخص بنیه بذر طولی	-0.324	-0.456	0.793	0.941	0.059
شاخص بنیه بذر وزنی (تر) Vigour fresh weight index		-0.326	-0.866	0.270	0.929	0.071
شاخص بنیه بذر وزنی (خشک) Vigour dry weight index		-0.233	-0.915	0.261	0.960	0.040
Germination rate (R50)	سرعت جوانه‌زنی	-0.867	-0.308	0.290	0.930	0.070
یکنواختی جوانه‌زنی Germination uniformity (GU)		-0.705	-0.161	0.571	0.850	0.150
زمان لازم تا ۵ درصد جوانه‌زنی Time required to reach 5% of maximum germination (D05)		-0.858	-0.376	0.096	0.887	0.113
زمان لازم تا ۱۰درصد جوانه‌زنی Time required to reach 10% of maximum germination (D10)		-0.875	-0.365	0.158	0.925	0.075
زمان لازم تا ۵۰ درصد جوانه‌زنی Time required to reach 50% of maximum germination (D50)		-0.859	-0.311	0.369	0.971	0.029
زمان لازم تا۹۰ درصد جوانه‌زنی Time required to reach 90% of maximum germination (D90)		-0.771	-0.206	0.526	0.913	0.087
زمان لازم تا ۹۵ درصد جوانه‌زنی Time required to reach 95% of maximum germination (D95)		-0.792	-0.195	0.506	0.921	0.079
Eigenvalue	مقدار ویژه	11.133	2.500	1.144	-	-
درصد واریانس توجیه شده Percentage of Explained variance		65.488	14.708	6.730	-	-
درصد تجمعی واریانس توجیه شده Cumulative percentage of Explain variance		65.488	80.196	86.926	-	-

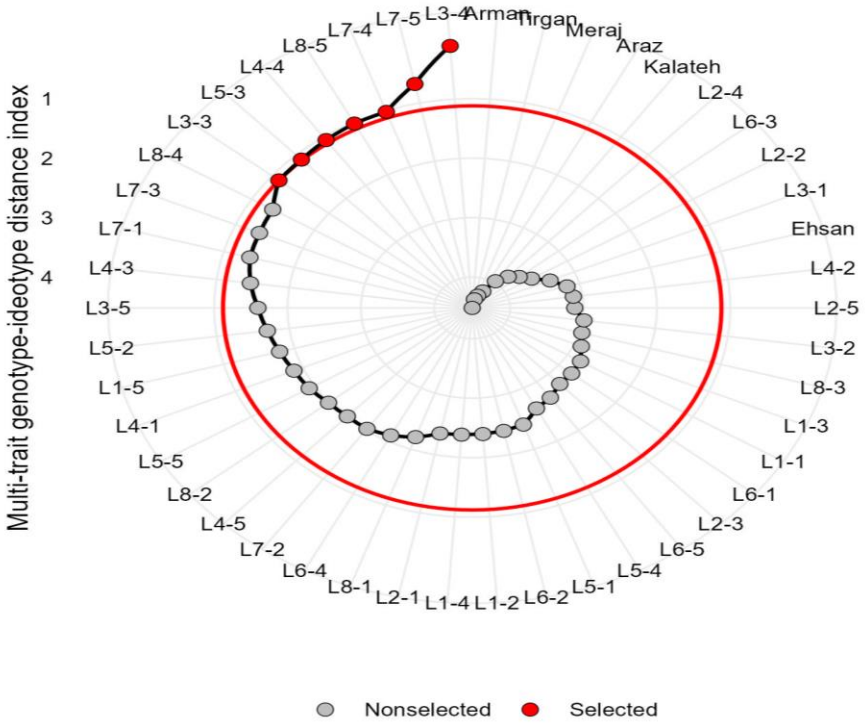
بودن بیشترین مقادیر این شاخص به‌عنوان ژنوتیپ‌های ناپایدار معرفی شدند.

شیرزاد و همکاران (Shirzad *et al.*, 2023) برای گزینش ژنوتیپ‌های برتر جو ۱۰۸ لاین خالص همراه با چهار ژنوتیپ شاهد (نوروز، اکسین، نوبهار و WB-97-11) را با استفاده از شاخص MGIDI ارزیابی و کاربرد این شاخص را بررسی کردند. نتایج نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین لاین‌ها و شاهدهای آزمایش در همه صفات (به‌جز طول پدانکل) وجود داشت. بر مبنای شاخص MGIDI ، نه لاین با کمترین مقدار این شاخص جزء برترین ژنوتیپ‌ها بودند.

جلالی‌فر و همکاران (Jalalifar *et al.*, 2023) از شاخص MGIDI برای شناسایی مقاوم‌ترین لاین‌های اینبرد نوترکیب برنج که حاصل تلاقی دو رقم شاهپسند (حساس به بیماری بلاست) و IR28 (مقاوم به بیماری بلاست) استفاده کردند که تعدادی از لاین‌های مقاوم شناسایی شده از لحاظ مقاومت نسبت به والد مقاوم، مقاومت بالاتری را نشان دادند.

کلین و همکاران (Klein *et al.*, 2023) با استفاده از شاخص گزینشی MGIDI به عنوان یک روش گزینشی مطلوب، برترین ژنوتیپ‌های یولاف سیاه را که از نظر اکثریت صفات مطلوب بودند، شناسایی کردند.

این نتایج نشان‌دهنده توانایی روش ارائه شده در شناسایی ژنوتیپ‌های برتر است که می‌تواند به‌عنوان یک روش انتخاب مبتنی بر چند صفت استفاده شود.



شکل ۲- رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI)، ژنوتیپ های انتخاب شده با کمترین MGIDI با رنگ قرمز نشان داده شده است. هر چه ژنوتیپ‌ها به مرکز دایره نزدیکتر باشند، از نظر مطلوبیت صفات مورد نظر در مرتبه پایین‌تری قرار دارند.

Figure 2. The ranking of genotypes based on the multi-traits genotype-ideotype distance index (MGIDI), the selected genotypes with lowest MGIDI are shown in red. The closer the genotypes are to the central of the circle, in a lower order in terms of desirability of desired traits.

دیفرانسیل انتخاب شاخص MGIDI

دیفرانسیل انتخاب آماره MGIDI برای تمام صفات که مقادیر بیشتر آن‌ها مطلوب است، مثبت و برای کلیه صفاتی که کمتر بودن آنها مورد نظر است منفی به‌دست آمد که بیانگر مؤثر بودن این روش انتخاب در شناسایی ژنوتیپ‌های برتر می‌باشد. بیشترین و کمترین مقدار درصد دیفرانسیل گزینش و بهره ژنتیکی به‌ترتیب مربوط به صفات شاخص بنیه بذر وزنی‌تر (۱۶/۴۹ و ۱۴/۲۹ درصد) و درصد تجمعی جوانه‌زنی (۰/۸۴ و ۰/۶۱ درصد) به دست آمد. درصد دیفرانسیل گزینش و بهره ژنتیکی برای صفات گیاهچه‌ای شامل وزن تر و خشک ساقه‌چه و ریشه‌چه به‌طور قابل توجهی بالاتر از سایر مؤلفه‌ها است که نشان می‌دهد برتر بودن ژنوتیپ‌های انتخابی از لحاظ این ویژگی‌ها برجسته‌تر می‌باشد (جدول ۵). میانگین درصد دیفرانسیل گزینش برای صفاتی که هدف، افزایش و یا کاهش آن‌هاست به‌ترتیب ۹/۵۹ و ۸/۳۸- درصد به‌دست آمد که نشان‌دهنده کارایی بالای انتخاب به‌وسیله شاخص MGIDI است.

صابر و همکاران (Saber *et al.*, 2022) شاخص

جدول ۵- دیفرانسیل انتخاب پیش‌بینی‌شده و بهره انتخاب برای مولفه‌های جوانه‌زنی و ویژگی‌های گیاهچه ژنوتیپ‌های گندم در آنالیز MGIDI (شاخص فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ چند صفتی)

Table 5. The predicted selection differentials and selection gain for germination components and seedling characteristics of wheat genotypes in the MGIDI (multi-trait genotype-ideotype distance index) analysis

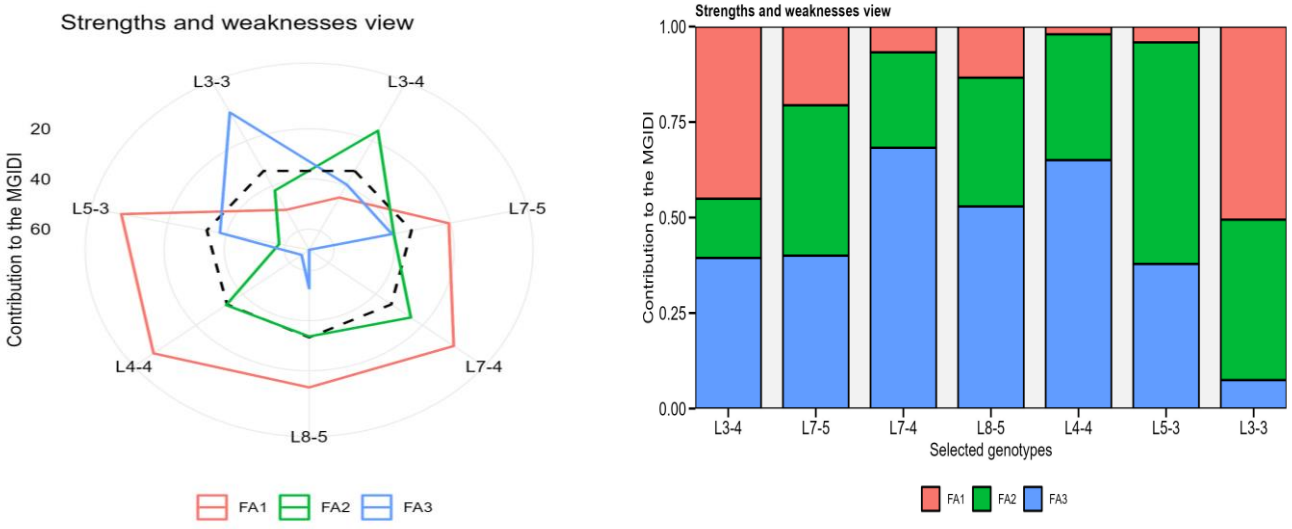
صفات Traits	عامل	میانگین کل	میانگین ژنوتیپهای انتخابی	دیفرانسیل انتخاب	درصد دیفرانسیل انتخاب	وراثت پذیری صفت	بهره انتخابی پیش‌بینی شده	درصد بهره انتخابی پیش‌بینی شده	جهت
	Factor	*Xo	Xs	SD	SDperc	h^2	SG	SGperc	sense
سرعت جوانه‌زنی Germination rate (R50)	عامل اول FA1	0.032	0.033	0.002	5.611	0.773	0.001	4.336	افزایش Increase
یکنواختی جوانه‌زنی Germination uniformity (GU)	عامل اول FA1	22.585	19.785	-2.801	-12.400	0.930	-2.604	-11.530	کاهش Decrease
زمان لازم تا ۵ درصد جوانه‌زنی Time required to reach 5% of maximum germination (D05)	عامل اول FA1	22.044	20.799	-1.245	-5.649	0.786	-0.978	-4.438	کاهش Decrease
زمان لازم تا ۱۰درصد جوانه‌زنی Time required to reach 10% of maximum germination (D10)	عامل اول FA1	23.410	22.095	-1.315	-5.616	0.795	-1.045	-4.464	کاهش Decrease
زمان لازم تا ۵۰ درصد جوانه‌زنی Time required to reach 50% of maximum germination (D50)	عامل اول FA1	32.342	30.314	-2.028	-6.271	0.841	-1.705	-5.272	کاهش Decrease
زمان لازم تا ۹۰ درصد جوانه‌زنی Time required to reach 90% of maximum germination (D90)	عامل اول FA1	45.995	41.588	-4.407	-9.582	0.945	-4.163	-9.050	کاهش Decrease
زمان لازم تا ۹۵ درصد جوانه‌زنی Time required to reach 95% of maximum germination (D95)	عامل اول FA1	50.659	45.219	-5.440	-10.738	0.941	-5.120	-10.107	کاهش Decrease
طول ساقه‌چه Plumule Length	عامل دوم FA2	69.423	74.566	5.143	7.408	0.841	4.327	6.233	افزایش Increase
وزن تر ساقه‌چه Plumule fresh weight	عامل دوم FA2	0.323	0.365	0.043	13.187	0.897	0.038	11.834	افزایش Increase
وزن خشک ساقه‌چه Plumule dry weight	عامل دوم FA2	0.037	0.041	0.005	12.950	0.867	0.004	11.222	افزایش Increase
وزن تر ریشه‌چه Radicle fresh weight	عامل دوم FA2	0.313	0.364	0.051	16.343	0.775	0.040	12.660	افزایش Increase
وزن خشک ریشه‌چه Radicle dry weight	عامل دوم FA2	0.033	0.037	0.004	11.549	0.812	0.003	9.383	افزایش Increase
شاخص بنیه بذر وزنی (تر) Vigour fresh weight index	عامل دوم FA2	0.629	0.732	0.104	16.493	0.866	0.090	14.291	افزایش Increase
شاخص بنیه بذر وزنی (خشک) Vigour dry weight index	عامل دوم FA2	0.069	0.079	0.010	13.827	0.875	0.008	12.092	افزایش Increase
طول ریشه‌چه Radicle Length	عامل سوم FA3	89.918	91.718	1.799	2.001	0.753	1.355	1.507	افزایش Increase
درصد تجمعی جوانه‌زنی Cumulative germination percentage	عامل سوم FA3	98.775	99.605	0.830	0.840	0.731	0.606	0.614	افزایش Increase
شاخص بنیه بذر طولی Vigour length index	عامل سوم FA3	157.584	165.966	8.382	5.319	0.828	6.941	4.404	افزایش Increase

*: Xo: The original population mean. Xs: The mean of selected genotypes, SD, and SD%: The selection differential and selection differential in percentage, respectively, h2: The broad-sense heritability after selection, SG and SG%: The selection gains and selection gains in percentage, respectively.

MGIDI را با استفاده از شاخص‌های تحمل محاسبه کردند. تجزیه به عامل‌ها بر اساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) نشان داد که در میانگین شرایط تنش شوری، دو عامل اول با مقادیر ویژه بزرگتر از یک و به ترتیب با درصد واریانس توجیه شده ۵۷/۶ و ۴۲/۰۰ حدود ۹۹/۶ درصد از تغییرات کل بین شاخص‌های مورد مطالعه را توجیه کردند. نتایج تجزیه به عامل‌ها در پژوهش شیرزاد و همکاران (Shirzad *et al.*, 2023) پنج عامل‌ها پنهانی را شناسایی کرد که ۸۰/۲ درصد از تنوع کل داده‌ها را توجیه نمودند. دیفرانسیل انتخاب آماره MGIDI برای تمام صفات به‌جز تراکم سنبله، تعداد روز تا ظهور سنبله و وزن هزار دانه مثبت بود که مؤثر بودن این آماره در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر را نشان داد. بیشترین و کمترین مقدار درصد دیفرانسیل گزینش صفات عملکرد دانه ۱۱/۵ درصد و وزن هزار دانه ۳/۶۲- درصد بودند.

نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌ها

با استفاده از شاخص MGIDI نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخاب شده به‌صورت نسبت و سهم هر عامل در هر کدام از ژنوتیپ‌های منتخب به‌دست می‌آید. با استفاده از این تجزیه، به‌میزان سهم هر عامل در هر ژنوتیپ، و اینکه هر ژنوتیپ از نظر کدام عامل و چه صفاتی به ایدئوتیپ نزدیک‌تر یا دورتر می‌باشد، به‌خوبی نشان داده می‌شود که به مزایای این شاخص می‌افزاید. هر چه سهم یک عامل در توجیه نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های منتخب کمتر و نزدیک به لبه خارجی (خارج از خط نقطه‌چین) باشد، نشان‌دهنده نزدیک بودن صفات درون آن عامل به ژنوتیپ ایده‌آل است. بنابراین هر ژنوتیپ برای عامل‌هایی که سهم کمتری در آن‌ها نشان می‌دهد، بیشتر از لحاظ صفات مهم درون آن عامل به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر است (Olivoto and Nardino, 2021). بر اساس شکل ۳، لاین L3-4، بیشتر از لحاظ عامل دوم (که کمترین سهم را دارد و به لبه خارجی نزدیک‌تر است)، یعنی صفات طول ساقه‌چه، وزن‌تر ساقه‌چه، وزن خشک ساقه‌چه، وزن‌تر ریشه‌چه، وزن خشک ریشه‌چه، شاخص بنیه بذر وزنی (تر)، شاخص بنیه بذر وزنی (خشک)، به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر است. از طرفی لاین‌های L4-4، L5-3، L7-4، L8-5 و L7-5 بیشتر از لحاظ عامل اول یعنی صفات سرعت جوانه‌زنی، یکنواختی جوانه‌زنی، زمان لازم برای رسیدن به ۵ ، ۱۰، ۵۰، ۹۰ و ۹۵ درصد جوانه‌زنی و لاین L3-3 از لحاظ عامل سوم یعنی بیشتر از نظر صفات طول ریشه‌چه، درصد تجمعی جوانه‌زنی، شاخص بنیه بذر طولی قوی و برجسته‌تر و به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر می‌باشند.



شکل ۳- نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخاب شده براساس شاخص MGIDI

Figure 3. The strengths and weaknesses view of the selected genotypes based on MGIDI index

نتیجه‌گیری کلی

نتایج این تحقیق نشان داد که تنوع ژنتیکی قابل توجهی بین ژنوتیپ‌های گندم از لحاظ تمام مؤلفه‌های جوانه‌زنی وجود داشت و لاین‌های اینبرد نوترکیب توانستند به‌طور قابل توجهی در همه صفات مورد بررسی برتر از ارقام شاهد ظاهر شوند که نشان‌دهنده پتانسیل بالای آن‌ها در استفاده

از آن‌ها در برنامه‌های به‌نژادی است. شاخص MGIDI به‌طور کارآمدی قادر به شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بر اساس همه صفات بود. به‌طوری‌که میانگین درصد دیفرانسیل گزینش برای صفاتی که هدف افزایش و یا کاهش آن‌هاست به‌ترتیب ۹/۵۹ و ۸/۳۸- درصد به‌دست آمد که نشان‌دهنده کارایی بالای انتخاب به‌وسیله شاخص MGIDI است. هفت لاین برتر شناسایی شده، لاین‌های L3-4، L7-5، L7-4، L8-5، L4-4، L5-3 و L3-3 بودند که می‌توانند برای ادامه بررسی‌ها در مزرعه و سایر مراحل رشدی، برای رسیدن به ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایدار در نظر گرفته شوند.

تشکر و قدردانی

نویسندگان بر خود لازم می‌دانند از همکاری دانشگاه گیلان، دانشگاه گنبد کاووس و مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران کمال تشکر و قدردانی را داشته باشند. در ضمن از همکاری معنوی هسته پژوهشی تولید و فرآوری بذر گیاهان زراعی، باغی و داروئی دانشگاه گیلان سپاسگزاری می‌شود.

منابع

Abdul-Baki, A.A. and Anderson, J.D. 1973. Vigor determination in soybean seed by multiple criteria. Crop Science, 13:630–633. **(Journal)**

Aghaei, N., Zarei, L. and Cheghamirza, K. 2023. Agro-morphological and physiological traits affecting grain yield of durum wheat advanced generations under rainfed conditions. Journal of Plant Physiology and Breeding, 13(1):79-94. **(Journal)**

Ahmadirad, A., Mohammadi, R., Etminan, A.R., Shooshtari, L. and Mehrabi, A.M. 2022. Evaluation of morpho-physiological diversity of durum wheat genotypes under rainfed condition. Cereal Research, 12 (1):21-44. (In Persian)**(Journal)**

Baker, R.J. 1986. Selection Indices in Plant Breeding. Translated by Monirifar, H., Parivar Publications in Tabriz, 208 pages. (In Persian)**(Book)**

Copeland, L.O. and McDonald, M.B. 1995. Seed Science and Technology. Chapman and Hall, New York, 409 pages. **(Book)**

Dastfal, M., Aghaee-Sarbarzeh, M. and 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)**(Journal)**

Djanaguiraman, M., Senthil, A. and Ramadass, R. 2004. Mechanism of salt tolerance in rice genotypes during germination and seedling growth. Indian Journal of Agricultural Research, 38(1):73-76. **(Journal)**

Elias, S., Garary, A., Schweitzer, L. and Hanning, S. 2006. Seed quality testing of native species. Native Plant Journal, 7(1):15-19. **(Journal)**

Emam, Y. 2003. Cereal production. University of Shiraz Press, 190 pages. (In Persian)**(Book)**

Fadakar Navrood, F., Asghari Zakaria, R., Mostafav Rad, M., Zare, N. and 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)**(Journal)**

Hamze, H., Asghari, A., Mohammadi, S.A., Sofalian, O. and Mohammadi, S. 2018. Grouping of bread wheat recombinant lines in terms of phenological traits and allocation of photosynthetic materials in end-of-season drought stress conditions. Journal of Environmental Stresses in Agricultural Sciences, 12 (4):989-1002. (In Persian)**(Journal)**

Hampton, J.G. and TeKrony, D.M. 1995. Handbook for Vigour Test Methods. 3rd Edition. International Seed Testing Association (ISTA). Zurich, Switzerland, 117 pages. **(Book)**

Jalalifar, R., Sabouri, A., Mousanejad, S., and Dadras, A.R. 2023. Estimation of Genetic Parameters and Identification of Leaf Blast-Resistant Rice RILs Using Cluster Analysis and MGIDI. Agronomy, 13(11): 2730. **(Journal)**

James, R.A., von Caemmerer, S., Condon, A.T., Zwart, A.B. and Munns, R. 2008. Genetic variation in tolerance to the osmotic stress component of salinity stress in durum wheat. Functional Plant Biology, 35(2):111-123. **(Journal)**

Klein, L.A., Marchioro, V.S., Toebe, M., Olivoto, T., Meira, D., Meier, C., Benin, G., Busatto, C.A., Garafini, D.C., Alberti, J.V. and Finatto, J.L.B. 2023. Selection of superior black oat lines using the MGIDI index. Crop Breeding and Applied Biotechnology, 23(3): e45112332. **(Journal)**

Krichen K., BenMariem, H. and Chaieb, M. 2014. Ecophysiological requirements on seed germination of a Mediterranean perennial grass (*Stipa tenacissima* L.) under controlled temperatures and water stress. South African Journal of Botany, 94:210-217. **(Journal)**

Latifi, N., Soltani, A. and Spanner, D. 2004. Effect of Temperature on Germination Componentsin Canola Cultivars. Iranian Journal of Agriculture Science, 35(2):313-321. (In Persian)**(Journal)**

Litoriya, N.S., Modi, A.R. and Talati, J.G. 2018. Nutritional evaluation of durum wheat with respect to organic and chemical fertilizers. Agricultural Research, 7(2):152-157. **(Journal)**

Moghaddam, M., Mohammadi, S. A. and Aghaee Sarbarzeh, M. 2009. Multivariate Statistical Methods: A primer (^{2th} Ed.) Parivar Publication, Tabriz, Iran. (In Persian)**(Book)**

Murillo-Amador, B., Troyo-Diéguez, E., López-Cortés, A., Jones, H.G., Ayala-Chairez, F. and Tinoco-Ojanguren, C.L. 2001. Salt tolerance of cowpea genotypes in the emergence stage. Australian Journal of Experimental Agriculture, 41(1):81-88. **(Journal)**

Nazari, H., Rostaii, M. and Alavi-Siney, S.M. 2023. Selection of superior bread wheat lines under rainfed condition of Zanjan based on moroho-phenological traits. Environmental Stresses in Crop Sciences, 16(2):547-560. (In Persian)**(Journal)**

Olivoto, T. and Lu´cio, A.D. 2020. Metan: an R package for multi-environment trial analysis. Methods in Ecology and Evolution, 11:783–789. **(Journal)**

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

Pour-Aboughadareh, A., Zali, H., Gholipour, A., Koohkan, S.A., Barati, A., Jabari, M., Kheirgo, M. and 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)**(Journal)**

Rezaei, A.M. 1994. Selection indices in plant breeding. Collection of key articles of the 3rd congress of agricultural sciences and plant breeding of Iran, Tabriz, Iranian Crop Science Congress, Page: 10-134. (In Persian)**(Conference)**

Saber, F., Asghari Zakaria, R., Zare, N. and Farzaneh, S. 2022. Selection of salinity-tolerant durum wheat genotypes at germination stage using MGIDI and IGSI multi-trait selection indices. Cereal Research, 12(3):263-279. (In Persian)**(Journal)**

Sedaghati M., Sabouri, A. and Mohammadi-Gonbad R. Investigation of the relationship between germination components and agronomical traits in barley using the canonical correlation analysis. 2022. Cereal Research Communications, 51(3):737–748. **(Journal)**

Shi. Z., Chang, T.G., Chen, F., Zhao, H., Song, Q., Wang, M., Wang, Y., Zhou, Z., Wang, C., Zhou, S.C., Wang, B., Chen, G. and Zhu, X.G. 2020. Morphological and physiological factors contributing to early vigor in the elite rice cultivar 9,311. Scientific Reports, 10:14813. **(Journal)**

Shirzad, A., Asghari, A., Zali, H., Sofalian, O. and Mohammaddoust Chamanabad, H.R. 2023. Application of the Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index (MGIDI) in the selection of top barley genotypes in the warm and dry region of darab. Crop Breeding, 14(44):65-76. (In Persian) **(Journal)**

Soltani, A. and Maddah, V. 2010. Simple applied programs for education and research in agronomy. Association of Ecological Scientific Publications of Shahid Beheshti University, Iran, Tehran, 80 pages. (In Persian)**(Book)**

Souhani, M.M. 2015. Seed technology. Seventh printing. University of Guilan Press. 286 pages. (In Persian)**(Book)**

Wickham, H. 2016. ggplot2: Elegant graphics for data analysis. Springer International Publishing, Houston, TX, 260 pages. **(Book)**

Yarahmadi, S., Nematzade, Gh. A. sabouri, H. and Najafi Zarini, H. 2021. The importance of agro-morphological traits in supplementary irrigation conditions as selection criteria for spring wheat improvement. Iranian Journal of Field Crop Science, 51(4):25-37. (In Persian)**(Journal)**

Young, N.D. 2000. Constructing a plant genetic linkage map with DNA markers. Edited by: Phillips, R.L. and Vasil, I.K. DNA-based markers in plants. Kluwer Academic Publishers Netherlands, 31–47. **(Book)**

Evaluation of wheat recombinant inbred lines compared to control cultivars in terms of different germination components based on multi-trait indices

Mobina Kharf-Meskini[1], Atefeh Sabouri[2*], Tiago Olivoto[3], Hossein-Ali Fallahi[4]

Received: December 15, 2023 Accepted: February 4, 2024

Abstract

Wheat, as one of the most important crop on earth, is the main supplier of human food. This research was conducted to investigate the wheat recombinant inbred lines based on the germination components and compare them with the control varieties of the region to select the best lines using the selection index of the multi-trait genotype-ideotype distance (MGIDI). For this purpose, 40 wheat inbred lines (F8) were evaluated along with six control varieties (Arman, Araz, Ehsan, Tirgan, Meraj and Kalateh). According to the results of the analysis of variance, a significant difference between the studied lines was observed for all traits (P<.01). The results of factor analysis for the studied traits identified three factors that explained 86.93% of the total variation. Based on the MGIDI index, seven lines L3-4, L7-5, L7-4, L8-5, L4-4, L5-3, and L3-3 were selected as the superior genotypes with the lowest distance to the ideal genotype. Based on the cluster analysis, the genotypes were divided into five groups, and the genotypes of the fifth group were identified as the best genotypes in terms of all germination components and seedling traits, and were consistent with the genotypes identified based on the MGIDI index. The highest percentage of differential selection and genetic gain was assigned to the fresh weight vigour index (49.16% and 29.14%, respectively), which shows that the superiority of the selected genotypes is more prominent in terms of this trait. Based on the results, the recombinant inbred lines were significantly superior to the control cultivars in terms of the studied traits. Also, the results of this study showed that the use of the MGIDI index can efficiently identify superior genotypes.

Keywords: Cluster analysis; Factor analysis; Indirect selection; MGIDI index

How to cite this article
Kharf-Meskini, M., Sabouri, A., Olivoto, T. and Fallahi, A.H. 2024. Evaluation of wheat recombinant inbred lines compared to control cultivars in terms of different germination components based on multi-trait indices. Iranian Journal of Seed Science and Research, 10(4): 1-17. (In Persian)**(Journal)**
DOI: 10.22124/jms.2023.7680

COPYRIGHTS
Copyrights for this article are retained by the author(s) with publishing rights granted to the Iranian Journal of Seed Science and Research
The content of this article is distributed under Iranian Journal of Seed Science and Research open access policy and the terms and conditions of the Creative Commons Attribution 4.0 International (CC-BY4.0) License. For more information, please visit http://jms.guilan.ac.ir/

1. M.Sc. student of Plant Breeding, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran. mobina.meskini@gmail.com
2. Associate Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran. a.sabouri@guilan.ac.ir
3. Associate Professor, Department of Plant Sciences, Universidade Federal de Santa Catarina, Santa Catarina, State of Rio Grande do Sul, Brazil. tiagoolivoto@gmail.com
4. Research Assistant of Mazandaran Agricultural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Sari, Iran. hafallahi@gmail.com
*Corresponding author: a.sabouri@guilan.ac.ir