

ارزیابی پتانسیل عملکرد ژنوتیپ‌های گندم دیم در شرایط بهره‌بردار

مهناز رحمتی^{۱*}، علی احمدی^۱، علی میناپور^۲، کیانوش حمیدیان^۳

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

۲- کارشناس زراعت مرکز خدمات کشاورزی خوشناموند، مدیریت جهاد کشاورزی شهرستان کوهدشت، کوهدشت، ایران

۳- کارشناس زراعت سازمان جهاد کشاورزی لرستان، خرم‌آباد، ایران

* مسئول مکاتبه: avinmahnaz@gmail.com

DOI: 10.22034/CSRAR.2022.340070.1230

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۴/۱۲

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۲/۱۰

چکیده

ارزیابی و نمایش پتانسیل ارقام جدید و لاین‌های امیدبخش در مزارع زارعین به منظور معرفی ارقام و لاین‌های جدید اصلاحی و نفوذ بیشتر آن‌ها در مزارع حائز اهمیت است. به همین منظور، تعداد ۳۳ رقم و لاین انتخابی از برنامه‌های اصلاحی گندم مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم و ارسالی از مرکز تحقیقات بین‌المللی ایکاردا در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در مزارع زارعین شهرستان کوهدشت ارزیابی شدند. نتایج عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها نشان داد، ارقام کبیر و پایا و لاین‌های G17، G18، G31 و G31 به ترتیب با میانگین‌های عملکرد دانه ۵۲۸۰، ۳۹۸۵، ۴۲۱۰، ۴۰۰۳ و ۳۹۵۰ کیلوگرم در هکتار بیشترین عملکرد دانه را دارا بودند. ارزیابی ژنوتیپ‌ها از نظر شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) نیز نشان داد، ارقام کبیر و پایا و لاین‌های G18، G31، G17، G16 با بیشترین مقدار شاخص SIIG (به ترتیب ۰/۸۲۲، ۰/۷۲۰، ۰/۷۹۱، ۰/۷۷۹، ۰/۷۶۷، ۰/۷۳۶ و ۰/۷۴۵) جزء برترین ژنوتیپ‌ها بودند. ژنوتیپ‌های G13 و G27 با مقدار SIIG کمتر (به ترتیب ۰/۵۸۲ و ۰/۵۷۶) جزء ژنوتیپ‌های ضعیف از نظر اکثر صفات مورد ارزیابی بودند. نتایج این مطالعه نشان داد عملکرد بیوماس، تعداد دانه در سنبله، شاخص برداشت و زودرسی را می‌توان بعنوان معیار گزینش مناسب برای شناسایی ژنوتیپ‌های پرمحصول در برنامه به‌نژادی گندم دیم در نظر گرفت. همبستگی مثبت و قوی بین شاخص SIIG و عملکرد دانه بیانگر سهم بیشتر عملکرد دانه در مقدار شاخص SIIG بود. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها به سه گروه ژنوتیپ‌های زودرس با عملکرد دانه بالا (گروه ۱)، ژنوتیپ‌های دیررس با عملکرد دانه پایین (گروه ۲) و ژنوتیپ‌های زودرس با عملکرد دانه پایین (گروه ۳) گروه‌بندی شدند. ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و زودرس در گروه ۱ می‌توانند به عنوان ژنوتیپ‌های امیدبخش برای کاشت در دیم‌زارهای مناطق گرمسیر و یا به عنوان والدین برای بهبود عملکرد و سایر خصوصیات مطلوب زراعی در برنامه به‌نژادی گندم دیم در نظر گرفته شوند.

واژه‌های کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، شاخص SIIG، همبستگی

مقدمه

معنی‌داری همه صفات را بخصوص عملکرد دانه (به میزان ۴۶/۶ درصد)، وزن هزار دانه (۲۰/۶ درصد) و طول مدت پرشدن دانه (۲۰/۴ درصد) کاهش می‌دهد (Modarresi et al., 2010). تولید گندم در مناطق دیم گرمسیر نقش مهمی در اقتصاد ایران داشته و ظرفیت بالایی در افزایش تولیدات کشاورزی دارد. با توجه به گستردگی سطح زیر کاشت گندم نان در مناطق گرمسیر و با وقوع شرایط خشک‌سالی چندساله اخیر، معرفی و توسعه ارقام جدید گندم نان دیم که پرمحصول و مقاوم به تنش‌های محیطی و غیرمحیطی باشند، حائز اهمیت است. به منظور دستیابی به تولید پایدار لازم است ارقام جدید در مزارع زارعین کشت و ارزیابی شده تا ضمن آشنایی زارعین با پتانسیل تولید این ارقام، با مقایسه

گندم بعنوان محصول استراتژیک غذای ۲/۵ میلیارد نفر از ۸۹ کشور جهان را تأمین می‌نماید. بر اساس آمار وزارت کشاورزی ایالات متحده آمریکا (USDA) در سال ۲۰۱۸ کل تولید گندم جهان ۷۵۸/۴ میلیون تن در سال‌های ۲۰۱۷-۲۰۱۸ بوده است و در سال‌های اخیر قریب به ۱۰/۶ میلیون تن کاهش داشته است (Arifuzzaman et al., 2020). علت این کاهش تولید، تنش‌های غیرزنده شامل خشکی، گرما و سرما گزارش شده است. مطالعات پیش‌بینی نموده‌اند که به ازای ۱ درجه سانتی‌گراد افزایش دما به علت تغییرات آب و هوایی، عملکرد گندم به میزان ۴/۴-۴/۱ درصد کاهش می‌یابد (Liu et al., 2016). به‌طوری‌که دمای بالا به طور

مواد و روش‌ها

در این پژوهش ۳۳ رقم و لاین انتخابی از برنامه‌های به‌نژادی گندم مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم و ارسالی از مرکز تحقیقات بین‌المللی ایکاردا در قالب پروژه ارتقاء امنیت غذایی در مزارع زارعین شهرستان کوهدشت در استان لرستان در سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶ ارزیابی شدند. ژنوتیپ‌ها شامل ۱۲ رقم و لاین خالص گندم نان و ۲۱ رقم و لاین خالص گندم دوروم بود. ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی در سال‌های گذشته در قالب پروژه‌های به‌نژادی گندم دیم بر اساس عملکرد و سایر صفات مطلوب زراعی ارزیابی و ژنوتیپ‌های برتر گزینش شده با انجام این تحقیق در مزارع زارعین نیز ارزیابی شدند. شهرستان کوهدشت در مدار ۳۳ درجه و ۳۶ دقیقه عرض شمالی و ۴۷ درجه و ۴۰ دقیقه طول شرقی و ارتفاع متوسط آن از سطح آزاد دریا ۱۲۰۰ متر می‌باشد. اطلاعات هواشناسی مکان اجرای آزمایش در شکل ۱ ارائه شده است. مزرعه محل اجرای آزمایش در سال قبل اجرای آزمایش (سال زراعی ۹۶-۱۳۹۵) زیرکشت نخود بود. فهرست ارقام و لاین‌های انتخابی در جدول ۱ ارائه شده است. ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار در شرایط دیم به صورت ۶ ردیف کاشت به طول ۳۰ متر و فاصله ردیف ۱۷ سانتی‌متر کاشته شدند. کاشت با استفاده از بذرکار آزمایشی وینتراشتاگر انجام پذیرفت. میزان بذر مصرفی با توجه به وزن هزار دانه بر پایه تراکم ۳۵۰ دانه در مترمربع معادل ۱۳۰-۱۲۰ کیلوگرم در هکتار در نظر گرفته شد. به هنگام کاشت برای ضدعفونی بذر علیه بیماری‌های قارچی از سموم سیستمیک استفاده شد. عمق کاشت ۵-۴ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. نخستین بارندگی مؤثر بعد از کاشت در تاریخ یکم آذرماه اتفاق افتاد و به‌عنوان تاریخ کاشت در نظر گرفته شد. برای تعیین میزان عناصر خاک مکان‌های اجرای آزمایش، تعداد ۱۰ نمونه از عمق ۰-۳۰ سانتی‌متری تهیه و پس از بدست آوردن نمونه خاک مرکب و ارسال آن به آزمایشگاه، نتایج آزمون خاک ارائه شد (جدول ۲). مقدار کود لازم بر اساس نتایج آزمون خاک تعیین شد و به‌طور یکنواخت در کرت‌های آزمایشی مصرف شد. به این ترتیب که ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار اوره اعمال شد. نصف میزان کود ازت زمان کاشت و مابقی آن در اوایل مرحله ساقه‌دهی هم‌زمان با بارندگی مصرف شد. در مرحله پنجه‌زنی از علف‌کش‌های تاپیک و گرانتار به میزان ۱ لیتر و ۲۰ گرم در هکتار برای کنترل علف‌های هرز پهن‌برگ و باریک‌برگ استفاده شد. صفات مورد ارزیابی شامل

عملکرد ارقام جدید با رقم شاهد منطقه، رقم مناسب برای کاشت توسط زارعین انتخاب گردد. در واقع، ارزیابی ارقام جدید در مزارع زارعین امکان ارزیابی میزان سازگاری ارقام برتر حاصل از اجرای پروژه‌های تحقیقاتی را فراهم می‌آورد. بعلاوه، یافته‌های تحقیقاتی با سرعت بیشتری به مزارع زارعین نفوذ یافته و زارعین منطقه از توصیه‌های فنی، آموزشی، علمی و کاربردی کارشناسان بهره‌مند خواهند شد. به همین منظور، در این پژوهش تعدادی رقم و لاین امیدبخش گندم نان و دوروم در مزارع زارعین ارزیابی شدند.

در تحقیق حاضر به منظور شناسایی بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد و سایر صفات زراعی از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG¹) استفاده شد. با استفاده از شاخص SIIG، کلیه صفات مورد ارزیابی ادغام شده و به صورت یک شاخص واحد درآمده و رتبه‌بندی و تعیین ژنوتیپ‌های برتر تسهیل می‌یابد (Zali and Barati, 2020). از شاخص SIIG در محصولات مختلف، کلزا (Abdollahi Hesar et al., 2020; Zali et al., 2020) گندم نان (Tahmasebi et al., 2018; Yaghouipoor et al., 2017) و گندم دوروم (Tadili et al., 2020) به منظور شناسایی ژنوتیپ‌های برتر از نظر صفات مختلف زراعی و شاخص‌های مختلف تحمل به خشکی استفاده شده است.

تجزیه خوشه‌ای ابزار قوی برای کمک به انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس چندین صفت اصلاحی فراهم می‌نماید. به عبارتی، این روش بعنوان روشی مؤثر برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها در راستای هدف اصلاحی مورد نظر (شامل شناسایی ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و سایر صفات مطلوب زراعی) بکار گرفته می‌شود (Khoshgoftarmanesh et al., 2012). در مطالعه‌ای بر توده‌های بومی گندم دوروم با انجام تجزیه خوشه‌ای، ۷۶ توده بومی گندم به ۴ گروه تقسیم شدند و ژنوتیپ‌های زودرس با بیشترین وزن هزار دانه و عملکرد دانه در یک گروه قرار گرفتند (Sadeghzadeh and Abediasl, 2012). با بررسی ۹۹ لاین خالص گندم نان استخراجی از توده‌های بومی، ژنوتیپ‌ها به ۷ گروه تقسیم گردید (Arzhang et al., 2017).

هدف از انجام این تحقیق، انتخاب بهترین ژنوتیپ‌های گندم از نظر عملکرد دانه و سایر صفات زراعی در دیم‌زارهای مناطق گرمسیر و معرفی آنان به بهره‌برداران بود و از روش SIIG و تجزیه خوشه‌ای در راستای این هدف استفاده شد.

1. selection index of ideal genotype

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

$$d_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^-)^2} \quad (3)$$

در روابط (۲) و (۳) r_{ij} مقدار نرمال شده شاخص (صفت) i ام در رابطه با ژنوتیپ j ام ($j=1,2,\dots,m$) می‌باشد. r_i^+ و r_i^- : به ترتیب مقدار نرمال شده ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ ضعیف برای هر شاخص (صفت) i ام ($i=1,2,\dots,n$) است. همچنین d_i^+ فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و d_i^- فاصله از ژنوتیپ ضعیف می‌باشد.

محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)

شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل از رابطه ۴ محاسبه شد:

$$SIIG = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \quad i=1,2,\dots,m \quad 0 \leq SIIG \leq 1 \quad (4)$$

مقدار SIIG بین صفر تا یک تغییر می‌کند و هر چه گزینه مورد نظر به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر باشد مقدار SIIG آن به یک نزدیک‌تر خواهد بود. در اینجا منظور از ژنوتیپ ایده‌آل، ژنوتیپی فرضی است که از نظر صفات مورد بررسی بهترین باشد. درحالی‌که ژنوتیپ ضعیف، ژنوتیپ فرضی است که از نظر صفات مورد بررسی در شرایط مطلوب نباشد. در مجموع ژنوتیپ ایده‌آل از مجموع مقادیر ایده‌آل هر یک از صفات بدست می‌آید و برای ژنوتیپ ضعیف بالعکس. برای مثال در مورد عملکرد، حداکثر عملکرد یک ژنوتیپ، مقدار ایده‌آل و عملکرد پایین، بعنوان مقدار ضعیف در نظر گرفته می‌شود. همچنین در مورد تعداد روز تا رسیدگی، با توجه به اینکه زودرسی ژنوتیپ‌ها تحت شرایط دیم مهم می‌باشد، حداقل تعداد روز تا رسیدگی یک ژنوتیپ، مقدار ایده‌آل و حداکثر تعداد روز تا رسیدگی، بعنوان مقدار ضعیف در نظر گرفته می‌شود. در نهایت رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس مقادیر SIIG انجام شد. به طوری که ژنوتیپ با بیشترین مقدار SIIG، رتبه اول و ژنوتیپ با کمترین مقدار SIIG رتبه آخر را به خود اختصاص داد.

برای انجام تجزیه واریانس و مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها از نرم‌افزار MSTAT-C، برای محاسبه شاخص SIIG از نرم‌افزار Excel و برای تجزیه همبستگی صفات و تجزیه خوشه‌ای از نرم‌افزار SPSS استفاده شد.

تعداد روز تا سنبله‌دهی، تعداد سنبله در مترمربع، ارتفاع بوته، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه، عملکرد بیوماس، عملکرد دانه و شاخص برداشت بودند.

در این مطالعه کلیه صفات مورد ارزیابی تجزیه واریانس و مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها به روش LSD انجام شد. تجزیه همبستگی به روش پیرسون صورت پذیرفت. تجزیه خوشه‌ای به روش وارد انجام شد. به منظور انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد و سایر صفات زراعی از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) استفاده شد که نحوه محاسبه آن به شرح ذیل می‌باشد (Zali and Barati, 2020).

تشکیل ماتریس داده‌ها

با توجه به تعداد ژنوتیپ‌ها و صفات مختلف مورد بررسی،

ماتریس داده‌ها به صورت زیر تشکیل شد:

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

در این ماتریس x_{ij} مقدار صفت i ام ($i=1,2,\dots,n$) در رابطه

با ژنوتیپ j ام ($j=1,2,\dots,m$) می‌باشد.

تبدیل ماتریس داده‌ها به یک ماتریس نرمال (ماتریس R)

از رابطه ۱ برای نرمال کردن داده‌ها استفاده شد:

$$r_{ij} = \frac{x_{ij}}{\sqrt{\sum_{i=1}^n x_{ij}^2}} \quad (1)$$

ماتریس R به صورت زیر تعریف شد:

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

پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ غیر ایده‌آل (ضعیف)

در این مرحله برای هر صفت به طور جداگانه، بهترین ژنوتیپ و

ضعیف‌ترین انتخاب شد.

محاسبه فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ ضعیف

در این مرحله برای هر صفت، فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل (d_i^+) و

ژنوتیپ ضعیف (d_i^-) به ترتیب از روابط ۲ و ۳ محاسبه شد:

جدول ۱- نام و شجره ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی در این آزمایش

Table 1- Name and pedigree of the studied genotypes in this experiment

کد ژنوتیپ Genotype code	نام رقم / شجره لاین Variety name/ Line pedigree	گندم نان / دوروم Bread/ Durum wheat
G1	Line17	BW
G2	Koohdasht	BW
G3	Mehregan	BW
G4	Aftab	BW
G5	Asman	BW
G6	Saverz	DW
G7	Kabir	BW
G8	KANZ*4/KS85-8-4/ 5/2*FRET 2*2/4/SNI/TRAP #1/ 3/ KAUZ*2/ TRAP//KAUZCGSS05Y00186T-099M-099Y-099M-099Y-099ZTM-2WGY-0B	BW
G9	Paya	BW
G10	PBW343*2/KUKUNA//WBLL1*2/KUKUNACMSA05M00118S-0100ZTM-029(LR34 HOM+HET) ZTY-040ZTM-040SY-16ZTM-0Y-0B	BW
G11	BECARD/KACHUCMSS06B00169S-0Y-099ZTM-099Y-099M-28WGY-0B	BW
G12	GUAYACAN INIA/POMA_2//SNITAN/4/D86135/ACO89//PORRON_4/3/ SNITAN CDSS02B00562S-0Y-0M-2Y-1M-04Y-0B	BW
G13	AVTA/YAZL_1//GREEN/SOMO/6/AJAIA_1/EUDO//PLATA_6/4/BUTO//SCOT/MEXI_1/3/PLATA_8/5/ISLA CDSS05B00584T-0TOPY-26Y-0M-2Y-4M-0Y	BW
G14	Icaverve (Azeghar1/4/IcamorTA0462/3/Maamouri3 //Vitron/Bidra1/5/Mgnl3/Ainzen1)	DW
G15	Bezajihane (Ossl1/Stj5/5/Bicredera1/4/BezaizSHF//SD19539/Waha/3/Stj/Mrb3/6/Icajih12)	DW
G16	Zaghavin-2 (Icasyr1/3/Gcn//Stj/Mrb3)	DW
G17	Secondrue	DW
G18	Miki-3	DW
G19	Berghouta (Ter1//Mrf1/Stj2)	DW
G20	Icamoram-7 (ICAMORTA0472/Ammar7)	DW
G21	Margherita (Terbol975/Geruftel2)	DW
G22	Julia (Mgnl3/Ainzen1/3/Ter1//Mrf1/Stj2)	DW
G23	Trouve (Amedakul1/TdicoSyrCol//Loukos)	DW
G24	Jabal (Korifla/AegSpeltoidesSyr//Mrb5)	DW
G25	Maghrour (Amedakul1/TdicoSyrCol//Cham1)	DW
G26	Icarukus (Maamouri1/5/IcamorTA0462/4/Stj3//Bcr/Lks4/3/Icamor/6/Mgnl3/Ainzen1)	DW
G27	IDON 39-33 (Ossl1/Stj5/5/Bicredera1/4/BEZAIZSHF//SD19539/Waha/3/Stj/Mrb3/6/Stk/Hau//Heca1)	DW
G28	Mikikassem (Icamilmus5/Miki2//Geromtel1/Icasyr1)	DW
G29	IDON 39-15 (IcamorTA0471//IcamorTA0459/Ammar8/4/Stj3//Dra2/Bcr/3/Ter3)	DW
G30	Oussara-2 (Mgnl3/Ainzen1/3/Ter1//Mrf1/Stj2)	DW
G31	Icakassem (Icamilmus5/Miki2//Geromtel1/Icasyr1)	DW
G32	IDON 39-30 (IcamorTA0472//Quarmal/Gbch2/3/Mgnl3/Ainzen1)	DW
G33	IDON 39-18 (IcamorTA041/4/IcamorTA0469/3/Bcr/Gro1//Mgnl1/5/MIK12)	DW

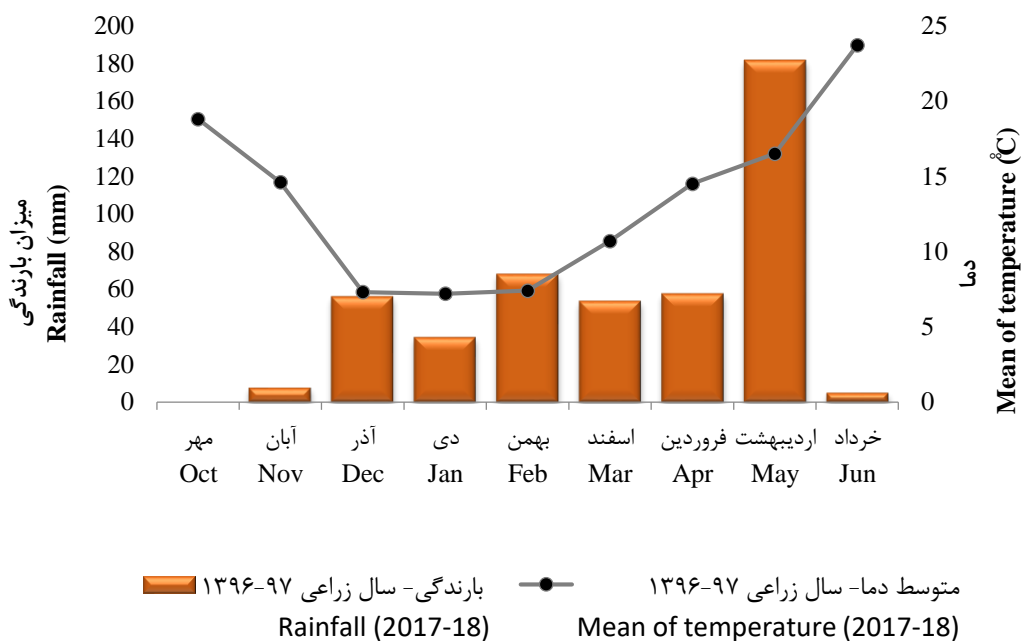
BW: گندم نان، DW: گندم دوروم

Bread wheat (BW), Durum wheat (DW)

جدول ۲- خصوصیات فیزیکوشیمیایی خاک در محل اجرای آزمایش

Table 2- Physical and chemical characteristics of the experimental site

هدایت الکتریکی EC (dS.m ⁻¹)	اسیدیته pH	کربن آلی Organic carbon (%)	پتاسیم K (ppm)	فسفر P (ppm)	نیتروژن N (%)	رس Clay (%)	سیلت Silt (%)	شن Sand (%)
0.41	7.4	0.71	386.6	22.04	0.07	25.6	38.4	36



شکل ۱- متوسط دما و بارش ماهیانه سال زراعی ۱۳۹۶-۹۷

Figure 1- Average temperature and rainfall in cropping season 2017-2018

نتایج و بحث

رسیدگی بعنوان زودرس‌ترین ژنوتیپ در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی بود. از نظر ارتفاع بوته، رقم آسمان با ارتفاع بوته ۹۲ سانتی‌متر بلندترین ژنوتیپ بود. تعداد دانه در سنبله ژنوتیپ‌ها بین ۳۷-۱۷ دانه متغیر بود. رقم کبیر با بیشترین عملکرد دانه از بیشترین تعداد دانه در سنبله برخوردار بود. بعلاوه رقم کبیر از بیشترین عملکرد بیوماس (۱۲۷۵۰ کیلوگرم در هکتار) و شاخص برداشت (۴۲) در میان ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی برخوردار بود. لاین‌های G31 و G17 با ۴۸۶ و ۴۳۰ سنبله در مترمربع، از بیشترین تعداد سنبله در مترمربع برخوردار بودند.

به منظور انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد و سایر صفات زراعی از شاخص SIIG استفاده شد. از آنجایی‌که میزان تغییرات شاخص SIIG بین صفر تا یک است، هر چه مقدار این شاخص برای ژنوتیپی به یک نزدیک‌تر باشد آن ژنوتیپ از مطلوبیت بالاتری از نظر بیشتر صفات مورد ارزیابی برخوردار می‌باشد و بالعکس. در

نتایج تجزیه واریانس نشان داد که بین ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی از نظر ارتفاع بوته، تاریخ رسیدگی و عملکرد دانه تفاوت معنی‌داری در سطح احتمال آماری یک درصد وجود داشت (جدول ۳). میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها بین ۵۲۸۰-۲۵۶۸ کیلوگرم در هکتار متغیر بود (جدول ۴). بیشترین عملکرد دانه در رقم کبیر به میزان ۵۲۸۰ کیلوگرم در هکتار و پس از آن ژنوتیپ‌های G17، G18، G9 (رقم پایا) و G31 به ترتیب با میانگین عملکرد دانه ۴۲۱۰، ۴۰۰۳، ۳۹۸۵ و ۳۹۵۰ کیلوگرم در هکتار در مراتب بعدی قرار گرفتند. میانگین وزن هزار دانه ژنوتیپ‌ها بین ۳۳-۴۸ گرم متغیر بود. رقم پایا و لاین‌های G16 و G18 با عملکرد دانه بالا از وزن هزار دانه بالایی (۴۷ گرم) برخوردار بودند. تعداد روز تا سنبله‌دهی ژنوتیپ‌ها بین ۱۳۸-۱۳۱ روز متغیر بود. کمترین تعداد روز تا سنبله‌دهی در رقم پایا و بیشترین آن در رقم ساورز مشاهده شد. رقم کبیر با ۱۸۹ روز تا

جزو برترین ژنوتیپ‌ها بود. همان‌طور که از نتایج مشخص است، رقم کبیر از بیشترین عملکرد دانه، عملکرد بیوماس، شاخص برداشت و تعداد دانه در سنبله در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی برخوردار بود. بعلاوه رقم کبیر، وزن هزار دانه نسبتاً بالا و تعداد سنبله در مترمربع متوسط و جزو زودرس‌ترین ژنوتیپ‌ها بود. رقم پایا و لاین‌های G16، G18 و G31 از وزن هزار دانه بالایی در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی برخوردار بودند. بعلاوه بیشترین تعداد دانه در سنبله در لاین G18 و بیشترین تعداد سنبله در مترمربع در لاین G31 مشاهده شد. نتایج شاخص SIIG نشان داد که لاین‌های G27 و G13 با کمترین مقدار شاخص (۰/۵۸) جزو ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها از نظر اکثر صفات مورد ارزیابی بودند. به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های مذکور کمترین تعداد سنبله در مترمربع، تعداد دانه در سنبله، عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت برخوردار بودند.

این مطالعه شاخص SIIG بر اساس کلیه صفات مورد ارزیابی بدست آمد (جدول ۵). به عبارتی انتخاب ژنوتیپ بر اساس شاخص SIIG نشان‌دهنده‌ی انتخاب بر اساس عملکرد و سایر صفات زراعی به طور هم‌زمان بوده است. نتایج شاخص SIIG نشان داد که رقم کبیر، G31، G18، G29، G17، G16 و رقم پایا با بیشترین مقدار شاخص SIIG و به ترتیب به میزان ۰/۸۲، ۰/۷۹، ۰/۷۸، ۰/۷۷، ۰/۷۴، ۰/۷۴ جزو برترین ژنوتیپ‌ها بودند. با ارزیابی ۲۲ ژنوتیپ پاییزه کلزا توسط شاخص SIIG مشخص شد که شاخص SIIG برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر مؤثر و دقیق بوده و از ویژگی‌های مهم شاخص SIIG ادغام صفات با واحدهای مختلف است (Abdollahi Hesar *et al.*, 2020). بنابراین در مطالعاتی که تعداد صفات مورد بررسی زیاد باشد، این شاخص برای انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و صفات مطلوب زراعی بسیار سودمند است. نتایج SIIG نشان داد که رقم کبیر با بیشترین مقدار (۰/۸۲)

جدول ۳- تجزیه واریانس صفات مورد ارزیابی در ۳۳ ژنوتیپ گندم

Table 3- Variance analysis of traits evaluated for 33 wheat genotypes

منابع تغییر Source variation	درجه آزادی df	میانگین مربعات Mean of squares								
		DH	PH	DM	SSM	NGPS	TKW	BY	GY	HI
تکرار Replication	1	11.88	26.73	3.88	2933.3	4.91	50.97	11323730.9	521362.9	44.18
تیمار Treatment	32	5.51	91.2**	0.84**	6201.7	42.78	34.05	2603313.03	579514.8**	16.63
خطا Error	32	3.75	23.8	0.44	4406.6	47.09	25.34	2026064.6	242044.8	15.21
ضریب تغییرات CV (%)		1.4	6.5	0.3	18.1	27.6	11.7	15.3	14.5	10.7
LSD (5%)		3.9	9.9	1.35	135.2	13.9	10.2	2899	1002	7.94
LSD (1%)		5.3	13.4	1.82	181.8	18.8	13.8	3898	1347	10.68

** : معنی‌داری در سطح احتمال آماری یک درصد

** : Significant at 0.01 probability level

علائم اختصاری: DH: روز تا سنبله‌دهی، PH: ارتفاع بوته، DM: روز تا رسیدگی، SSM: تعداد سنبله در مترمربع، NGPS: تعداد دانه در سنبله، TKW: وزن هزار دانه، BY: عملکرد بیوماس، GY: عملکرد دانه، HI: شاخص برداشت

Abbreviation signs: Days to heading (DH), Plant height (PH), Days to mature (DM), Spike per square meter (SSM), number of grain per spike (NGPS), 1000 kernel weight (TKW), Biological yield (BY), Grain yield (GY), Harvest index (HI).

تعداد دانه در سنبله، عملکرد بیوماس و شاخص برداشت برخوردار بود. این نتیجه با یافته‌های سایر محققان مبنی بر رابطه مثبت بین عملکرد دانه با صفات تعداد دانه در سنبله و عملکرد بیوماس در ژنوتیپ‌های گندم دوروم تحت شرایط دیم مطابقت داشت (Shirvani *et al.*, 2020). همچنین اهمیت صفت تعداد دانه در سنبله به عنوان یکی از فاکتورهای مهم تأثیرگذار بر عملکرد دانه گندم نان تأیید شده است (Würschum *et al.*, 2018).

نتایج همبستگی صفات نشان داد، همبستگی مثبت و بالایی بین عملکرد دانه با صفات تعداد دانه در سنبله، عملکرد بیوماس و شاخص برداشت وجود داشت (جدول ۶)؛ بنابراین برای دست‌یابی به ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه بالا بایستی به دنبال ژنوتیپ‌های با مقادیر بالای صفات مذکور بود. نتایج مقایسه میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی نیز با نتیجه به دست آمده مطابقت داشت. به‌طوری‌که رقم کبیر با بیشترین عملکرد دانه، از بیشترین صفات

جدول ۴- میانگین صفات مختلف زراعی در ۳۳ ژنوتیپ گندم

Table 4- Average of different agronomic traits of 33 wheat genotypes

ژنوتیپ Genotype	DH (day)	PH (cm)	DM (day)	SSM	NGPS	TKW (g)	BY (kg/ha)	GY (kg/ha)	HI
G1	133	74	190	494	21	36	9500	3293	35
G2	135	87	192	330	28	42	8438	3025	36
G3	134	63	191	390	25	39	9750	2765	30
G4	133	68	190	410	26	42	9350	3845	41
G5	133	92	191	370	25	46	10763	3433	32
G6	138	84	191	308	24	48	8600	3318	39
G7	133	82	189	320	37	45	12750	5280	42
G8	134	83	189	276	27	45	8600	3158	37
G9	131	74	190	328	26	47	10388	3985	38
G10	132	80	191	378	29	43	9225	3203	35
G11	132	73	189	332	25	43	8563	3218	38
G12	136	75	190	272	22	43	9275	3323	36
G13	137	75	191	352	18	43	8325	2718	34
G14	135	79	190	381	24	43	9581	3259	34
G15	137	77	191	326	23	47	8600	3173	37
G16	134	78	190	407	27	47	10400	3826	37
G17	136	82	190	430	23	35	11738	4210	36
G18	135	79	190	346	37	47	11075	4003	36
G19	134	76	190	377	25	40	9000	3240	36
G20	135	69	190	361	22	43	8788	3118	35
G21	136	73	190	406	27	45	7563	2688	36
G22	135	65	190	394	18	48	8813	3528	40
G23	135	65	191	416	21	47	8163	2568	32
G24	137	70	191	380	23	43	8588	3258	37
G25	135	71	190	378	24	37	9125	3638	40
G26	136	68	190	364	29	37	7725	3175	42
G27	133	75	190	308	19	44	8500	2650	31
G28	133	73	190	372	17	33	8713	3010	35
G29	136	68	190	444	31	40	10288	3708	37
G30	136	83	192	286	23	43	8050	3005	37
G31	136	70	192	486	30	46	10088	3950	39
G32	135	78	191	386	26	42	9275	3628	39
G33	135	81	191	268	25	48	9150	3423	38
میانگین Mean	134	75	190	366	25	43	9295	3382	36
حداکثر Max	138	92	192	494	37	48	12750	5280	42
حداقل Min	131	63	189	268	17	33	7563	2568	30

نتایج پژوهش انجام شده توسط سایر محققان مطابقت داشت (Soleymanifard and Naseri, 2020). همبستگی منفی بین عملکرد دانه با صفات روز تا سنبله‌دهی و رسیدگی مشاهده شد. این موضوع بر عملکرد بالای ژنوتیپ‌های زودرس دلالت داشت. در مطالعات بسیاری همبستگی مثبت بین عملکرد دانه و زودرسی گزارش شده است (Mondal et al., 2015; Rahmati et al., 2020).

همبستگی قوی و معنی‌دار بین عملکرد بیوماس و شاخص برداشت با عملکرد دانه بیانگر این است که دست‌یابی به تولید بالا در شرایط دیم مستلزم یک رشد رویشی (ماده خشک) مناسب با توان خوب انتقال مواد فتوسنتزی به دانه در راستای افزایش شاخص برداشت است. رابطه مثبت و معنی‌دار بین تعداد روز تا سنبله‌دهی و روز تا رسیدگی ($r=0/41^*$) بیانگر این است که ژنوتیپ‌هایی که دیرتر سنبله می‌دهند دیررس‌تر می‌باشند که با

جدول ۵- شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) و فاصله از ژنوتیپ‌های ایده‌آل (d^+) و غیرایده‌آل (d^-)Table 5- Selection index of ideal genotype (SIIG) and distance from ideal (d^+) and non-ideal (d^-) genotypes

ژنوتیپ	فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل	فاصله از ژنوتیپ غیرایده‌آل	شاخص SIIG	رتبه
Genotype	d^+	d^-	SIIG index	Rank
G1	0.176	0.344	0.662	14
G2	0.184	0.314	0.631	20
G3	0.184	0.341	0.649	16
G4	0.131	0.347	0.725	7
G5	0.166	0.357	0.682	10
G6	0.186	0.318	0.630	21
G7	0.094	0.434	0.822	1
G8	0.190	0.316	0.625	22
G9	0.140	0.358	0.720	8
G10	0.157	0.335	0.681	11
G11	0.176	0.317	0.643	18
G12	0.196	0.323	0.622	23
G13	0.219	0.305	0.582	27
G14	0.167	0.335	0.667	13
G15	0.186	0.316	0.630	21
G16	0.124	0.363	0.745	5
G17	0.137	0.383	0.736	6
G18	0.110	0.390	0.779	3
G19	0.168	0.325	0.659	15
G20	0.185	0.320	0.633	19
G21	0.187	0.307	0.622	23
G22	0.183	0.331	0.643	18
G23	0.205	0.316	0.607	24
G24	0.173	0.320	0.649	16
G25	0.160	0.331	0.675	12
G26	0.172	0.313	0.645	17
G27	0.225	0.306	0.576	28
G28	0.215	0.313	0.592	25
G29	0.112	0.369	0.767	4
G30	0.209	0.300	0.590	26
G31	0.099	0.375	0.791	2
G32	0.146	0.337	0.697	9
G33	0.190	0.327	0.633	19

تعداد سنبله در مترمربع در مراتب بعدی قرار گرفتند. با ارزیابی ۱۰۸ لاین خالص جو از نظر عملکرد دانه و سایر صفات زراعی با استفاده از روش SIIG، مشخص شد که عملکرد دانه بیشترین سهم را در مقدار شاخص SIIG داشته است (Zali and Barati, 2020). مقادیر داده‌های ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی نشان داد که با کاهش مقدار SIIG، مقادیر عملکرد دانه و تعداد دانه در سنبله کاهش داشته است. به علاوه، همبستگی منفی بین روز تا سنبله‌دهی و رسیدگی با شاخص SIIG مشاهده شد. این امر بیانگر این است که برای بهبود عملکرد دانه گندم بایستی ژنوتیپ‌های زودرس با تعداد دانه در سنبله بالا انتخاب نمود.

با توجه به نتایج همبستگی بین عملکرد و صفات زراعی، صفات تعداد دانه در سنبله، عملکرد بیوماس، شاخص برداشت و زودرسی بعنوان مؤثرترین صفات برای انتخاب ژنوتیپ‌های گندم دیدیم با عملکرد بالا پیشنهاد می‌شوند. بیشترین همبستگی مثبت و معنی‌دار شاخص SIIG به ترتیب با صفات عملکرد دانه ($r=0/88^{**}$)، عملکرد بیوماس ($r=0/84^{**}$)، تعداد دانه در سنبله ($r=0/76^{**}$)، شاخص برداشت ($r=0/41^*$) و تعداد سنبله در مترمربع ($r=0/40^*$) مشاهده شد. این موضوع بیانگر این است که عملکرد دانه بیشترین سهم را در مقدار شاخص SIIG و پس از آن به ترتیب عملکرد بیوماس، تعداد دانه در سنبله، شاخص برداشت و

جدول ۶- ضرایب همبستگی ساده بین صفات مورد ارزیابی در ژنوتیپ‌های گندم

Table 6- Correlation coefficients among the evaluated traits in wheat genotypes

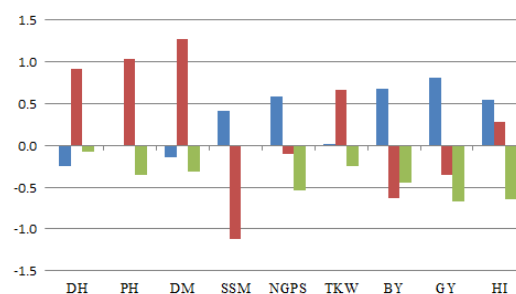
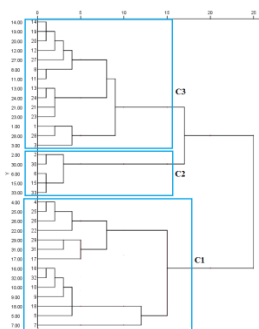
صفات Traits	DH	PH	DM	SSM	NGPS	TKW	BY	GY	HI	SIIG
DH	1									
PH	-0.038	1								
DM	.407*	.153	1							
SSM	-.018	-.438*	.066	1						
NGPS	-.101	.223	-.119	.014	1					
TKW	.092	.203	.167	-.347*	.206	1				
BY	-.288	.265	-.249	.195	.526**	.015	1			
GY	-.179	.202	-.308	.111	.609**	.077	.848**	1		
HI	.123	-.038	-.212	-.056	.381*	.060	.100	.602**	1	
SIIG	-.180	.048	-.188	-.402*	.758**	.078	.837**	.879**	.411*	1

* و **: به ترتیب معنی‌داری در سطح احتمال آماری پنج و یک درصد

* and **: Significant at the 0.05 and 0.01 probability level, respectively

ارتفاع بوته، بیشترین روز تا رسیدگی (دیررسی)، کمترین تعداد سنبله در مترمربع، بیشترین وزن هزار دانه، کمترین عملکرد بیوماس و عملکرد دانه را نشان داد. سومین گروه، ارتفاع بوته پایین، کمترین تعداد روز تا رسیدگی (زودرسی)، کمترین تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه پایین، عملکرد بیوماس پایین و کمترین عملکرد دانه را نشان داد. به این ترتیب تجزیه خوشه‌ای شامل سه گروه، ژنوتیپ‌های زودرس با عملکرد دانه بالا (گروه ۱)، ژنوتیپ‌های دیررس با عملکرد دانه پایین (گروه ۲) و ژنوتیپ‌های زودرس با عملکرد دانه پایین (گروه ۳) بود. از آنجایی‌که در شرایط دیم به‌نژادگران به دنبال ژنوتیپ‌های زودرس با عملکرد دانه بالا می‌باشند، ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و زودرس در گروه ۱ می‌توانند به عنوان ژنوتیپ‌های امیدبخش برای کاشت در دیم‌زارهای مناطق گرمسیر و یا به عنوان والدین برای بهبود عملکرد و سایر خصوصیات مطلوب زراعی در برنامه به‌نژادی در نظر گرفته شوند.

تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی ۳۳ ژنوتیپ گندم با استفاده از روش وارد انجام پذیرفت. در تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها به سه گروه تقسیم شدند (شکل ۲- سمت چپ). در اولین، دومین و سومین گروه به ترتیب تعداد ۱۴، ۵ و ۱۴ ژنوتیپ قرار گرفت. به این ترتیب که ژنوتیپ‌های G17, G16, G32, G10, G9, G18, G5, G7, G31, G29, G22, G26, G25, G4 در گروه اول، ژنوتیپ‌های G2, G30, G5, G15, G33 در گروه دوم و سایر ژنوتیپ‌ها در گروه سوم قرار گرفتند. به منظور مقایسه گروه‌های مختلف از نظر صفات مورد ارزیابی، مقادیر کلیه صفات به نمره Z تبدیل شده و سپس مقایسه انجام پذیرفت (شکل ۲- سمت راست). اولین گروه، کمترین تعداد روز تا سنبله‌دهی، روز تا رسیدگی کمتر (زودرسی)، بیشترین تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبله در مترمربع بالا، بیشترین عملکرد بیوماس، عملکرد دانه و شاخص برداشت را نشان داد. دومین گروه، بیشترین تعداد روز تا سنبله‌دهی، بیشترین



شکل ۲- تجزیه خوشه‌ای برای صفات مورد ارزیابی در ۳۳ ژنوتیپ گندم. شکل سمت چپ تجزیه خوشه‌ای به روش WARD و شکل سمت راست مقایسه سه گروه تجزیه خوشه‌ای از نظر صفات مورد ارزیابی برای ۳۳ ژنوتیپ گندم را نشان می‌دهد.

Figure 2- Cluster analysis for traits evaluated of 33 wheat genotypes. The left figure showed the cluster analysis using the WARD method and the right figure showed a comparison of three classes of cluster analysis for traits evaluated of 33 wheat genotypes

نتیجه‌گیری کلی

G16 از نظر عملکرد و سایر صفات مطلوب زراعی از بیشترین میزان شاخص SIIG برخوردار بودند؛ بنابراین شاخص SIIG می‌تواند بعنوان ابزار مفیدی در جهت انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در محصولات مختلف مورد استفاده قرار گیرد.

سپاس‌گزاری

این مقاله از پروژه تحقیقاتی به شماره مصوب ۰۵۷-۹۶۱۲۷۳-۱۵۵۷-۵۹-۰۳۴ استخراج شده است. بدین‌وسیله از مدیر اجرایی پروژه ارتقاء امنیت غذایی در استان لرستان که امکانات لازم برای اجرای این پروژه را فراهم نمودند، تشکر و قدردانی می‌شود.

بر اساس نتایج شاخص SIIG و تجزیه خوشه‌ای، ارقام کبیر و پایا و لاین‌های G18، G29، G17 و G18 بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد و اکثر صفات مورد ارزیابی بودند که می‌توانند برای کاشت در اراضی دیم و برنامه‌های به‌نژادی بعدی استفاده شوند. روابط مثبت و معنی‌دار عملکرد دانه با صفات تعداد دانه در سنبله، عملکرد بیوماس و شاخص برداشت نشان داد که صفات مذکور می‌توانند بعنوان معیار گزینش مناسب در بهبود عملکرد دانه گندم در شرایط دیم مورد توجه قرار گیرند. در این پژوهش ژنوتیپ‌های برتر شامل ارقام کبیر و پایا و لاین‌های G17، G29، G18، G31.

References

- Abdollahi Hesar, A., Sofalian, O., Alizadeh, B., Asghari, A. and Zali, H. 2020. Evaluation of some autumn canola genotypes based on agronomy traits and SIIG index. *Journal of Crop Breeding*, 12(34): 151-159. (In Persian).
- Arifuzzaman, M., Barman, S., Hayder, S., Azad, M.A.K., Turin, M.T.S., Amzad, M.A. and Masuda, M.S. 2020. Screening of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes under drought stress conditions using multivariate analysis. *Cereal Research Communications*, 48(3): 301-308.
- Arzhang, S., Bernosi, I., Abdollahi Mandolakoni, B. and Hassanzadeh Ghoorttappah, A. 2017. Genetic diversity of grain yield and some morphological traits in local bread wheat lines. *Seed and Plant Journal*, 32(4): 493-510. (In Persian).
- Khoshgoftarmansh, A.H., Sharifi, H.R., Afiuni, D. and Schulin, R. 2012. Classification wheat genotypes by yield and densities of grain zinc and iron using cluster analysis. *Journal of Geochemical Exploration*, 121: 49-54. (In Persian).
- Liu, B., Asseng, S. and Muller, C. 2016. Similar estimates of temperature impacts on global wheat yield by three independent methods. *Nature Climate Change*, 6: 1130-1136.
- Modarresi, M., Mohammadi, V. and Zali, A. 2010. Response of wheat yield and yield related traits to high temperature. *Cereal Research Communications*, 38: 23-31.
- Mondal, S., Joshi, A.K., Huerta-Espino, J. and Singh, R.P. 2015. Early maturity in wheat for adaptation to high temperature stress. PP. 239-252, In: Y. Ogihara (ed.), *Advances in Wheat Genetics*.
- 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. *Iranian Journal of Dryland Agriculture*, 9(1): 1-20. (In Persian).
- Sadeghzadeh, B. and Abediasl, G. 2012. Evaluating agronomic traits related to grain yield of durum wheat landraces in dry lands conditions. *Iranian Journal of Dryland Agriculture*, 1(1): 40-62. (In Persian).
- Shirvani, F., Daneshvar, M., Mohammadi, R. and Ismaili, A. 2021. Evaluation of agro-physiological characteristics and drought tolerance in some of durum wheat breeding genotypes. *Journal of Crop Breeding*, 12(13): 117-135. (In Persian).
- Soleymanifard, A. and Naseri, R. 2020. Evaluation of relationships between grain yield and agro-physiological traits of bread wheat genotypes under rainfed conditions. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 13(3): 701-714. (In Persian).

- Tadili, S., Asghari, A., Karimizadeh, R., Sofalian, O. and Mohammaddoust Chamanabad, H.R.** 2020. Evaluation of drought stress tolerance in advanced lines durum wheat using the selection index of ideal genotype (SIIG). *Journal of crop Ecophysiology*, 14(1): 45-61. (In Persian).
- Tahmasebi, S., Dastfal, M., Zali, H. and Rajaie, M.** 2018. Drought tolerance evaluation of bread wheat cultivars and promising lines in warm and dry climate of the south. *Cereal Research*, 8(2): 209-225. (In Persian).
- Würschum, T., Leiser, W.L., Langer, S.M., Tucker, M.R. and Longin, C.F.H.** 2018. Phenotypic and genetic analysis of spike and kernel characteristics in wheat reveals long-term genetic trends of grain yield components. *Theoretical and Applied Genetics*, 131: 2071-2084.
- Yaghoutipoor, A., Farshadfar, E. and Saeedi, M.** 2017. Evaluation of wheat genotype for drought tolerance using a suitable combination method. *Environmental Stresses in Crop Science*, 10(2): 247-256. (In Persian).
- Zali, H., Hasanloo, T., Sofalian, O., Asghari, A. and Shariatpanahi, M.E.** 2020. Identifying drought tolerant canola genotypes using selection index of ideal genotype. *Journal of Crop Breeding*, 11(29): 117-126. (In Persian).
- Zali, H. and Barati, A.** 2020. Evaluation of selection index of ideal genotype (SIIG) in other to selection of barley promising lines with high yield and desirable agronomy traits. *Journal of Crop Breeding*, 12(34): 93-104. (In Persian).

Grain yield potential of wheat genotypes on farmers' fields under rainfed conditions

Mahnaz Rahmati^{1*}, Ali Ahmadi¹, Ali Minapoor², Kiyanoush Hamidiyan³

¹ Crop and Horticultural Science Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Khorramabad, Iran

² Agronomy Expert, Agricultural Service center of Khoshnamvand, Jihad-Agriculture Management of Kouhdasht, Kouhdasht, Iran

³ Agronomy Expert, Jihad-Agriculture Organization of Lorestan, Khorramabad, Iran

*Corresponding Author: avinmahnaz@gmail.com

Received: 30 April 2022

Accepted: 3 July 2022

DOI: 10.22034/CSRAR.2022.340070.1230

Abstract

Introduction: It is crucial to introduce and develop new high-yielding dryland wheat cultivars with resistance to biotic and abiotic stresses, given the extent of wheat cultivation in tropical regions and the occurrence of drought in recent years. On-farm experimentation provides new insights and is a suitable method for informing farmers about novel technologies, such as new crop varieties. Using the SIIG index and cluster analysis, the current study aimed to identify the superior wheat genotypes for grain yield and other agronomic traits in tropical drylands and introduce them to farmers.

Material and Methods: In current study, 33 varieties/ pure lines selected from the DARI and ICARDA wheat breeding programs were cultivated on farmers' fields of Lorestan province using a randomized complete block design (RCBD) with two replications during 2017-18 cropping season. The genotypes evaluated consisted of 12 cultivars and 21 pure lines of bread wheat and durum wheat, respectively. The pedigree of all genotypes is presented in table 1. The following nine characteristics were recorded: days to heading (DH), plant height (PH), Days to maturity (DM), spikes per square meter (SSM), number of grains per spike (NGPS), 1000 kernel weight (TKW), biological yield (BY), Grain yield (GY), and harvest index (HI). Using ANOVA, all investigated characteristics were analyzed. Genotypes means were compared using the least significance difference (LSD) at 5% and 1% probability level. Correlation analysis was performed using the Pearson method. Selection index of ideal genotype (SIIG) was utilized to select the genotypes with the highest yield and agronomic traits. In addition, cluster analysis using the WARD method and principal component analysis were employed to categorize genotypes. To analyze the data, MSTATC, IBM SPSS Statistics ver. 22 and Excel were utilized.

Results and Discussion: Paya and Kabir varieties and G17, G18, and G31 lines had the highest average grain yields, with yields of 5,280, 3,985, 4,210, 4,003, and 3,950 kg/ha, respectively. The SIIG index indicated that Kabir and Paya varieties, and G31, G18, G29, G17 and G16 lines with a high SIIG value (0.822, 0.720, 0.791, 0.779, 0.767, 0.736 and 0.745, respectively) were superior genotypes, whereas G13 and G17 lines with a low SIIG (0.582 and 0.576, respectively) were the weakest genotypes for the majority of traits evaluated in the current study. Grain yield exhibited a significant and positive correlation with biological yield (BY), number of grains per spike (NGPS), and harvest index, according to correlation analysis (HI). Days to heading and maturity correlated negatively with grain yield. Therefore, BY, NGPS, HI, and early maturity may be suitable indicators for selecting high-performing genotypes in wheat breeding programs under rainfed conditions. Strong and positive correlation was observed between the SIIG index and grain yield. This issue reflected a larger proportion of grain yield in the SIIG index. Cluster analysis classified genotypes into three primary classes. Class 1 consisted of maturity date genotypes with high yield, Class 2 consisted of early maturity genotypes with low yield, and Class 3 consisted of early

maturity genotypes with low yield. In the current study, first -class genotypes with high yield and earliness were deemed promising genotypes for planting in tropical regions under rainfed conditions or as parents for improving yield and desirable agronomic traits in wheat breeding programs.

Conclusion: The best genotypes, as determined by the SIIG index and cluster analysis, are the Kabir and Paya varieties and the G31, G18, G29, G17, and G16 lines, which are suitable for planting in drylands and further breeding programs. Significant and positive correlations between grain yield and biological yield (BY), number of grains per spike (NGPS), and harvest index (HI) indicated that these traits could be regarded as suitable indicators for enhancing grain yield in wheat under rainfed conditions. In the current study, genotypes with higher grain yield and desirable agronomic traits had the highest SIIG index. SIIG index could therefore be utilized as a suitable method for identifying the best genotypes on various crops.

Keywords: Cluster analysis, Correlation, SIIG index