



Assessment of Phenotypic Diversity and Identification of Superior Bread Wheat Lines under Rainfed Conditions Using Advanced Statistical Methods

Sina Ghanbari¹ & Gholamreza Yahyaei¹

¹ Department of Crop and Horticultural Science Research, Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Sari, Iran.

Corresponding author. E-mail: sina_qanbari@yahoo.com

ABSTRACT

Introduction: Bread wheat (*Triticum aestivum* L.) is one of the world's key cereal crops, playing a fundamental role in ensuring food security. In this context, achieving sustainable yield increases, especially in rainfed and stressed environments, is a primary objective of wheat breeding programs. Assessing genetic diversity and selecting superior lines based on yield-related traits are essential first steps in developing high-yielding and adapted cultivars.

Materials and methods: In this study, 50 lines derived from a cross between MX120-21 and MTESTIGOSBW were evaluated. The experiment was conducted using an alpha-lattice design over two growing seasons (2021-2022 and 2022-2023) at the Baie'kola Agricultural Research Station in Neka, under rainfed conditions. Traits measured included days to heading, plant height, days to physiological maturity, thousand-kernel weight, and grain yield. The combined analysis of the data showed significant effects of year and the line $\times$ year interaction for all traits. The line effect was significant for plant height and thousand-grain weight, but was not significant for days to heading, days to maturity, and grain yield. Data were analyzed using analysis of variance, Pearson correlation, radar and heatmap charts, cluster analysis, genotype-by-trait (GT) biplot, and the mixed linear model based on the REML/BLUP method.

Results: The results indicated significant differences among the lines for grain yield and other morphological traits, confirming substantial genetic diversity within the studied population. Analysis of trait relationships revealed the existence of compensatory mechanisms among yield components and the prominent influence of phenological traits on yield variability under rainfed conditions. The application of the REML/BLUP method demonstrated the predominant share of genetic variance in controlling grain yield and the high accuracy in estimating true genotypic values. This enabled the identification of lines with superior genetic potential. Overall, the findings of this research indicate that integrating multi-trait graphical methods with advanced statistical models provides an effective framework for selecting superior genotypes and enhancing yield stability of wheat under rainfed conditions.

Conclusion: Based on the findings, the integration of graphical methods and advanced statistical models was identified as an effective strategy for selecting superior genotypes and improving yield stability of wheat under rainfed conditions.

Keywords: Genotype-by-trait biplot, Grain yield, Heatmap, Phenotypic diversity.

Article Type: Research Article

Article history: Received: 17 Sep 2025, Revised: 11 Oct 2025, Accepted: 01 Nov 2025, Published online: 26 Dec 2025

Cite this article: Ghanbari, S. & Yahyaei, G. (2025). Assessment of Phenotypic Diversity and Identification of Superior Bread Wheat Lines under Rainfed Conditions Using Advanced Statistical Methods. *Cereal Biotechnology and Biochemistry*, 4(4), 473-501. DOI: [10.22126/cbb.2026.13617.1135](https://doi.org/10.22126/cbb.2026.13617.1135)



© The Author(s).

[10.22126/cbb.2026.13617.1135](https://doi.org/10.22126/cbb.2026.13617.1135)

Publisher: Razi University



بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات



شاپا الکترونیکی: ۵۱۷۰-۲۷۸۳

بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات

Homepage: <https://cbb.razi.ac.ir>

بررسی تنوع فنوتیپی و شناسایی لاین‌های برتر گندم نان در شرایط دیم با استفاده از روش‌های پیشرفته آماری

سینا قنبری^۱✉ و غلامرضا یحیایی^۱

^۱ بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات، آموزش کشاورزی و منابع طبیعی مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران.

✉ نویسنده مسئول: sina_qanbari@yahoo.com

چکیده

مقدمه: گندم نان (*Triticum aestivum* L.) از کلیدی‌ترین غلات جهان بوده و تأمین امنیت غذایی به‌طور اساسی به آن وابسته است. در این راستا، افزایش پایدار عملکرد به‌ویژه در نظام‌های دیم و محیط‌های همراه با محدودیت، از اهداف محوری به‌نژادی این محصول به‌شمار می‌آید. ارزیابی تنوع ژنتیکی و گزینش لاین‌های مطلوب بر مبنای صفات مؤثر بر عملکرد، گام نخست در توسعه ارقام پرمحصول و سازگار محسوب می‌شود.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه، ۵۰ لاین حاصل از تلاقی دو ژنوتیپ MX120-21 و MTESTIGOSBW، در قالب طرح آلفا لاتینس و در طی دو سال زراعی (۱۴۰۰-۱۴۰۱ و ۱۴۰۱-۱۴۰۲) در ایستگاه تحقیقات کشاورزی بایع‌کلا (شهرستان نکا) و در شرایط دیم مورد ارزیابی قرار گرفتند. صفات مورد اندازه‌گیری شامل تعداد روز تا سنبله‌دهی، ارتفاع بوته، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، وزن هزار دانه و عملکرد دانه بودند. تجزیه مرکب داده‌ها اثر معنی‌دار عوامل سال و اثر متقابل لاین × سال را برای تمامی صفات نشان داد. اثر لاین برای صفات ارتفاع بوته و وزن هزار دانه معنی‌دار گردید، اما برای صفات روز تا سنبله‌دهی، روز تا رسیدگی و عملکرد دانه معنی‌دار نبود. تحلیل داده‌ها با به‌کارگیری روش‌های تجزیه واریانس، همبستگی پیرسون، رسم نمودار رادار چارت و حرارتی، تحلیل خوشه‌ای، بای‌پلات ژنوتیپ-صفت و نیز مدل خطی مختلط مبتنی بر روش REML/BLUP انجام شد.

یافته‌ها: یافته‌ها حاکی از اختلاف معنی‌دار بین لاین‌ها از لحاظ عملکرد دانه و سایر صفات مورفولوژیک بود که مؤید وجود تنوع ژنتیکی کافی در این جمعیت است. بررسی روابط بین صفات، وجود مکانیسم‌های جبرانی میان اجزای عملکرد و تأثیر بارز صفات فنولوژیک بر تغییرپذیری عملکرد در شرایط دیم را آشکار ساخت. کاربرد روش REML/BLUP نشان داد که سهم واریانس ژنتیکی در کنترل صفت عملکرد غالب است و دقت بالایی در برآورد ارزش‌های ژنتیکی حقیقی وجود دارد. این امر زمینه را برای شناسایی لاین‌های دارای پتانسیل ژنتیکی برتر فراهم کرد. در مجموع، نتایج تحقیق حاضر بیانگر آن است که ادغام روش‌های گرافیکی چندصفتی و مدل‌های آماری پیشرفته، چارچوبی مؤثر برای گزینش ژنوتیپ‌های برتر و افزایش پایداری عملکرد گندم در شرایط دیم ارائه می‌دهد.

نتیجه‌گیری: بر اساس یافته‌ها، تلفیق روش‌های گرافیکی و مدل‌های آماری پیشرفته، راهکاری مؤثر برای گزینش ژنوتیپ‌های برتر و افزایش پایداری عملکرد گندم در شرایط دیم شناخته شد.

واژه‌های کلیدی: بای‌پلات ژنوتیپ-صفت، تنوع فنوتیپی، عملکرد دانه، نمودار حرارتی.

نوع مقاله: مقاله پژوهشی

نوع مقاله: دریافت: ۱۴۰۴/۰۶/۲۶ **اصلاح:** ۱۴۰۴/۰۷/۱۹ **پذیرش:** ۱۴۰۴/۰۸/۱۰، **انتشار آنلاین:** ۱۴۰۴/۱۰/۰۵

استناد: قنبری، و یحیایی، غ. (۱۴۰۴). بررسی تنوع فنوتیپی و شناسایی لاین‌های برتر گندم نان در شرایط دیم با استفاده از روش‌های پیشرفته آماری. *بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات*.

DOI: [10.22126/cbb.2026.13617.1135](https://doi.org/10.22126/cbb.2026.13617.1135) ۵۰۱-۴۷۳، (۴)، ۴-۵۰۱



© نویسندگان.

ناشر: دانشگاه رازی

مقدمه

گندم نان (*Triticum aestivum* L.) به عنوان یک غله کلیدی جهانی، از نظر سطح زیر کشت رتبه اول و از نظر تولید، جایگاه سوم را در سال ۲۰۲۴ در میان غلات به خود اختصاص داده است (FAO, 2025). این گونه زراعی تقریباً ۲۰ درصد از کالری دریافتی غذایی جمعیت انسانی در سراسر جهان را تأمین می‌نماید (Reynolds and Braun, 2022; Wei et al., 2024). با این وجود، افزایش پایدار تولید گندم در پاسخ به تقاضای فزاینده ناشی از رشد جمعیت، همچنان به عنوان یک چالش عمده در بسیاری از کشورها مطرح است (Guo et al., 2020).

برآورد کمی دقیق از میزان تنوع ژنتیکی ذخیره شده در هر ژرمپلاس، برای پایداری، تکامل، حفاظت مؤثر و در نهایت بهره‌برداری بهینه از این منابع در برنامه‌های به‌نژادی، یک ضرورت اساسی محسوب می‌شود (Kabbaj et al., 2017). در واقع، این تنوع ژنتیکی است که بنیان و شالوده تمام تلاش‌های به‌نژادی را تشکیل می‌دهد. بی‌توجهی به صفات زراعی، بیولوژیکی و بیوشیمیایی آن، منجر به محدودیت در استفاده و ائتلاف منابع ژنتیکی ارزشمند می‌گردد (Vaccino et al., 2024). تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی، مؤلفه‌ای حیاتی در فرآیندهای حفاظت، تکامل و اصلاح ژنتیکی گیاهان است (Zhang et al., 1993). آگاهی از میزان و پراکنش تنوع ژنتیکی در گونه‌های زراعی، برای حفاظت و همچنین انتخاب والدین با پس‌زمینه ژنتیکی متمایز دارای اهمیت ویژه‌ای بوده و

در نهایت به اصلاح گیاهی کارآمدتر منجر می‌شود (Mengistu et al., 2015). پژوهش‌های پیشین نشان داده‌اند که ارقام بومی محلی، واجد ویژگی‌های مطلوبی از قبیل تنوع در صفات مورفولوژیکی، صفات مرتبط با عملکرد، شاخص‌های کیفی، سازگاری و همچنین مقاومت به تنش‌های زیستی و غیرزیستی می‌باشند (Alipour et al., 2017). این ویژگی‌ها، ریشه در مجموعه‌ای از آلل‌های مفید (ذخیره ژنی) دارد که به توده‌های بومی با ژنوتیپ‌های متنوع در مقابله با تنش‌های محیطی کمک می‌کند (de Carvalho et al., 2013). علی‌رغم پیشرفت‌های اخیر در مهندسی ژنتیک، ارقام بومی کماکان به عنوان منبعی ارزشمند از آلل‌های مفید برای برنامه‌های اصلاحی سنتی و پیشرفته نقش آفرینی می‌کنند (Comadran et al., 2009).

شناسایی ارقام برتر از میان یک جمعیت ژنتیکی، هسته مرکزی برنامه‌های اصلاح نباتات را تشکیل می‌دهد. با این حال، ارزیابی ژنوتیپ‌ها با دو چالش کلیدی مواجه است: (۱) وجود برهمکنش معنادار ژنوتیپ × محیط، و (۲) همبستگی نامطلوب بین صفات کلیدی. برای غلبه بر چالش اول، ارزیابی ژنوتیپ‌ها در چندین سال و مکان مختلف توصیه می‌شود (Yan, 2015, 2016). برهمکنش ژنوتیپ × محیط (G×E) نقش تعیین‌کننده‌ای در تغییرپذیری صفات کمی، نظیر عملکرد دانه ایفا کرده و می‌تواند توانایی انتخاب ژنوتیپ برتر را تحت تأثیر قرار دهد. بنابراین، انجام آزمون‌های چندمحیطی توأم با به‌کارگیری مدل‌های آماری و گرافیکی ضروری است تا

Mirak *et al.*, 2024). مدل‌های مخلوطی مانند REML، روش‌های مناسبی برای برآورد اجزای واریانس و بهترین پیش‌بینی نااریب خطی ($BLUP^2$) هستند که برای پیش‌بینی مقادیر ژنتیکی و اجزای واریانس مورد استفاده قرار می‌گیرند (Resende, 2016). تجزیه $BLUP$ به ویژه در شرایطی که برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط ($G \times E$) معنادار باشد، روشی مناسب محسوب می‌شود (Olivoto *et al.*, 2019b). روش $BLUP$ به عنوان راهکاری برای افزایش دقت پیش‌بینی، بهترین پیش‌بینی نااریب خطی را بر روی ماتریس برهمکنش $G \times E$ تخمین می‌زند (Olivoto *et al.*, 2019a). یکی از مزایای کلیدی $BLUP$ ، توانایی آن در تخمین میانگین‌ها با دقت بالا در چارچوب مدل‌های مخلوط است؛ زمانی که اثرات تصادفی در مدل وجود داشته باشد، این روش پیش‌بینی دقیق‌تری از این اثرات ارائه می‌دهد (Najafi Mirak *et al.*, 2024). روش تلفیقی REML/ $BLUP$ با در نظر گرفتن مقادیر ژنوتیپی واقعی، دقت بیشتری در فرآیندهای اصلاحی ایجاد کرده و امکان انتخاب کارآمدترین ژنوتیپ‌ها را فراهم می‌آورد.

با توجه به رشد فزاینده جمعیت جهانی و قرارگیری بخش‌های وسیعی از اراضی تحت کشت گندم در اقلیم‌های نامساعد، ضرورت بهبود تولید و گسترش کشت ارقام پرمحصول و مقاوم، بیش از پیش آشکار شده است. در این راستا، شناسایی ارقام سازگار با شرایط دیم و دارای عملکرد پایدار، به عنوان یک راهبرد تضمینی برای تأمین

تنوع ژنتیکی به‌صورتی واقع‌نگر و با در نظر گرفتن سازگاری در شرایط مختلف محیطی ارزیابی گردد (Merga, 2022). برای مقابله با چالش دوم، اخیراً روش‌های ارزیابی مبتنی بر ترکیب صفات مورد توجه قرار گرفته‌اند. در این راستا، تجزیه‌های گرافیکی بای‌پلات ژنوتیپ $\times$ صفت و ژنوتیپ $\times$ عملکرد $\times$ صفت (GYT)، ابزارهای سودمندی هستند که نمای جامع و مفیدی از روابط متقابل و رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها ارائه می‌دهند (Rahmati *et al.*, 2020; Tsenov *et al.*, 2020; Romena *et al.*, 2022; Mohammadi and Geravandi, 2024). روش بای‌پلات GYT، ژنوتیپ‌ها را بر اساس سطوح آن‌ها در ترکیب عملکرد با سایر صفات هدف، رتبه‌بندی کرده و همزمان پروفایل صفاتی (نقاط قوت و ضعف) هر ژنوتیپ را مشخص می‌نماید (Yan and Fréreau-Reid, 2018). ارزیابی ژنوتیپ‌ها بر مبنای چندین صفت در ترکیب با عملکرد، توسط پژوهشگران متعددی در گونه‌های مختلف گیاهی به کار گرفته شده است (Kendal, 2019; Faheem *et al.*, 2021; Karahan and Akgum, 2020; Merrick *et al.*, 2020; Gholizadeh and Ghafari, 2023; Hassani *et al.*, 2024; Bakhshi *et al.*, 2023).

یکی دیگر از روش‌های مهم برای تجزیه داده‌های چند محیطی، روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده ($REML^1$) است. این روش، محدودیت‌های تجزیه واریانس به روش کمترین مربعات را برای داده‌های نامتعادل و ناهمگن (نامتجانس) برطرف می‌سازد (Najafi

امنیت غذایی نسل‌های آینده، از اهمیت فوق‌العاده‌ای برخوردار است. بر این اساس، مطالعه حاضر با هدف شناسایی صفات زراعی مهم مرتبط با عملکرد دانه در شرایط دیم و انتخاب لاین‌های برتر گندم نان، به منظور کاربرد در برنامه‌های آبی معرفی رقم، طراحی و اجرا گردید.

مواد و روش‌ها

تعداد ۵۰ لاین اینبرد نوترکیب حاصل از تلاقی MX120-21 و MTESTIGOSBW، در قالب طرح آلفا لاتیس با دو تکرار و پنج بلوک ناقص در هر تکرار، تحت شرایط دیم در سال‌های زراعی ۱۴۰۰-۰۱ و ۰۲-۱۴۰۱ مورد کشت و ارزیابی قرار گرفتند. این لاین‌ها از مرکز بین‌المللی سیمیت (CIMMYT) و از طریق مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج تأمین شد. این پژوهش در ایستگاه تحقیقاتی مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی مازندران واقع در بایع کلا شهرستان نکا با عرض جغرافیایی ۳۶ درجه و ۴۴ دقیقه شمالی و طول جغرافیایی ۵۳ درجه و ۱۴ دقیقه شرقی و با ارتفاع ۴ متر از سطح دریا انجام شد. میزان بارندگی در ایستگاه تحقیقات کشاورزی بایع کلا در سال‌های زراعی ۱۴۰۰-۰۱ و ۱۴۰۱-۰۲ به ترتیب برابر ۴۲۳/۰۹ و ۲۹۸/۴ میلی‌متر بود و داده‌های درجه حرارت نشان داد که متوسط دمای سال‌های زراعی به ترتیب ۱۴/۲۱ و ۱۴/۴۲ درجه سانتی‌گراد بود (جداول ۱ و ۲). تاریخ کاشت در سال زراعی ۱۴۰۰-۰۱ در ۲۲ آبان و در

سال زراعی ۱۴۰۱-۰۲ در ۲۸ آبان انجام شد. مشخصات فیزیکیوشیمیایی خاک مورد استفاده در این پژوهش در جدول ۳ به‌طور خلاصه نشان داده شده است. عملیات تهیه زمین در پاییز سال‌های زراعی ۱۴۰۰ و ۱۴۰۱، شامل شخم به عمق ۲۵ سانتی‌متر و مصرف کود فسفاته به میزان ۵۰ کیلوگرم در هکتار به همراه دیسک جهت آماده سازی زمین برای کاشت بود. کود نیتروژن به میزان ۱۲۰ کیلوگرم در هکتار قبل از کاشت استفاده شد. در این آزمایش هر لاین در کرت‌هایی با ابعاد شش خط شش متری و فاصله ردیف ۲۰ سانتی‌متر و با تراکم ۳۵۰ بذر در مترمربع کشت شد. صفات زراعی مهم شامل تعداد روز تا سنبله‌دهی (روز)، ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک (روز)، وزن هزار دانه (گرم) و عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار) اندازه‌گیری شد. صفات تعداد روز تا سنبله‌دهی و تعداد روز تا رسیدن فیزیولوژیک به ترتیب بر اساس تعداد روز تا ۵۰٪ سنبله‌دهی و ۵۰٪ رسیدگی فیزیولوژیکی برای هر کرت یادداشت‌برداری شد. ارتفاع بوته بر اساس اندازه‌گیری ارتفاع برای پنج نمونه ساقه اصلی و از سطح خاک تا انتهای سنبله ساقه اصلی (بدون در نظر گرفتن ریشک‌ها) اندازه‌گیری گردید. عملکرد دانه با استفاده از کمباین آزمایشی وینتراشتاگر بر اساس کل کرت برداشت و به واحد کیلوگرم در هکتار تبدیل شد. پس از برداشت، وزن هزار دانه بر اساس اندازه‌گیری وزن نمونه ۵۰۰ تایی دانه برای هر کرت و ضرب آن در عدد دو به‌دست آمد.

در نظر می‌گیرند (Kodinariya and Makwana, 2013). برای ترسیم نمودار رادار چارت، ابتدا مقادیر خام هر پنج صفت برای هر لاین، با استفاده از روش استانداردسازی Z (Z-score) استاندارد شد. سپس برای هر لاین، مقادیر استاندارد شده صفات در محورهای شعاعی (پنج محور) ترسیم و با اتصال نقاط، یک چندضلعی ایجاد گردید (Silva et al., 2016).

به منظور تجسم روابط بین صفات، شناسایی صفات کلیدی و گروه‌بندی لاین‌ها بر اساس الگوی صفات، از روش بای‌پلات ژنوتیپ $\times$ صفت مبتنی بر تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) استفاده شد. برای ترسیم نمودار دوبعدی، از دو مؤلفه اصلی اول (PC1 و PC2) استفاده می‌شود. سپس هر دو سری مختصات در یک سیستم محور مختصات ترسیم می‌شوند. در این نمودار طول بردار هر صفت نشان‌دهنده قدرت تفکیک‌کنندگی آن صفت بین ژنوتیپ‌هاست. زاویه بین بردارهای صفات بیانگر همبستگی بین آن‌هاست (کسینوس زاویه $\approx$ ضریب همبستگی). موقعیت ژنوتیپ‌ها نشان‌دهنده الگوی صفاتی آن‌هاست؛ ژنوتیپ‌های نزدیک به یک بردار، مقادیر بالایی در آن صفت دارند (Yan and Rajcan, 2002).

پس از اطمینان از نرمال بودن توزیع داده‌ها (با استفاده از آزمون Kolmogorov-Smirnov)، تجزیه واریانس مرکب، مقایسه میانگین‌ها به روش دانکن برای همه صفات با نرم افزار SAS 9.1 انجام شد. به منظور بررسی روابط بین صفات مختلف و مقایسه لاین‌ها از نقشه حرارتی (Heatmap)، تجزیه خوشه‌ای (Cluster Analysis) و تعیین تعداد گروه به روش Elbow، ضریب همبستگی پیرسون، تجزیه ژنوتیپ $\times$ صفت ($G \times T$) و محاسبه بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP) استفاده گردید. همبستگی صفات بر اساس میانگین داده‌ها انجام شد. سپس تجزیه خوشه‌ای به روش Ward و بر مبنای مربع فاصله اقلیدسی انجام گرفت. قبل از انجام تجزیه، با استاندارد کردن داده‌ها، اثر مقیاس متغیرها حذف گردد و برای تعیین تعداد مناسب گروه‌ها از روش Elbow استفاده شد. روش Elbow که گاهی نقطه زانویی یا نقطه آرنج نیز نامیده می‌شود، یک روش بصری و اکتشافی است که برای تعیین تعداد بهینه خوشه‌ها در تحلیل خوشه‌ای به کار می‌رود. در این روش، شاخص مجموع مجذورات درون خوشه‌ای ($WCSS^1$) برای تعداد مختلف خوشه‌ها محاسبه شده و در نموداری رسم می‌شود. این روش بر این منطق استوار است که با افزایش تعداد خوشه‌ها، $WCSS$ کاهش می‌یابد، اما پس از یک نقطه خاص، این کاهش شیب خود را از دست می‌دهد و کند می‌شود. نقطه‌ای که کاهش $WCSS$ به طور ناگهانی و مشخصی ملایم می‌شود را به عنوان تعداد بهینه خوشه‌ها

جدول ۱- داده های هواشناسی شهرستان نکا در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰

Table 1- Meteorological data for Neka County, 2021-2022 cropping year

Month ماه	Monthly precipitation بارش ماهانه (mm)	Relative humidity رطوبت نسبی (%)	Number of frost days تعداد روزهای یخبندان	Mean minimum temperature میانگین حداقل دما (°C)	Mean maximum temperature میانگین حداکثر دما (°C)	Mean Temperatures میانگین دما (°C)
November آبان	121.4	78	0	9	18.2	13.6
December آذر	34.9	75	0	7.8	17.7	12.8
January دی	103.8	77	4	4.8	14.2	9.5
February بهمن	67.8	73	6	4.2	13.8	9.1
March اسفند	49.79	77	0	8.2	16.2	11.8
April فروردین	15.6	73	0	10.5	18.6	14.5
May اردیبهشت	27.2	78	0	15.4	22.4	18.9
June خرداد	2.6	66	0	19.4	27.6	23.5

جدول ۲- داده های هواشناسی شهرستان نکا در سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۱

Table 2- Meteorological data for Neka County, 2022-2023 cropping year

Month ماه	Monthly precipitation بارش ماهانه (mm)	Relative humidity رطوبت نسبی (%)	Number of frost days تعداد روزهای یخبندان	Mean minimum temperature میانگین حداقل دما (°C)	Mean maximum temperature میانگین حداکثر دما (°C)	Mean Temperatures میانگین دما (°C)
November آبان	78.8	77	0	11.8	20.8	16.3
December آذر	37.7	68	0	7.4	15.9	11.8
January دی	13.7	73	0	2.1	12.2	7.2
February بهمن	62.6	71	8	2.6	12.5	7.5
March اسفند	10.6	74	5	7.6	17.1	12.4
April فروردین	47.8	71	0	10.7	19.9	15.3
May اردیبهشت	41.4	72	0	15.2	23.5	19.3
June خرداد	5.8	71	0	21.4	29.8	25.6

جدول ۳- برخی از خصوصیات فیزیکی و شیمیایی خاک محل اجرای آزمایش در ایستگاه تحقیقات زراعی بایکولا

Table 3- Some physical and chemical properties of the soil at the experimental site in Bayekola Agricultural Research Station

K	P	Zn	OM	OC	TNV	Clay	Silt	Sand	EC	pH
پتاسیم	فسفر	روی	ماده آلی	کربن آلی	ارزش خنثی کننده کل	رس	سلیت	ماسه	هدایت الکتریکی	اسیدیته
mg/kg			(%)			(%)			ds/m	
351	9.5	1.2	2.3	1.42	21.5	53	43	4	0.72	7.4

OM: Organic Matter; OC: Organic Carbon; TNV: Total Neutralizing Value

آزمون بارتلت جهت آزمون همگن بودن واریانس خطاهای آزمایشی انجام شد و نتیجه آن مؤید یکنواختی واریانس خطا در آزمایش‌های مختلف بود. بنابراین با توجه به یکنواخت بودن واریانس خطاهای آزمایش‌ها در محیط‌های مختلف تجزیه واریانس مرکب برای صفات روز تا سنبله‌دهی، ارتفاع بوته، روز تا رسیدگی (رسیدن فیزیولوژیک)، وزن هزار دانه و عملکرد دانه انجام شد (جدول ۴). بر اساس این نتایج اثر سال و اثر متقابل لاین × سال برای تمامی صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار شد. اثر لاین برای صفات ارتفاع بوته و وزن هزار دانه معنی‌دار گردید، اما برای صفات روز تا سنبله‌دهی، روز تا رسیدگی و عملکرد دانه معنی‌دار نبود. معنی‌دار شدن اثر سال نشان‌دهنده تفاوت معنی‌دار بین سال‌های مورد مطالعه است. معنی‌دار شدن اثر لاین برای دو صفت ارتفاع و وزن هزار دانه حاکی از وجود اختلافات ژنتیکی پایدار بین لاین‌ها برای این صفات می‌باشد. همچنین معنی‌دار شدن اثر متقابل لاین × سال برای همه صفات

برای تجزیه داده‌های عملکرد از مدل خطی مختلط استفاده شد که در آن اثر لاین به عنوان متغیر تصادفی و اثر بلوک به عنوان متغیر ثابت در نظر گرفته شدند. این مدل با استفاده از روش REML برازش داده شد که برای برآورد اجزای واریانس در مدل‌های مختلط مناسب‌تر است. انتخاب این ساختار مدل بر اساس طراحی آزمایش و اهداف پژوهش انجام گرفت. در نظر گرفتن لاین به عنوان اثر تصادفی این امکان را فراهم می‌کند که نتایج به جامعه بزرگ‌تری از لاین‌ها تعمیم داده شود و برآوردهای دقیق‌تری از ارزش ژنتیکی لاین‌ها (BLUP) دست آید. از سوی دیگر، در نظر گرفتن بلوک به عنوان اثر ثابت منطقی است چرا که بلوک‌ها سطوح محدود و مشخصی دارند و هدف کنترل تغییرپذیری محیطی در سطح مزرعه است (Resende and Alves, 2020). تجزیه و تحلیل روش‌های مذکور با استفاده از نرم‌افزار (R Core Team, 2021) R 4.5.2 انجام شد.

نتایج و بحث

بیانگر واکنش متفاوت لاین‌ها در سال‌های مختلف است. به عبارت دیگر، از سالی به سال دیگر، لاین‌ها پاسخ‌های یکسانی نشان ندادند. پژوهشگران دیگری در بررسی گیاهانی نظیر گندم دوروم و گندم زمستانه نیز نتایج مشابهی در بررسی اثر متقابل ژنوتیپ در محیط دست یافتند (Roostae *et al.*, 2014; Sharifatabar *et al.*, 2015; Karimizadeh *et al.*, 2021). بر اساس نتایج مقایسه میانگین (جدول ۵) به روش دانکن، لاین‌های ۱۷ و ۹ بیشترین تعداد روز تا سنبله‌دهی را داشتند، در حالی که لاین‌های ۳۵، ۳۴ و ۳۳ کمترین تعداد روز تا سنبله‌دهی را نشان دادند. لاین‌های ۴۹، ۱۶، ۸ و ۳ دارای بیشترین ارتفاع بوته بودند. لاین‌های ۱۷ و ۹ بیشترین روز تا رسیدگی و لاین ۳۵ کمترین روز تا رسیدگی را به خود

اختصاص دادند. لاین‌های ۱۶، ۱۸ و ۲۶ بیشترین وزن هزار دانه را در بین لاین‌های مورد بررسی داشتند. همچنین لاین‌های ۲۱، ۲۴، ۱ و ۹ به‌ترتیب با عملکرد ۳۵۳۴/۵، ۳۳۴۰/۷۵، ۳۲۷۵ و ۳۲۵۸/۷۵ کیلوگرم در هکتار، بیشترین مقدار عملکرد دانه را نشان دادند (جدول ۵). در پژوهشی روی تعداد ۱۸۰ ژنوتیپ گندم، نتایج نشان داد که تنوع ژنتیکی قابل توجهی در بین ژنوتیپ‌ها وجود دارد که این تنوع می‌تواند راه‌های جدیدی برای شناسایی صفات زراعی با ارزش برای انجام برنامه‌های اصلاحی باز کند (Pour-Aboughadareh *et al.*, 2017).

جدول ۴- تجزیه واریانس مرکب طرح آلفا لاتیس برای صفات مورد ارزیابی در لاین‌های گندم نان

Table 4- Combined analysis of variance of traits obtained from an alpha lattice design for bread wheat lines.

Source of Variation منابع تغییر	df درجه آزادی	Mean square میانگین مربعات				
		Days to heading روز تا سنبله‌دهی	Plant height ارتفاع بوته	Days to Maturity روز تا رسیدگی	Thousand kernel weight وزن هزار دانه	Grian yield عملکرد دانه
Year سال	1	255.38**	220.50**	151.40**	15.90**	8721158**
Rep (Year) تکرار (سال)	2	2.90 ^{n.s}	1.16 ^{n.s}	0.36 ^{n.s}	0.48 ^{n.s}	73312 ^{n.s}
Block (Year × Rep) بلوک (سال × تکرار)	8	1.75 ^{n.s}	4.25 ^{n.s}	1.55 ^{n.s}	0.83 ^{n.s}	30592 ^{n.s}
Line لاین	49	15.28 ^{n.s}	115.12**	37.40 ^{n.s}	38.55**	877560 ^{n.s}
Year × Line لاین × سال	49	9.64**	50.06**	28.06**	9.30**	755216**
Error خطا	90	1.38	2.21	2.48	1.59	59681
C.V% ضریب تغییرات %	-	1.24	1.47	1.19	2.83	9.10

^{n.s} و **: به‌ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد

^{n.s}, **: non-significant and significant at the 1% probability level, respectively

تجزیه همبستگی، رادار چارت و تجزیه خوشه‌ای

بر اساس نتایج محاسبه ضریب همبستگی بین صفات (شکل ۱)، عملکرد دانه با وزن هزار دانه (TKW) همبستگی منفی نشان داد که بیانگر وجود یک رابطه جبرانی (Compensatory relationship) یا تضاد (Trade-off) بین اجزای عملکرد است. این الگو که در گندم نان به‌خوبی مستند شده است (Slafer *et al.*, 2014; Würschum *et al.*, 2018)، نشان می‌دهد لاین‌های با وزن دانه بالاتر احتمالاً از تعداد دانه کمتری در واحد سطح برخوردار بوده‌اند و افزایش وزن دانه

نتوانسته کاهش تعداد دانه را جبران کند. این رابطه منفی می‌تواند ناشی از محدودیت ژنتیکی - فیزیولوژیک و ظرفیت منبع - مخزن (Source-Sink limitation) باشد؛ به‌طوری‌که در شرایط محدودیت فتوسنتزی یا منابع محیطی، افزایش تعداد دانه سهم هر دانه از مواد فتوسنتزی را کاهش می‌دهد و بالعکس، اما افزایش وزن دانه معمولاً قادر به جبران کاهش تعداد دانه نیست (Fischer, 2011; Aisawi *et al.*, 2015).

جدول ۵- مقایسه میانگین صفات مورد ارزیابی در لاین‌های گندم نان با استفاده از آزمون دانکن

Table 5 - Comparison of mean traits evaluated in bread wheat lines using Duncan test

Line لاین	DHE روز تا سنبله‌دهی (روز)	PLH ارتفاع بوته (cm)	DMA روز تا رسیدگی (روز)	TKW وزن هزار دانه (gr)	GY عملکرد دانه (kg/ha)	Line لاین	DHE روز تا سنبله‌دهی (روز)	PLH ارتفاع بوته (cm)	DMA روز تا رسیدگی (روز)	TKW وزن هزار دانه (gr)	GY عملکرد دانه (kg/ha)
1	94.5 cde	93.5 op	131.75 def	40.45 qrs	3275 abc	26	90.5 jk	105.0 fg	135.0 ab	49.25 ab	1312.5 s
2	94.0 cde	105.25 efg	130.75 eff	38.025 v	1566.25 rs	27	91.0 ij	97.5 lm	132.5 bcd	47.3 bcd	3070 bcd
3	95.75 bcd	109.25 bc	131.25 def	43.325 klm	3043.7 bcd	28	92.5 hi	97.5 lm	134.0 abc	39.6 stu	2427.5 mno
4	95.0 cde	102.0 hi	129.5 hi	41.15 pqr	2820 fgh	29	93.5 efg	92.5 p	134.0 abc	47.525 abc	2710 hik
5	93.75 efg	106.25 def	130.0 ghi	38.4 v	2855 efg	30	95.0 cde	97.5 lm	134.0 abc	38.55 uv	2217 op
6	95.75 bcd	96.0 mn	131.0 efg	43.2 klm	2737.5 fgh	31	95.0 cde	95.0 no	135.0 ab	44.55 hij	2495 lmn
7	93.25 fgh	101.5 hi	132.5 bcd	44.575 hij	2767.5 fgh	32	94.0 cde	95.0 no	135.0 ab	43.275 klm	2930 def
8	94.25 cde	109.5 bc	129.5 hi	46.05 efg	3066.6 bcd	33	94.5 cde	100.0 ikl	127.5 i	41.55 nop	2040 pq
9	99.5 a	100.5 ijk	136.0 a	42.325 mno	3258.75 abc	34	92.5 hi	100.0 ikl	127.5 i	42.45 lmn	2503.8 lmn
10	93.75 efg	101.5 hi	133.0 bcd	41.125 pqr	2777.5 fgh	35	93.5 efg	100.0 ikl	116.5 j	42.75 klm	2870 efg
11	94.75 cde	94.75 nop	135.0 ab	48.175 abc	2907.8 efg	36	95.5 bcd	97.5 lm	131.0 efg	49.0 abc	3055 bcd
12	95.25 cde	98.75 jkl	132.5 bcd	46.475 def	1920.3 pq	37	94.5 cde	87.5 r	135.0 ab	47.525 abc	2887.5 efg
13	97.0 b	105.5 efg	131.5 def	47.1 cde	2901.3 efg	38	94.5 cde	90.0 q	135.0 ab	43.35 klm	2740 fgh
14	93.75 efg	101.25 hi	129.5 hi	48.075 abc	2712.5 ghi	39	97.0 b	102.5 hi	132.5 bcd	39.4 tuv	2775 fgh
15	88.0 l	108.25 cd	131.75 def	48.5 abc	2790 fgh	40	93.0 gh	102.5 hi	131.5 def	42.45 lmn	1800 qr
16	94.5 cde	111.25 b	135.0 ab	49.575 a	2742.5 fgh	41	92.5 hi	102.5 hi	130.5 fgh	41.25 opq	2867.5 efg
17	94.0 cde	101.5 hi	136.0 a	46.075 efg	2785 fgh	42	92.5 hi	105.0 fg	133.5 bcd	43.0 klm	2707.5 hij
18	89.25 kl	98.5 kl	130.25 gh	49.55 a	1443.8 s	43	94.5 cde	97.5 lm	132.0 def	43.8 jkl	3185 bcd
19	93.75 efg	94.5 nop	131.5 def	45.725 ghi	2672.5 ijk	44	95.5 bcd	107.5 cde	133.5 bcd	46.475 def	3002.5 bcd
20	93.5 efg	103.5 gh	131.75 def	43.65 jkl	2982.5 cde	45	95.0 cde	100.0 ijk	134.0 abc	43.65 jkl	2869.8 efg
21	94.0 cde	100.0 ikl	131.0 efg	43.975 ijk	3534.5 a	46	93.5 efg	102.5 hi	131.0 efg	47.05 cde	2907.5 efg
22	94.75 cde	100.0 ikl	132.0 def	45.7 hij	2626 jkl	47	97.0 b	102.5 hi	133.5 bcd	47.05 cde	2422.5 no
23	95.25 cde	101.0 hij	133.0 bcd	40.375 rst	2697.8 ijk	48	92.5 hi	97.5 lm	133.5 bcd	46.3 efg	2005 pq
24	93.0 gh	94.75 nop	134.0 abc	45.975 fgh	3340.78 ab	49	97.0 b	115.0 a	133.5 bcd	44.7 hij	2535 klm
25	95.75 bcd	105.25 efg	135.0 ab	46.2 efg	2995 cde	50	96.0 bc	102.5 hi	134.5 abc	44.7 hij	2637.5 jkl

عملکرد دانه با صفات فنولوژیک شامل تعداد روز تا سنبله‌دهی (DHE) و رسیدگی فیزیولوژیک (DMA) همبستگی مثبت نشان داد که حاکی از بهره‌گیری بهتر لاین‌های با دوره رشد نسبتاً طولانی‌تر از شرایط محیطی برای تجمع ماده خشک است. با این حال، شدت این روابط متوسط بود و نشان می‌دهد طولانی‌تر شدن دوره رشد به‌تنهایی تضمین‌کننده عملکرد بالا نیست. ژنوتیپ‌های دیررس ممکن است در معرض تنش‌های انتهای فصل قرار گیرند که مزیت دوره رشد طولانی‌تر را خنثی می‌کند. همچنین همبستگی مثبت و نسبتاً قوی بین DHE و DMA بیانگر هماهنگی مراحل رشدی و کنترل مشترک ژنتیکی-محیطی این صفات است.

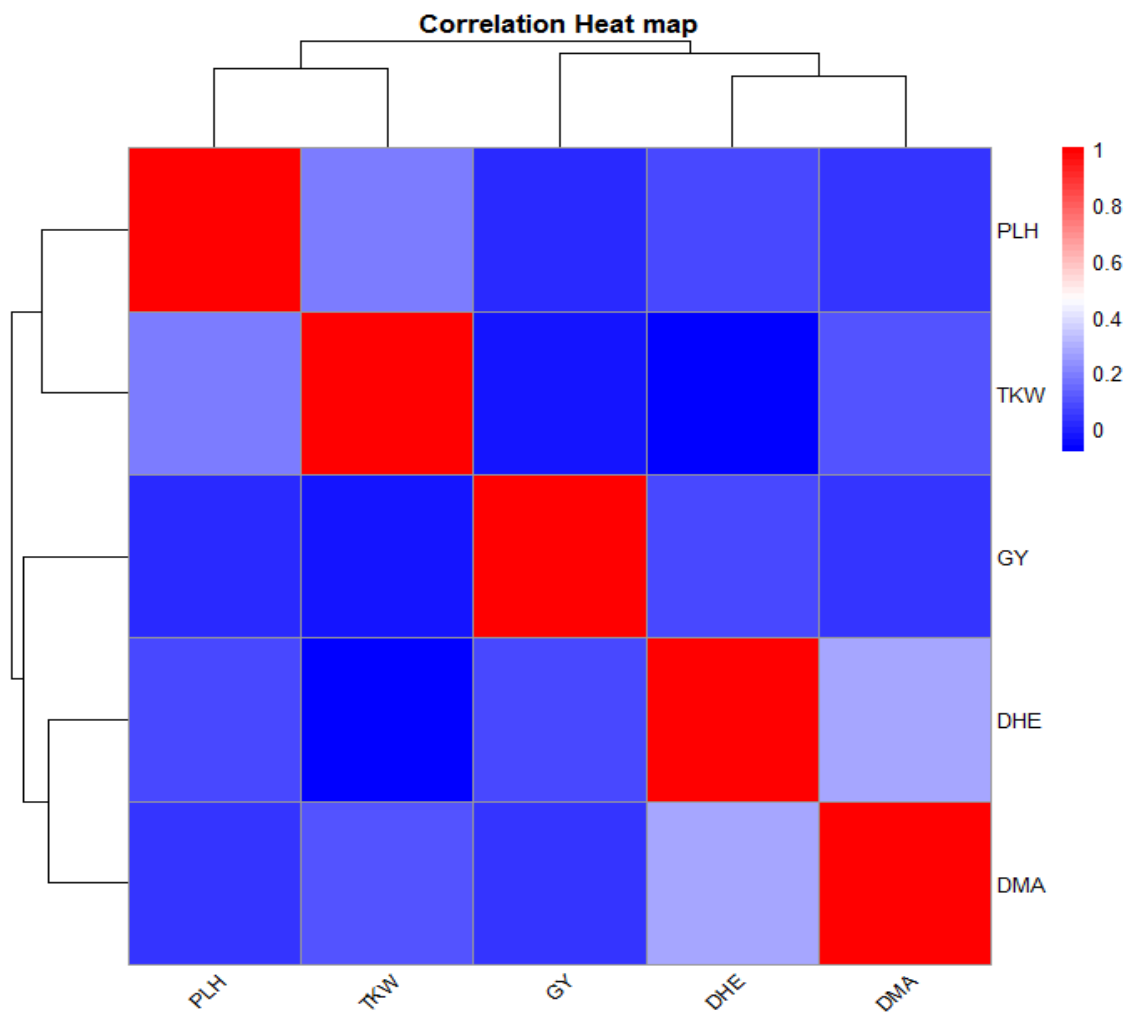
یافته‌های نمودار رادارچارت (شکل ۲) و تجزیه خوشه‌ای (شکل ۳) الگوهای همبستگی را در سطح چندمتغیره تأیید کردند. لاین‌های با عملکرد بالا عموماً وزن هزار دانه متوسط یا پایینی داشتند، در حالی‌که لاین‌های با وزن هزار دانه بالا غالباً عملکرد کمتری نشان دادند و در بسیاری موارد دیررس‌تر بودند. این الگو نشان می‌دهد افزایش همزمان طول دوره رشد و وزن دانه در شرایط این آزمایش با کاهش کارایی تولید همراه بوده و احتمالاً به دلیل مواجهه با محدودیت منابع یا تنش‌های انتهای فصل است؛ موضوعی که اهمیت زودرسی نسبی و اجتناب از تنش‌های پایانی فصل را برجسته می‌کند (Reynolds et al., 2015).

الگوهای مشاهده‌شده در رادارچارت با نتایج ضرایب همبستگی در این مطالعه نیز همخوانی دارد، به‌طوری‌که همبستگی ضعیف یا حتی منفی بین عملکرد دانه و وزن هزار دانه مشاهده شد. این وضعیت نشان می‌دهد که در مجموعه لاین‌های مورد بررسی، وزن هزار دانه نقش تعیین‌کننده‌ای در افزایش عملکرد نداشته و تغییرات عملکرد بیشتر تحت تأثیر سایر اجزای عملکرد، به‌ویژه تعداد دانه، قرار دارد. در یک بررسی نشان داده شد که بین وزن دانه و تعداد دانه در گندم یک رابطه جبرانی (Trade-off) وجود دارد و افزایش وزن دانه غالباً با کاهش تعداد دانه همراه است، به‌گونه‌ای که همبستگی وزن دانه با عملکرد دانه ضعیف یا منفی باقی می‌ماند (Xie and Sparkes, 2021). این یافته‌ها تأیید می‌کند که وزن هزار دانه می‌تواند رفتاری نسبتاً مستقل از عملکرد کلی داشته باشد. نتایج پژوهش تیلت و همکاران (Tillett et al., 2022) نشان داد که بسیاری از ژن‌ها و مکانیسم‌های مؤثر بر وزن دانه مستقل از اجزای اصلی تعیین‌کننده عملکرد عمل می‌کنند و به همین دلیل افزایش وزن هزار دانه لزوماً منجر به افزایش عملکرد دانه نمی‌شود. ویسنتین و همکاران (Vicentin et al., 2024) گزارش کردند که هم‌پوشانی زمانی مراحل تعیین تعداد دانه و وزن دانه موجب ایجاد تضاد بین این دو صفت می‌شود و در نتیجه، عملکرد دانه الزاماً با افزایش وزن هزار دانه افزایش نمی‌یابد این نتایج با یافته‌های تحقیق حاضر مطابقت داشته و توضیح می‌دهد که چرا در بسیاری از

لاین‌ها، وزن هزار دانه رفتار مستقلی از عملکرد دانه نشان داده است.

تجزیه خوشه‌ای به روش Ward و ترسیم نقشه حرارتی بر اساس صفات زراعی (شکل ۳)، لاین‌های مورد بررسی را در چهار گروه مجزا طبقه‌بندی کرد (شکل ۴) که بیانگر راهبردهای متفاوت تخصیص منابع بود؛ به‌طوری‌که لاین‌های با عملکرد بالا و وزن دانه متوسط تا پایین در گروه‌های برتر عملکردی (از جمله لاین‌های ۲۱، ۲۴، ۱ و ۹) قرار گرفتند، در حالی‌که لاین‌های با وزن دانه بالا و عملکرد پایین خوشه‌ای مجزا تشکیل دادند. این تفکیک نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی موجود میان لاین‌ها از نظر صفات مورد مطالعه است. این یافته‌ها با نتایج سایر پژوهش‌ها همخوانی دارد؛ به‌طوری‌که در مطالعه‌ای مشابه، استفاده از همین رویه‌های آماری منجر به تفکیک ژنوتیپ‌های گندم به سه گروه گردید که بیانگر الگوهای متنوعی از صفات کمی بود (El-Esawi et al., 2023). در پژوهشی دیگر نیز، تجزیه خوشه‌ای به همراه نقشه

حرارتی توانست ژنوتیپ‌های گندم را بر اساس مجموعه‌ای از صفات فیزیولوژیک و زراعی به پنج گروه متمایز تقسیم‌بندی کند که واکنش‌های متفاوتی نسبت به شرایط محیطی از خود نشان دادند (Alshaharni et al., 2025). در مجموع، عملکرد دانه در گندم نان حاصل برهم‌کنش پیچیده اجزای عملکرد، صفات فنولوژیک و شرایط محیطی است. وزن هزار دانه به‌تنهایی شاخص قابل‌اطمینانی برای گزینش ژنوتیپ‌های پرمحصول نیست و تعادل بهینه بین اجزای عملکرد، تعدیل رابطه معکوس تعداد و وزن دانه، و زودرسی نسبی عوامل کلیدی دستیابی به عملکرد بالا هستند. کارایی تخصیص ماده خشک به دانه نسبت به رشد رویشی صرف اهمیت بیشتری دارد. این یافته‌ها می‌توانند مبنایی برای انتخاب والدین و طراحی راهبردهای اصلاحی جهت توسعه ارقام با عملکرد پایدار و سازگار با تنش‌های انتهایی فصل باشند (Reynolds et al., 2015).

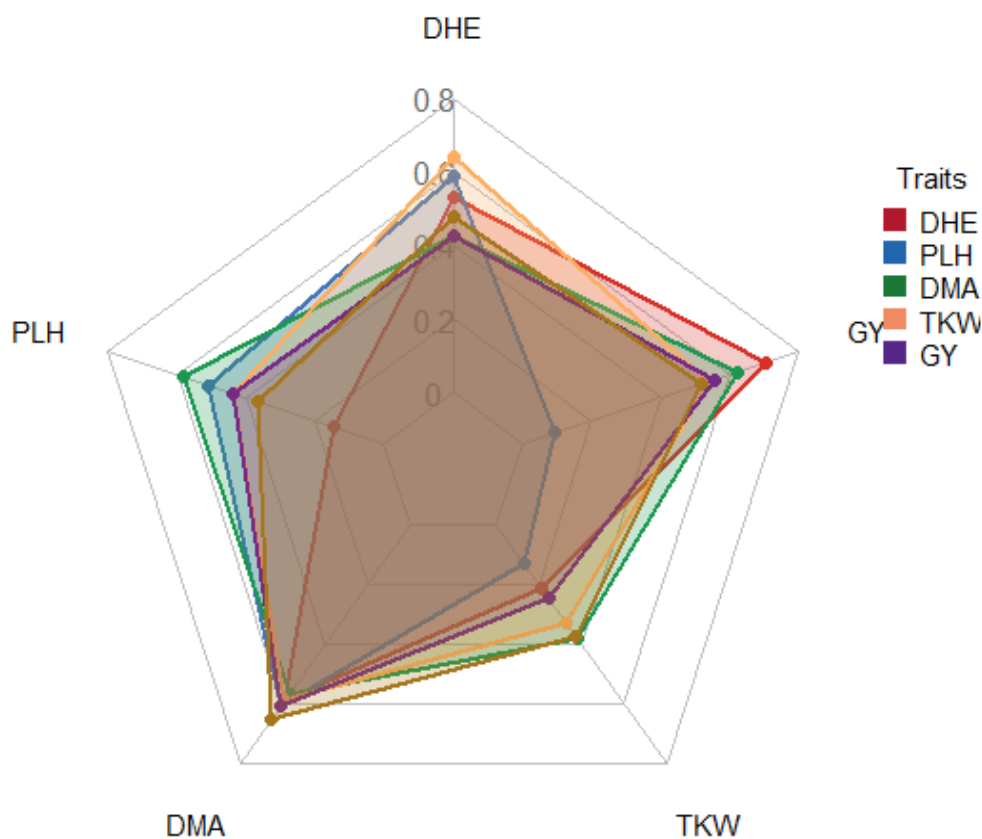


شکل ۱. نمودار حرارتی ضرائب همبستگی بین صفات اندازه‌گیری شده در لاین‌های گندم نان

روز تا سنبله‌دهی، ارتفاع بوته، روز تا رسیدن فیزیولوژیک، وزن هزار دانه و عملکرد دانه

Figure 1. Heatmap of correlation coefficients among the measured traits in bread wheat lines.

DHE: Days to heading, PLH: Plant height, DMA: Days to Maturity, TKW: Thousand kernel weight, GY: Grian yield

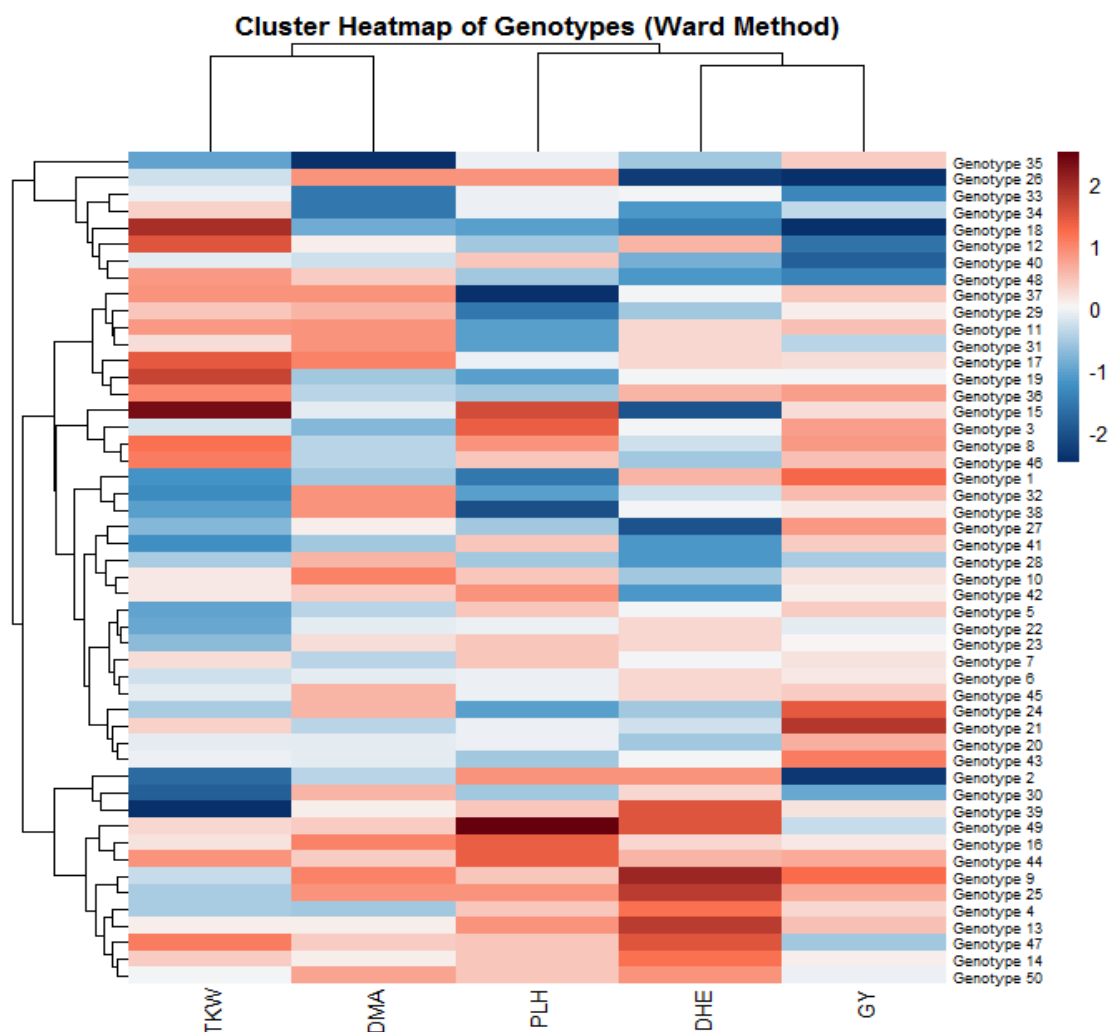


شکل ۲. رادار چارت بین صفات اندازه‌گیری شده در لاین‌های گندم نان

روز تا سنبله‌دهی، ارتفاع بوته، روز تا رسیدن فیزیولوژیک، وزن هزار دانه و عملکرد دانه

Figure 2. Radar Chart among the measured traits in bread wheat lines.

DHE: Days to heading, PLH: Plant height, DMA: Days to Maturity, TKW: Thousand kernel weight, GY: Grain yield



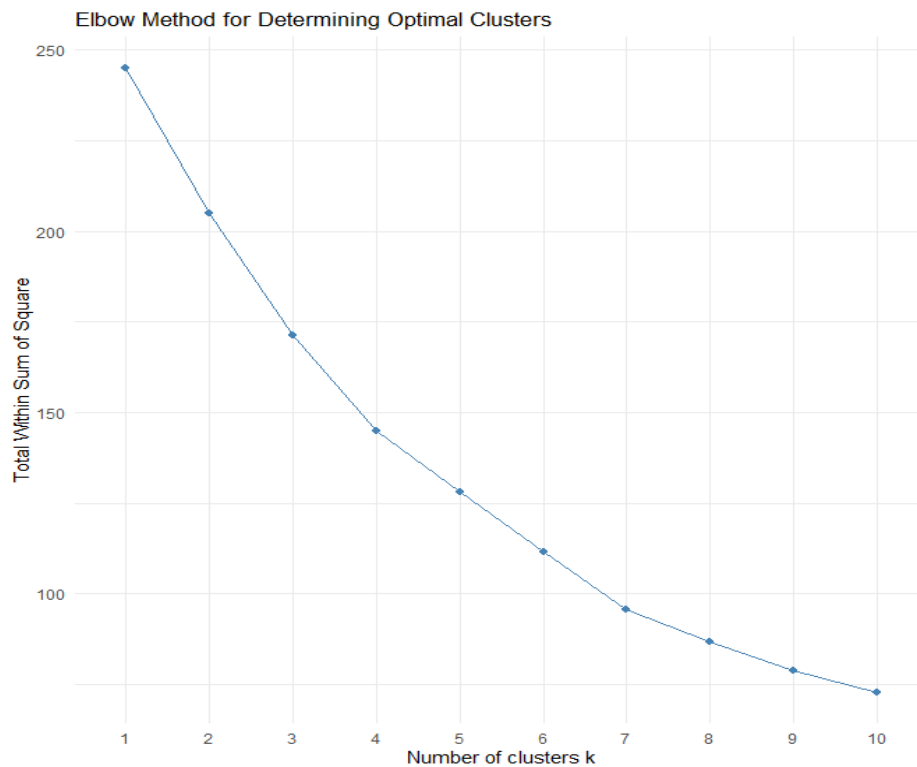
شکل ۳. نقشه حرارتی، همراه با تحلیل خوشه‌ای، روابط متقابل بین ژنوتیپ‌های گندم نان را بر اساس عملکرد

دانه و صفات آگروفنولوژیک و همچنین روابط بین صفات را نشان می‌دهد.

روز تا سنبله‌دهی، ارتفاع بوته، روز تا رسیدن فیزیولوژیک، وزن هزار دانه و عملکرد دانه

Figure 3. Heatmap with cluster analysis showing the interrelationships among bread wheat lines based on grain yield and agrophenological traits, as well as the relationships among the traits.

DHE: Days to heading, **PLH:** Plant height, **DMA:** Days to Maturity, **TKW:** Thousand kernel weight, **GY:** Grain yield



شکل ۴. نمودار تعیین تعداد گروه‌های لاین‌های گندم نان با استفاده از روش Elbow

Figure 4. Chart for determining the number of groups of bread wheat lines using the Elbow method.

بای پلات ژنوتیپ-صفت

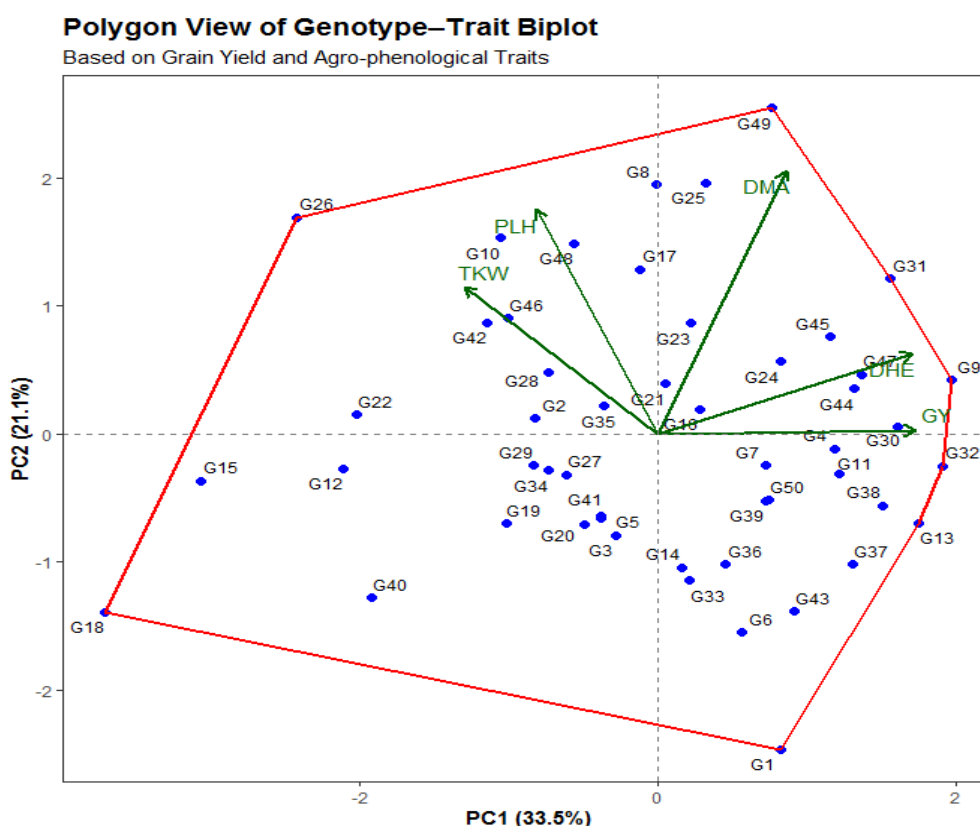
در روش‌های مرسوم اصلاح نباتات، متخصصان برای هر صفت، جدولی دوبعدی از نوع ژنوتیپ در مقابل صفت تهیه کرده و سپس ژنوتیپ‌ها را بر مبنای شاخص‌های انتخاب، رتبه‌بندی می‌کنند. در ادامه، ژنوتیپ‌های برتر با یکدیگر تلاقی داده می‌شوند. اگرچه این رویکرد برای بررسی تعداد محدودی صفت مناسب است، اما در مواجهه با حجم زیادی از صفات، دشوار و کم‌بازده بوده و منجر به انتخاب تعداد زیادی ژنوتیپ به عنوان والد برای انجام تلاقی‌ها می‌شود (Samonte et al., 2013). تجزیه بای پلات روش کارآمدی است که برای تحلیل داده‌های

با توجه به شیوع تنش‌های محیطی به‌ویژه خشکی، شناسایی لاین‌های پرمحصول با دوره رشد کوتاه اهمیت ویژه‌ای دارد و استفاده از آن‌ها می‌تواند پایداری تولید را افزایش دهد. اجتناب از تنش در مراحل حساس رشد مستلزم به‌کارگیری ارقام با زودرسی نسبی است (Fakheri and Mehravaran, 2015). در همین راستا، مطالعات تنوع ژنتیکی در شرایط تنش خشکی نشان داده‌اند که تلاقی ژنوتیپ‌های متعلق به خوشه‌های عملکردی متفاوت می‌تواند راهبرد مؤثری برای دستیابی به ارقام پرمحصول و متحمل به خشکی باشد (Noura et al., 2021).

حاوی تعداد زیادی صفت و انتخاب ارقام و لاین‌های مناسب به کار می‌رود. این روش ابتدا برای ارزیابی داده‌های دوبعدی ژنوتیپ $\times$ محیط ارائه شد که در آن، نمودار بای‌پلات بر اساس دو مؤلفه اصلی اول و دوم (PC1 و PC2) حاصل از مقادیر ویژه ترسیم می‌شود. روش بای‌پلات ژنوتیپ $\times$ صفت، به منظور شناسایی صفاتی ابداع شده که می‌توان از آن‌ها برای انتخاب غیرمستقیم صفت هدف استفاده کرد (Yan and Rajcan, 2002). از میان راه‌های مختلف ترسیم بای‌پلات ژنوتیپ-صفت، نمایش چندضلعی (Polygon view) این امکان را فراهم می‌کند که ژنوتیپ‌های دارای بالاترین مقدار برای یک یا چند صفت، به راحتی تشخیص داده شوند. این روش، بهترین شیوه برای تجسم و درک الگوها و روابط بین ژنوتیپ‌ها و صفات فراهم می‌نماید. در این نمایش، ژنوتیپ‌ها یا در رأس‌های چندضلعی و یا در درون آن قرار می‌گیرند. ژنوتیپ‌های واقع در هر رأس چندضلعی، بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر صفاتی هستند که در بخش محصور بین دو خط رسم‌شده از مبدأ بای‌پلات قرار گرفته‌اند.

بر اساس نمودار چندضلعی بای‌پلات ژنوتیپ-صفت (شکل ۵) لاین‌های شماره ۱، ۱۳، ۳۲، ۹، ۴۹، ۲۶ و ۱۸ در رئوس چندضلعی قرار گرفته و بیشترین فاصله را از مبدأ بای‌پلات قرار دارند، بنابراین بهترین لاین‌ها برای بعضی

صفات محسوب می‌شوند. لاین شماره ۲۶ برای صفت وزن هزار دانه بیشترین مقدار، لاین شماره ۴۹ برای صفت روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی و ارتفاع بوته، لاین شماره ۳۱ برای صفت روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی و روز تا سنبله‌دهی، لاین شماره ۹ برای صفت روز تا سنبله‌دهی و عملکرد برترین لاین‌ها بودند. از روش تجزیه بای‌پلات ژنوتیپ-صفت برای تحلیل ارتباط بین صفات و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر استفاده شده است. در مطالعه‌ای با بررسی ۱۲۴ ژنوتیپ بر پایه ۲۲ صفت مورفو-فیزیولوژیک، مشخص شد که مهم‌ترین ویژگی‌های مؤثر بر عملکرد دانه در شرایط دیم شامل تعداد سنبله در واحد سطح، ارتفاع بوته، هدایت روزنه‌ای، عملکرد زیست‌توده، طول پدانکل خارجی، طول سنبله، تعداد روز تا گلدهی، شاخص برداشت و طول پدانکل می‌باشند (Ahmadirad et al., 2022). در تحقیق دیگری نیز ۸۶ ژنوتیپ گندم دوروم (شامل ۸۲ لاین اصلاحی و ۴ ژنوتیپ شاهد) طی سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶ مورد ارزیابی قرار گرفتند. بر اساس نتایج بای‌پلات، ژنوتیپ‌های شماره ۷۵، ۱۷، ۷۲ و ۱۳ به عنوان ژنوتیپ‌های ایده‌آل در شرایط دیم شناخته شده و برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی پیشنهاد شدند (Najafi et al., 2022).



شکل ۵. نمودار چندضلعی بای پلات ژنوتیپ-صفت برای ۵۰ لاین گندم نام بر اساس صفات عملکرد دانه و صفات آگرو-فنولوژیک در شرایط دیم

روز تا سنبله‌دهی، ارتفاع بوته، روز تا رسیدن فیزیولوژیک، وزن هزار دانه و عملکرد دانه

Figure 5. Polygon view of the genotype-trait biplot for 50 bread wheat lines based on grain yield and agro-phenological traits under rainfed conditions

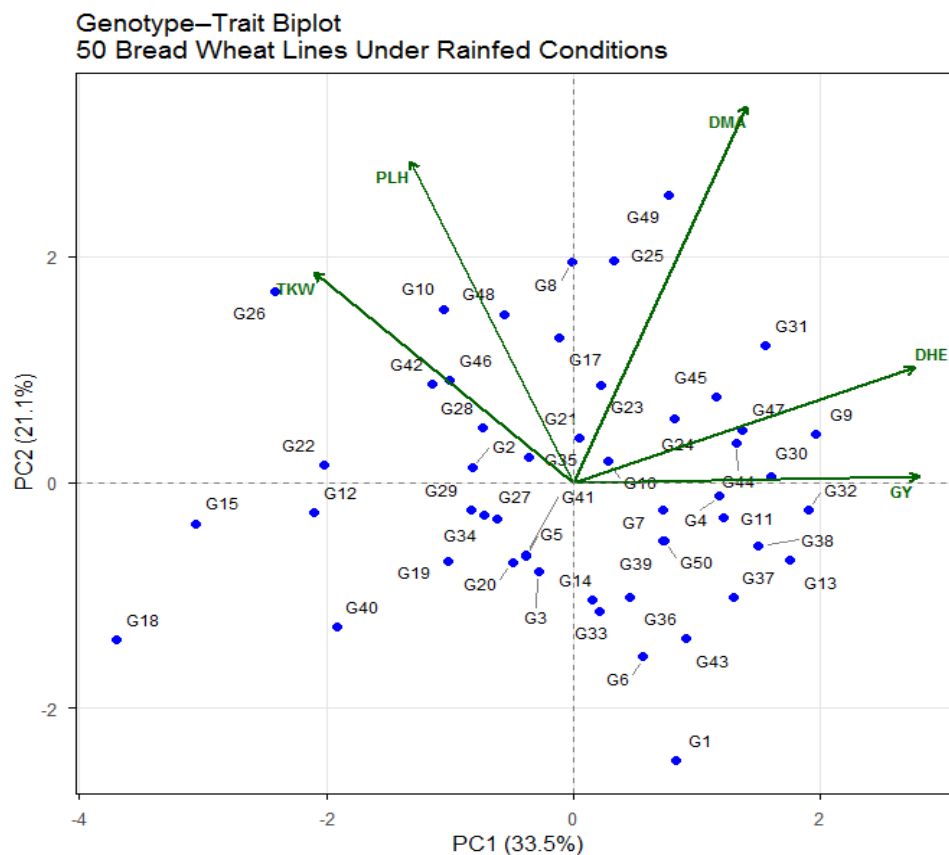
DHE: Days to heading, PLH: Plant height, DMA: Days to Maturity, TKW: Thousand kernel weight, GY: Grain yield

کسینوس این زاویه به عنوان برآوردی از ضریب همبستگی عمل می‌کند. زاویه کمتر از ۹۰ درجه نشان‌دهنده همبستگی مثبت، زاویه ۹۰ درجه بیانگر عدم ارتباط و زاویه بیشتر از ۹۰ درجه حاکی از همبستگی منفی است. بر این اساس، قوی‌ترین همبستگی منفی بین عملکرد دانه و وزن هزار دانه مشاهده شد. در مقابل، زاویه کوچک بین بردارهای عملکرد دانه و روز تا سنبله‌دهی،

در تجزیه بای پلات ژنوتیپ-صفت، طول بردار هر صفت نشان‌دهنده قدرت تبعیض‌دهی آن صفت بین لاین‌هاست؛ به طوری که بردارهای بلندتر بیانگر توانایی بیشتر در تفکیک لاین‌ها هستند. بر اساس این تحلیل، صفات عملکرد دانه و روز تا سنبله‌دهی بیشترین سهم را در توجیه تنوع لاین‌ها داشتند (شکل ۶). زاویه بین بردارهای صفات نیز بیانگر نوع و شدت همبستگی میان آن‌ها است.

ژنوتیپ‌هایی با مقادیر بالاتر برای صفت روز تا سنبله‌دهی مورد توجه قرار گیرند. در پژوهشی با استفاده از روش تجزیه بای‌پلات، ۱۸ لاین پیشرفته گندم همراه با دو رقم شاهد مورد ارزیابی قرار گرفتند که در نهایت منجر به شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب از نظر عملکرد گردید (Bishwas et al., 2021).

یک همبستگی مثبت را بین این دو صفت نشان داد که با نتایج همبستگی پیرسون و نمودار رادار چارت نیز مطابقت داشت. از آنجایی که بین روز تا سنبله‌دهی و عملکرد دانه رابطه مثبت معناداری وجود دارد، انتخاب برای افزایش روز تا سنبله‌دهی می‌تواند به طور غیرمستقیم منجر به بهبود عملکرد دانه شود. بنابراین، در برنامه‌های به‌نژادی برای دستیابی به لاین‌های پرمحصول، می‌بایست



شکل ۶. نمودار بای پلات ژنوتیپ-صفت برای بررسی روابط بین صفات مورد بررسی برای ۵۰ لاین گندم نان در شرایط دیم

روز تا سنبله‌دهی، ارتفاع بوته، روز تا رسیدن فیزیولوژیک، وزن هزار دانه و عملکرد دانه

Figure 6. Genotype-trait biplot illustrating the relationships among the measured traits in 50 bread wheat lines under rainfed conditions

DHE: Days to heading, PLH: Plant height, DMA: Days to Maturity, TKW: Thousand kernel weight, GY: Grain yield

نتایج شاخص‌های انتخاب ژنتیکی مبتنی بر روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP) در جدول ۶، نشان‌دهنده مطلوبیت پایه ژنتیکی جمعیت برای اجرای برنامه‌های انتخاب است. تنوع ژنتیکی بالا، مشهود در دامنه وسیع تغییرات (۱۴۸۷/۸ واحد) و ضریب تغییرات ژنتیکی قابل توجه (۱۴/۳٪)، یک ذخیره ژنتیکی غنی برای بهبود عملکرد را آشکار می‌سازد. انحراف معیار زیاد (۳۸۳/۳)، علاوه بر دقت بالای برآوردها، پتانسیل دستیابی به پیشرفت ژنتیکی معنادار را تأیید می‌کند. در روش BLUP، به داده‌های با قابلیت اطمینان بیشتر وزن بالاتری در پیش‌بینی تعلق می‌گیرد؛ در نتیجه، سهم غالب واریانس ژنتیکی، به طور مستقیم منجر به افزایش دقت انتخاب و کاهش خطای پیش‌بینی ارزش ژنتیکی واقعی لاین‌ها می‌شود.

جدول ۶- شاخص‌های انتخاب ژنتیکی با استفاده از تجزیه بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP)

Table 6- Genetic selection indices using best linear unbiased prediction (BLUP) analysis

Index	Value	Interpretation
شاخص	مقدار	تفسیر
BLUP variation range	1487.8	High genetic diversity
دامنه تغییرات BLUP		تنوع ژنتیکی بالا
BLUP average	0.0	zero (logical)
میانگین BLUP		منطقی
BLUP standard deviation	383.3	High dispersion
انحراف معیار BLUP		پراکندگی بالا
Genetic variation coefficient	14.3 %	High
ضریب تغییرات ژنتیکی		بالا

مطالعات اخیر، استفاده از مدل‌های مختلط با روش REML/BLUP را به عنوان ابزار استاندارد برای برآورد ارزش‌های ژنتیکی و شاخص‌های انتخاب تأیید کرده‌اند. علت این امر، توانایی این روش‌ها در جداسازی مؤثر اثرات محیطی و ناهمگونی طرح‌های آزمایشی و در نتیجه، افزایش دقت انتخاب است. به عنوان مثال، در مطالعه‌ای روی ژنوتیپ‌های نسل F4 نخود، دقت پیش‌بینی ارزش ژنتیکی با مدل REML/BLUP گزارش شد (Ipekesen & Bicer, 2025). اساساً، قدرت روش BLUP در توانایی آن برای تشخیص ژنوتیپ‌های دارای ارزش ژنتیکی واقعی، فارغ از اغتشاشات محیطی، نهفته است. در مطالعه حاضر نیز، دقت بالای برآوردها عمدتاً ناشی از سهم بالای

است که این روش‌ها به طور مؤثری قادر به تشخیص و رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس پتانسیل ژنتیکی ذاتی آن‌ها هستند (Miere *et al.*, 2021). همسو با این نتیجه، در پژوهش حاضر نیز کاربرد روش REML/BLUP منجر به شناسایی لاین‌های برتر با بالاترین مقادیر BLUP و عملکرد ممتاز گردید. قدرت کلیدی این روش، حذف اثرات محیطی است که امکان انتخاب دقیق‌تر را فراهم می‌سازد و نهایتاً کارایی برنامه‌های گزینش را افزایش می‌دهد (Miere *et al.*, 2021). این مزیت به وضوح در نتایج این مطالعه (جدول ۷) مشهود است، جایی که تخصیص ژنوتیپ‌ها به گروه‌های عملکردی متمایز، انعکاسی از تفاوت‌های واقعی و معنادار ژنتیکی میان آن‌ها بوده و نه تغییرپذیری ناشی از محیط. اگرچه این مطالعه با به‌کارگیری روش‌های متنوع آماری، بینش ارزشمندی از پایداری ژنوتیپ‌های مورد بررسی ارائه می‌دهد، لازم به یادآوری است که آزمایش تنها در یک ایستگاه تحقیقاتی (بایع کلا) و در دو سال زراعی متوالی انجام شد. در مطالعات پایداری، «محیط» به‌طور ایده‌آل باید ترکیبی از مکان‌ها و سال‌های مختلف باشد تا بتوان قضاوت مطمئن‌تری درباره سازگاری عمومی (General Adaptation) ژنوتیپ‌ها داشت. بنابراین، نتایج حاضر عمدتاً سازگاری خصوصی (Specific Adaptation) این لاین‌ها را برای شرایط اقلیمی-خاکی مشابه ایستگاه بایع کلا نشان می‌دهد. برای تعمیم نتایج به مناطق دیم وسیع‌تر و شناسایی ژنوتیپ‌های با پایداری وسیع، توصیه می‌شود این لاین‌های برتر در آزمایش‌های چندمکانی در

واریانس ژنتیکی و کنترل مناسب اثرات محیطی و مدل‌سازی صحیح است. بنابراین، یافته‌های کلیدی این تحقیق از قبیل دامنه گسترده BLUP، همسو با نتایج مطالعات معتبری مانند تحقیق فوق بوده و پایه ژنتیکی ایده‌آل جامعه مورد مطالعه را برای برنامه‌های گزینش تأیید می‌کند. ارزش‌های ژنتیکی برآورد شده (BLUP) برای تمامی ۵۰ ژنوتیپ را نشان می‌دهد که BLUP‌ها بر اساس مدل مختلط برآورد شده‌اند و بیانگر ارزش ژنتیکی ذاتی هر ژنوتیپ پس از حذف اثرات محیطی هستند. ژنوتیپ‌ها بر اساس BLUP از بالا به پایین مرتب شده‌اند (جدول ۷). توزیع BLUP‌ها نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی گسترده در جامعه مورد مطالعه است. دامنه تغییرات از ۹۱۸/۳۹- تا ۵۶۹/۳۹ بیانگر وجود ذخیره ژنتیکی قابل توجه برای انتخاب است. لاین‌های برتر (به ویژه لاین‌های ۲۱، ۲۴، ۱، ۹ و ۴۳) کاندیداهای مناسبی برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی و معرفی ارقام جدید هستند. از سوی دیگر، ژنوتیپ‌های با BLUP منفی شدید (مانند ۲، ۱۸ و ۲۶) دارای ترکیب ژنتیکی نامطلوب برای صفت عملکرد بوده و می‌توان از آن‌ها به عنوان شاهد منفی یا برای مطالعات ژنتیکی استفاده کرد. توزیع تقریباً نرمال BLUP‌ها (با کمی چولگی به سمت مقادیر منفی) نشان‌دهنده تنوع طبیعی در جامعه ژنتیکی مورد مطالعه است. روش‌های REML/BLUP به عنوان ابزاری استاندارد و قابل اعتماد در برنامه‌های اصلاح نباتی برای برآورد اجزای واریانس و پیش‌بینی ارزش‌های ژنتیکی به کار می‌روند. در بررسی ژنوتیپ‌های گندم، گزارش شده

چندین سال آینده نیز مورد ارزیابی مجدد قرار گیرند. روش‌های REML/BLUP به عنوان ابزاری استاندارد و قابل اعتماد در برنامه‌های اصلاح نباتی برای برآورد اجزای واریانس و پیش‌بینی ارزش‌های ژنتیکی به کار می‌روند.

نتیجه‌گیری

وجود تنوع ژنتیکی قابل توجه در جمعیت مورد مطالعه برای تمام صفات (عملکرد دانه، وزن هزار دانه، روز تا سنبله‌دهی، روز تا رسیدگی و ارتفاع بوته) در این مطالعه، بستری مناسب برای به‌نژادی گندم دیم ایجاد می‌کند. روش‌های آماری به کار رفته (همبستگی، رادارچارت، خوشه‌بندی و بای‌پلات ژنوتیپ-صفت) در این نکته همسو هستند که عملکرد دانه بر پایه تعامل متوازن اجزای عملکرد و صفات فنولوژیک شکل می‌گیرد. از این رو، بهبود عملکرد با تأکید بر یک صفت (مثلاً وزن هزار دانه یا طول دوره رشد) میسر نیست. با توجه به روابط جبرانی میان اجزای عملکرد، گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب باید به صورت چندصفتی و با رویکرد سازگاری به شرایط دیم، به ویژه تنش‌های پایانی فصل، انجام شود.

همچنین، به‌کارگیری مدل‌های خطی مختلط و روش REML/BLUP، سهم تعیین‌کننده عوامل ژنتیکی در تغییرپذیری عملکرد را به‌وضوح نشان داد و امکان شناسایی ژنوتیپ‌هایی با ارزش ژنتیکی واقعی و پایدار را فراهم کرد. سهم بالای واریانس ژنتیکی، نسبت مناسب سیگنال به نویز و گستردگی دامنه مقادیر BLUP حاکی از آن است که انتخاب بر مبنای ارزش‌های ژنتیکی، از دقت و کارایی بیشتری نسبت به انتخاب صرفاً بر پایه داده‌های فنوتیپی برخوردار است. بر این اساس، لاین‌های دارای BLUP بالا می‌توانند به عنوان والدین برتر در برنامه‌های تلاقی و یا به عنوان کاندیداهای معرفی ارقام جدید در شرایط دیم مورد استفاده قرار گیرند. در مجموع، نتایج این پژوهش نشان می‌دهد که تلفیق روش‌های گرافیکی با مدل‌های آماری پیشرفته، چارچوب علمی و عملی مناسبی برای اتخاذ تصمیم‌های اصلاحی و افزایش پایداری تولید گندم دیم ایجاد می‌کند.

جدول ۷- ارزش‌های ژنتیکی با استفاده از تجزیه بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP)

Table 7- Genetic values using best linear unbiased prediction (BLUP) analysis

BLUP						BLUP					
Rank	Line	Genotype value	Average deviation	Yield group		Rank	Line	Genotype value	Average deviation	Yield group	
		بهترین						بهترین			
		پیش‌بینی						پیش‌بینی			
		نااریب						نااریب			
		خطی						خطی			
		مقادیر	انحراف از	گروه				مقادیر	انحراف از	گروه	
		ژنوتیپی	میانگین	عملکردی				ژنوتیپی	میانگین	عملکردی	
رتبه	لاین					رتبه	لاین				
1	21	569.39	3253.43	569.39+	Elit	26	39	60.91+	2744.95	60.91	Average
2	24	439.68	3123.72	439.68+	Elit	27	7	55.88+	2739.92	55.88	Average

3	1	395.71	3079.75	395.71+	Elit	28	6	42.49+	2726.53	42.49	Average
4	9	384.83	3068.87	384.83+	Elit	29	16	39.14+	2723.18	39.14	Average
5	43	335.44	3019.48	335.44+	Elit	30	38	37.47+	2721.51	37.47	Average
6	27	258.44	2942.48	258.44+	Good	31	14	19.06+	2703.1	19.06	Average
7	8	255.93	2939.97	+255.93	Good	32	29	17.38+	2701.42	17.38	Average
8	36	248.4	2932.44	248.4+	Good	33	42	15.71+	2699.75	15.71	Average
9	3	240.86	2924.9	240.86+	Good	34	23	9.18+	2693.22	9.18	Average
10	44	213.24	2897.28	213.24+	Good	35	19	-7.73	2676.31	-7.73	Poor
11	25	208.22	2892.26	208.22+	Good	36	50	-31.17	2652.87	-31.17	Poor
12	20	199.85	2883.89	199.85+	Good	37	22	-38.95	2645.09	-38.95	Poor
13	32	164.69	2848.73	164.69+	Good	38	49	-99.8	2584.24	-99.8	Poor
14	11	149.78	2833.82	149.78+	Good	39	31	-126.5	2557.46	-126.58	Poor
15	46	149.63	2833.67	149.63+	Good	40	34	-120.7	2563.32	-120.72	Poor
16	13	145.44	2829.48	145.44+	Average	41	28	-171.7	2512.26	-171.78	Poor
17	37	136.24	2820.28	136.24+	Average	42	47	-175.1	2508.91	-175.13	Poor
18	35	124.52	2808.56	124.52+	Average	43	30	-312.7	2371.31	-312.73	Very Poor
19	45	124.35	2808.39	124.35+	Average	44	33	-431.2	2259.79	-431.25	Very Poor
20	41	122.84	2806.88	122.84+	Average	45	48	-454.7	2229.35	-454.69	Very Poor
21	5	114.47	2798.51	+114.47	Average	46	12	-511.4	2172.58	-511.46	Very Poor
22	4	91.04	2775.08	91.04+	Average	47	40	-591.9	2092.08	-591.96	Very Poor
23	15	70.95	2754.99	70.95+	Average	48	2	-748.4	1935.56	-748.48	Very Poor
24	17	67.6	2751.64	67.6+	Average	49	18	-830.5	1853.53	-830.51	Very Poor
25	10	62.58	2764.62	62.58+	Average	50	26	-918.3	1765.65	-918.39	Very Poor

References

- Ahmadirad, A., Mohammadi, R., Etminan, A., Shooshtari, L., & Mehrabi, A. M. 2022. Evaluation of morpho-physiological diversity of durum wheat genotypes under rainfed condition. *Cereal Research*, 12(1), 21-44. doi: 10.22124/cr.2023.22480.1730.
- Aisawi, K. A. B., Reynolds, M. P., Singh, R. P., & Foulkes, M. J. 2015. The physiological basis of the genetic progress in yield potential of CIMMYT spring wheat cultivars from 1966 to 2009. *Crop Science*, 55, 1749-1764. doi: 10.2135/cropsci2014.09.0601.
- Alipour, H., Bihamta, M. R., Mohammadi, V., Peyghambari, S. A., Bai, G., & Zhang, G. 2017. Genotyping-by-sequencing (GBS) revealed molecular genetic diversity of Iranian wheat landraces and cultivars. *Frontiers in Plant Science*, 8(1293), 1-14. doi: 10.3389/fpls.2017.01293.
- Alshaharni, M. O., Safhi, F. A., Al Aboud, N. M., Kucher, D. E., Fayad, E., Alqurashi, M., Al Qthanin, R. N., Almami, I. S. M., Ghamry, H. I., Abd El Moneim, D., Kamara, M. M., & Ali, A. M. 2025. Genetic variability and trait associations for physiological and agronomic characteristics in bread wheat genotypes under drought stress and well watered conditions. *PeerJ*, 13, e19341. doi: 10.7717/peerj.19341.
- Bakhshi, B., Amiri Oghan, H., Rameeh, V., Zeinalzadeh Tabrizi, H., Askari, A., Faraji, A., Ghodrati, G., Fanaei, H. R., Danaei, A. K., Khatoon Kazerani, N., Payghamzadeh, K., Kiani, D., Sadeghi, H., Shariati, F., Dalili, A., & Aghajani Nasab Afrouzi, M. A. 2023. Trait profiling and genotype selection in oilseed rape using genotype by trait and genotype by yield×trait approaches. *Food Science & Nutrition*, 11(6), 3083-3095. doi: 10.1002/fsn3.3290.
- Bishwas, K. C., Poudel, M. R., & Regmi, D. 2021. AMMI and GGE biplot analysis of yield of different elite wheat line under terminal heat stress and irrigated environments. *Heliyon*, 7(6), e07206. doi: 10.1016/j.heliyon.2021.e07206.
- Comadran, J., Thomas, W. T. B., Van Eeuwijk, F. A., Ceccarelli, S., Grando, S., Stanca, A. M., & Russell, J. 2009. Patterns of genetic diversity and linkage disequilibrium in a highly structured *Hordeum vulgare* association-mapping population for the Mediterranean basin. *Theoretical and Applied Genetics*, 119(1), 175-187. doi: 10.1007/s00122-009-1027-0.
- de Carvalho, M. A. P., Bebeli, P. J., Bettencourt, E., Costa, G., Dias, S., Dos Santos, T. M., & Slaski, J. J. 2013. Cereal landrace genetic resources in worldwide genebanks. *Agronomy for Sustainable Development*, 33(1), 177-203. doi: 10.1007/s13593-012-0090-0.
- El-Esawi, M. A., Elashtokhy, M. M. A., Shamseldin, S. A. M., El-Ballat, E. M., Zayed, E. M., & Heikal, Y. M. 2023. Analysis of Genetic Diversity and Phylogenetic Relationships of Wheat (*Triticum aestivum* L.) Genotypes Using Phenological, Molecular and DNA Barcoding Markers. *Genes*, 14, 34. doi: 10.3390/genes14010034.
- Faheem, M., Laghari, K. A., Khalil-Ur Rehman, M., Arain, S., & Sial, M. A. 2021. Selection of wheat ideotype based on multiple traits using genotype by yield-trait approach. *International Journal of Agriculture & Biology*, 25(6), 1367-1374. doi: 10.17957/IJAB/15.1799.
- Fakheri, B., & Mehravaran, L. 2015. QTL mapping of phenological traits in barley under normal and drought stress conditions. *Iranian Journal of Crop Research*, 13(2), 257-268. [In Persian]
- FAO. 2025. Food and agricultural data. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy. Retrieved from <http://www.fao.org/faostat/en/#home>.

- Fischer, R. A. 2011. Wheat physiology: a review of recent developments. *Crop & Pasture Science*, 62(2), 95–114. doi: 10.1071/CP10344.
- Gholizadeh, A., & Ghaffari, M. 2023. Genotype by yield×trait (GYT) biplot analysis: A novel approach for phenotyping sunflower single cross hybrids based on multiple traits. *Food Science & Nutrition*, 11(10), 5928-5937. doi: 10.1002/fsn3.3524.
- Guo, X., Svane, S. F., Füchtbauer, W. S., Andersen, J. R., Jensen, J., & Thorup-Kristensen, K. 2020. Genomic prediction of yield and root development in wheat under changing water availability. *Plant Methods*, 16(1), 90. doi: 10.1186/s13007-020-00634-0.
- Hassani, M., Mahmoudi, S. B., Saremirad, A., & Taleghani, D. 2024. Genotype by environment and genotype by yield×trait interactions in sugar beet: Analyzing yield stability and determining key traits association. *Scientific Reports*, 13(1), 23111. doi: 10.1038/s41598-023-51061-9.
- Ipekesen, S., & Bicer, B. T. 2025. The prediction of genetic values of chickpea genotypes in F₄ generation by REML/BLUP and FAI-BLUP from mixed analysis models and feature importance ranking by boruta-random forest model. *Crop & Pasture Science*, 76, CP25128. doi:10.1071/CP25128.
- Kabbaj, H., Sall, A. T., Al-Abdallat, A., Geleta, M., Amri, A., Filali-Maltouf, A., Belkadi, B., Ortiz, R., & Bassi, F. M. 2017. Genetic Diversity within a Global Panel of Durum Wheat (*Triticum durum*) Landraces and Modern Germplasm Reveals the History of Alleles Exchange. *Frontiers in Plant Science*, 8, 1277. doi: 10.3389/fpls.2017.01277.
- Karahan, T., & Akgün, I. 2020. Selection of barley (*Hordeum vulgare*) genotypes by GYT (genotype×yield×trait) biplot technique and its comparison with GT (genotype×trait). *Applied Ecology & Environmental Research*, 18(1), 1347-1359. doi: 10.15666/aeer/1801_13471359.
- Karimizadeh, R., Hosseinpour, T., Alt Jafarby, J., Shahbazi Homonlo, K., & Armion, M. 2021. Evaluation of genotype × environment interaction and determining grain yield stability of durum wheat genotypes in uniform regional yield trials in semi-warm rainfed areas. *Plant Genetic Researches*, 7(2), 25-40. doi: 10.52547/pgr.7.2.3.
- Kendal, E. 2019. Comparing durum wheat cultivars by genotype×yield×trait and genotype×trait biplot method. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 79(4), 512-522. doi: 10.4067/S0718-58392019000400512.
- Kodinariya, T. M., & Makwana, P. R. 2013. Review on determining number of Cluster in K-Means Clustering. *International Journal of Advance Research in Computer Science and Management Studies*, 1(6), 90-95.
- Mengistu, D. K., Kiros, A. Y., & Pe, M. E. 2015. Phenotypic diversity in Ethiopian durum wheat landraces. *The Crop Journal*, 3(3), 190–199. doi: 10.1016/j.cj.2015.03.003.
- Merga, W. 2022. Plant Breeding Challenges Posed by Genotype-Environment Interaction and Methods of Measurement. *American Journal of Biological and Environmental Statistics*, 8(2), 43-49. doi: 10.11648/j.ajbes.20220803.11.
- Merrick, L. F., Glover, K. D., Yabwalo, D., & Byamukama, E. 2020. Use of genotype by yield×trait (GYT) analysis to select hard red spring wheat with elevated performance for agronomic and disease resistance traits. *Crop Breeding, Genetics & Genomics*, 2(2), e200009. doi: 10.20900/cbgg20200009.
- Miere, C., Marchioro, V. S., & Meira, D. 2021. Genetic parameters and multiple-trait selection in wheat genotypes. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 51, e67996. doi: 10.1590/1983-40632021v5167996.

- Mohammadi, R., & Geravandi, M. 2024. Multi-trait selection for agronomic performance and drought tolerance among durum wheat genotypes evaluated under rainfed and irrigated environments. *Experimental Agriculture*, 60, e3. doi: 10.1017/S0014479723000273.
- Najafi Mirak, T., Dastafi, M., Sayyahfar, M., Farzadi, H., Sasani, S., Zali, H., & Naghiphour, F. 2024. Investigating the Grain Yield Stability of Promising Durum Wheat Lines using the combination of AMMI and BLUP Methods. *Journal of Agricultural Science and Sustainable Production*, 34(2), 281-298.
- Najafi, S., Mohammadi, R., Shooshtari, L., Etminan, A., & Mehrabi, A. M. 2022. Evaluation of Morpho-Physiological Diversity of Durum Wheat Genotypes using Genotype x Trait Biplot Method. *Journal of Crop Breeding*, 14(44), 211-226. doi:10.52547/jcb.14.44.211.
- Noura, M., Laid, B., Hammene, B., Ammar, B., & Faïçal, B. 2021. Agronomic and MorphoPhysiological Characterization of Some Advanced Lines being Selected in Durum Wheat Cultivated in Semi-Arid Conditions. *Food Science and Engineering*, 2(2), 65-78.
- Olivoto, T., Lúcio, A. D. C., da Silva, J. A. G., Marchioro, V. S., de Souza, V. Q., & Jost, E. 2019b. Mean performance and stability in multi-environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*, 111(6), 2949-2960. doi: 10.2134/agronj2019.03.0220.
- Olivoto, T., Lúcio, A. D. C., da Silva, J. A. G., Sari, B. G., & Diel, M. I. 2019a. Mean performance and stability in multi-environment trials II: selection based on multiple traits. *Agronomy Journal*, 111(6), 2961-2969. doi: 10.2134/agronj2019.03.0221.
- Pour-Aboughadareh, A., Ahmadi, J., Mehrabi, A. A., Etminan, A., & Moghaddam, M. 2017. Insight into the genetic variability analysis and relationships among some Aegilops and Triticum species as genome progenitors of bread wheat using SCoT markers. *Plant Biosystems*, 152(4), 694-703. doi: 10.1080/11263504.2017.1362057.
- R Core Team. 2021. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Retrieved from <https://www.R-project.org/>.
- Rahmati, M., Hosseinpour, T., & 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 Dryland Agronomy Journal*, 9(1), 1-20. doi: 10.22092/idaaj.2020.122220.284. [In Persian]
- Resende, M. D. V. de, & Alves, R. S. 2020. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. *Functional Plant Breeding Journal*, 2(2), 1-31. doi: 10.35418/2526-4117/v2n2a1.
- Resende, M. D. V. de. 2016. Software Selegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16(4), 330-339. doi: 10.1590/1984-70332016v16n4a49.
- Reynolds, M. P., & Braun, H. J. (Eds.). 2022. Wheat Improvement: Food Security in a Changing Climate. Springer. doi: 10.1007/978-3-030-90673-3.
- Reynolds, M., Tattaris, M., Cossani, C. M., Ellis, M., Yamaguchi-Shinozaki, K., & Pierre, C. S. 2015. Exploring Genetic Resources to Increase Adaptation of Wheat to Climate Change. In Y. Ogihara, S. Takumi, & H. Handa (Eds.), *Advances in Wheat Genetics: From Genome to Field* (pp. 355-368). Springer. doi: 10.1007/978-4-431-55675-6_41.
- Romena, M., Najaphy, A., Saeidi, M., & Khoramivafa, M. 2022. Identification of superior wheat genotypes using multiple-trait selection methods based on agronomic characters and grain protein content under rain-fed conditions. *Genetika*, 54(1), 15-26. doi:10.2298/GENSR2201015R.

- Roostaei, M., Mohammadi, R., & Amri, A. 2014. Rank correlation among different statistical models in ranking of winter wheat genotypes. *The Crop Journal*, 2(3), 154–163. doi: 10.1016/j.cj.2014.02.002.
- Samonte, S. O. P. B., Tabien, R. E., & Wilson, L. T. 2013. Parental selection in rice cultivar improvement. *Rice Science*, 20(1), 45-51. doi: 10.1016/S1672-6308(13)60104-9.
- Shariftabar, M. M., Esmaeilzadeh Moghaddam, M., Khodarahmi, M., & Bozorghipoor, R. 2015. A study of grain yield stability and relations among some agronomic traits in durum wheat genotypes. *Journal of Crop Production and Processing*, 4(14), 111-120. doi: 10.18869/acadpub.jcpp.4.14.111. [In Persian]
- Silva, L. A., Resende, R. T., Ferreira, R. A. D. C., Silva, G. N., Kist, V., Barbosa, M. H. P., Nascimento, M., & Bhering, L. L. 2016. Selection index using the graphical area applied to sugarcane breeding. *Genetics and Molecular Research*, 15(3), gmr.15038711. doi: 10.4238/gmr.15038711.
- Slafer, G. A., Savin, R., & Sadras, V. O. 2014. Coarse and fine regulation of wheat yield components in response to genotype and environment. *Field Crops Research*, 157, 71-83. doi:10.1016/j.fcr.2013.12.004.
- Tillett, B. J., Hale, C. O., Martin, J. M., & Giroux, M. J. 2022. Genes Impacting Grain Weight and Number in Wheat (*Triticum aestivum* L. ssp. *aestivum*). *Plants*, 11(13), 1772. doi: 10.3390/plants11131772.
- Tsenov, N., Gubatov, T., & Yanchev, I. 2020. Genotype selection for grain yield and quality based on multiple traits of common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Cereal Research Communications*, 49(1), 1-6. doi: 10.1007/s42976-020-00080-7.
- Vaccino, P., Antonetti, M., Balconi, C., Brandolini, A., Cappellozza, S., Caputo, A. R., Carboni, A., Caruso, M., Copetta, A., & de Dato, G. 2024. Plant Genetic Resources for Food and Agriculture: The Role and Contribution of CREA (Italy) within the National Program RGV-FAO. *Agronomy*, 14(6), 1263. doi: 10.3390/agronomy14061263.
- Vicentin, L., Canales, J., & Calderini, D. F. 2024. The trade-off between grain weight and grain number in wheat is explained by the overlapping of the key phases determining these major yield components. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1380429. doi: 10.3389/fpls.2024.1380429.
- Wei, X., Guo, S., Ma, B., Palta, J. A., Ma, Y., & Li, P. 2024. Wheat yield improvement is associated with altered root systems during cultivar replacement. *European Journal of Agronomy*, 154, 127101. doi: 10.1016/j.eja.2024.127101.
- Würschum, T., Leiser, W. L., Langer, S. M., Tucker, M. R., & 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(12), 2071–2084. doi:10.1007/s00122-018-3133-3.
- Xie, Q., & Sparkes, D. L. 2021. Dissecting the trade-off of grain number and size in wheat. *Planta*, 254, 3. doi: 10.1007/s00425-021-03658-5.
- Yan, W. 2015. Mega-environment analysis and test location evaluation based on unbalanced multiyear data. *Crop Science*, 55(1), 113-122. doi: 10.2135/cropsci2014.03.0203.
- Yan, W. 2016. Analysis and handling of G×E in a practical breeding program. *Crop Science*, 56(5), 2106-2118. doi: 10.2135/cropsci2015.06.0336.
- Yan, W., & Frégeau-Reid, J. 2018. Genotype by yield×trait (GYT) biplot: A novel approach for genotype selection based on multiple traits. *Scientific Reports*, 8(1), 8242. doi: 10.1038/s41598-018-26688-8.

- Yan, W., & Rajcan, I. 2002. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*, 42(1), 11-20. doi: 10.2135/cropsci2002.1100.
- Zhang, Q., Maroof, M. A. S., & Kleinhofs, A. 1993. Comparative diversity analysis of RFLPs and isozymes within and among populations of *Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*. *Genetics*, 134(3), 909–916. doi: 10.1093/genetics/134.3.909.