



Identification of Superior Cotton Cultivars using selection indexes of multi-trait

Mitra Vanda^{1*}, Omran Alishah²

¹Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran

²Cotton Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran.

Article Info

Article type:
Research Full Paper

Article history:

Received: 2024-6-23
Accepted 2024-10-19

Keywords:

Cotton
Graphical Analysis
Selection Index
Ideal Genotype
Yield
Fiber Quality

ABSTRACT

Background and Objective: Cotton is a crucial industrial crop globally, primarily cultivated for fiber and oilseed production. Understanding the genetic characteristics of cotton germplasm, especially regarding desirable traits, is essential for developing breeding populations aimed at specific goals. This study sought to assess the genetic diversity of promising cotton genotypes and identify superior genotypes for further breeding.

Materials and Methods: A total of 12 cotton genotypes, along with two regional commercial varieties (Bakhtegan and Golestan) as controls, were evaluated for agronomic traits using various statistical methods. The experiment was conducted in a randomized complete block design with four replications at the Hassnabad Darab Agricultural Research Station during the 2021-2022 crop year.

Results: The combined analysis of variance revealed that genotype had a significant effect on all studied traits at the 1% probability level, indicating substantial genetic diversity among the genotypes. Statistical analyses, including cluster analysis, genotype \times trait biplot (GTbiplot), multivariate genotype-ideotype distance index (MGIDI), and the selection index of ideal genotype (SIIG), identified AM-742, Tj82, and AM-1525 as top-performing genotypes. In contrast, genotypes 90-10699, Bakhtegan, and TTb-17 were ranked as the weakest. Cluster analysis classified the cotton genotypes into three distinct groups, aiding their selection for various breeding objectives. Genotype AM-742, ranked third in the cluster, exhibited the highest mean performance in terms of yield, fiber length, fiber strength, boll count per plant, and earliness. GTbiplot analysis indicated that AM-1525 and TTb-14 showed greater diversity compared to other genotypes. Notably, AM-1525 and Bakhtegan were found to differ significantly in several traits, suggesting their potential use in breeding programs aimed at enhancing genetic diversity and producing hybrids with superior performance, early maturity, and higher boll weight and count. REML analysis showed that fiber strength had the highest heritability (0.89), while yield (0.43) and earliness percentage (0.49) exhibited the lowest heritability values.

Conclusion: Genotypes AM-742, Tj82, and AM-1525 exhibit strong potential for introduction as new varieties and for use in breeding programs aimed at enhancing genetic diversity. Specifically, AM-742, which combines high yield with early maturity, stands out among the studied genotypes. Tj82, with its superior boll count per plant and overall performance in other traits, offers additional value for improving commercial varieties and developing new cultivars.

Cite this article: Vanda, M., Alishah, O. (2024). Identification of Superior Cotton Cultivars using selection indexes of multi-trait. *Iranian Journal Cotton Researches*, 12 (1), 13-28.



© The Author(s).

DOI: 10.22092/ijcr.2024.366121.1218

Publisher: Cotton Research Institute of Iran



شناسایی ژنوتیپ‌های برتر پنبه با استفاده از شاخص‌های گزینشی مبتنی بر صفات مختلف

میترا وندا^{۱*}، عمران عالیشاه^۲

^۱ مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، داراب، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران.
^۲ موسسه تحقیقات پنبه کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران، رایانامه: mivanda_2005@yahoo.com

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله: مقاله کامل علمی- پژوهشی	سابقه و هدف: پنبه از نظر اقتصادی، یکی از مهمترین محصولات صنعتی در جهان است که برای تولید الیاف و دانه‌ی روغنی کشت می‌شود. تعیین خصوصیات ژرم‌پلاسم از نظر صفات مورد نظر، ایجاد جمعیت‌های اصلاحی را که برای دستیابی به اهداف خاص طراحی می‌شوند، تسهیل می‌کند. این پژوهش به منظور بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های امیدبخش پنبه و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر انجام گرفت.
تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۴/۰۳ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۷/۲۸	مواد و روش‌ها: به منظور مطالعه برخی خصوصیات زراعی و شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب با استفاده از روش‌های آماری مختلف، ۱۲ ژنوتیپ پنبه به همراه ۲ رقم تجاری منطقه شامل بختگان و گلستان (به عنوان شاهد) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار در ایستگاه تحقیقات کشاورزی حسن‌آباد داراب، در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰ مورد ارزیابی قرار گرفت.
واژه‌های کلیدی: پنبه تجزیه گرافیکی شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل عملکرد کیفیت الیاف	یافته‌ها: نتایج تجزیه واریانس مرکب نشان داد که اثر رقم بر کلیه صفات مورد مطالعه در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار بود و تنوع ژنتیکی معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه وجود داشت. بر اساس نتایج روش‌های مختلف آماری شامل تجزیه خوشه‌ای، بای‌پلات ژنوتیپ × صفت (GTbiplot)، فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ چندصفتی (MGIDI) و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) ژنوتیپ‌های AM-742، Tj82 و AM-1525 به عنوان ژنوتیپ برتر و ژنوتیپ‌های 90-10699، بختگان و Ttb-17 به عنوان ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های پنبه در سه گروه متمایز طبقه‌بندی شدند که این موضوع انتخاب و استفاده از آنها در برنامه‌ها و اهداف مختلف به‌نژادی را تسهیل می‌کند. ژنوتیپ AM-742 در خوشه سوم جای گرفت و دارای بیشترین میانگین عملکرد وش، طول الیاف، استحکام الیاف، تعداد غوزه در بوته و زودرسی بود. تجزیه گرافیکی GTbiplot نشان داد در ژنوتیپ‌های AM-1525 و Ttb-14 تنوع بیشتری نسبت به سایر ژنوتیپ‌های مورد بررسی وجود دارد. همچنین نتایج نشان داد که ژنوتیپ AM-1525 با رقم بختگان، از نظر صفات مختلف با هم تفاوت زیادی دارند و می‌توان در برنامه‌های اصلاحی جهت نیل به حداکثر تنوع و بدست آوردن هیبریدهایی با عملکرد مطلوب، زودرس و دارای وزن و تعداد غوزه بالا، از این ژنوتیپ‌ها استفاده نمود. نتایج تجزیه REML حاکی از آن بود، که بیشترین مقدار وراثت‌پذیری

عمومی مربوط به استحکام الیاف پنبه (۰/۸۹) و کم‌ترین مقدار وراثت‌پذیری عمومی مربوط به عملکرد دانه (۰/۴۳) و درصد زودرسی (۰/۴۹) بود.

نتیجه‌گیری: ژنوتیپ‌های AM-742، Tj82 و AM-1525 قابلیت معرفی شدن به عنوان ارقام جدید و همچنین استفاده در برنامه‌های اصلاحی برای ایجاد تنوع ژنتیکی بالاتر را دارند. ژنوتیپ AM-742 ضمن داشتن عملکرد بالا، زودرس‌تر از دیگر ژنوتیپ‌های مورد بررسی می‌باشد. ژنوتیپ Tj82 دارای بیشترین تعداد غوزه در بوته بوده و از نظر سایر صفات مورد بررسی بالاتر از مقدار میانگین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه می‌باشد. این خصوصیات می‌تواند برای اصلاح ارقام تجاری و تولید رقم جدید در برنامه‌های اصلاحی مدنظر قرار گیرد.

استناد: ونداء، میترا؛ عالیشاه، عمران. (۱۴۰۳). شناسایی ژنوتیپ‌های برتر پنبه با استفاده از شاخص‌های گزینشی مبتنی بر صفات مختلف. *مجله پژوهش‌های پنبه ایران*، ۱۲ (۱)، ۲۸-۱۳.

DOI: 10.22092/ijcr.2024.366121.1218



© نویسندگان.

ناشر: موسسه تحقیقات پنبه کشور

مقدمه

پنبه از نظر اقتصادی، یکی از مهمترین محصولات صنعتی و قدیمی‌ترین گیاه لیفی در جهان است، که برای تولید الیاف و دانه‌ی روغنی کشت می‌شود (سیدمعصومی، ۲۰۲۲). پنبه‌های آپلند بیش از ۹۰٪ از سطح کشت پنبه ایران و جهان را تشکیل می‌دهند. در بازار جهانی، دانه پنبه در میان پنج دانه روغنی، در مقام دوم قرار دارد و علت آن غنی بودن پنبه دانه از مواد پروتئینی و روغنی می‌باشد (صدیق و همکاران، ۲۰۱۵). یکی از اساسی‌ترین برنامه‌های اصلاح نباتات، شناخت تنوع ژنتیکی جهت ارزیابی اولیه توده‌های گیاهی، انتخاب ژنوتیپ‌های مناسب و استفاده از آنها در برنامه‌های اصلاحی می‌باشد (باسباگ، ۲۰۰۷). معمولاً انتخاب ژنوتیپ‌هایی با کارایی بالا برای چند صفت به‌طور هم‌زمان دشوار و یا به عبارتی چالش برانگیز خواهد بود (شایان و همکاران، ۲۰۲۰). محققان شاخص‌های مختلفی را برای افزایش کارایی انتخاب و شناسایی ژنوتیپ‌های برخوردار از مجموعه‌ای از صفات مطلوب زراعی توسعه و معرفی نموده‌اند. مطالعات زیادی در ارتباط با ارزیابی صفات و تعیین ماهیت، اهمیت و ارتباط آنها با عملکرد با استفاده از تجزیه به عامل‌ها و سایر روش‌های چندمتغیره در پنبه انجام شده است (طلعت و همکاران، ۲۰۱۸؛ راتیناول، ۲۰۱۸؛ رضانی‌مقدم و همکاران، ۲۰۰۷؛ رمضان‌پور و همکاران، ۲۰۰۱). در بیشتر این تحقیقات بحث در مورد ارتباط بین صفات با عملکرد و نهایتاً گروه‌بندی آنها شده است ولی در بسیاری از آنها بحثی در مورد انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها نشده است. بنابراین نیاز به روش‌هایی است که بتواند انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب را با توجه به صفات مورد بررسی به‌طور مناسبی انجام دهد. برای این منظور، چندین شاخص انتخاب براساس صفات متعدد برای گزینش ژنوتیپ‌های برتر پیشنهاد شده است. این شاخص‌ها، چالش‌های اصلی که اغلب اصلاح‌کنندگان را در انتخاب محدود می‌کند را برطرف می‌سازد (بیزاری و همکاران، ۲۰۱۷). در این شاخص‌ها

سعی شده است که از تمامی صفات مهم، بدون توجه به همبستگی آنها با عملکرد دانه، در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر استفاده شود. در واقع هدف از این شاخص‌ها انتخاب غیرمستقیم برای عملکرد دانه نیست. بلکه هدف شناسایی ژنوتیپ‌های ایده‌آل از نظر عملکرد دانه و سایر صفات مورد بررسی می‌باشد. از جمله این روش‌ها می‌توان به شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل^۱ (SIIG) (زالی و همکاران، ۲۰۱۵)، شاخص ژنوتیپ لیدنوتیپ چندصفتی^۲ (MGIDI) (اولیووتو و ناردینو، ۲۰۲۰) GTbiplot (پکسوتو و همکاران، ۲۰۲۲؛ صدیق و همکاران، ۲۰۱۶) اشاره نمود. روش SIIG، برای اولین بار توسط زالی و همکاران (۲۰۱۵) برای ادغام روش‌های مختلف تجزیه پایداری معرفی شد. شاخص SIIG برگرفته از مدل TOPSIS^۳ یا اولویت‌بندی بر اساس شباهت به راه‌حل ایده‌آل می‌باشد که نخستین بار بوسیله ونگ و یون (۱۹۸۱) به‌عنوان یک روش تصمیم‌گیری چندمعیاره معرفی شد. از این روش می‌توان برای رتبه‌بندی و مقایسه بهتر ژنوتیپ‌های مختلف، انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها، تعیین فواصل بین ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی آنها استفاده نمود. شاخص MGIDI می‌تواند به‌طور هم‌زمان بسیاری از صفات و یا شاخص‌ها را در نظر بگیرد و همچنین نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های مورد آزمایش را ارزیابی کند (اولیووتو و ناردینو، ۲۰۲۰). استفاده از این شاخص در شناسایی ژنوتیپ‌های برتر جو (پورابوقداره و همکاران، ۲۰۲۳)، برنج (مامون و همکاران، ۲۰۲۲) و سایر گیاهان زراعی گزارش شده است. جلالی‌فر و همکاران (۲۰۲۳) بیان نمودند که استفاده از MGIDI دیفرانسیل انتخاب قابل توجهی (۵۹/۱۲ درصد) را برای صفات مربوط به مقاومت به بیماری بلاست برگ برنج به همراه داشت که اثربخشی این روش را نشان می‌دهد. تجزیه بای‌پلات یکی از روش‌های آماری است که ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایدار را به صورت گرافیکی مورد بررسی قرار می‌دهد (یان و همکاران، ۲۰۰۷). هدف نمودار بای‌پلات نشان دادن اهمیت و

³ The technique for order of preference by similarity to ideal solution

¹ Selection index of ideal genotype

² The multi -trait genotype-ideotype distance index

ژنوتیپ «صفت بود» بدیهی است که ژنوتیپ‌های دورتر در دورگ‌گیری‌ها، هتروزیس بیشتر و نتایج بهتری را نشان خواهند داد و این احتمال وجود دارد که بتوان در طی برنامه‌های آتی اصلاح پنبه، نتایج مفیدی را از تلاقی دسته‌های مختلف به‌دست آورد.

مواد و روش‌ها

به‌منظور بررسی برخی صفات مورفولوژیکی و کیفی الیاف پنبه و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر پنبه در منطقه‌ی داراب، ۱۲ ژنوتیپ، به همراه ۲ رقم تجاری منطقه شامل بختگان و گلستان (به عنوان شاهد) انتخاب شدند (جدول ۱) و آزمایشی در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با ۴ تکرار، در ایستگاه تحقیقات کشاورزی حسن‌آباد داراب طی سال‌های زراعی ۱۴۰۰ و ۱۴۰۱ اجرا شد. ارتفاع منطقه مورد آزمایش از سطح دریا ۱۱۰۷ متر با اقلیم گرم و خشک و متوسط بارندگی ۲۴۸ میلی‌متر و دارای زمستان‌های معتدل می‌باشد. مشخصات جغرافیایی آن به ترتیب ۵۴ درجه و ۳۰ دقیقه طول شرقی و ۵۰ درجه و ۲۸ دقیقه عرض شمالی است. در این آزمایش صفات عملکرد و ش (چین یک، چین دو و عملکرد کل (کیلوگرم در هکتار))، تعداد غوزه در بوته، درصد زودرسی (نسبت محصول چین یک به عملکرد کل (درصد))، طول الیاف (میلی‌متر)، یکنواختی الیاف (درصد)، ظرافت الیاف (میکروگرم بر اینچ)، کشش الیاف (درصد) و استحکام (گرم بر تکس) مورد بررسی قرار گرفتند. کاشت آزمایش به صورت دستی در ۴ خط ۶ متری با الگوی ۷۵×۲۰ سانتی‌متر انجام شد. جهت اطمینان از سطح سبز در زمان کاشت در هر چاله ۵-۳ بذر کاشته و پس از ۲۵ روز با عمل تنک‌کاری در هر چاله یک بوته قوی و سالم نگهداری گردید. کنترل آفات و بیماری و علف‌های هرز و همچنین تغذیه و آبیاری آزمایش مطابق دستورالعمل و توصیه زراعی منطقه انجام گردید. محصول در دو چین برداشت شد و درصد زودرسی از نسبت محصول چین یک به عملکرد کل (مجموع عملکرد چین یک و چین دو) محاسبه شد. پس از بررسی یکنواختی واریانس خطای آزمایشی،

سهم هر یک از متغیرها در مؤلفه‌های اصلی و نیز نشان دادن قابلیت تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در متمایز کردن افراد و گروه‌ها از یکدیگر است. همچنین این امکان را می‌دهد که دو اثر ژنوتیپ و ژنوتیپ×محیط همزمان مورد بررسی قرار گیرند (یان و تینکر، ۲۰۰۵). بای‌پلات GT یک کاربرد از تکنیک GGE بای‌پلات است و در مطالعه داده‌های ژنوتیپ×صفت (GT) استفاده می‌شود. این بای‌پلات ابزار موثری برای بررسی داده‌های چندصفتی است (پکسوتو و همکاران، ۲۰۲۲؛ صدیق و همکاران، ۲۰۱۶). نمودار دو وجهی ژنوتیپ×صفت نمی‌تواند همه‌ی تنوع موجود در داده‌ها را توجیه کند، اما به انتخاب ژنوتیپ‌ها بر پایه چندین صفت کمک می‌کند. در این نمودار، یک بردار از مبدأ نمودار دو وجهی تا موقعیت هر صفت رسم می‌شود تا ارتباطات درونی بین دو یا چند صفت نشان داده شود. با استفاده از چندضلعی نمودار دو وجهی ژنوتیپ×صفت مقایسه ژنوتیپ‌ها بر پایه چندین صفت انجام می‌گردد و ژنوتیپ‌هایی که از لحاظ بعضی صفات خاص برتر هستند، شناسایی می‌شوند (یان و راجکان، ۲۰۰۲). صدیق و همکاران (۲۰۱۶) در ارزیابی ژنوتیپ‌ها و صفات با استفاده از GTbiplot بیان نمودند که ژنوتیپ دلتاپاین ۲۵ در بسیاری از صفات خصوصاً صفات عملکرد و اجزای آن بهتر از سایر ژنوتیپ‌ها بوده است و ژنوتیپ‌های بختگان و SB35 که در داخل بخش مربوط به ژنوتیپ دلتاپاین ۲۵ و در نزدیکی آن قرار گرفته‌اند بسیار مشابه آن بودند. وندا و همکاران (۲۰۲۳) از تجزیه GTbiplot جهت شناسایی ژنوتیپ‌های برتر استفاده نمودند و بیان نمودند که ژنوتیپ‌های A-NBK و A-NB414 در صفات عملکرد و ش، ارتفاع بوته، تعداد غوزه، یکنواختی، درصد کیل و درصد زودرسی از سایر ژنوتیپ‌ها برتر بودند. هدف از این آزمایش، بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های امیدبخش پنبه، انتخاب ژنوتیپ‌های برتر به‌طور همزمان برای بسیاری از صفات و یا شاخص‌ها، بررسی روابط بین ژنوتیپ‌ها با استفاده از نمودار دو وجهی ژنوتیپ×صفت، ارزیابی و مقایسه ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد بررسی با استفاده از چندضلعی

$$d_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^-)^2} \quad i=1, \dots, n \quad (5)$$

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

۵- محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل^۱ (SIIG) در آخرین مرحله شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل از رابطه زیر محاسبه می‌شود:

$$SIIG = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \quad i=1, 2, \dots, m, \quad 0 \leq SIIG \leq 1 \quad (6)$$

مقدار $SIIG_i$ بین صفر تا یک تغییر می‌کند و هر چه گزینه مورد نظر به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر باشد مقدار $SIIG_i$ آن به یک نزدیک‌تر خواهد بود. بر اساس این روش، بهترین ژنوتیپ، نزدیک‌ترین ژنوتیپ به ژنوتیپ‌های ایده‌آل است (زالی و همکاران، ۲۰۱۶).

سپس برای انجام تجزیه گرافیکی GTbiplot از نرم‌افزار GGEbiplot استفاده گردید. GTbiplot روش موثری برای بررسی روابط بین صفات، ارزیابی ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات متعدد و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر از نظر صفات خاص می‌باشد. نمودار گرافیکی GTbiplot امکان بررسی همبستگی ژنتیکی بین صفات و تعیین روابط ژنوتیپ‌ها را فراهم می‌سازد (یان، ۲۰۰۱). به منظور رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها و گزینش ژنوتیپ‌های برتر با در نظر گرفتن تمامی صفات اندازه‌گیری شده به‌طور همزمان، از شاخص MGIDI جهت شناسایی ژنوتیپ ایده‌آل استفاده شد. این شاخص براساس تحلیل عاملی و فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ معرفی شده است (اولیووتو و ناردینو، ۲۰۲۰). مراحل محاسبه MGIDI به‌صورت زیر می‌باشد:

۱- تغییر مقیاس صفات (شاخص‌ها): X_{ij} یک جدول دو طرفه با i ردیف یا ژنوتیپ و j ستون یا صفت

ابتدا تجزیه واریانس مرکب (اثر سال تصادفی و اثر ژنوتیپ ثابت) با استفاده از نرم‌افزار SAS9.4 انجام شد.

سپس به‌منظور بررسی تنوع فنوتیپی و ادغام صفات مختلف کمی و کیفی الیاف پنبه شاخص SIIG مطابق روش زالی و همکاران محاسبه شد که نحوه محاسبه این شاخص به شرح ذیل بود (زالی و همکاران، ۲۰۱۶):

۱- تشکیل ماتریس داده‌ها: با توجه به تعداد ژنوتیپ‌ها و صفات مختلف مورد بررسی، ماتریس داده‌ها به‌صورت زیر تشکیل می‌شود.

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

در این ماتریس X_{ij} مقدار صفت i ام ($i = 1, 2, \dots, n$) در رابطه با ژنوتیپ j ام ($j = 1, 2, \dots, m$) می‌باشد.

۲- تبدیل ماتریس داده‌ها به یک ماتریس نرمال (ماتریس R). از رابطه ذیل برای نرمال کردن داده‌ها استفاده می‌شود:

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

ماتریس R به‌صورت زیر تعریف می‌شود:

$$R = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & \dots & r_{1m} \\ r_{21} & r_{22} & \dots & r_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{n1} & r_{n2} & \dots & r_{nm} \end{bmatrix} \quad (3)$$

۳- پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ غیر ایده‌آل (ضعیف)

در این مرحله برای هر صفت به‌طور جداگانه، بهترین ژنوتیپ و ضعیف‌ترین ژنوتیپ انتخاب می‌شود.

۴- محاسبه فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ ضعیف در این مرحله برای هر صفت، فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل (d_i^+) و ژنوتیپ ضعیف (d_i^-) به ترتیب از روابط زیر محاسبه می‌شوند:

$$d_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^+)^2} \quad i=1, \dots, n \quad (4)$$

¹ Selection index of ideal genotype

ساختار روابط انجام شد. این تحلیل بر اساس رابطه ۲ انجام شد:

$$F = Z(A^T R^{-1})^T \quad \text{رابطه (۲)}$$

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 (Canonical loadings) 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 محاسبه‌شده را نشان می‌دهند.

۳- تعریف ژنوتیپ ایده‌آل (ایدئوتیپ): طبق تعریف رابطه (۱)، ایدئوتیپ دارای بالاترین مقدار تغییر مقیاس (۱۰۰) برای صفاتی است که افزایش آنها مطلوب است و برای صفاتی که کاهش آنها مطلوب باشد تغییر مقیاس صفر 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.

می‌باشد. مقدار تغییر مقیاس یافته برای ردیف i و ستون (rX_{ij}) به صورت رابطه ۱ محاسبه گردید:

$$rX_{ij} = \frac{\eta_{nj} - \varphi_{nj}}{\eta_{oj} - \varphi_{oj}} \times (\theta_{ij} - \eta_{oj}) + \eta_{nj} \quad (۱)$$

رابطه (۱) به ترتیب مقادیر اصلی حداقل و حداکثر برای صفت z در تمام ژنوتیپ‌ها هستند. η_{nj} و φ_{nj} به ترتیب مقادیر حداقل و حداکثر برای صفت z پس از تغییر مقیاس (Rescaling) هستند و θ_{ij} مقدار اصلی برای صفت z 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. در جدول دوطرفه تغییر مقیاس یافته (rX_{ij}) ، هر ستون دارای محدوده ۰ تا ۱۰۰ است که مفهوم انتخاب مورد نظر (افزایش یا کاهش) را در نظر می‌گیرد و ساختار همبستگی مجموعه اصلی متغیرها را حفظ می‌کند.

۲- تجزیه به عامل‌ها: در مرحله بعد، تحلیل عاملی (FA) برای محاسبه کاهش ابعاد داده‌ها و

جدول ۱- اسامی و شجره ژنوتیپ‌های پنبه.

ژنوتیپ	منشا	ژنوتیپ	منشا
AM-742	لاین حاصل تلاقی یک رقم موتانت با ژنوتیپ خارجی	90-10699	لاین حاصل از تلاقی برگشتی رقم ورامین با ارقام الیاف بلند
AM-1525	لاین حاصل تلاقی یک رقم موتانت با یک ژنوتیپ خارجی	V91-1912	لاین حاصل از تلاقی برگشتی رقم خرداد با ارقام الیاف بلند
AM-11420	لاین حاصل تلاقی یک رقم موتانت با یک ژنوتیپ خارجی	Tj82	ژنوتیپ وارداتی از تاجیکستان
TTb-14	لاین حاصل از تلاقی دو ژنوتیپ خارجی	گلستان	گزینش بر روی رقم خارجی 43259
TTb-15	لاین حاصل از تلاقی دو ژنوتیپ خارجی	بختگان	گزینش بر روی رقم خارجی Acala Sj2
TTb-17	لاین حاصل از تلاقی دو ژنوتیپ خارجی	Eram-3	ژنوتیپ وارداتی از تاجیکستان
Shayan	توده جدید حاصل از سلکسیون رقم شایان		

γ_{ij} امتیاز i امین ژنوتیپ در فاکتور j ام است. اقلیدسی بین نمرات ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های ایده‌آل به عنوان شاخص MGIDI با استفاده از رابطه ۳ محاسبه شد:

$$MGIDI = \sum_{i=1}^f [(\gamma_{ij} - \gamma_j)^2]^{0.5} \quad (۳)$$

مقادیر میانگین، حداقل و حداکثر صفات ۱۲ ژنوتیپ امیدبخش و ۲ رقم شاهد (گلستان و بختگان) پنبه در جدول ۳ آورده شده است. میانگین عملکرد وش ارقام شاهد به ترتیب برابر ۳۲۵۸ (گلستان) و ۳۳۶۰ (بختگان) کیلوگرم در هکتار بود. میانگین عملکرد ارقام امیدبخش مورد بررسی ۳۶۶۷ کیلوگرم در هکتار بود که این مقدار از متوسط عملکرد دو رقم شاهد (گلستان و بختگان) بالاتر بود. اما حداقل و حداکثر عملکرد ارقام به ترتیب برابر با ۲۷۱۳ و ۴۹۲۵ کیلوگرم در هکتار بود (جدول ۳) که بیانگر تنوع بالا برای عملکرد وش است. در صفت تعداد غوزه در بوته، حداکثر تعداد غوزه در بوته، از هر ۲ رقم شاهد بیشتر و میانگین تعداد غوزه از هر دو رقم شاهد کمتر بود. میانگین و حداکثر درصد زودرسی ارقام امیدبخش مورد بررسی (به ترتیب ۷۹/۲۳٪ و ۸۶٪) از درصد زودرسی هر دو رقم شاهد بالاتر بود. همچنین در صفات یکنواختی، استحکام و کشش الباف مشاهده شد که حداقل مقادیر این صفات از ارقام شاهد کمتر بود. اما حداکثر مقادیر برای این صفات از ارقام شاهد بیشتر بود که این مطلب حاکی از تنوع بین ارقام از نظر صفات مورد مطالعه است.

MGIDI به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیکتر هستند، بنابراین مقادیر مطلوب را برای همه صفات مورد نظر دارا می‌باشند. شدت گزینش برای همه صفات ۱۵ درصد در نظر گرفته شد. برای برآورد شاخص MGIDI بسته metan (اولیووتو و لوسیو، ۲۰۲۰) در نرم‌افزار R مورد استفاده قرار گرفت. در انتها ترسیم دندروگرام تجزیه خوشه‌ای به روش Ward با استفاده از نرم‌افزار Minitab انجام شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس مرکب (جدول ۲) نشان داد که اثر سال بر صفت عملکرد وش از لحاظ آماری در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار بود. می‌توان بیان نمود که این تفاوت‌ها ناشی از عوامل محیطی است. اثر سال بر صفات تعداد غوزه در بوته و درصد زودرسی غیرمعنی‌دار بود و این بدان معنی است که این دو صفت بیشتر از ژنوتیپ گیاه پنبه متاثر هستند و شرایط محیطی اثر معنی‌داری روی تعداد غوزه در بوته و درصد زودرسی ندارد. همچنین نتایج نشان داد، اثر رقم بر کلیه صفات مورد مطالعه در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار بود و تنوع ژنتیکی معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه وجود داشت.

جدول ۲- تجزیه واریانس مرکب صفات عملکرد و زودرسی ژنوتیپ‌های امیدبخش پنبه.

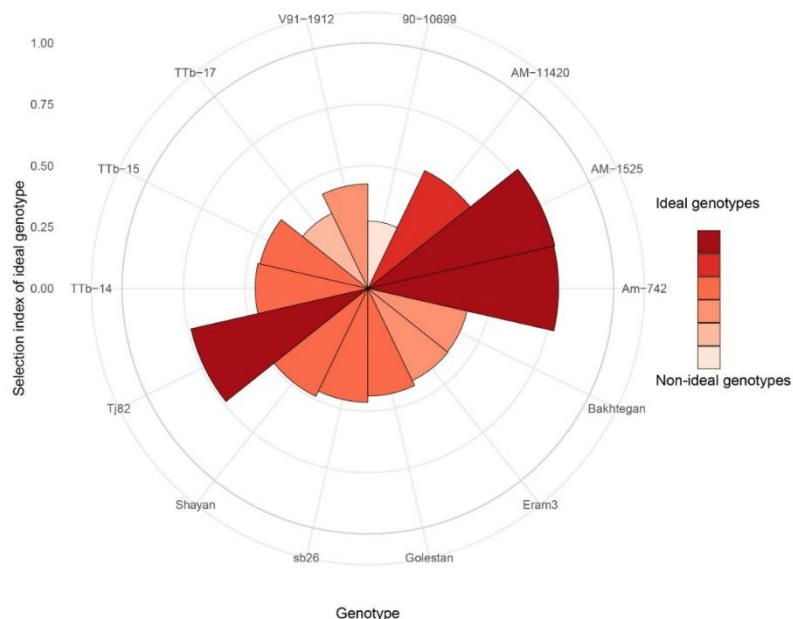
منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات	
		تعداد غوزه	زودرسی (%)
سال	۱	۰/۳۶ ^{ns}	۵۴/۳۲ ^{ns}
اشتباه	۶	۱۰/۹۶	۱۹۰/۴۲
رقم	۱۳	۱۶۳/۳۴ ^{**}	۱۶۵/۹۷ ^{**}
سال × رقم	۱۳	۰/۲۱ ^{ns}	۱۵/۰۳ ^{ns}
اشتباه	۷۸	۲/۰۸	۲۱/۳۶
کل	۱۱۱		
ضریب تغییرات میانگین		۱۱/۹۵	۵/۸۳
کای اسکور (χ^2)		۰/۱۰ ^{ns}	۱/۶۷ ^{ns}
عملکرد وش (Kg ha^{-1})			۴۹۵۷۸۴۲۲/۲۲ ^{**}
			۱۶۸۶۶۳/۷۷
			۲۹۳۵۲۲۵/۵۵ ^{**}
			۵۲۱۵۵۸/۷۶ ^{ns}
			۳۵۰۷۴۴/۹۰

جدول ۳: میانگین صفات مختلف کمی و کیفی در ۱۲ ژنوتیپ امیدبخش پنبه و ارقام شاهد.

ژنوتیپ	عملکرد (Kg ha ⁻¹)	تعداد غوزه در بوته	زودرسی (%)	طول الیاف (mm)	یکنواختی الیاف (%)	کشش الیاف (%)	استحکام الیاف (gr/tex)	ظرافت الیاف (µg/in)
90-10699	۲۹۱۰	۹/۹۹	۷۰/۳۷	۲۸/۸	۸۲/۵۳	۶/۶۳	۳۱/۳۹	۳/۸۹
AM-11420	۴۲۹۰	۱۰/۳۳	۸۲/۳۷	۲۷/۳۰	۸۴/۹۳	۶/۸۴	۲۸/۰۴	۴/۰۷
AM-1525	۴۳۳۱	۱۳/۵۲	۸۰/۶۲	۳۰/۰۵	۸۴/۱۱	۶/۸۷	۳۳/۳۴	۳/۶۹
Am-742	۴۹۲۵	۱۳/۴۹	۸۶	۲۸/۲۱	۸۰/۸۹	۶/۶۶	۳۱/۱۵	۴/۲۳
Eram-3	۳۳۶۵	۱۲/۲۳	۷۷/۲۵	۲۷/۲۷	۸۲/۲۵	۶/۷۱	۲۹/۲۹	۳/۹۸
sb26	۳۸۳۰	۱۱/۶۹	۸۱/۱۲	۲۵/۱۴	۸۱/۵۹	۶/۵	۲۷/۶۵	۳/۸۱
Shayan	۳۷۸۵	۱۱/۲۸	۷۷/۵	۲۸/۴۶	۸۲/۲۷	۶/۷۹	۳۰	۴/۶۰
Tj82	۴۲۳۶	۱۴/۰۵	۸۰	۲۸/۴۲	۸۲/۱۶	۶/۷۱	۳۲/۰۲	۳/۵۲
TTb-14	۳۴۴۳	۱۲/۸۴	۸۵/۸۷	۲۴/۹۳	۸۳/۱۵	۶/۴۲	۲۶/۱۶	۴/۷۹
TTb-15	۳۳۷۱	۱۲/۱۹	۸۴/۳۷	۲۶/۲۴	۸۰/۲۱	۶/۵۹	۲۹	۴/۸۶
TTb-17	۲۷۱۳	۱۲/۳۶	۷۴/۸۷	۲۷/۹۵	۷۸/۱۹	۶/۴۷	۳۰/۴۲	۳/۹۶
V91-1912	۳۵۲۳	۹/۲۰	۷۶/۳۷	۲۹/۷۷	۸۲/۸۴	۶/۷۱	۳۴/۱۰	۴/۳۲
بختگان (رقم شاهد)	۳۳۶۰	۱۳/۰۷	۷۴/۳۷	۲۴/۹۴	۸۱/۸۹	۶/۳۶	۲۷/۳۶	۴/۰۷
گلستان (رقم شاهد)	۳۲۵۸	۱۲/۷۳	۷۸/۱۲	۲۷/۹۸	۸۱/۰۹	۶/۵۶	۳۰/۰۶	۴/۱۵
حداکثر	۴۹۲۵	۱۴/۰۵	۸۶/۰۰	۳۰/۰۵	۸۴/۹۳	۶/۸۷	۳۴/۱۰	۴/۸۶
حداقل	۲۷۱۳	۹/۲۰	۷۰/۳۷	۲۴/۹۴	۷۸/۱۹	۶/۳۶	۲۶/۱۶	۳/۵۲
میانگین	۳۶۶۷	۱۲/۰۷	۷۹/۲۳	۲۷/۵۳	۸۲	۶/۶۳	۳۰	۴/۱۴

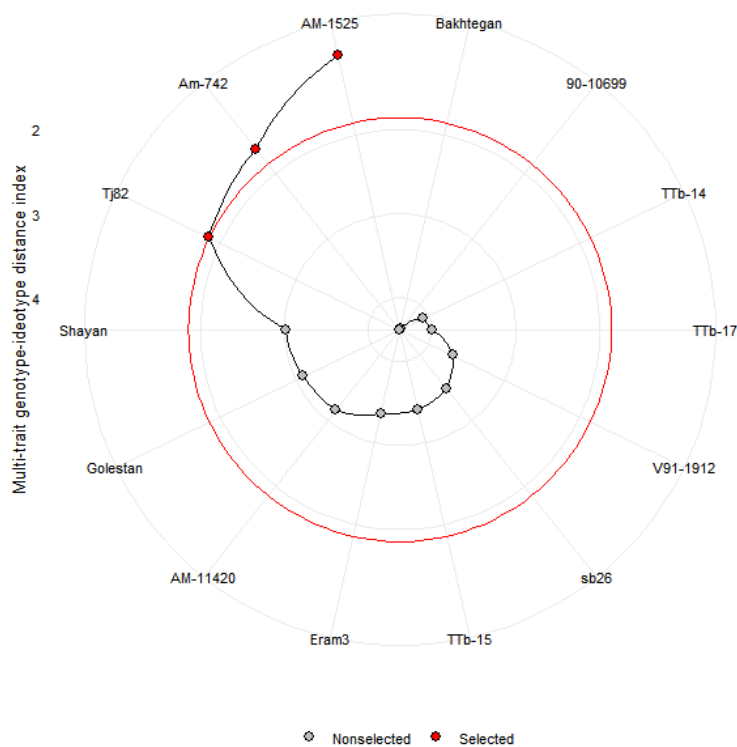
گلستان، برتری خود را به صورت آشکاری نشان دادند (شکل ۱). ژنوتیپ AM-11420 در رتبه‌ی بعدی قرار گرفت. در این بررسی، ژنوتیپ 90-10699 با کمترین مقدار SIIG ضعیف‌ترین ژنوتیپ، معرفی شد. زالی و براتی (۲۰۲۰) به منظور بررسی کارایی شاخص SIIG در انتخاب برترین لاین‌های جو از نظر عملکرد دانه و اجزاء عملکرد از این شاخص استفاده نمودند. در این تحقیق لاین‌های مورد بررسی براساس شاخص SIIG در ۶ دسته گروه‌بندی شدند. همچنین نتایج نشان داد که شاخص SIIG به خوبی توانسته ژنوتیپ‌ها را براساس سه صفت عملکرد دانه، وزن هزار دانه و ارتفاع بوته دسته‌بندی نماید. وندا و همکاران (۲۰۲۲) از شاخص SIIG به منظور شناسایی ارقام برتر پنبه استفاده نمودند و نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های A-NB414 و A-NBK با بیشترین مقدار SIIG جزء برترین ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های Va-1 و 96-A3 با کمترین مقدار SIIG جزء ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها بودند.

به‌منظور انتخاب بهترین ارقام از نظر عملکرد، درصد زودرسی، تعداد غوزه در بوته، طول الیاف، یکنواختی الیاف، استحکام الیاف، کشش الیاف و ظرافت الیاف به‌طور هم‌زمان، از شاخص SIIG استفاده شد (شکل ۱) و کارایی شاخص SIIG در انتخاب بهترین ارقام ارزیابی گردید. میزان تغییرات شاخص SIIG بین صفر تا یک می‌باشد و هر چه مقدار SIIG برای یک رقم به یک نزدیکتر باشد، آن رقم از مطلوبیت بالاتری از نظر بیشتر صفات مورد مطالعه، برخوردار می‌باشد و هر چه مقدار SIIG برای یک رقم به صفر نزدیکتر باشد، رقم مورد بررسی از مطلوبیت کمتری برخوردار خواهد بود. در واقع با استفاده از شاخص SIIG به جای انتخاب بر اساس عملکرد، از عملکرد و سایر صفات مورفولوژیک به‌طور هم‌زمان استفاده می‌شود. براساس نتایج شاخص SIIG، ژنوتیپ‌های AM-742، AM-1525 و دارای بالاترین مقدار شاخص SIIG بوده و در مقایسه با رقم بختگان و



شکل ۱- الگوی رتبه‌بندی و ژنوتیپ‌های انتخاب شده براساس شاخص SIIG با استفاده از نرم‌افزار R

در این شکل دوایر متحدالمرکز مقدار صفر تا یک را نشان می‌دهد. هر چه به مرکز نزدیک‌تر مقدار عددی شاخص SIIG به صفر نزدیک‌تر و هر چه دوایر از مرکز دورتر باشند مقدار عددی شاخص SIIG به یک نزدیک‌تر است. رنگ‌های مختلف نشان‌دهنده مقدار متفاوت شاخص SIIG برای هر ژنوتیپ می‌باشد.



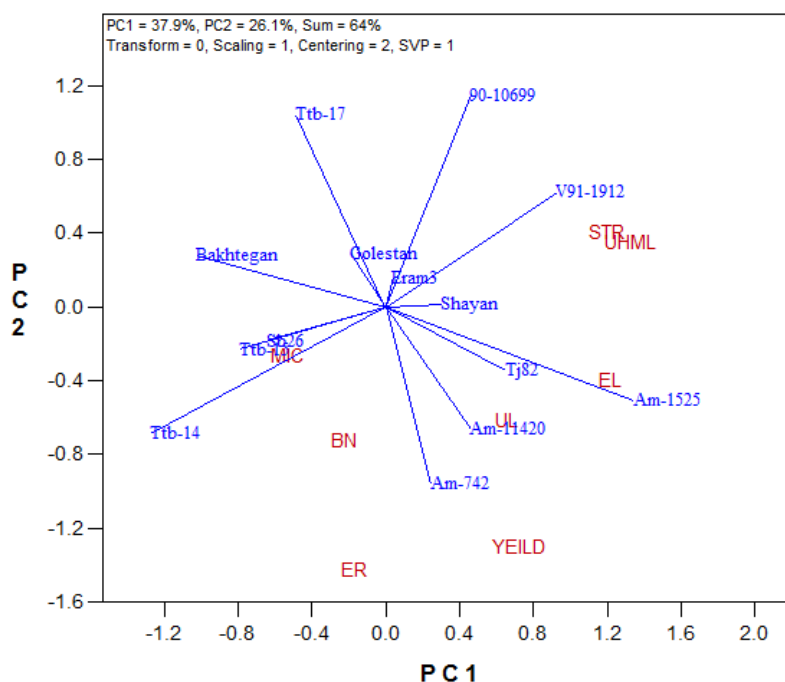
شکل ۲: الگوی رتبه‌بندی و ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر اساس شاخص MGIDI با استفاده از نرم‌افزار R

شاخص MGIDI خارج از دایره مرکزی قرار گرفته‌اند. این دایره نقطه انتخاب ژنوتیپ‌های برتر را با توجه به شدت انتخاب (۲۰ درصد) نشان می‌دهد. در این

به منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بر مبنای صفات مورد بررسی، از شاخص MGIDI استفاده شد (شکل ۲). در شکل ۲، ژنوتیپ انتخاب شده با استفاده از

ژنوتیپ‌هایی با کمترین مقدار، ایده‌آل‌ترین ژنوتیپ‌ها هستند. بنابراین ژنوتیپ‌های انتخاب شده با استفاده از شاخص MGIDI عبارت از ژنوتیپ‌های AM-1525، AM-742 و Tj82 بودند (شکل ۲).

تحقیق، ارزش ژنوتیپ‌ها بر اساس بالا بودن مقدار عملکرد و ش، تعداد غوزه در بوته، استحکام الیاف، درصد زودرسی، کشش الیاف، طول الیاف و یکنواختی الیاف و از طرفی پایین بودن مقدار ظرافت (میکرونری) الیاف تعیین شد (جدول ۳). در شاخص MGIDI



شکل ۳: بای‌پلات روابط بین ژنوتیپ‌ها با GTbiplot از نظر صفات مورد بررسی

BN (تعداد غوزه در بوته)، ER (درصد زودرسی)، YEILD (عملکرد)، UHML (طول الیاف)، UI (یکنواختی الیاف)، STR (استحکام الیاف)، EL (کشش الیاف)، MIC (ظرافت الیاف)

کسینوس زاویه بین بردارها تقریب زده شود. به طوری که زاویه بیشتر از ۹۰ درجه نشان‌دهنده این است که دو ژنوتیپ از نظر صفات مختلف با هم تفاوت زیادی دارند، زاویه کمتر از ۹۰ درجه نشان‌دهنده شباهت دو ژنوتیپ از نظر صفات مختلف می‌باشد (یان و فرگیورید، ۲۰۱۸). ژنوتیپ AM-1525 با ژنوتیپ Tj82، شباهت زیادی از نظر صفات مختلف دارد که این شباهت بیانگر این است که این دو ژنوتیپ زمینه ژنتیکی یکسانی دارند. ژنوتیپ AM-1525 با ژنوتیپ‌های Shayan، AM-11420، AM-742 و V91-1912 شباهت زیادی با ژنوتیپ‌های گلستان، بختگان، Ttb-17، Ttb-14، Ttb-15 و SB26 از نظر صفات مختلف تفاوت زیادی دارد. این ژنوتیپ با ژنوتیپ‌های Eram-3 و 90-10699

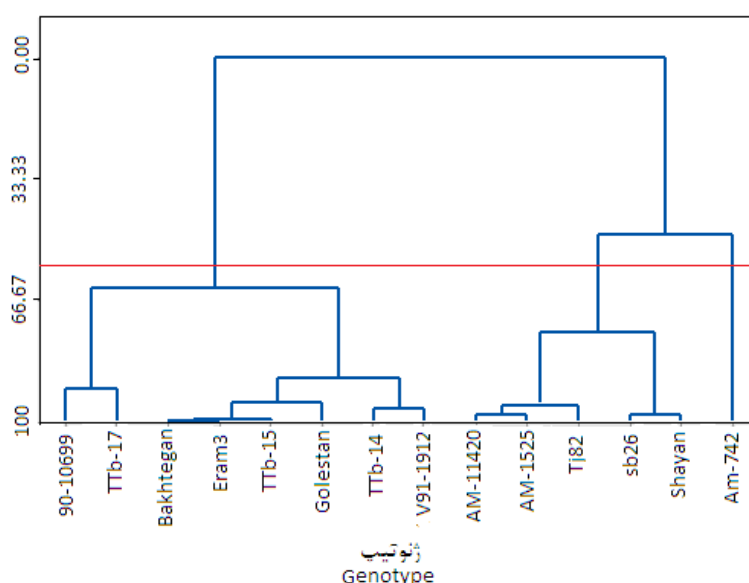
شکل ۳ نمودار بای‌پلات ژنوتیپ × صفت (GTbiplot) می‌باشد، که میزان شباهت و تفاوت ژنوتیپ‌ها را نشان می‌دهد. طول بردار بیانگر میزان سهم ژنوتیپ در توجیه تنوع کل می‌باشد. لذا بیشترین تنوع توجیه شده توسط بای‌پلات ناشی از ژنوتیپ‌های AM-1525 و Ttb-14 می‌باشد و در این ژنوتیپ‌ها تنوع بیشتری وجود دارد. با توجه به اینکه موفقیت در یک برنامه به‌نژادی و برنامه‌های انتخاب بستگی به دو عامل وجود تنوع ژنتیکی و انتخاب موثر ژنوتیپ‌های مطلوب دارد، لذا این ژنوتیپ‌ها جهت بهبود ژنتیکی صفات دارای اهمیت می‌باشند. بیش از ۵۰ درصد (۶۶/۹ درصد) از تغییرات توسط بای‌پلات توجیه شد، لذا میزان شباهت دو ژنوتیپ، می‌تواند با توجه به

صفات با استفاده از تجزیه REML برآورد شدند (جدول ۴). بر اساس نتایج بدست آمده (جدول ۴)، عملکرد وش دارای واریانس ژنوتیپی (۳۰۱۷۰۸/۳۵) بالایی بود که نشان‌دهنده تنوع زیاد در این صفت است. کشش الیاف و ظرافت الیاف واریانس ژنوتیپی (۰/۰۲ و ۰/۰۳) پایینی داشتند که نشان‌دهنده تنوع کمتر و تکرارپذیری این صفات در محیط‌های مختلف می‌باشد. دیویاس و همکاران (۲۰۱۷) بیان نمودند که کم بودن مقدار ضریب تنوع ژنتیکی و فنوتیپی نشان‌دهنده تنوع کمتر صفت و احتمالاً وجود آلل‌های مثبت و منفی در ژنوتیپ‌های پنبه و افزایش پایداری صفت در شرایط محیطی مختلف است. عالیشاه (۲۰۲۱) برای تعداد شاخه رویا، عملکرد و تعداد غوزه مقادیر ضریب تنوع ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی را بالا گزارش نمود. بیش‌ترین مقدار وراثت‌پذیری عمومی مربوط به استحکام الیاف پنبه (۰/۸۹) و کم‌ترین مقدار وراثت‌پذیری عمومی مربوط به عملکرد دانه (۰/۴۳) و درصد زودرسی (۰/۴۹) بود. عالیشاه (۲۰۲۱) بیان نمود که صفات درصد زودرسی دارای وراثت‌پذیری متوسط (۵۳/۹) و عملکرد وش دارای وراثت‌پذیری پایینی (۲/۱) هستند.

نمودند که دو مولفه اصلی اول و دوم در مجموع ۶۱/۹۲ درصد از تغییرات را توجیه نمودند و ژنوتیپ‌های Va-1 و Va-2 از نظر صفات مربوط به عملکرد شامل عملکرد کل، تعداد غوزه، عملکرد چین اول، عملکرد بذر چین اول و زودرسی از سایر ژنوتیپ‌ها برتر بودند. وندا و همکاران (۲۰۲۳) از تجزیه GTbiplot جهت شناسایی ژنوتیپ‌های برتر استفاده نمودند و بیان نمودند که ژنوتیپ‌های A-NBK و A-NB414 از نظر صفات عملکرد وش، ارتفاع بوته، تعداد غوزه، یکنواختی، درصد کیل و درصد زودرسی از سایر ژنوتیپ‌ها برتر بودند. صدیق و همکاران (۲۰۱۶) در ارزیابی چندضلعی GGEbiplot بیان نمودند که ژنوتیپ دلتاپاین ۲۵ از سایر ارقام بهتر است و این ژنوتیپ را بعنوان ژنوتیپ ایده‌آل معرفی نمودند. پیکسوتو و همکاران (۲۰۲۲) با استفاده از روش تجزیه و تحلیل GTbiplot در نوزده لاین امیدبخش پنبه مشاهده کردند که در مجموع ۶۶/۸۱ درصد از واریانس بوسیله مولفه اول و دوم توجیه شد. بر اساس توزیع صفات در نمودار GTbiplot همبستگی مثبت و بالایی بین یکنواختی الیاف و استحکام الیاف مشاهده شد. واریانس ژنتیکی، واریانس باقیمانده و وراثت‌پذیری

جدول ۴: مقادیر واریانس ژنوتیپی، واریانس باقیمانده و وراثت‌پذیری صفات مورد بررسی در ژنوتیپ‌های امیدبخش پنبه.

صفات	واریانس ژنتیکی	واریانس محیطی	وراثت‌پذیری
عملکرد وش	۳۰۱۷۰۸/۳۵	۳۵۰۷۴۴/۹۰	۰/۴۳
طول الیاف	۲/۳۶	۰	۰/۸۷
یکنواختی الیاف	۲/۱۳	۰/۰۰۴	۰/۷۹
استحکام الیاف	۵/۲۱	۰/۰۰۳	۰/۸۹
کشش الیاف	۰/۰۵	۰/۰۰۳	۰/۸۳
تعداد غوزه در بوته	۲/۰۲	۲/۰۸	۰/۵۵
درصد زودرسی	۱۸/۸۷	۲۱/۳۶	۰/۴۹
ظرافت الیاف	۰/۰۷	۰/۰۲	۰/۸۶



شکل ۵- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های امیدبخش پنبه.

گذاشت و می‌توان از آنها در برنامه‌های تولید هیبرید استفاده کرد.

نتیجه‌گیری کلی

بر اساس نتایج هر دو شاخص انتخاب SIIG و MGIDI ژنوتیپ‌های AM-742، Tj82 و AM-1525 به‌صورت آشکاری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها و ارقام تجاری برتری نشان دادند. در تجزیه خوشه‌ای نیز ژنوتیپ Am-742 با بیشترین میانگین عملکرد وش و درصد زودرسی بالا در گروه جداگانه‌ای قرار گرفت. تجزیه گرافیکی GTbiplot نشان داد در ژنوتیپ‌های AM-1525 و TTb-14 تنوع بیشتری نسبت به سایر ژنوتیپ‌های مورد بررسی وجود دارد. ژنوتیپ AM-1525 با ژنوتیپ Tj82، از نظر صفات مختلف با هم شباهت زیادی داشت که این دو ژنوتیپ زمینه ژنتیکی یکسانی دارند. از طرف دیگر ژنوتیپ AM-1525 با رقم بختگان از نظر صفات مختلف با هم تفاوت زیادی داشتند و می‌توان در برنامه‌های اصلاحی به منظور دستیابی به حداکثر تنوع و بدست آوردن هیبریدهایی با عملکرد مطلوب، زودرس، دارای وزن و تعداد غوزه بالا، درصد یکنواختی بالا و ظرافت الیاف مطلوب جهت استفاده در صنعت نساجی، از این ژنوتیپ‌ها استفاده نمود.

نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای با استفاده از الگوریتم وارد (ward)، بر اساس هشت صفت، تعداد چهارده ژنوتیپ را در ۳ گروه طبقه‌بندی نمود (شکل ۵). در گروه اول ژنوتیپ‌های 90-10699، TTb-17، بختگان، Eram-3، TTb-15، گلستان، TTb-14 و V91-1912 قرار گرفتند. گروه دوم شامل AM-11420، AM-1525، Tj82، sb26 و Shayan بود که دارای بیشترین کشش، یکنواختی و ظرافت الیاف بودند. ژنوتیپ Am-742 به تنهایی در گروه سوم جای گرفت و دارای بیشترین میانگین عملکرد وش، طول الیاف، استحکام الیاف، تعداد غوزه در بوته و زودرسی بود. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها، انتخاب و استفاده از آنها در برنامه‌ها و اهداف مختلف به‌نژادی را تسهیل می‌کند. سکلوکاو همکاران (۲۰۱۸) با استفاده از تجزیه خوشه‌ای، ۱۹ ژنوتیپ پنبه مورد مطالعه را به سه گروه مجزا تقسیم کردند به طوری که ژنوتیپ‌های زودرس، با ارتفاع کوتاه و طول شاخه زایای کم در گروه اول قرار گرفتند. عالیشاه (۲۰۲۱) چهل ژنوتیپ پنبه را بر اساس تجزیه خوشه‌ای، در سه گروه متمایز طبقه‌بندی نمود. بر اساس گزارش سزینر و همکاران (۲۰۰۶) هر چه فاصله گروه‌ها از یکدیگر دورتر باشد، هتروزیس بیشتری را در مراحل هیبریداسیون به نمایش خواهند

منابع

1. Alishah, O. 2021. Assessment of genetic variability, heritability and association of plant attributes with lint yield and fiber quality in advanced lines of cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Iranian Journal of Crop Sciences, 22(4): 350-364. (in Persian with English abstract).
2. Basbag, S., and Gencer, O. 2007. Investigation of some yield and fibre quality characteristics of inter specific hybrid (*G. hirsutum* L. × *G. Barbadosense* L.) cotton varieties. Hereditas, 144(1): 33-42.
3. Bizari, E. H., Pedroso Val, B. H., Pereira, E. M., Di Mauro, A.O., and Uneda-Trevisoli, S. 2017. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. Revista Ciencia Agronomy, 48: 110- 117.
4. Devidas, A.A., Narayan, S.A., and Prakash, P.N. 2017. Study of genetic variability, heritability and genetic advance in study of genetic variability, heritability and genetic advance in some genotypes of Egyptian cotton (*Gossypium barbadense* L.). Journal of Global Biosciences, 6(4): 4954 -57.
5. Hwang, C.L., and Yoon, K. 1981. Multiple attribute decision making: methods and applications. Springer-Verlag, Berlin Heidelberg, pp: 58-191.
6. Jalalifar. R., Sabouri, A., Mousanejad, S., and Dadras, A.R. 2023. Estimation of Genetic Parameters and Identification of Leaf Blast-Resistant Rice RILs Using Cluster Analysis and MGIDI. Agronomy, 13(11): 2730.
7. Mamun, A.A., Islam, M.M., Adhikary, S.K., and Sultana, M.S. 2022. Resolution of genetic variability and selection of novel genotypes in EMS induced rice mutants based on quantitative traits through MGIDI. International Journal of Agriculture Biology, 28:100-112.
8. Olivoto, T., and Lucio, A.D.C. 2020. Metan: An R package for multi-environment trial analysis. Methods in Ecology and Evolution, 11(6): 783-789.
9. Olivoto, T., and Nardino, M. 2020. MGIDI: A novel multi-trait index for genotype selection in plant breeding. bioRxiv, 2020.2007.2023.217778.
10. Peixoto, M.A., Evangelista, J.S.P.C., Coelho, I.F., Carvalho, L.P., Farias, F.J.C., Teodoro P.E., and Bhering, L.L. 2022. Genotype selection based on multiple traits in cotton crops: The application of genotype by yield*trait biplot. Acta Scientiarum Agronomy, 44:e54136.
11. Pour-Aboughadareh, A., Koohkan, S., Zali, H., Marzooghian, A., Gholipour, A., Kheirgo, M., Barati, A., Bocianowski, J. and Askari-Kelestani, A. 2023. Identification of high-yielding genotypes of barley in the warm regions of Iran. Plants, 12(22): 1-13.
12. Rahemi, M.R., and Alishah, O. 2022. Investigating the effect of morphological, qualitative and yield traits in order to identify the most promising cotton genotypes in Hashemabad, Gorgan. Iranian Journal Cotton Researches, 10(1): 133-148. (In Persian with English abstract).
13. Ramazani-Moghadam, M.R., Zamanizadeh, H.R., Mohamadi S.A., and Azizi, A. 2007. Study on genetic diversity in diploid cotton using morphological traits. Journal of Agricultural of Sciences Islamic Azad University, 12(4): 821-831. (In Persian with English abstract).
14. Ramazanpour, S., Abdolhadi, H., Zenali H., and Vafaietabar, M. 2001. Relationships some morphological traits with yield crop varieties, cotton glandless through multivariate statistical methods, Iranian Journal Agricultural of Sciences, 32: 103-113. (In Persian with English abstract).
15. Rathinavel, K. 2018. Principal component analysis with quantitative traits in extant cotton varieties (*Gossypium hirsutum* L.) and parental lines for diversity. Current Agriculture Research Journal, 6(1): 54-64.
16. Sedigh, S., Zabet, M., Ghaderi, M.G., and Samadzadeh, A.R. 2016. Identification of superior varieties of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) under drought stress and normal conditions using GGEBiplot and GTBiplot method in Birjand. Journal of Crop Breeding, 8(19): 134-144. (In Persian with English abstract).
17. Sedigh, S., Zabet, M., Ghaderi, M.G., and Samadzadeh, A.R. 2015. Determination of the suitable indices for drought tolerance in cotton genotypes. Iranian Journal of Cotton Researches, 3(2): 41-53. (in Persian with English abstract).

18. Sekloka, E., Sabi, A.K., Zinsou, V.A., Aboudou, A., Ndogbe, C.K., Afouda, L. and Baba-Moussa, L. 2018. Phenological, morphological and agronomic characterization of sixteen genotypes of cotton plant (*Gossypium hirsutum* L.) in rainfed condition in Benin. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 10(2): 33-40.
19. SeyedMasoum, S.Y., Sofalian, O., Asghari, A., Sedghi, M., and Zangi, M.R. 2022. Selection and introduction of high yield and early cotton cultivars from advanced cultivars in Ardabil province. *Iranian Journal Cotton Researches*, 9(2): 165-177. (In Persian with English abstract).
20. Sezener, V., Kabakci, Y., Yavas, I., and Unay, A. 2006. A clustering study on selection of parents in cotton breeding. *Asian Journal of. Plant Sciences*, 5(6): 1031-34.
21. Shayan, S., Vahed, M. M., Mohammadi, S. A., Ghassemi-Golezani, K., Sadeghpour, F., and Yousefi, A. (2020). Genetic diversity and grouping of winter barley genotypes for root characteristics and ISSR markers. *Plant Productions*, 43(3), 323-336. (In Persian with English abstract)
22. Talat, F., Badri-Anarjan, M., and Setoodehmaram, K. 2018. Multivariate analysis of quantitative and qualitative characteristics of hopeful cotton varieties under cold weather conditions. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 49(1): 179-195. (In Persian with English abstract).
23. Vanda M, Hekmat, M., and Alishah, O. 2022. Investigation of Genetic Diversity and Identification of Superior Cotton Cultivars (*Gossypium hirsutum* L.) using SIIG Index. *Journal of Crop Breeding*; 14(44): 181-189. (In Persian with English abstract).
24. Vanda M, Hekmat, M., and Alishah, O. 2023. Selection of Superior Cotton Cultivars (*Gossypium hirsutum* L.) using GTBiplot model. *Journal of Crop Breeding*; 15(47): 134-146. (in Persian with English abstract).
25. Yan, W. 2001. GGE Biplot- A windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. *Agronomy Journal*, 93: 1111-1118.
26. Yan, W., and Fregeau-Reid, J. 2018. Genotype by Yield*Trait (GYT) Biplot: A novel approach for genotype selection based on multiple traits. *Scientific Reports*, 8: 1-10.
27. Yan, W., and Rajcan, I. 2002. Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*, 42: 11-20.
28. Yan, W., and Tinker, N.A. 2005. An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting and exploring genotype environment interaction. *Crop Science*, 45: 1004-1016.
29. Yan, W., Kang, M.S., Ma, B., Woods, S., and Cornelius, P.L. 2007. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype by environment data. *Crop Science*, 47: 643-655.
30. Zali, H., and Barati, A. 2020. Evaluation of selection index of ideal genotype (SIIG) in other to selection of barley promising lines with high yield and desirable agronomy traits. *Journal of Crop Breeding*, 12(34): 93-104. (In Persian with English abstract).
31. Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asghari A., and Zeinalabedini, M. 2016. Appropriate strategies for selection of drought tolerant genotypes in canola. *Journal of Crop Breeding*, 78(20): 77-90. (In Persian with English abstract).
32. Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asghari and A., and Hoseini, S.M. 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. (In Persian with English abstract).