

انتخاب ژنوتیپ‌های امیدبخش برتر ماشک معمولی (*Vicia sativa* L.) با استفاده از شاخص‌های گزینشی مبتنی بر صفات مختلف

پیام پزشکپور^{۱*}، بهروز واعظی^۲، زینب سبزی^۳، مسلم مهین خواه^۳، رقیه صداقت دیل^۴

۱- دانشیار پژوهش، 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- مربی مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی کهگیلویه و بویراحمد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، یاسوج، ایران

۳- مربی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی ایلام، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ایلام، ایران.

۴- کارشناس ترویج مدیریت جهاد کشاورزی گچساران

چکیده مبسوط

مقدمه: ماشک معمولی (*Vicia sativa* L.) به‌عنوان یکی از لگوم‌های مهم مناطق مدیترانه‌ای، به دلیل سازگاری بالا با نظام‌های کشاورزی کم‌نهاد و ارگانیک و کاربردهای متنوع، از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. از آنجا که اراضی دیم با نوسانات بارندگی در مکان‌ها و زمان‌های مختلف مواجه‌اند و احتمال تنش رطوبتی در مراحل حساس رشد وجود دارد، اجرای آزمایش‌های چندمحیطی برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و پربازده ضروری است. گزینش پایداری چندصفتی به ارزیابی بهتر ژنوتیپ‌های گیاهی و دستیابی به نتایج دقیق‌تر کمک می‌کند. هدف از این تحقیق انتخاب ژنوتیپ‌های برتر ماشک معمولی بر اساس تعدادی از صفات مورفولوژیک با استفاده از شاخص‌های مختلف مبتنی بر مدل REML/BLUP و همچنین شاخص SIIG و مقایسه این شاخص‌ها بود.

روش‌شناسی پژوهش: در این پژوهش، هشت ژنوتیپ پیشرفته ماشک معمولی همراه با ارقام شاهد مراغه و طلوع در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار، در چهار ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی کهگیلویه و بویراحمد (گچساران)، لرستان (خرم آباد) و ایلام (مهران و چرداول) به مدت پنج سال زراعی (۱۴۰۳-۱۳۹۸)، مورد ارزیابی قرار گرفت. کاشت با بذرکار تحقیقاتی وینتراشنایگر در چهار ردیف به طول ۷ متر و با فاصله ۳۰ سانتی‌متر بین ردیف‌ها انجام شد. پارامترهای ژنتیکی با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) برآورد شد. تجزیه و تحلیل‌های آماری با استفاده از نرم‌افزارهای SAS و R انجام شد.

یافته‌های پژوهش: بر اساس نتایج تجزیه واریانس مرکب، تفاوت‌های معنی‌داری بین محیط‌ها و ژنوتیپ‌ها برای اکثر صفات زراعی ماشک معمولی مشاهده شد. اثرات برهمکنش ژنوتیپ × محیط نیز برای اغلب صفات معنی‌دار بود. تخمین‌های مبتنی بر REML نشان داد که واریانس‌های ژنوتیپی، باقیمانده و $G \times E$ به ترتیب ۸/۹۱، ۵۵/۶۵ و ۳۵/۴۵ درصد از کل واریانس فنوتیپی عملکرد دانه را تبیین کردند. نتایج REML نشان داد که بیشترین و کمترین مقدار وراثت‌پذیری به ترتیب مربوط به عملکرد علوفه تر و تعداد غلاف در بوته بود. در مجموع، با مقایسه

* نگارنده مسئول: p.pezhkpour@areeo.ac.ir

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۹/۲۹ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۱۲/۰۲

نتایج به دست آمده از شاخص‌های مختلف، ژنوتیپ‌های انتخاب شده توسط شاخص SIIG (G1, G2, G4, G3) به دلیل عملکرد دانه، عملکرد زیست‌توده، تعداد غلاف در بوته، وزن صد دانه و عملکرد کاه بالاتر، به عنوان نامزدهای امیدوارکننده برای آزمایش‌های پیشرفته‌تر انتخاب شدند. علاوه بر این، ژنوتیپ‌های G1, G2, G4 که با استفاده از شاخص‌های FAI-BLUP و MGIDI انتخاب شدند، دارای عملکرد دانه بالاتر در مقایسه با ارقام شاهد بودند. این یافته‌ها بر اهمیت تلفیق انتخاب چندصفتی و تحلیل‌های پایداری در برنامه‌های اصلاحی ماشک معمولی برای افزایش تحمل به خشکی و تضمین بهبود پایدار عملکرد در سیستم‌های کشاورزی دیم تأکید و بینش ارزشمندی را برای برنامه‌های اصلاحی با هدف سازگاری با خشکسالی و بهبود عملکرد فراهم می‌کند.

کلمات کلیدی: پارامترهای ژنتیکی، ژنوتیپ ایده‌آل، گزینش همزمان، نمودار گرمایی، مدل مخلوط

مقدمه

کشت ماشک معمولی به دلیل توانایی آن در سازگاری با نظام‌های کشاورزی متفاوت، از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. بهره‌برداری مؤثر این گیاه از نیتروژن موجود در جو، امکان دستیابی به عملکرد مناسب را حتی در شرایط محیطی متنوع فراهم می‌سازد (Rinnofner *et al.*, 2008). کشت مخلوط ماشک با غلات، بدون نیاز به افزودن کودهای نیتروژنی، به طور قابل ملاحظه‌ای تولید پروتئین قابل استخراج از خاک را ارتقا می‌دهد. تغییرات اقلیمی در کنار جمعیت رو به افزایش انسان در قرن بیست و یکم، چالش مهمی برای تأمین غذای انسان و دام به وجود آورده است. تضمین تولید در محیط‌های آب و هوایی مختلف، نیازمند معرفی گونه‌هایی با عملکرد خوب و پایدار است (Akdeniz *et al.*, 2018). از سوی دیگر، اتخاذ اصول کشاورزی ارگانیک در شرایط کم‌نهاد، مستلزم استفاده از مواد ژنتیکی مناسب برای تضمین پایداری نیز می‌باشد (Georgieva *et al.*, 2020). پایداری، هدف دشواری برای به نژادگران و کشاورزانی است که باید با سازگاری خاص گونه‌ها کنار بیایند (Fasoula, 2009). فرآیندهای اکولوژیکی با تنوع زیستی، نهاده‌های کم و سیستم‌های کاشت سازگار در شرایط محلی ترکیب می‌شوند. گونه‌های مناسب برای عملکرد علوفه باید بر اساس سازگاری در محیط‌های

ماشک معمولی (*Vicia sativa* L.) یکی از گونه‌های لگوم استراتژیک در مناطق وسیع مدیترانه‌ای محسوب می‌شود که به دلیل تنوع کاربردها و ظرفیت بالای سازگاری با سیستم‌های کشاورزی ارگانیک و کم‌نهاد، نقش قابل توجهی در بهینه‌سازی عملکرد و پایداری این زیست‌بوم‌های کشاورزی ایفا می‌کند. با این حال، سازگاری آن با محیط‌های مختلف باید مورد مطالعه قرار گیرد و گونه‌های مناسب برای عملکرد علوفه انتخاب شوند.

با توجه به تنوع کاربردها و ارزش غذایی قابل توجه، ماشک معمولی یکی از لگوم‌های با اهمیت در رژیم غذایی دام‌ها در ناحیه مدیترانه به شمار می‌آید. علاوه بر این، قابلیت رشد این گیاه در شرایط محیطی متغیر، آن را به گزینه‌ای مناسب و پایدار برای تغذیه دام تبدیل کرده است (Firincioglu *et al.*, 2009). افزایش نیازهای غذایی دام، نیاز به معرفی لگوم‌های علوفه‌ای برای تأمین خوراک دام را در تناوب‌های زراعی ایجاب می‌کند (Firincioglu *et al.*, 2007). ماشک معمولی به عنوان یکی از بهترین گزینه‌ها برای قرار گرفتن در تناوب زراعی، به‌ویژه در مناطق کم‌باران و جایگزین خوبی برای کشت تک‌محصولی غلات در نظر گرفته می‌شود، زیرا در مقایسه با غلات معمولی، عملکرد دانه و پروتئین بالاتری تولید می‌کند (Yau *et al.*, 2003).

چندمحیطی بسیار مهم است (Malosetti *et al.*, 2013).

ارزیابی برهم کنش بین ژنوتیپ‌ها و محیط که منجر به پتانسیل عملکرد بالا می‌شود، یک ضرورت است. پتانسیل عملکرد ژنوتیپ‌ها در صورت کاشت در شرایط محیطی مختلف، به شدت تحت تأثیر قرار خواهد گرفت. محصولی که در شرایط آب و هوایی متنوع، عملکرد بهتری داشته باشد، ایده آل خواهد بود (Gresta *et al.*, 2018). سازگاری و پایداری ژنوتیپ‌ها به محیط‌های مختلف با پتانسیل عملکرد متفاوت را می‌توان با مطالعه ویژگی‌های فنوتیپی ژنوتیپ ارزیابی کرد. عملکرد پدیده پیچیده‌تری است که توسط پلی‌ژن‌ها و عوامل محیطی تعیین می‌شود. بنابراین، درک تأثیر محیط بر ویژگی‌های ژنوتیپ و عملکرد آن در یک شرایط محیطی مشخص، یک ضرورت است و بنابراین می‌توان آن را با مطالعه برهم کنش‌های ژنوتیپ و محیط همراه با تجزیه و تحلیل پایداری به دست آورد.

فرآیند انتخاب می‌تواند با استفاده از شاخص‌های انتخاب چندمتغیره انجام شود و یکی از این شاخص‌های پرکاربرد، شاخص (اسمیت-هیزل) است که توسط اسمیت (Smith, 1936) و هیزل (Hazel, 1943) توسعه داده شده است. با این حال، این شاخص با استفاده از معکوس کردن ماتریس کوواریانس فنوتیپی عمل می‌کند که مشکلات هم‌خطی چندگانه روی آن تأثیرگذار است و منجر به انتخاب ضعیف صفات ژنتیکی مطلوب در شرایط محیطی مختلف می‌شود (Bizari *et al.*, 2017; Burdon and Li, 2019).

انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا برای چند صفت به طور همزمان می‌تواند کار دشواری باشد. اولین شاخص برای انتخاب همزمان توسط اسمیت (Smith, 1936) برای اصلاح نباتات و توسط هازل (Hazel, 1943) برای اصلاح دام پیشنهاد شد. این شاخص بر اساس انتخاب مقادیر ژنتیکی ناشناخته

مختلف و به‌ویژه کم‌نهاد انتخاب شوند و بنابراین، آزمایش‌های گسترده‌ای توسط به‌نژادگران و متخصصان کشاورزی مورد نیاز است.

به منظور انتخاب بهترین ژنوتیپ برای یک محیط خاص یا تعیین ژنوتیپ‌های پایدار در طیف وسیعی از محیط‌ها، ژنوتیپ‌های مختلف ماشک معمولی در آزمایش‌های منطقه‌ای ارزیابی می‌شوند و عملکرد دانه آن‌ها در طول سال‌ها و مناطق مختلف مقایسه می‌شود. ایجاد ژنوتیپ‌های جدید و ارزیابی آن‌ها در محیط‌های مختلف برای دستیابی به ارقام پرمحصول، می‌تواند راه‌حلی برای عملکرد پایین این محصول باشد. بنابراین، ارزیابی ژنوتیپ‌های جدید در سال‌های مختلف می‌تواند به فرآیند دستیابی و معرفی ارقام مناسب برای محیط (ها) کمک کند. برهم کنش ژنوتیپ × محیط نحوه واکنش ژنوتیپ‌های یک گیاه به شرایط محیطی متغیر، از جمله خاک، آب و هوا و عوامل زیستی را توصیف می‌کند (Bocianowski *et al.*, 2024). این امر به به‌نژادگران ماشک معمولی این امکان را می‌دهد که گونه‌های خاصی را انتخاب کنند که در برابر محیط‌های متغیر، از جمله تنش‌های زیستی و غیرزیستی که ممکن است از سال‌ها یا مکان‌های مختلف ناشی شوند، مقاوم باشند. درک برهم کنش ژنوتیپ در سال یا مکان، می‌تواند به شناسایی و توسعه گونه‌هایی کمک کند که نه تنها در شرایط معمول عملکرد خوبی دارند، بلکه در شرایط چالش‌برانگیزتر نیز رشد کنند (Bocianowski *et al.*, 2024). برهم کنش ژنوتیپ × محیط قوی، به‌ویژه برای ویژگی‌های پیچیده‌ای مانند عملکرد، انتخاب ژنوتیپ را پیچیده کرده و انتشار گونه‌های جدید زراعی را به تأخیر می‌اندازد. تجزیه و تحلیل برهم کنش ژنوتیپ × محیط و اندازه‌گیری پایداری عملکرد در محیط‌های مختلف، برای افزایش دقت انتخاب و ارزیابی عملکرد ژنوتیپ در آزمایش‌های

این دو شاخص به تکنیک‌های نوآورانه‌ای برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر تبدیل شده‌اند که ممکن است در شرایط محیطی متنوع، عملکرد بهتری داشته باشند و در عین حال پایداری عملکرد بالا و ویژگی‌های مطلوب را داشته باشند (Olivoto *et al.*, 2019).

به طور سنتی، تخمین‌های پایداری بر تجزیه و تحلیل تک صفتی و تک‌متغیره، از جمله محاسبات میانگین و انحراف رگرسیون متکی بوده‌اند (Benakanahalli *et al.*, 2021). شاخص MTSI محدودیت‌های موجود در تجزیه و تحلیل تک‌متغیره را برطرف می‌کند و برای انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار مؤثر است (Olivoto *et al.*, 2019). این شاخص بر مبنای تجزیه عاملی معرفی شده است که در آن عملکرد دانه و سایر صفات اندازه‌گیری شده و پایداری آن‌ها به طور همزمان ارزیابی می‌شوند. از شاخص MTSI در آزمایشات چندمحیطی در گیاهان زراعی مختلف شامل نخود (Pezeshkpour and Karimizadeh, 2023; Pezeshkpour *et al.*, 2025)، عدس (Pezeshkpour *et al.*, 2024 a)، برنج (Subramani *et al.*, 2024)، ذرت (Pallavi *et al.*, 2024)، گندم (Ladoui *et al.*, 2025) و جو (Pour-2024، 2024) استفاده و نشان داده شد که این شاخص می‌تواند به طور همزمان بسیاری از صفات و یا شاخص‌ها را در نظر بگیرد و همچنین نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های مورد بررسی را ارزیابی کند.

شاخص FAI-BLUP³ که توسط روچا و همکاران (Rocha *et al.*, 2018) پیشنهاد شده است، یک شاخص چندصفتی مبتنی بر تحلیل عاملی است و بر اساس فاصله هر کدام از ژنوتیپ‌ها از ایدئوتیپ برآورد می‌شود. این شاخص، اثرهای ژنتیکی را با مدل‌های ترکیبی مانند REML/BLUP پیش‌بینی می‌کند. کارایی شاخص FAI-BLUP در گیاهان

است. بنابراین، استفاده از مقادیر فنوتیپی و کوواریانس‌های ژنتیکی برای تعیین چگونگی انتخاب بردار وزن‌ها به منظور به حداکثر رساندن همبستگی مقادیر ژنتیکی ناشناخته و مقادیر فنوتیپی ضروری است (Hazel *et al.*, 1994). یکی از مشکلات استفاده از این شاخص، فقدان روشی برای وزن‌دهی به صفات با اهمیت اقتصادی است (Stephens *et al.*, 2012). برخی از پارامترها به عنوان وزن‌های اقتصادی نسبی، مانند ضریب تغییرات ژنتیکی (Bhering *et al.*, 2012) و وراثت‌پذیری، تعیین شده‌اند. در موارد دیگر، می‌توان آن‌ها را به طور تصادفی نسبت داد (Stephens *et al.*, 2012). در فرآیند انتخاب، به‌نژادگران معمولاً با انتخاب چند صفتی سروکار دارند. با این حال، مشکلات هم‌خطی چندگانه قطعاً ظاهر می‌شوند و مانع دیگری هستند که شاخص کلاسیک اسمیت-هیزل با آن مواجه است. طبق گفته پرونیرو و همکاران (Prunier *et al.*, 2015)، هم‌خطی چندگانه بین صفات، یک مسئله سیستماتیک در تحلیل‌های چند متغیره است و احتمالاً باعث ایجاد مشکلات جدی در تفسیر صحیح نتایج می‌شود و خطر نتیجه‌گیری‌های نادرست، تحقیقات گمراه‌کننده و اقدامات حفاظتی ناکارآمد را به همراه دارد. علاوه بر این، شاخص کلاسیک اسمیت-هیزل از همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات بهره نمی‌برد. برای غلبه بر این محدودیت‌های هم‌خطی چندگانه، شاخص‌های اخیراً پیشنهاد شده، یعنی شاخص پایداری چند صفتی (MTSI) (Olivoto *et al.*, 2019) و شاخص فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ چند صفتی (MGID⁴) (Olivoto and Nardino, 2021)، به عنوان ابزارهای جدیدی برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر که می‌توانند در شرایط محیطی مختلف با پایداری بالا در عملکرد و صفات مطلوب، عملکرد بهتری داشته باشند، ظهور کرده‌اند.

³ Factor analysis and ideotype design via best linear unbiased prediction

¹ Multi-trait stability index

² Multi-trait genotype-ideotype distance index

ژنوتیپ‌های منتخب به‌عنوان نامزدهای معرفی رقم در سال‌های آتی پیشنهاد شوند.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش تعداد هشت ژنوتیپ پیشرفته ماشک که آزمایشات مقایسه عملکرد ژنوتیپ‌های پیشرفته ماشک در سال ۹۸-۱۳۹۷ انتخاب شده بودند (جدول ۱)، به همراه دو رقم شاهد مراغه (از خانواده داسی‌کارپا) و طلوع به مدت پنج سال زراعی (۱۴۰۳-۱۳۹۸) در چهار ایستگاه تحقیقاتی مناطق معتدل گرم که شامل لرستان/خرم‌آباد (ایستگاه تحقیقات کشاورزی سراب چنگائی خرم‌آباد)، ایلام/چرداول و مهران (ایستگاه تحقیقات کشاورزی زنجیره چرداول و مهران) و کهگیلویه و بویر احمد/گچساران در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند. در سال سوم زراعی (۴۰۱-۱۴۰۰) به خاطر خسارت پرندگان و از بین رفتن کامل آزمایش در ایستگاه مهران در استان ایلام، این محیط در نظر گرفته نشد. تاریخ کاشت بسته به وضعیت بارندگی مؤثر، از نیمه دوم آذر انجام شد. زمین مورد کاشت تحت تناوب غلات - حبوبات دیم بود. برای تهیه زمین، از گاوآهن چیزل مرکب برای شخم زدن استفاده و سپس با دیسک زدن، کلوخ‌شکنی انجام شد. اطلاعات هواشناسی و جغرافیایی در جدول‌های ۲ و ۳ آورده شده است. بر اساس آزمون خاک و توصیه بخش تحقیقات خاک و آب، مقدار ۷۵ کیلوگرم در هکتار دی‌آمونوم فسفات و ۵۰ کیلوگرم در هکتار اوره، به هنگام عملیات تهیه زمین، به طور یکنواخت به خاک اضافه شد.

به منظور جلوگیری از بیماری‌های قارچی، بذره‌های ارقام و ژنوتیپ‌های آزمایش قبل از کاشت با قارچ‌کش کاربوکسین تیرام به نسبت دو در هزار

زراعی نخود (Sellami *et al.*, 2021)، ارزن مرواریدی (Naveen *et al.*, 2025) و انبه (Costa *et al.*, 2023) گزارش شده است. یکی از روش‌های مهمی که برای تجزیه داده‌ها معرفی شده، روش تجزیه با استفاده از حداکثر درست‌نمایی محدود شده^۱ (REML) است. در این روش محدودیت تجزیه واریانس به روش کمترین مربعات برای داده‌های نامتعادل و همچنین نامتجانس برطرف می‌شود (Holland, 2006). مدل‌های مخلوط مانند REML برای به دست آوردن اجزای واریانس و بهترین پیش‌بینی نااریب خطی^۲ (BLUP) برای پیش‌بینی مقادیر ژنتیکی و اجزای واریانس استفاده می‌شوند (Resende, 2016).

به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌های پرمحصول با ویژگی‌های زراعی مطلوب، بهره‌گیری از روش‌هایی که بتوانند صفات متعدد را به‌صورت هم‌زمان ادغام نموده و احتمال دستیابی به ژنوتیپ‌های ایده‌آل را افزایش دهند، امری ضروری به‌شمار می‌رود. یکی از این روش‌ها، شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل^۳ SIIG معرفی شده توسط زالی و همکاران (Zali *et al.*, 2015) است. در این شاخص، صفات یا شاخص‌های مختلف در قالب یک آماره ترکیبی ادغام می‌گردند و بدین ترتیب، امکان ارزیابی جامع‌تر و دقیق‌تر ژنوتیپ‌ها فراهم می‌شود. کارایی و اثربخشی شاخص SIIG در مطالعه‌های مختلف نیز مورد تأیید قرار گرفته است (Rahmati and Karimizadeh, 2025; Askari Kelestani *et al.*, 2025).

هدف اصلی این پژوهش، مقایسه شاخص‌های گوناگون انتخاب ژنوتیپ‌های ایده‌آل و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بر اساس عملکرد دانه، عملکرد علوفه و سایر صفات زراعی بود. نتایج این ارزیابی می‌تواند مبنایی برای اجرای آزمایش‌های تحقیقاتی، ترویجی و مزرعه‌ای قرار گیرد و در نهایت،

³ Selection index of ideal genotype

¹ Restricted maximum likelihood

² Best linear unbiased prediction

رسیدن گیاه به مرحله ۵۰ درصد گلدهی، تمامی بوته‌های ماشک موجود از سطح خاک برداشت شدند و سپس وزن تر آن‌ها با کمک ترازو دیجیتال تعیین شد. از تقسیم وزن دانه‌های یک بوته بر تعداد دانه‌ها، متوسط وزن تک دانه محاسبه گردید. عملکرد دانه، عملکرد علوفه تر، عملکرد علوفه خشک و عملکرد زیست‌توده در سال‌های مختلف برای هر ژنوتیپ بر اساس تن در هکتار اندازه‌گیری شد. بعد از انتخاب تصادفی پنج بوته در هر کرت، میانگین تعداد غلاف‌های بالغ در هر بوته شمارش، ده غلاف در هر بوته تعیین و میانگین تعداد دانه در هر غلاف اندازه‌گیری گردید.

ضدعفونی شدند. میزان تراکم ۱۵۰ دانه در متر مربع تعیین شد. کاشت بذرها در چهار خط به طول هفت متر به فاصله ۳۰ سانتی‌متر بین خطوط (هفت متر مربع) انجام شد. مبارزه با علف‌های هرز با استفاده از کولتیواتور دستی در دو مرحله در طول دوره رشد رویشی انجام شد. قبل از برداشت، دو خط کناری و نیم متر از ابتدا و انتهای دو خط وسط حذف و مابقی هر کرت (سه متر مربع) برداشت شد. عملکرد دانه، وزن صد دانه، عملکرد علوفه تر، عملکرد زیست‌توده، تعداد غلاف در بوته، وزن صد دانه، شاخص برداشت، عملکرد کاه و وزن تک دانه در سال‌های مختلف برای هر ژنوتیپ اندازه‌گیری شد. به منظور برآورد عملکرد علوفه تر در سطح یک مترمربع از هر کرت در زمان

جدول ۱- اسامی ارقام و ژنوتیپ‌های پیشرفته ماشک مورد بررسی

Table 1. Names of the advanced vetch cultivars and genotypes under study

کد	ژنوتیپ	منشاء	کد	ژنوتیپ	منشاء
Code	Genotype	Origin	Code	Genotype	Origin
G1	V.S.IVAT-2004- 2003	Hungary	G6	V.S.IVAT-2004- 2717	ICARDA
G2	V.S.IVAT-2004- 2490	Syria	G7	V.S.IVAT-2004- 2721	ICARDA
G3	V.S.IVAT-2004- 2556	Cyprus	G8	V.S.IVAT-2000-1852-2755	ICARDA
G4	V.S.IVAT-2004- 2558	Italy	G9	MARAGHEH C.V.	IRAN
G5	V.S.IVAT-2004- 2709	ICARDA	G10	TOLO C.V.	IRAN

جدول ۲- ویژگی‌های جغرافیایی مناطق اجرای آزمایش

Table 2. Geographic characteristics of the experimental sites

مکان	ارتفاع از سطح دریا (متر)	طول جغرافیایی	عرض جغرافیایی	بارندگی بلند مدت (میلی‌متر)	شرایط آب و هوایی
Location	Elevation AMSL (m)	Longitude	Latitude	Average rainfall (mm)	Climatic) (conditions
Kohgiluyeh and Boyer-Ahmad / Gachsaran	668	30°,18' E	50°,59' N	596.8	Warm
Lorestan/Khoramabad	1147	48°,18' E	33°,29' N	445	Moderat cold
Ilam/Mehran	1898	45°,24' E	31°,58' N	211	Moderat warm
Ilam/ Shirvan chardavol	975	33°,34' E	46°,29' N	603.9	Moderat warm

جدول ۳- میزان بارندگی سالانه مناطق اجرای آزمایش در طول فصل زراعی در سال‌های ۱۳۹۸ تا ۱۴۰۳

Table 3. Annual rainfall of the experimental sites during the cropping seasons (2019-2024)

Location	2019-2020	2020-2021	2021-2022	2022-2023	2023-2024
Kohgiluyeh and Boyer-Ahmad/Gachsaran	435.2 (E1)	591.5 (E2)	331.5(E3)	491 (E4)	580.5 (E5)
Lorestan/Khoramabad	523.6 (E6)	304.9 (E7)	307 (E8)	462.7 (E9)	489.8 (E10)
Ilam/Mehran	318.3 (E11)	276.3 (E12)	-	54.1 (E13)	205.6 (E14)
Ilam/ Shirvan chardavol	603.6 (E15)	302 (E16)	223.6 (E17)	493.4 (E18)	555.5 (E19)

E1 تا E19 به ترتیب نشان‌دهنده محیط‌های ۱ تا ۱۹ هستند.

E1 to E19 represent environments 1 to 19, respectively.

۳- تعریف ایدئوتیپ: طبق تعریف رابطه ۱، ایدئوتیپ دارای بالاترین مقدار متغیر مقیاس (۱۰۰) برای همه صفات مورد بررسی است. بنابراین ایدئوتیپ را می‌توان با یک بردار $I [1 \times p]$ تعریف کرد؛ به طوری که I برابر ۱۰۰، ۱۰۰، ...، ۱۰۰ باشد. نمرات I نیز بر اساس رابطه ۲ تخمین زده شدند.

۴- محاسبه شاخص MGIDI: در مرحله آخر، فاصله اقلیدوسی بین نمرات ژنوتیپ‌ها و ایدئوتیپ به عنوان شاخص MGIDI با استفاده از رابطه ۳ محاسبه شد:

رابطه (۳) $MGIDI = \sum_{i=1}^f [(\gamma_{ij} - \gamma_j)^2]^{0.5}$
 γ_{ij} امتیاز آمین ژنوتیپ در فاکتور j ام است
 $i=1, 2, \dots, t; j=1, 2, \dots, f$ که t و f به ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها و عامل‌ها است، γ_j نمره j ام ایدئوتیپ است. ژنوتیپ‌های با کم‌ترین مقدار MGIDI به ایدئوتیپ نزدیک‌تر هستند. دیفرانسیل‌گزی‌ش برای همه صفات با در نظر گرفتن شدت گزینش ۱۵ درصد انجام شد.

شاخص MTSI: تخمین شاخص پایداری چندصفتی، بر طبق رابطه ۴ انجام شد (Olivoto et al., 2019a).

رابطه ۴ $MTSI_i = [\sum_{j=1}^f (F_{ij} - F_j)]^{0.5}$
 که در آن MTSI، شاخص پایداری چندصفتی برای ژنوتیپ i ام، F_{ij} نمره j ام ژنوتیپ i ام، و F_j نمره j ام ایدئوتیپ است. ژنوتیپ با کمترین مقدار MTSI، به ایدئوتیپ نزدیک‌تر است و بنابراین میانگین عملکرد و پایداری بالایی را برای همه متغیرهای بررسی شده ارائه می‌دهد. دیفرانسیل یا تفاوت انتخاب برای میانگین عملکرد برای هر صفت با شدت انتخاب ۱۵ درصد، محاسبه شد (Olivoto et al., 2019a).

شاخص FAI-BLUP: شاخص FAI-BLUP به عنوان یک شاخص چندصفتی مبتنی بر تحلیل

شاخص MGIDI: این شاخص بر اساس اطلاعات صفات مورد بررسی محاسبه می‌شود (Olivoto and Nardino, 2021). مراحل محاسبه آن به صورت زیر است:

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

رابطه (۱) $rX_{ij} = \frac{\eta_{nj} - \varphi_{nj}}{\eta_{0j} - \varphi_{0j}} \times (\theta_{ij} - \eta_{0j}) + \eta_{nj}$
 η_{0j} و φ_{0j} به ترتیب مقادیر اصلی حداقل و حداکثر برای صفت j پس از تغییر مقیاس هستند و θ_{ij} مقدار اصلی برای صفت j ام از ژنوتیپ i ام است. برای تغییر مقیاس، مقادیر η_{nj} و φ_{nj} به صورت زیر محاسبه شدند: برای صفاتی که در آن‌ها مقدار بالا مورد نظر است، φ_{nj} برابر با صفر و η_{nj} برابر با ۱۰۰ در نظر گرفته شد، در حالی که برای صفاتی که در آن‌ها مقدار پایین مورد نظر بود، φ_{nj} برابر با ۱۰۰ و η_{nj} برابر با صفر در نظر گرفته شد.

۲- تجزیه به عامل‌ها: در مرحله بعد، تحلیل عاملی (FA) برای محاسبه کاهش ابعاد داده‌ها و ساختار روابط انجام شد. این تحلیل بر اساس رابطه ۲ انجام شد:

$$F = Z(A^T R^{-1})^T \quad (2) \text{ رابطه}$$

که در آن F یک ماتریس $g \times f$ با مقادیر عامل‌ها است. Z یک ماتریس $g \times p$ با میانگین استاندارد شده (تغییر مقیاس یافته) است. A یک ماتریس $p \times f$ از بارگذاری متعارف است و R یک ماتریس همبستگی $p \times p$ بین صفات است. علاوه بر این، g ، f و p به ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها، عامل‌های باقیمانده (عامل‌هایی که مقدار ویژه آن‌ها از یک بیشتر است) و شاخص‌های محاسبه شده را نشان می‌دهند.

¹ Rescaling

² Canonical loadings

منفرد^۲، روی ماتریس بهترین پیش‌بینی‌های ناریب خطی (BLUP) برهمکنش‌های ژنوتیپ در محیط^۳ با یک مدل اثر مختلط خطی^۴ استفاده شد. اجزای واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده^۵ برآورد شدند و برای ارزیابی معنی‌داری اثرهای تصادفی، آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT) به کار گرفته شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس مرکب برای عملکرد دانه و سایر صفات اندازه‌گیری شده در جدول ۴ نشان داده شده است. نتایج نشان داد که اختلاف معنی‌داری بین محیط‌های اجرای آزمایش از نظر تمامی صفات وجود دارد. اختلاف بین ژنوتیپ‌ها نیز از نظر صفات عملکرد دانه، عملکرد علوفه تر، تعداد غلاف در بوته، وزن صد دانه، شاخص برداشت و عملکرد کاه در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود. اثرهای برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط بر صفات تعداد غلاف در بوته و عملکرد زیست توده غیر معنی‌دار، و برای سایر صفات بسیار معنی‌دار شد (جدول ۴). وجود اختلاف معنی‌دار بین محیط‌ها از نظر صفات مختلف سبب خواهد شد تا بتوان ژنوتیپ‌های مطلوبی از نظر تطبیق با هر یک از شرایط محیطی پیدا کرد.

پارامترهای ژنتیکی محاسبه شده با استفاده از روش REML در جدول ۴ نشان داده شده است. نتایج نشان داد نسبت واریانس ژنوتیپ، واریانس ژنوتیپ × محیط و واریانس باقیمانده به واریانس فنوتیپی برای عملکرد دانه به ترتیب ۸/۹۱، ۵۵/۶۵ و ۳۵/۴۵ درصد بود. بیشترین مقدار وراثت‌پذیری عمومی مربوط به عملکرد علوفه تر (۰/۱۸۱) و کمترین مقدار مربوط به صفات تعداد غلاف در بوته بود (۰/۰۰۵). بیشترین وراثت‌پذیری عمومی بر اساس میانگین ژنوتیپ‌ها، با

عاملی، برآوردی است از فاصله هر کدام از ژنوتیپ‌ها از ایدئوتیپ و در نتیجه، رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس این فاصله. برای محاسبه این شاخص از رابطه ۵ استفاده شد.

$$P_{ij} = \frac{\frac{1}{d_{ij}}}{\sum_{i=1, j=1}^{i=n, j=m} \frac{1}{d_{ij}}} \quad \text{رابطه ۵}$$

در این رابطه، P_{ij} احتمال مشابه بودن ژنوتیپ i ام ($i=1, 2, \dots, n$) با ایدئوتیپ j ام ($j=1, 2, \dots, n$) و d_{ij} فاصله ژنوتیپ - ایدئوتیپ از ژنوتیپ i ام تا ایدئوتیپ j ام بر اساس میانگین استاندارد فاصله اقلیدوسی است (Rocha et al., 2018).

شاخص SIIG: به منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از صفات مورد مطالعه، از روش SIIG و بر اساس روش زالی و همکاران (Zali et al., 2015) استفاده شد. مقدار SIIG بین صفر تا یک متغیر است؛ ژنوتیپ نزدیک به ژنوتیپ ایده‌آل، مقدار SIIG به عدد یک نزدیک‌تر خواهد بود. در این تحقیق، فرض بر این بود که ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه، وزن صد دانه و عملکرد علوفه تر و خشک بالاتر انتخاب شوند. بنابراین محاسبات شاخص SIIG بر اساس این فرضیات انجام شد.

در این پژوهش، به منظور انجام تجزیه واریانس مرکب و همبستگی بین صفات از نرم‌افزار SAS ver. 9.1 استفاده شد. تمام مراحل محاسبه شاخص SIIG با استفاده از نرم‌افزار Excel انجام شد. تمام تجزیه‌های آماری از جمله برآورد شاخص‌های پارامترهای MTSI، MGIDI و FAI-BLUP و پارامترهای ژنتیکی با استفاده از بسته تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی با نام Metañ (Olivoto, 2019) و چندمحیطی با نام Metañ (Wright and Laffont, 2018) در نرم‌افزار R انجام شد (Olivoto and Lucio, 2020). برای تعیین کمیت پایداری ژنوتیپی، از تجزیه مقادیر

⁵ Restricted maximum likelihood (REML)

⁶ Likelihood Ratio Test

¹ Multi environment trial analysis

² SVD

³ GEI

⁴ LMM

مقدار ۰/۸۹۴۵ مربوط به صفت عملکرد علوفه تر بود (جدول ۴). بیشتر بودن این مقادیر از تخمین‌های وراثت‌پذیری عمومی، حاکی از آن است که می‌توان صفات ارزیابی شده را برای ارزیابی تنوع ژنتیکی و پیش‌بینی مجموعه ژنوتیپ‌ها استفاده نمود.

پزشکیور و همکاران (Pezeshkpour et al., 2024b) نتایج مشابهی را در ژنوتیپ‌های عدس گزارش کردند. در تحقیق آن‌ها نیز وراثت‌پذیری بر اساس میانگین ژنوتیپ‌ها (۰/۶۳) از وراثت‌پذیری عمومی (۰/۰۶) بالاتر بود. برآورد وراثت‌پذیری صفات و دقت پیش‌بینی نقش مهمی در پیشرفت برنامه‌های به‌نژادی در جهت شناسایی و توصیه ژنوتیپ‌ها دارد (Benakanahalli et al., 2021).

میانگین برخی از ویژگی‌های زراعی ژنوتیپ‌های مورد بررسی در جدول ۵ نشان داده شده است. از نظر عملکرد دانه، ارقام و ژنوتیپ‌ها در محدوده ۰/۹۶-۱/۴۵ تن در هکتار قرار داشتند که کمترین آن مربوط به ژنوتیپ G9 (شاهد مراغه) و بیشترین آن مربوط به ژنوتیپ G2 بود. از نظر عملکرد علوفه تر در محدوده ۲۳/۴۹-۱۵/۱۹ تن در هکتار بین ارقام و ژنوتیپ‌ها مشاهده شد. ژنوتیپ G9 (شاهد مراغه) دارای کمترین عملکرد علوفه تر (۱۵/۹ تن در هکتار) بود. تغییرات عملکرد زیست توده ارقام و ژنوتیپ‌ها نیز در محدوده بین ۴/۵۷ تا ۵/۷۳ تن در هکتار بود. کمترین عملکرد زیست توده (۴/۵۷ تن در هکتار) مربوط به ژنوتیپ G9 (شاهد مراغه) و بیشترین عملکرد زیست توده (۵/۷۳ تن در هکتار) مربوط به ژنوتیپ G2 بود. ژنوتیپ‌های G1 و G4 بیشترین تعداد غلاف در بوته را به خود اختصاص دادند و کمترین تعداد غلاف در بوته مربوط به ژنوتیپ G10 بود. ژنوتیپ‌های G1، G2 و G8 از بیشترین تعداد دانه در غلاف برخوردار بودند. وزن صد دانه ارقام و ژنوتیپ‌ها با میانگین ۴/۴۳ گرم بین ۴/۲۳ تا ۴/۶۴ گرم متغیر بود. ژنوتیپ‌های G5

را داشتند (جدول ۵). با بررسی عملکرد دانه اندازه‌گیری شده در ۱۹ محیط مختلف در این پژوهش (شکل ۶ الف)، مشخص شد که کمترین عملکرد دانه برای همه ژنوتیپ‌ها مربوط به محیط سیزدهم (ایلام/مهران سال چهارم) بود و از طرفی بیشترین عملکرد دانه (۲/۸۹۵ تن در هکتار) مربوط به محیط پانزدهم (ایلام/ شیروان چرداول سال اول) بود. با وجود این تغییرات، میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها در خرم‌آباد (۱/۰۵۷ تن در هکتار) نسبت به گچساران (۱/۲۳۲ تن در هکتار) و ایلام/مهران (۱/۲۵۲ تن در هکتار) و ایلام/ شیروان چرداول (۱/۷۲۹ تن در هکتار) کمتر به دست آمد (شکل ۶ ب). پراکنش مناسب بارندگی و شرایط محیطی مناسب از لحاظ درجه حرارت باعث گردیده که ایلام یک اقلیم مناسب برای کشت ماشک معمولی پاییزه باشد. در زراعت پاییزه ماشک معمولی عملکرد زیست توده و دانه بیشتر می‌تواند یک صفت کلیدی برای به‌نژادی باشد.

در مناطق دیم‌خیز کشور، گزینش تنها بر مبنای بالا بودن عملکرد دانه ممکن است نتایج مطلوبی به همراه نداشته باشد. در واقع بهتر است در این مناطق به نسبت عملکرد دانه و عملکرد علوفه و وزن صد دانه بالاتر توجه گردد. یکی از مزایای استفاده از شاخص‌های گزینشی مانند MTSI، MGIDI، FAI-BLUP و SIIG، در نظر گرفتن تمام صفات اندازه‌گیری شده در انتخاب ژنوتیپ‌ها است. به عبارت دیگر، در این روش‌ها صفات مختلف در انتخاب ژنوتیپ‌ها به طور مستقیم سهیم خواهند بود. شاخص MTSI با در نظر گرفتن اثرهای تمامی صفات اندازه‌گیری شده، دو ژنوتیپ G4 و G3 را به عنوان برترین ژنوتیپ‌ها انتخاب کرد (جدول ۵). شاخص MGIDI نیز ژنوتیپ‌های G1 و G2 را برترین ژنوتیپ‌ها معرفی نمود. بر اساس شاخص FAI-BLUP ژنوتیپ‌های G2 و G4 انتخاب شدند.

محیط برای عملکرد دانه در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود (جدول ۷). معنی‌دار بودن برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط بیانگر پاسخ متفاوت ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف است. از این‌رو، در چنین شرایطی استفاده از تجزیه BLUP می‌تواند نتایج بهتر و قابل اعتمادتری را به همراه داشته باشد (Olivoto *et al.*, 2019b). بر اساس اطلاعات شکل ۱، مقدار ۵۵/۶۵ درصد از واریانس فنوتیپی عملکرد دانه توسط اثر باقیمانده توجیه شد؛ حال آنکه اثر ژنوتیپ، توجیه‌کننده ۸/۹۱ درصد از واریانس برآورد شده بود. همچنین ۳۴/۴۵ درصد از واریانس فنوتیپی توسط اثر برهم‌کنش ژنوتیپ در محیط توجیه گردید. این موضوع حاکی از تأثیر پایین ژن‌ها در ایجاد تنوع میان ژنوتیپ‌ها است. بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه، تحت تأثیر شرایط محیطی قرار گرفتند. اثر باقیمانده عمدتاً به اثر محیط مربوط می‌شود که با توجه به تفاوت‌های زیاد بین سال‌ها و مکان‌های آزمایشی از نظر ویژگی‌های خاک، مقدار و پراکنش بارندگی و سایر عوامل قابل توجیه است. واریانس‌های برآورد شده سایر صفات در شکل ۱ ارائه شده است. نتایج تحقیقات در مورد گیاه ماشک نیز نشان داد که بخش عمده واریانس توسط اثر محیط توجیه می‌شود (Nizam *et al.*, 2011; Parissi *et al.*, 2022).

بر اساس نتایج شاخص SIIG (جدول ۵)، ژنوتیپ‌های G1، G3، G4 و G2 با بیشترین مقدار SIIG (۰/۷۳، ۰/۷۲، ۰/۷۲ و ۰/۷۱)، ژنوتیپ‌های برتر در مجموع ۱۹ محیط بودند (جدول ۵). مقدار میانگین عملکرد دانه این ژنوتیپ‌ها به ترتیب برابر با ۱/۴۴، ۱/۴۲، ۱/۳۹ و ۱/۴۵ تن در هکتار بود (جدول ۵). پزeshkpour *et al.* (2023) برای گزینش ژنوتیپ‌های عدس از نظر عملکرد و تعدادی صفت مورفولوژیک، از شاخص SIIG استفاده و با این روش ژنوتیپ‌های ایده‌آل را معرفی نمودند. در تحقیقی دیگر، به منظور ارزیابی ۱۲۰ لاین گندم دوروم با استفاده از صفات مختلف مورفولوژیک و انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها، از نمودار دو بعدی عملکرد و شاخص SIIG استفاده شد (Dastfal *et al.*, 2022). مقایسه شاخص‌های مختلف نشان داد که بیشترین میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های انتخابی مربوط به شاخص‌های MGIDI (۱/۴۴۵ تن در هکتار) و SIIG (۱/۴۲۵ تن در هکتار) بود و کمترین مقدار نیز مربوط به شاخص‌های MTSI و FAI-BLUP بود (جدول ۶). برای صفات اندازه‌گیری شده، واریانس‌های برآورد شده به سه جزء واریانس ژنوتیپی، برهم‌کنش ژنوتیپ در محیط و باقیمانده تفکیک شد (شکل ۱). نتایج نشان داد که بر اساس آزمون نسبت درست‌نمایی، اثر ژنوتیپ و برهم‌کنش ژنوتیپ ×

جدول ۴- تجزیه واریانس مرکب و پارامترهای ژنتیکی در مدل مخلوط با استفاده از روش REML برای صفات مورد

بررسی

Table 4. Combined analysis of variance and genetic parameters in a mixed model using REML method for the investigated traits

منابع تغییرات	درجه آزادی	عملکرد دانه	عملکرد علوفه تر	عملکرد زیست‌توده	تعداد غلاف در بوته	تعداد دانه در غلاف
S.O.V	df	Grain yield	Fresh forage yield	Biological yield	Number of pods per plant	Number of seeds per pod
محیط (E)	18	14.95**	8123.5**	908628**	3276.5**	4786.4**
تکرار در محیط	38	0.47	62.8	23674	68.5	101.4
ژنوتیپ (G)	9	1.45**	420.1**	2817	27.5	149.7**

G × E ژنوتیپ در محیط	162	0.41**	44.3**	3546	29.9	92.9**
Error خطا	342	0.07	22.7	4973	25.2	10.0
Genotypic variance واریانس ژنوتیپی		0.018 (8.91)	6.59 (18.06)	0.09 (3.99)	1.63 (1.15)	0.99 (1.59)
G×E variance واریانس ژنوتیپ در محیط		0.11 (55.65)	7.21 (19.75)	0.72 (33.23)	1.51 (5.65)	15.67 (25.05)
Residual variance واریانس مقادیر باقی مانده		0.07 (35.45)	22.7 (62.19)	1.35 (62.77)	5.657 (93.2)	45.9 (73.36)
Phenotypic variance واریانس فنوتیپی		0.20	36.5	2.162	26.73	62.57
Broad-sense heritability وراثت پذیری عمومی		0.089	0.18	0.04	0.005	0.02
GEI ضریب تشخیص اثرهای GEI		0.56	0.19	0.33	0.06	0.25
Detection coefficient of GEI effects وراثت پذیری میانگین ژنوتیپی		0.71	0.89	0.58	0.01	0.38
Genotypic mean heritability دقت انتخاب ژنوتیپ		0.84	0.94	0.76	0.02	0.62
Genotype selection accuracy همبستگی بین مقادیر ژنوتیپی در میان محیطها		0.61	0.2411	0.35	0.06	0.25
Correlation among genotype values across environments ضریب تغییرات ژنوتیپی		10.18	12.02	5.689	0.02	2.25
Genotypic coefficient of variation (%) ضریب تغییرات مقادیر باقی مانده		20.31	22.31	22.54	23.55	15.27
Residual coefficient of variation (%) نرخ ضریب تغییرات ژنوتیپی بر ضریب تغییرات مقادیر باقی مانده		0.50	0.5389	0.2524	0.01	0.15
Ratio of genotypic CV to residual CV						

* و **: به ترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد. اعداد داخل پرانتز درصد واریانس هستند.
* and **: Significant at the probability levels of 5% and 1%, respectively. Numbers in parentheses are percentage variance.

ادامه جدول ۴.

Table 4. Continued.

منابع تغییرات	درجه آزادی	وزن صد دانه	شاخص برداشت	عملکرد کاه
S.O.V	df	100-seed weight	Harvest index	Straw yield
Environment (E) محیط	18	47.53**	14411.5**	177.51**
Replication in environment تکرار در محیط	38	1.01	84.3	4.52
Genotype (G) ژنوتیپ	9	1.5**	277.1**	3.84**
G × E ژنوتیپ در محیط	162	0.93**	142.5**	2.82**
Error خطا	342	0.46	101	1.35
Genotypic variance واریانس ژنوتیپی		0.01 (1.59)	2.36 (2.02)	0.02 (0.95)
G×E variance واریانس ژنوتیپ در محیط		0.16 (25.1)	13.84 (11.81)	0.48 (26.19)
Residual variance واریانس مقادیر باقی مانده		0.46 (73.3)	101 (86.18)	1.359 (72.85)

Phenotypic variance	واریانس فنوتیپی	0.63	117.2	1.866
Broad-sense heritability	وراثت پذیری عمومی	0.016	0.02	0.01
GEI	ضریب تشخیص اثرهای	0.25	0.12	0.26
Detection coefficient of GEI effects	وراثت پذیری میانگین ژنوتیپی	0.38	0.48	0.26
Genotypic mean heritability	دقت انتخاب ژنوتیپ	0.67	0.69	0.51
Genotype selection accuracy	همبستگی بین مقادیر ژنوتیپی در میان محیطها	0.26	0.12	0.26
Correlation among genotype values across environments	ضریب تغییرات ژنوتیپی	2.25	5.10	3.33
Genotypic coefficient of variation (%)	ضریب تغییرات مقادیر باقی مانده	15.26	33.38	29.03
Residual coefficient of variation (%)	نرخ ضریب تغییرات ژنوتیپی بر ضریب تغییرات مقادیر باقی مانده	0.15	0.15	0.11
Ratio of genotypic CV to residual CV				

* و **: به ترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد. اعداد داخل پرانتز درصد واریانس هستند.
* and **: Significant at the probability level of 5% and 1%, respectively. Numbers in parentheses are percentage variance.

ژنوتیپ (ردیفی) ژنوتیپها را بر اساس شباهت الگوهای پاسخ آنها بین محیطها و دندروگرام محیط (ستونی)، محیطها را بر اساس شباهت الگوهای پاسخ آنها بین ژنوتیپها گروه بندی می کند. در دندروگرام ژنوتیپ، می توان مشاهده کرد که G4 و G5 در یک گروه بندی قرار گرفتند و در اکثر محیطها عملکرد بالایی داشتند. برعکس، ژنوتیپهای G9 و G10 در یک گروه قرار گرفتند و در اکثر محیطها عملکرد پایینی داشتند.

نمودار حرارتی (شکل ۲) میانگین پاسخ ژنوتیپ را در هر محیط تجسم می کند. میانگین پاسخ توسط ستون (۱۹ محیط اجرای آزمایش) استاندارد شده است؛ به طوری که میانگین صفر و انحراف معیار یک یکسان باشد. در یک ستون، تیره ترین رنگ بالاترین مقدار پاسخ، و روشن ترین رنگ، کمترین مقدار پاسخ را نشان می دهد. نمودار حرارتی توسط دو دندروگرام مبتنی بر فاصله اقلیدسی، یعنی دندروگرام ژنوتیپ و دندروگرام محیط، تکمیل شده است. دندروگرام

جدول ۵- میانگین صفات اندازه گیری شده و نتایج رتبه شاخص های مختلف گزینش در ژنوتیپهای ماشک
Table 5. Average measured traits and ranking results of different selection indices in common vetch genotypes

ژنوتیپ	عملکرد دانه (تن در هکتار)	عملکرد علوفه تر (تن در هکتار)	عملکرد زیست توده (تن در هکتار)	تعداد غلاف در بوته	تعداد دانه در غلاف	وزن صد دانه (گرم)	شاخص برداشت (/.)	عملکرد کاه (تن در هکتار)
Genotype	Grain yield (t ha ⁻¹)	Fresh forage yield (t ha ⁻¹)	Biological yield (t ha ⁻¹)	Number of pods per plant	Number of seeds per pod	100-seed weight (g)	Harvest index (%)	Straw yield (t ha ⁻¹)
G1	1.44	22.32	5.59	22.5	5.24	4.27	69.75	4.15
G2	1.45	22.21	5.73	21.58	5.26	4.59	64.94	4.28
G3	1.42	21.95	5.2	21.55	5.09	4.23	80.63	3.78
G4	1.39	23.29	5.44	21.95	5.19	4.6	67.15	4.05
G5	1.43	23.49	5.37	20.44	5.22	4.64	55.93	3.95
G6	1.33	22.08	5.14	20.86	5.02	4.5	72.35	3.81
G7	1.34	22.69	4.99	21.19	5.02	4.53	62.28	3.64
G8	1.34	22.95	5.03	21.5	5.24	4.47	71.8	3.69

G9	0.96	15.9	4.57	21.53	4.87	4.24	74.67	3.61
G10	1.12	16.71	4.61	20.15	4.97	4.29	63.88	3.5

ادامه جدول ۵.

Table 5. Continued.

Genotype	شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل SIIG	درصد عملکرد نسبت به میانگین Yield relative to average (%)	درصد عملکرد نسبت به شاهد طلوع Yield relative to Tolo check (%)	درصد عملکرد نسبت به شاهد مراغه Yield relative to the Maragheh check (%)	رتبه شاخص های مختلف انتخاب			
					Ranking of various selection indicators			
					SIIG	MGIDI	FAI-BLUP	MTSI
G1	0.73	108.9	108.9	150.0	1	1	4	3
G2	0.71	109.7	109.7	151.0	4	2	1	7
G3	0.72	107.4	107.4	147.9	2	5	5	2
G4	0.72	105.1	105.1	144.8	3	3	2	1
G5	0.58	108.2	108.2	149.0	7	8	7	9
G6	0.66	100.6	100.6	138.5	5	6	6	4
G7	0.55	101.4	101.4	139.6	8	7	9	5
G8	0.65	101.4	101.4	139.6	6	4	3	6
G9	0.31	72.6	72.6	100.0	9	9	8	10
G10	0.23	84.7	84.7	116.7	10	10	10	8

جدول ۶- میانگین ژنوتیپ‌های انتخابی در مناطق مختلف با استفاده از شاخص‌های مختلف انتخاب

Table 6. Average of selected genotypes different regions using different selection indices

شاخص انتخاب	ژنوتیپ های انتخاب شده	عملکرد دانه (تن در هکتار) Grain yield (t.ha ⁻¹)	عملکرد علوفه تر (تن در هکتار) Fresh forage yield (t.ha ⁻¹)	عملکرد زیست توده (تن در هکتار) Biological yield (t.ha ⁻¹)	تعداد غلاف در بوته Number of pods per plant	تعداد دانه در غلاف Number of seeds per pod
MGIDI	G1, G2	1.44	22.26	5.66	22.04	5.25
MTSI	G4, G3	1.41	22.62	5.32	21.75	5.14
FAI-BLUP	G2, G4	1.42	22.75	5.59	21.77	5.23
SIIG	G2, G4, G1, G3	1.43	22.44	5.49	21.89	5.19
Average	-	1.42	22.52	5.51	21.86	5.20

ادامه جدول ۶.

Table 6. Continued.

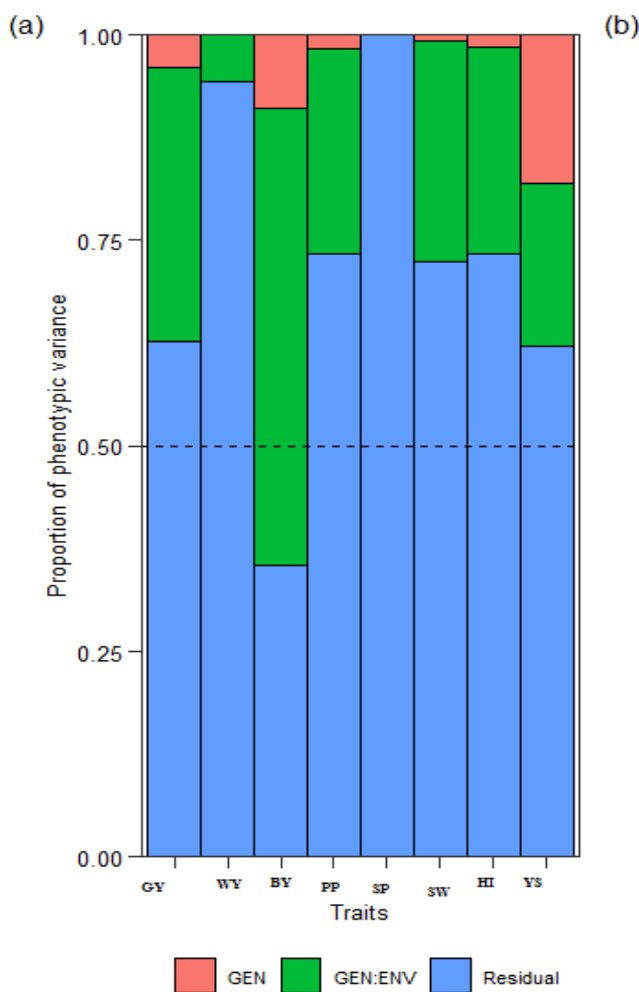
شاخص انتخاب	وزن صد دانه (گرم) 100-seed weight (g)	شاخص برداشت (%) Harvest index (%)	عملکرد کاه (تن در هکتار) Straw yield (t.ha ⁻¹)
MGIDI	4.43	67.34	4.22
MTSI	1.41	22.62	5.32
FAI-BLUP	4.59	66.04	4.17
SIIG	4.42	70.62	4.07
Average	3.71	56.66	4.44

(شکل ۲). در این نمودار، ژنوتیپ دارای عملکرد یکنواخت در تمام محیط ها، می تواند پایدار باشد. بر این اساس، ژنوتیپ‌های G2، G5، G3 و G4 را

در دندروگرام محیط، E2 و E4 و همچنین E5 و E1 نزدیک به هم قرار گرفته‌اند که نشان می‌دهد هر گروه الگوهای پاسخ مشابهی بین ژنوتیپ‌ها دارد

عملکرد هر ژنوتیپ در محیط‌های مختلف برای بیان تنوع در بین محیط‌ها استفاده کرد؛ به طوری که ژنوتیپ‌های ۹، ۱۰، ۸ و ۷ دارای تنوع بیشتر در محیط‌های مطالعه شده بودند (شکل ۲). پژوهشگران دیگری نیز واکنش‌های متفاوت ژنوتیپ‌های ماشک معمولی را در محیط‌های مختلف گزارش کرده‌اند (Dong, 2019; Georgieva *et al.*, 2015; Parissi *et al.*, 2022).

می‌توان پایدار در نظر گرفت. عملکرد ژنوتیپ‌ها در هر محیط بیانگر تنوع درون آن محیط است، به طوری که هر اندازه رنگ‌های مربوط به ژنوتیپ‌های درون یک محیط متفاوت‌تر باشند، حاکی از گوناگونی بین ژنوتیپ‌های درون آن محیط است (Karimizadeh *et al.*, 2020). در محیط‌های ۱، ۷، ۹، ۱۰ و ۱۷، ژنوتیپ‌ها از تنوع عملکردی بیشتری برخوردار بودند. از طرف دیگر، می‌توان از تفاوت



شکل ۱- نسبت مؤلفه‌های واریانس برای صفات مورد مطالعه (Gen: ژنوتیپ، Env: محیط)

عملکرد دانه (GY)، عملکرد علوفه تر (WY)، عملکرد زیست توده (BY)، تعداد غلاف در بوته (PP)، تعداد دانه در غلاف (SP)، وزن صد دانه (SW)، شاخص برداشت (HI) و عملکرد کاه (YS)

Figure 1. Ratio of variance components for the studied traits (Gen: genotype, Env: environment) Grain yield (GY), Fresh forage yield (WY), Biological yield (BY), Number of pods per plant (PP), Number of seeds per plant (SP), 100-seed weight (SW), Harvest index (HI), Straw yield (YS)

جدول ۷- ارزیابی معنی داری فاکتورها در مدل مختلط و برآورد اجزای واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده برای صفات مطالعه شده

Table 7. Evaluation of the significance of factors in the mixed model and estimation of variance components using the restricted maximum likelihood method for the studied traits

Statistics	Likelihood ratio test							
	آزمون نسبت درست‌نمایی							
	عملکرد دانه		عملکرد علوفه تر		عملکرد زیست توده		تعداد غلاف در بوته	
Grain yield		Fresh forage yield		Biological yield		Number of pods per plant		
	Genotype	G × E	Genotype	G × E	Genotype	G × E	Genotype	G × E
Chi-square (χ^2)	9.91 **	182.4 **	42.843 **	26.236 **	4.292*	53.798**	0.0011**	1.5779

* و **: به ترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

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

ادامه جدول ۷.

Table 7. Continued.

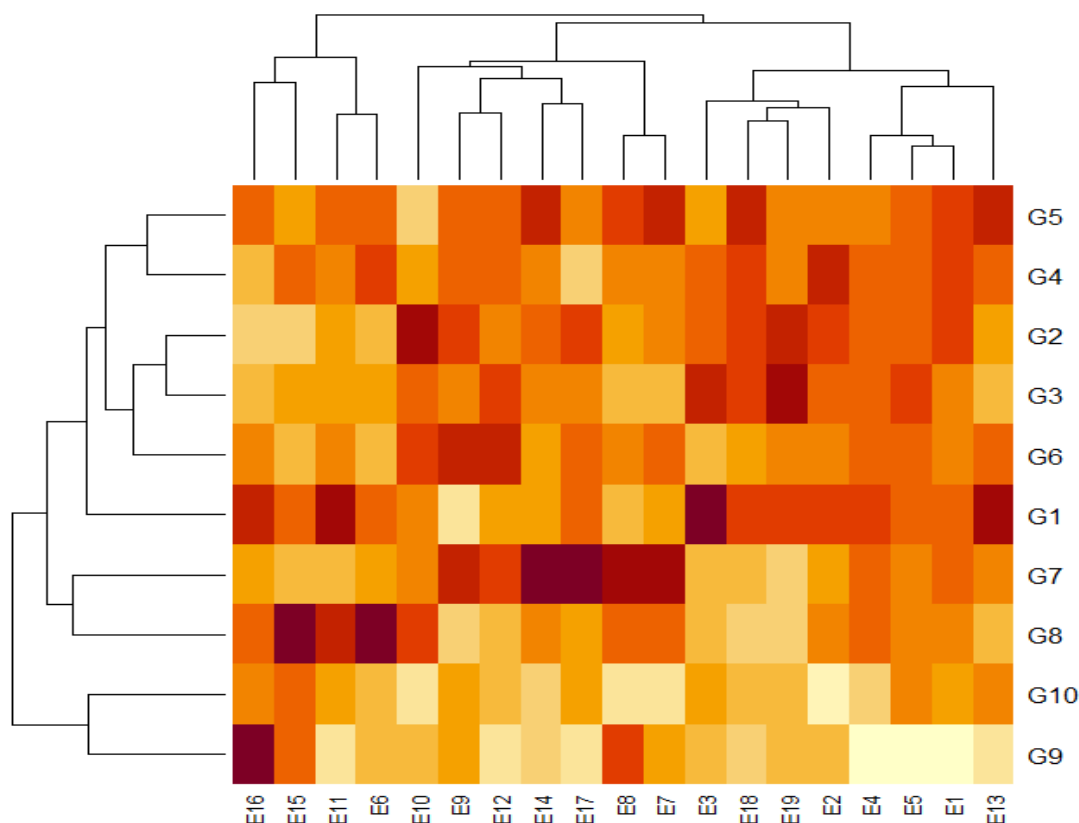
Statistics	Likelihood ratio test							
	آزمون نسبت درست‌نمایی							
	تعداد دانه در غلاف		وزن صد دانه		شاخص برداشت		عملکرد کاه	
Number of seeds per plant		100-seed weight		Harvest index		Straw yield		
	Genotype	G × E	Genotype	G × E	Genotype	G × E	Genotype	G × E
Chi-square (χ^2)	1.1216	29.1946**	1.1276	1.1276**	2.3111	6.7637**	0.4466	31.4896**

* و **: به ترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

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

انتخاب ژنوتیپ‌ها توسط محققان مختلف در جو (Aflatoon *et al.*, 2024)، سورگوم (Figueiredo *et al.*, 2024) گزارش شده است و آن‌ها بیان کردند که شاخص FAI-BLUP یک ابزار مناسب برای انتخاب همزمان صفات مهم برای اصلاح جو و سورگوم می‌باشد. بین شاخص FAI-BLUP و MTSI تفاوت‌هایی وجود دارد از جمله این که در شاخص FAI-BLUP گزینش ژنوتیپ‌ها فقط بر پایه نمود متغیرها انجام می‌شود؛ در حالی که در شاخص MTSI، هم نمود متغیرها و هم الگوی پایداری آن‌ها مد نظر است (Rocha *et al.*, 2018; Olivoto *et al.*, 2019). لازم به توضیح است که در این پژوهش پایداری ژنوتیپ‌ها مد نظر بوده است.

در شکل ۳a دایره قرمز نشان‌دهنده نقطه برش شاخص MTSI با توجه به شدت انتخاب است. در واقع این خط به عنوان معیار گزینش ژنوتیپ‌ها در نظر گرفته می‌شود. بنابراین، دو ژنوتیپ G3 و G4 به ترتیب با کمترین مقدار MTSI به عنوان برترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند. شاخص FAI-BLUP نیز یک شاخص چندصفتی است که در این بررسی از حالت مدل مختلط به عنوان داده ورودی استفاده شده است. دایره قرمز در شکل ۳b نشان‌دهنده نقطه برش FAI-BLUP با توجه به شدت انتخاب است. بنابراین، دو ژنوتیپ G2 و G4 به ترتیب با بیشترین مقدار FAI-BLUP به عنوان برترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند. کارایی شاخص FAI-BLUP در

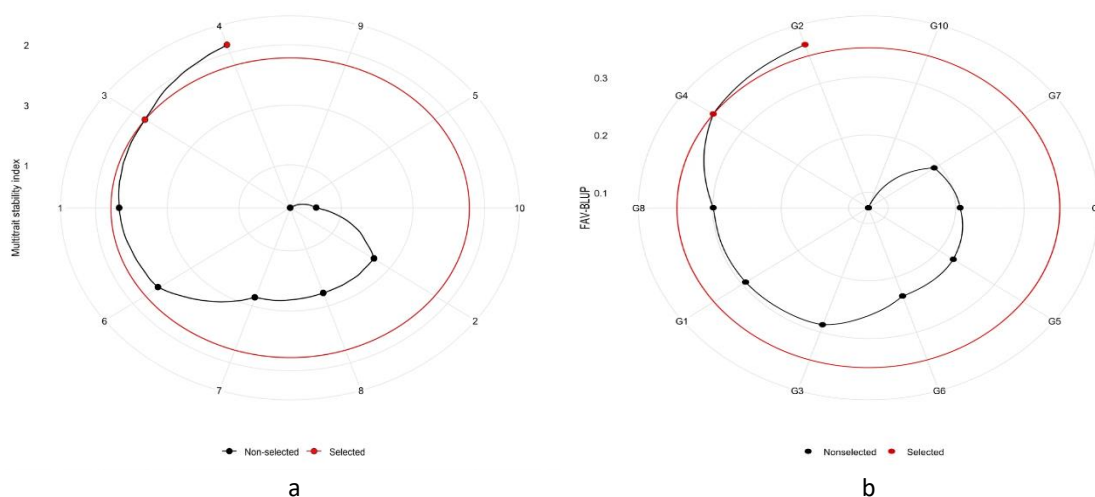


شکل ۲- نمودار گرمایی پراکنش عملکرد ژنوتیپها در محیطها (سالها) بر اساس تفاوت رنگ و تنوع ژنوتیپها و محیطها

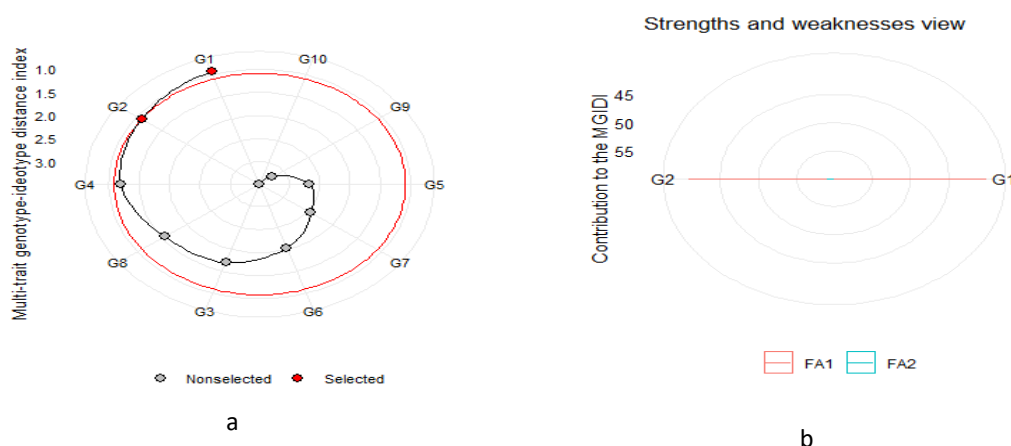
Figure 2. Heatmap of the distribution of the genotype yield in environments (years) based on the color difference and diversity of the genotypes and environments

توجیه کننده (نزدیک به مرکز نمودار) تا کمترین عامل توجیه کننده (دور از مرکز نمودار) طبقه‌بندی شد. کوچکترین سهم توجیه شده توسط هر عامل که به لبه خارجی نزدیک است، بیانگر نزدیک بودن صفات در آن عامل به ژنوتیپ ایده‌آل است. در صورتی که همه عوامل به یک اندازه نقش داشته باشند، خط‌چین نشان‌دهنده ارزش نظری است. کاربرد شاخص MGIDI در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر ماشک در سایر تحقیقات نیز گزارش شده است (Abdi *et al.*, 2023).

شاخص MGIDI برای انتخاب ژنوتیپ‌ها با در نظر گرفتن تمام صفات اندازه‌گیری شده در نظر گرفته شد. ژنوتیپ‌های انتخاب شده با استفاده از شاخص MGIDI عبارت بودند از ژنوتیپ‌های G1 و G2 (شکل ۴a)؛ همچنین نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخابی در شکل ۴b نشان داده شده است. در این شکل نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخابی بر اساس سهم هر عامل در شاخص MGIDI ارائه شده است. برای هر ژنوتیپ گزینش شده، سهم هر عامل در شاخص MGIDI از بیشترین عامل



شکل ۳- الگوی رتبه‌بندی و ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر اساس شاخص MTSI (a) و شاخص FAI- BLUP (b).
Figure 3. Ranking pattern and selected genotypes based on MTSI index (a) and FAI-BLUP index (b).



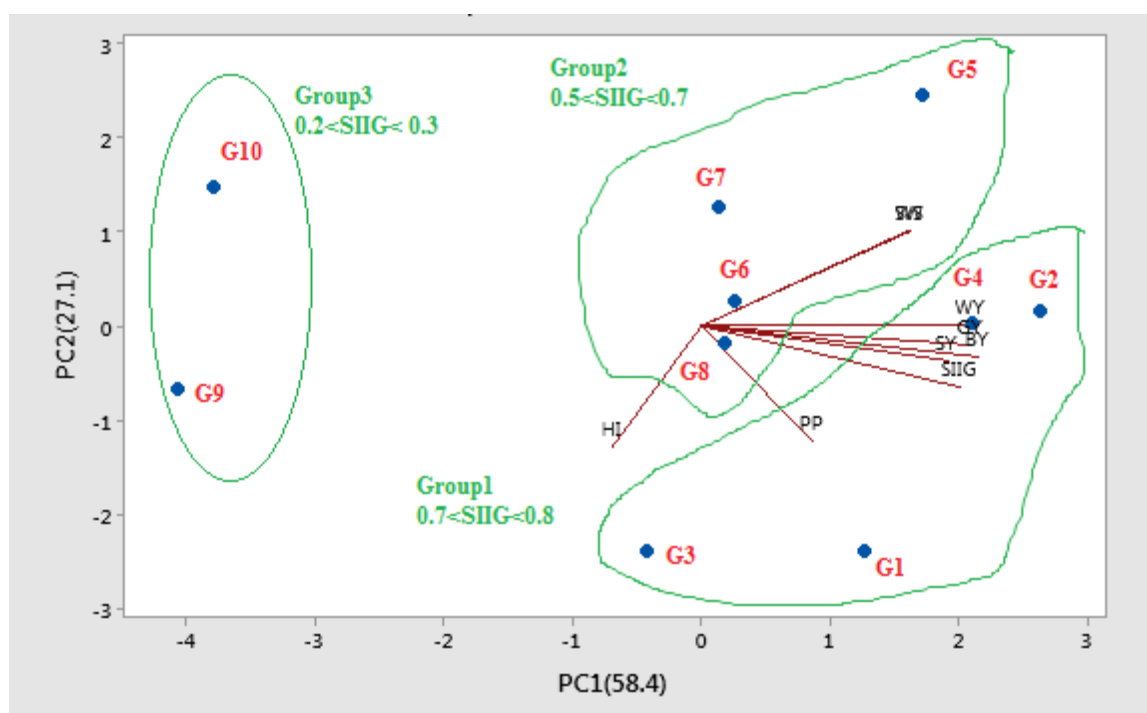
شکل ۴- (a) الگوی رتبه‌بندی و ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر اساس شاخص MGIDI. (b) نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های انتخاب شده، به عنوان نسبت هر عامل در شاخص MGIDI محاسبه شده نشان داده شده است.
Figure 4. (a) Ranking pattern and selected genotypes based on MGIDI index. (b) Strengths and weaknesses of selected genotypes are shown as the proportion of each factor in the calculated MGIDI index.

ترتیب دارای بیشترین سهم در دومین مؤلفه بودند. صفت عملکرد علوفه تر بیشترین سهم را در سومین مؤلفه داشت. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان دادند که عملکرد دانه، عملکرد علوفه تر، عملکرد زیست توده و عملکرد کاه بیشترین همبستگی را با شاخص SIIG داشتند (شکل ۵). بنابراین، در شرایط این تحقیق، شاخص SIIG ژنوتیپ‌ها را بیشتر بر اساس مقدار بالای عملکرد دانه، عملکرد علوفه تر، عملکرد زیست توده و عملکرد کاه رتبه‌بندی نموده

به منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از شاخص SIIG و بررسی ارتباط بین صفات مورد ارزیابی از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی استفاده شد. اولین و دومین مؤلفه به ترتیب ۵۸/۴ و ۲۷/۱ درصد از کل واریانس تغییرات ارتباط بین صفات و دسته‌بندی ژنوتیپ‌ها را توجیه نمودند (شکل ۵). در مؤلفه اصلی اول عملکرد دانه، تعداد دانه در غلاف و عملکرد کاه بیشترین سهم را داشتند. صفات عملکرد زیست توده، وزن صد دانه و شاخص برداشت به

SIIG آن‌ها بین ۰/۲ تا ۰/۳ بود (شکل ۵). شیرزاد و همکاران (Shirzad *et al.*, 2022) در بررسی ژنوتیپ‌های امیدبخش گیاه علوفه‌ای جو با استفاده از شاخص SIIG بیان نمودند که یک انطباق نسبی بین شاخص SIIG و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی وجود دارد.

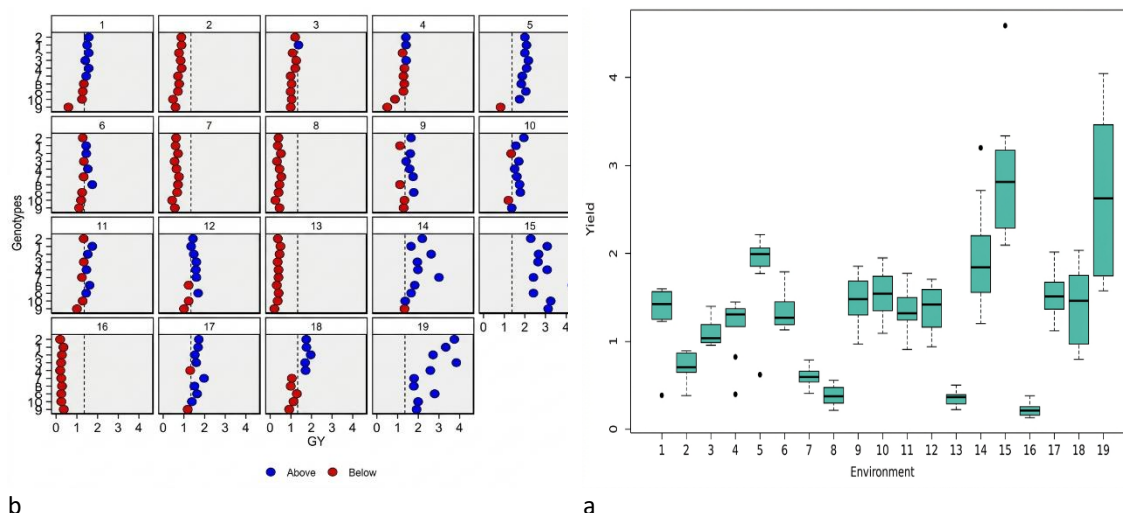
است. بر اساس نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، ژنوتیپ‌ها در سه گروه قرار گرفتند. گروه اول شامل ژنوتیپ‌هایی (G2، G4، G1 و G3) بود که مقدار شاخص SIIG آن‌ها بین ۰/۷ تا ۰/۸ بود. ژنوتیپ‌هایی (G5، G7، G8 و G6) که مقدار SIIG آن‌ها بین ۰/۵ تا ۰/۷ بود در گروه دوم قرار داشتند. گروه سه شامل ژنوتیپ‌هایی (G9 و G10) بود که مقدار شاخص



شکل ۵- بای‌پلات تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص SIIG

عملکرد دانه (GY)، عملکرد علوفه تر (WY)، عملکرد زیست توده (BY)، تعداد غلاف در بوته (PP)، تعداد دانه در غلاف (SY)، وزن صد دانه (SW)، شاخص برداشت (HI) و عملکرد کاه (SY)

Figure 5. Biplot of principal component analysis and genotype grouping based on SIIG index
Grain yield (GY), Fresh forage yield (WY), Biological Yield (BY), Number of pods per Plant (PP),
Number of seeds per Plant (SP), 100-seed weight (SW), Harvest index (HI), Straw yield (YS)



b

a

شکل ۶ - باکس پلات میانگین عملکرد دانه (a) و عملکرد ژنوتیپها (b) در محیطهای نوزده گانه

Figure 1. Box plot of average grain yield (a) and genotype yield (b) in nineteen environments

ترویجی و انفارم) در برنامه‌های به‌نژادی مورد توجه قرار داد.

سپاسگزاری

این مقاله مستخرج از پروژه تحقیقاتی با عنوان ارزیابی اثر برهمکنش ژنوتیپ × محیط، پایداری عملکرد دانه و علوفه ژنوتیپ های ماشک *Vicia sativa* در آزمایش های یکنواخت سراسری مناطق گرمسیر دیم با شماره مصوب ۰۵۶-۱۵-۰۶۶-۹۸۱۰۶۵ است که بدین‌وسیله تشکر و قدردانی می‌گردد.

نتیجه‌گیری

با توجه به نتایج به دست آمده از شاخص‌های مختلف انتخاب، می‌توان ژنوتیپ‌های G1، G2، G3 و G4 انتخاب شده توسط شاخص‌های MGIDI، SIIG، MTSi و FAI-BLUP را به دلیل عملکرد دانه بالاتر از شاهد، عملکرد زیست توده بالاتر، تعداد دانه در بوته بیشتر، تعداد دانه در غلاف، وزن صد دانه و عملکرد کاه بالاتر، به‌عنوان ژنوتیپ‌های کاندید برای بررسی‌های تکمیلی (مانند آزمایشات تحقیقی-

منابع

- Abdi H, Tabrizvand Taheri M, Alizadeh K, Shahbazi Dourbash S. 2023. Investigating the Phenotypic Diversity of Vetch (*Vicia sativa* L.) Genotypes from Different Species Under the Rain-fed Conditions of Maragheh City. *Taxonomy and Biosystematics*, 15(55), 19-34. <http://doi.org/10.22108/TBJ.2023.137151.1227> (In Persian)
- Akdeniz H, Koc A, Islam MS, El Sabagh A. 2018. Performances of hairy vetch varieties under different locations of Mediterranean environment. *Fresenius Environmental Bulletin*, 27(6), 4263-4269.
- Aflatooni H, Sofalian O, Zali H, Asghari A. 2024. Selection of Hull-Less Barley Superior Genotypes for the Warm Climate of Southern Fars in Iran. *Isfahan University of Technology-Journal of Crop Production and Processing*, 14(3), 1-20. <https://doi.org/10.47176/jcpp.14.3.32903> (In Persian)
- Askari Kelestani AR, Esmaeilzadeh Moghadam M, Tahmasebi S, Dastfal M. 2025. Evaluation of promising high-yield bread wheat lines with desirable agronomic traits using the selection index of ideal genotype (SIIG) in southern Fars province. *Crop Science Research in Arid Regions*, 7(1), 105-123. <https://doi.org/10.22034/csrr.2025.479920.1438> (In Persian)

- Benakanahalli NK, Sridhara S, Ramesh N, Olivoto T, Sreekantappa G, Tamam N, Abdelbacki AM, Elansary HO, Abdelmohsen SA. 2021. A Framework for identification of stable genotypes based on MTSI and MGDII Indexes: An example in Guar (*Cymopsis tetragonoloba* L.). *Agronomy*, 11(6), 1221. <https://doi.org/10.3390/agronomy11061221>
- Bhering LL, Laviola BG, Salgado CC, Sanchez CFB, Rosado TB, Alves AA. 2012. Genetic gains in physic nut using selection indexes. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47, 402-408. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2012000300012>
- Bizari EH, Unêda-Trevisoli SHU, Val BHP, Pereira EDM, Di Mauro AO. 2017. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. *Revista de Ciências Agrícolas*, 48, 110-117. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>
- Bocianowski J, Waligóra H, Majchrzak L. 2024. Genotype by year interaction for selected traits in sweet maize (*Zea mays* L.) hybrids using AMMI model. *Euphytica*, 220(89). <https://doi.org/10.1007/s13353-024-00899-4>
- Burdon RD, Li Y. 2019. Genotype-environment interaction involving site differences in expression of genetic variation along with genotypic rank changes: simulations of economic significance. *Tree Genetics & Genomes*, 15(2). <https://doi.org/10.1007/s11295-018-1308-3>
- Costa CDSR, de Lima MAC, Neto FPL, da Silva Costa AE, Vilvert JC, Martins LSS, dos Santos Musser R. 2023. Genetic parameters and selection of mango genotypes using the FAI-BLUP multitrait index. *Scientia Horticulturae*, 317, 112049.
- Dastfal M, Aghaee-Sarbarzeh M, Zali H. 2022. Genetic diversity and selection of durum wheat pure lines with desirable agronomy traits using SIIG index. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 53(1), 161-174. <https://doi.org/10.22059/ijfcs.2021.298388.654691> (In Persian)
- Dong R, Shen SH, Jahufer MZ, Dong DK, Luo D, Zhou Q, Chai XT, Luo K, Nan ZB, Wang YR, Liu ZP. 2019. Effect of genotype and environment on agronomical characters of common vetch (*Vicia sativa* L.). *Genetic Resources and Crop Evolution*, 66(7), 1587-1599. <https://doi.org/10.1007/s10722-019-00789-3>
- Fasoula VA. 2009. Selection of high yielding plants belonging to entries of high homeostasis maximizes efficiency in maize breeding. In *Proceedings of the XXI International Eucarpia Conference in Maize and Sorghum Breeding in the Genomics Era*, Bergamo, Italy (Vol. 2124), p.29.
- Figueiredo JMMD, Parrella RADC, Nunes JAR. 2024. Genetic parameters and selection for multiple traits in sorghum for forage purposes. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 24(2), e48122429. https://doi.org/10.1007/978-3-032-04527-0_3
- Firincioglu HK, Tate M, Ünal S, Doğruyol L, Özcan İ. 2007. A selection strategy for low toxin vetches (*Vicia sativa* spp.). *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 31(5), 303-311.
- Firincioglu HK, Erbehtas E, Dogruyol L, Mutlu Z, Ünal S, Karakurt E. 2009. Phenotypic variation of autumn and spring-sown vetch (*Vicia sativa* ssp.) populations in central Turkey. *Spanish Journal of Agricultural Research*, (3), 596-606. <https://doi.org/10.5424/sjar/2009073-444>
- Georgieva N, Nikolova I, Kosev V. 2015. Stability analysis for seed yield in vetch cultivars. *Emirates Journal of Food and Agriculture*, 27(12), 903-910. <https://doi.org/10.9755/ejfa.2015-04-172>
- Georgieva N, Nikolova I, Delchev G. 2020. Response of spring vetch (*Vicia sativa* L.) to organic production conditions. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 26(3), 520-526.
- Gresta F, Avola G, Cannavò S, Santonoceto C. 2018. Morphological, biological, productive and qualitative characterization of 68 Guar (*Cyamopsis tetragonoloba* (L.) Taub.) genotypes. *Industrial Crops and Products*, 114, 98-107. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2018.01.070>
- Hazel LN. 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28(6), 476-490. <https://doi.org/10.1093/genetics/28.6.476>
- Hazel LN, Dickerson GE, Freeman AE. 1994. The selection index—then, now, and for the future. *Journal of Dairy Science*, 77(10), 3236-3251. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(94\)77265-9](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(94)77265-9)
- Holland JB. 2006. Estimating genotypic correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc MIXED. *Crop Science*, 46, 642-654. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.0191>

- Karimizadeh R, Pezeshkpour P, Barzali M, Mehraban A, Sharifi P. 2020. Evaluation the mean performance and stability of lentil genotypes by combining features of AMMI and BLUP techniques. *Journal of Crop Breeding*, 12(36), 160-170. <https://doi.org/10.52547/jcb.12.36.160> (In Persian)
- Ladoui KK, Yahiaoui S, Mefti M, Benbelkacem A, Ouakkal M, Djenadi C. 2025. Multi-trait selection of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes under semi-arid conditions in Algeria. *Revista Facultad Nacional de Agronomía Medellín*, 78(3), 11191-11201.
- Malosetti M, Ribaut JM, van Eeuwijk FA. 2013. The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. *Frontiers in Physiology*, 4, 44. <https://doi.org/10.3389/fphys.2013.0004>
- Naveen A, Singh SP, Singhal T, Reddy S, Bhargavi HA, Yadav SSH, Kapoor C, Supriya P, Singh N, Satyavathi CT. 2025. Delineation of selection efficiency and coincidence of multi-trait-based models in a global germplasm collection of pearl millet for a comprehensive assessment of stability and high performing genotypes. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 72(4), 4843-4859. <https://doi.org/10.1007/s10722-024-02245-3>
- Nizam I, Orak A, Kamburoglu I, Cubuk MG, Moralár E. 2011. Yield potentials of narbonne vetch (*Vicia narbonensis* L.) genotypes in different environmental conditions. *Journal of food Agriculture & Environment*, 9(1), 314-318.
- Olivoto T, Nardino M. 2021. MGIDI: Toward an effective multivariate selection in biological experiments. *Bioinformatics*, 37(10), 1383-1389. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa981>
- Olivoto T. 2019. Metan: multi environment trials analysis. R package version 1.1.0. <https://github.com/TiagoOlivoto/metan> (accessed 24 June 2019)
- Olivoto T, Lúcio ADC, da Silva JAG, Marchioro VS, de Souza VQ, Jost E. 2019a. Mean performance and stability in multi-environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*, 111(6), 2949-2960. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220>
- Olivoto T, Lúcio ADC, da Silva JAG, Sari BG, Diel MI. 2019b. Mean performance and stability in multi-environment trials II: Selection based on multiple traits. *Agronomy Journal*, 111(6), 2961-2969. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0221>
- Olivoto T, Lucio AD. 2020. Metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution*, 11, 783-789. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>
- Pallavi M, Prasad BM, Shanthi P, Reddy VLN, Kumar AN. 2024. Multi trait genotype-ideotype distance index (MGIDI) for early seedling vigour and yield related traits to identify elite lines in rice (*Oryza sativa* L.). *Electronic Journal of Plant Breeding*, 15(1), 120-131. <https://doi.org/10.37992/2024.1501.020>
- Parissi Z, Irakli M, Tigka E, Papastylianou P, Dordas C, Tani E, Vlachostergios DN. 2022. Analysis of genotypic and environmental effects on biomass yield, nutritional and antinutritional factors in common vetch. *Agronomy*, 12(7), 1678. <https://doi.org/10.3390/agronomy12071678>
- Pezeshkpour P, Karimizadeh R. 2023. Evaluation of the mean performance and stability of chickpea genotypes by integration AMMI and BLUP models and selection based on Multi-Trait Stability Index (MTSI). *Journal of Crop Breeding*, 15(46), 73-83. <https://doi.org/10.61186/jcb.15.46.73> (In Persian)
- Pezeshkpour P, Amiri R, Namdari A. 2023. Study of agronomic traits and their relationship in promising lentil lines under rain-fed conditions. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 16(1), 35-51. <https://doi.org/10.22077/escs.2021.4307.2005> (In Persian)
- Pezeshkpour P, Amiri R, Karami I, Mirzaei A. 2024 a. Evaluation of seed yield stability of lentil genotypes based on REML/BLUP and Multi-Trait Stability Index (MTSI). *Journal of Crop Breeding*, 16(2), 42-52. <https://doi.org/10.61186/jcb.16.2.42> (In Persian).
- Pezeshkpour P, Armion M, Rostami B. 2024 b. Evaluation of the efficiency of WAASB, WAASBY indices and and linear mixed effects model (LMM) for identifying high-yielding lentil genotypes adapted to rainfed regions. *Crop Science Research in Arid Regions*, 6(2), 431-452. <https://10.22034/CSRAR.2024.376438.1301> (In Persian)
- Pezeshkpour P, Amiri R, Jahangiri A. (2025). Evaluation of performance stability of chickpea genotypes using AMMI, BLUP, MTSI and MGIDI Indexes. *Journal of Agricultural Science and*

- Sustainable Production, 35(2), 43-62. <https://doi.org/10.22034/saps.2024.60435.3177> (In Persian)
- Prunier JG, Colyn M, Legendre X, Nimon KF, Flamand MC. 2015. Multicollinearity in spatial genetics: separating the wheat from the chaff using commonality analyses. *Molecular Ecology*, 24(2), 263-283. <https://doi.org/10.1111/mec.13029>
- Pour-Aboughadareh A, Jamshidi B, Jadidi O, Bocianowski J, Niemann J. 2025. Multi-trait stability index in the selection of high-yielding and stable barley genotypes. *Journal of Applied Genetics*. <https://doi.org/10.1007/s13353-025-00998-w>
- Rahmati M, Karimizadeh R. 2025. Selection of bread wheat genotypes based on multi-trait selection index (MGIDI and SIIG). *Plant Productions*, 48(2), 189-205. (In Persian)
- Resende MDVD. 2016. Software Selegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16, 330-339. <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>
- Rinnofner T, Friedel JK, De Kruijff R, Pietsch G, Freyer B. 2008. Effect of catch crops on N dynamics and following crops in organic farming. *Agronomy for sustainable development*, 28(4), 551-558. <https://doi.org/10.1051/agro:2008028>
- Rocha JRDASDC, Machado JC, Carneiro PCS. 2018. Multitrait index based on factor analysis and ideotype -design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. *Global Change Biology and Bioenergy*, 10(1), 52-60. <https://doi.org/10.1111/gcbb.12443>
- Sellami MH, Lavini A, Pulvento C. 2021. Phenotypic and quality traits of chickpea genotypes under rainfed conditions in south Italy. *Agronomy*, 11(5), 1-15. <https://doi.org/10.3390/agronomy11050962>
- Shirzad A, Asghari A, Zali H, Sofalian O, Mohammaddoust Chamanabad HR. 2022. Selection of barley superior lines with desirable agronomic characteristics using the selection index of ideal genotype (SIIG). *Journal of Crop Production and Processing*, 12(1), 97-117. <https://doi.org/10.47176/jcpp.12.1.32902> (In Persian)
- Smith HF. 1936. A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7, 240-250. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>
- Stephens MJ, Alspach PA, Beatson RA, Winefield C, Buck EJ. 2012. Genetic parameters and development of a selection index for breeding red raspberries for processing. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 137(4), 236-242.
- Subramani P, Nalliappan GK, Narayana M, Veerasamy R, Natesan S. 2024. Selection of superior and stable fodder maize hybrids using MGIDI and MTSI indices. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 24(4), e498624418. <https://doi.org/10.1590/1984-70332024v24n4a55>
- Wright K, Laffont JL. 2018. Genotype plus genotype-by-environment biplots. R package. <https://Kwstat.Github.io/gge/index.html>.
- Yau SK, Bounejmate M, Ryan J, Baalbaki R, Nassar A, Maacaroun R. 2003. Barley-legumes rotations for semi-arid areas of Lebanon. *European Journal of Agronomy*, 19(4), 599-610. [https://doi.org/10.1016/S1161-0301\(03\)00006-6](https://doi.org/10.1016/S1161-0301(03)00006-6)
- Zali H, Sofalian O, Hasanloo T, Asgharii A, Hoseini SM. 2015. Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method. *Biological Forum – An International Journal*, 7(2), 703-711.



DOI: 0.22092/idaj.2026.371826.457

Selection of Superior Promising Common Vetch (*Vicia sativa* L.) Genotypes Using Selection Indices Based on Multiple Traits

Payam Pezeshkpour^{1*}, Behrouz Vaezi², Zainab sabzi³, Moslem Mahinkhah³ and Rogaye Sedagat Dail⁴

1- Associate Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Khorramabad, Iran.

2- Researcher, Kohgiluyeh and Boyerahmad Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Yasuj, Iran.

3- Researcher, Crop and Horticultural Science Research Department, Ilam Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Ilam, Iran.

4- Extension expert, Gachsaran Agricultural Jihad management.

EXTENDED ABSTRACT

Introduction: Common vetch (*Vicia sativa* L.), as one of the important legumes of Mediterranean regions, is of particular significance due to its high adaptability to low-input and organic farming systems as well as its diverse uses. Since rainfed lands are exposed to fluctuations in rainfall across different locations and time periods, and there is a high likelihood of moisture stress during critical growth stages, conducting multi-environment trials is essential for identifying stable and high-yielding genotypes. Multi-trait stability selection contributes to a more accurate evaluation of plant genotypes and facilitates more reliable results. Therefore, the objective of this study was to select superior common vetch genotypes based on a number of morphological traits using different indices derived from the REML/BLUP model, as well as the SIIG index, and to compare the efficiency of these indices.

Methodology: In this study, eight advanced common vetch genotypes, along with the check cultivars Maragheh and Tolou, were evaluated in a randomized complete block design with three replications at four Agricultural and Natural Resources Research Stations located in Kohgiluyeh and Boyer-Ahmad (Gachsaran), Lorestan (Khorramabad), and Ilam (Mehran and Chardavol) over five cropping seasons (2019–2024). Sowing was carried out using a Wintersteiger experimental seed drill in four 7-m rows, with 30 cm spacing between rows. Genetic parameters were estimated using the restricted maximum likelihood (REML) method. Statistical analyses were performed using SAS and R software.

Research findings: According to the results of the combined analysis of variance, significant differences were observed among environments and genotypes for most agronomic traits of common vetch. The genotype × environment interaction effects were also significant for the majority of traits. REML-based estimates showed that genotypic variance, residual variance, and G×EG×E variance explained 8.91%, 55.65%, and 35.45% of the total phenotypic variance for seed yield, respectively. The REML results further indicated that the highest and lowest heritability estimates were related to fresh forage yield and number of pods per plant, respectively. Overall, by comparing the results obtained from different indices, the genotypes selected by the SIIG index (G2, G4, G1, and G3) were identified as promising candidates for more advanced trials due to their superior seed yield, biomass yield, number of pods per plant, hundred-seed weight, and straw yield. In addition, the genotypes G1, G2, and G4 selected using the FAI-BLUP and MGIDI indices exhibited higher seed yield compared with the check cultivars. These findings highlight the importance of integrating multi-trait selection and stability analyses in common vetch breeding programs to enhance drought tolerance and ensure sustainable yield improvement in rainfed agricultural systems, while also providing valuable insights for breeding programs aimed at drought adaptation and yield enhancement.

Keywords: Genetic Parameters, Heat Map, Ideal Genotype, Mixed Model, Simultaneous Selection

* Corresponding author: : p.pezeshkpour@areeo.ac.ir

Submit date: 2025/12/20 Accept date: 2026/02/21