

Integrating phenotypic evaluation and SNP marker-based genomic analysis for the identification of drought-tolerant wheat genotypes

Malihe Rahimi-Sadegh 

PhD student of Genetics and Plant Breeding, Department of Plant Production and Genetics, College of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran. E-mail: maliherahimisadegh@gmail.com

Somayeh Sardouei-Nasab 

Assistant Prof. of Genetics and Plant Breeding, Research and Technology Institute of Plant Production, Afzalipour Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran. E-mail: sardoueinasabs@gmail.com

Maryam Dorrani-Nejad

PhD graduate, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran. E-mail: m.dorraninejad@agr.uk.ac.ir

Soodabeh Golestani Kermani 

Assistant Professor, Department of Water Engineering, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran. E-mail: s.golestani@uk.ac.ir

Shokoofeh Khandani 

PhD graduate, Department of Genetics and Plant Breeding, College of Agriculture, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran. E-mail: shokoofekhandani@yahoo.com

Majid Hameedi Abooda 

PhD graduate, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran. E-mail: Shkh55055@gmail.com

Mohsin Abdulhay Desher 

Faculty Member, Department of Soil Sciences and Water Resources, College of Agriculture, University of Basrah, Iraq. E-mail: dr.mohsenabdulhay@gmail.com

Ghasem Mohammadi-Nejad 

*Corresponding author. Professor of Genetics and Plant Breeding, Research and Technology Institute of Plant Production (RTIPP), Afzalipour Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran. E-mail: mohammadinejad@uk.ac.ir

Andreas Börner 

Genebank Department, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Germany. E-mail: boerner@ipk-gatersleben.de

Ahmad Alqudah 

Department of Biological and Environmental Sciences, College of Arts and Sciences, Qatar University, Doha, Qatar. E-mail: ahqudah@gmail.com

Abstract

Objective

Drought is one of the abiotic stresses that reduces yield in agricultural crops, especially wheat in arid and semi-arid regions of the world. Evaluation of agronomic and physiological traits under drought stress conditions is useful for identifying traits affecting grain yield and drought-tolerant genotypes for use in breeding programs.

Materials and methods

In this study, in order to evaluate grain yield potential and select drought-tolerant genotypes, 255 bread wheat genotypes were assessed under normal and drought stress conditions using a randomized complete block design with two replications at the Agricultural Research Farm of the RIPP, Shahid Bahonar University of Kerman. Genotyping was performed using a 90K single nucleotide polymorphism (SNP) array at the IPK, Germany. Data were analyzed using statistical methods including combined analysis of variance, correlation analysis, stepwise regression, and path analysis. In addition, stress tolerance indices and genomic estimated breeding values (GEBV) were estimated.

Results

The results of combined analysis of variance showed significant differences among genotypes, environments, and genotype $\times$ environment interaction for most traits. Most yield-related traits showed a positive correlation with grain yield. Based on regression and path analysis, the number of grains per unit area and thousand-grain weight had major effects on grain yield. Furthermore, the prediction accuracy of genomic estimated breeding values ranged from 0.56 to 0.82, and narrow-sense heritability ranged from 0.09 to 0.42, indicating efficiency of genomic selection under drought stress conditions. Based on the STS, genotypes 9, 40, 53, 80, 92, 120, 132, 205, 253, and 255 were identified as the most drought-tolerant genotypes. The results of genomic estimated breeding values also showed that genotypes 187, 123, 262, 21, and 43 had the highest yield potential under stress conditions. A significant positive Spearman rank correlation was observed between STS- and GEBV-based rankings ($\rho = 0.705$, $P < 0.001$), indicating substantial agreement between phenotypic and genomic selection approaches.

Conclusions

In general, the number of grains per unit area, thousand-grain weight, and grain weight per plant were identified as the most important traits affecting grain yield under stress conditions. The results suggest that genomic selection complements rather than replaces phenotypic evaluation, and integrating both approaches can improve the accuracy of identifying drought-tolerant wheat genotypes.

Keywords: Correlation, Genome selection, Grain yield, Path analysis, Stepwise regression.

Paper Type: Research Paper.

Citation: Rahimi-Sadegh, M., Sardouei-Nasab, S., Dorrani-Nejad, M., Golestani Kermani, S., Khandani, S., Abooda, M.H., Desher, M.A., Mohammadi-Nejad, G., Börner, A., & Alqudah, A. (2026). Integrating phenotypic evaluation and SNP marker-based genomic analysis for the identification of drought-tolerant wheat genotypes. *Agricultural Biotechnology Journal*, 18(4), 131-160.

Agricultural Biotechnology Journal, 18(4), 131-160.

DOI: 10.22103/jab.2026.27223.1911

Received: June 01, 2026.

Received in revised form: August 13, 2026.

Accepted: August 14, 2026.

Published online: August 30, 2026.



Publisher: Shahid Bahonar University of Kerman & Iranian Biotechnology Society.

© the authors

Introduction

Bread wheat (*Triticum aestivum* L.) is one of the most important cereal crops in the world and a major source of human food. In arid and semi-arid regions, drought stress is one of the most severe environmental factors limiting wheat growth, productivity, and grain quality. In many wheat-growing regions, including dry areas of Iran, water deficit frequently occurs during critical growth stages and leads to significant yield losses. Because grain yield is a complex trait

controlled by many genes and strongly influenced by environmental conditions, direct selection based only on yield is often inefficient under stress conditions. Improving drought tolerance in bread wheat requires the identification of traits that are more stable and more closely associated with grain yield under water-limited environments. Traits such as grain number, thousand-grain weight, and grain weight per plant may provide useful indirect selection criteria because they often show higher heritability and stronger relationships with yield than grain yield itself. Therefore, analyzing the relationships among agronomic traits can help breeders understand which components contribute most to yield performance under drought stress. In addition to conventional phenotypic selection, genomic tools have created new opportunities for predicting breeding values and selecting superior genotypes more efficiently. Genomic estimated breeding values (GEBV) can be used to predict the performance of genotypes based on genome-wide marker information, and genomic selection can accelerate breeding progress by reducing the need for repeated multi-environment testing. However, the degree of agreement between genomic prediction and phenotypic drought tolerance indices remains an important question in practical breeding programs. In this study, 255 bread wheat genotypes were evaluated under normal and drought stress conditions to identify the most important traits affecting grain yield, determine drought-tolerant genotypes, and assess the usefulness of stress indices and genomic prediction in breeding for drought tolerance.

Materials and methods

A total of 255 bread wheat genotypes were evaluated under two environmental conditions: normal irrigation and drought stress. The experiment was conducted using a randomized complete block design with two replications. The genotypes were assessed for grain yield and related agronomic traits, with the aim of examining their performance under contrasting moisture regimes and identifying genotypes with superior drought tolerance. Genotyping of the evaluated materials was performed using a 90K single nucleotide polymorphism (SNP) array. The molecular marker data were used for genomic analyses, including estimation of genomic estimated breeding values. In addition to genomic information, field-based phenotypic data were analyzed using several statistical methods to determine the relative importance of traits and their contribution to grain yield. Combined analysis of variance was used to test the effects of genotype, environment, and genotype $\times$ environment interaction on the studied traits. Correlation analysis was conducted to examine the relationships among traits and their association with grain yield. Stepwise regression analysis was then used to identify the most important predictor traits affecting yield. To better understand the direct and indirect effects of different traits, path analysis was performed. Stress tolerance indices were also calculated to identify genotypes that maintained high performance under drought conditions. Among these indices, the stress tolerance score (STS) was used as an integrated criterion for ranking genotypes according to their tolerance and stability across environments. Moreover, genomic estimated breeding values were calculated to predict the yield potential of each genotype under stress. Prediction accuracy was estimated for the genomic model, and narrow-sense heritability was also calculated to evaluate the efficiency of selection for the studied traits. Agreement between STS- and GEBV-based genotype rankings was further evaluated using Spearman's rank correlation coefficient. The genomic analyses indicated that the

prediction framework was based on genome-wide marker information and, as stated in the manuscript, genomic selection was implemented using GBLUP. This approach made it possible to compare phenotypic selection with genomic prediction and identify promising genotypes for drought-prone environments.

Results

all traits, while genotype $\times$ environment interaction was significant for most traits, indicating substantial genetic variation and differential responses of genotypes to environmental conditions, particularly under drought stress. Correlation analysis revealed that most yield-related traits were positively associated with grain yield. Among them, number of grains per unit area, thousand-grain weight, and grain weight per plant showed the strongest relationships with yield, highlighting the importance of grain number formation and grain-filling capacity under drought stress. Stepwise regression and path analysis confirmed that number of grains per unit area and thousand-grain weight were the main determinants of grain yield, with strong direct effects, while other traits contributed mainly through indirect effects via these components. Genomic prediction analysis showed that the accuracy of genomic estimated breeding values (GEBVs) ranged from 0.56 to 0.82, while narrow-sense heritability ranged from 0.09 to 0.42, indicating moderate predictive ability and genetic variability among traits. These results suggest that genomic selection can support breeding decisions but depends on trait architecture and environmental conditions. Based on the stress tolerance score (STS), genotypes 9, 40, 53, 80, 92, 120, 132, 205, 253, and 255 were identified as the most drought-tolerant, showing stable performance under both stress and non-stress conditions. In contrast, genomic estimated breeding values (GEBV) identified genotypes 187, 123, 262, 21, and 43 as having the highest predicted yield potential under drought stress. Notably, genotypes 40, 53, and 132 showed consistent superiority across both STS and GEBV rankings, although discrepancies between phenotypic and genomic predictions were observed, indicating that these approaches capture different aspects of genotype performance. Spearman's rank correlation analysis showed a significant positive association between STS- and GEBV-based rankings ($\rho = 0.705$, $P < 0.001$), indicating substantial agreement between phenotypic and genomic selection despite some ranking discrepancies. Overall, integration of STS and GEBV provided a more comprehensive evaluation of genotypes, where STS reflected actual field-based drought tolerance, while GEBV represented genetic potential for yield.

Conclusions

performance, with grain yield primarily determined by yield-component traits, particularly number of grains per unit area and thousand-grain weight. These traits should be considered key selection criteria in drought-prone environments. The stress tolerance score (STS) proved to be a reliable and effective index for identifying drought-tolerant genotypes. At the same time, genomic estimated breeding values provided additional predictive information on genetic potential; however, genomic selection cannot replace phenotypic evaluation under stress conditions. Importantly, the observed discrepancies between STS and GEBV confirmed that each approach reflects different components of genotype performance. Therefore, genomic selection should be considered a complementary tool rather than a substitute for field-based phenotyping. Overall,

integrating field-based phenotyping, stress tolerance indices, and genomic selection provides a more comprehensive framework for identifying drought-tolerant wheat genotypes. The moderate-to-strong agreement between STS and GEBV rankings ($\rho = 0.705$), together with their partial discrepancies, indicates that these approaches provide complementary rather than redundant information, thereby improving the accuracy of selection and accelerating genetic gain in drought breeding programs.

Author contributions

Conceptualization: Ghasem Mohammadi-Nejad(GM) and Somayeh Sardouei-Nasab(SS); Methodology: SS, Maryam Dorrani-nejad (MD), Malihe Rahimi-Sadegh (MR), Soodabeh Golestani Kermani and Andreas Börner, Formal analysis and investigation: Malihe Rahimi-Sadegh (MR), Majid Hameedi Abooda(MHA), Mohsin Abdulhay Desher(MAD), Maryam Dorrani-nejad (MD) and Ahmad Alqudah; Writing—original draft preparation: MD, SS and MR; Writing—review and editing: Shokoofeh Khandani; Supervision: GM; Project administration: GM. All authors have read and agreed to the published version of the manuscript.

Data availability statement

The datasets generated and analyzed during the current study are available from the corresponding author on reasonable request.

Acknowledgements

The authors would like to express their sincere gratitude to the Ministry of Science, Research and Technology of Iran for the financial support provided for this research project. The authors also gratefully acknowledge the Genebank of the Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Germany, for providing the wheat germplasm used in this study. The authors further acknowledge the University of Basrah, Iraq, for its collaboration within the framework of a joint research project aimed at the improvement and breeding of wheat for drought tolerance. Their scientific cooperation and support significantly contributed to the successful completion of this study.

Ethical considerations

The authors confirm that this study was conducted in accordance with accepted standards of research integrity. No human or animal subjects were involved in this research. The authors have avoided data fabrication, falsification, plagiarism, and other forms of scientific misconduct.

Funding

This research was financially supported by the Ministry of Science, Research and Technology of Iran.

Conflict of interest

The authors declare that there is no conflict of interest regarding the publication of this paper.

تلفیق ارزیابی فنوتیپی و تحلیل ژنومی بر پایه نشانگر SNP برای شناسایی ژنوتیپ‌های گندم متحمل به تنش کم‌آبی

ملیحه رحیمی صادق 

دانشجوی دکتری، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران. رایانامه: maliherahimisadegh@gmail.com

سمیه ساردویی نسب 

استادیار ژنتیک و به ژادی گیاهی، پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی، پژوهشگاه فضلی پور، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران. رایانامه: sardoueinasabs@gmail.com

مریم درانی نژاد

دانش آموخته دکتری، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران. رایانامه: m.dorraninejad@agr.uk.ac.ir

سودابه گلستانی کرمانی 

استادیار، بخش مهندسی آب، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران. رایانامه: s.golestani@uk.ac.ir

شکوفه خاندانی 

دانش آموخته دکتری، گروه ژنتیک و به ژادی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران. رایانامه: shokoofehkhandani@yahoo.com

مجید حمیدی عبوده 

دانش آموخته دکتری، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران. رایانامه: Shkh55055@gmail.com

محسن عبدالهی دشر 

عضو هیئت علمی، بخش علوم خاک و منابع آب، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بصره، بصره، عراق. رایانامه: dr.mohsenabdulhay@gmail.com

قاسم محمدی نژاد 

*نویسنده مسئول: استاد تمام ژنتیک و به ژادی گیاهی، پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی، پژوهشگاه فضلی پور، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران. رایانامه: mohammadinejad@uk.ac.ir

آندرس بورنر 

بخش بانک ژن، مؤسسه لاینیتس تحقیقات ژنتیک گیاهی و گیاهان زراعی (IPK)، گاترسلبن، آلمان. رایانامه: boerner@ipk-gatersleben.de

احمد القضاة 

گروه علوم زیستی و علوم محیطی، دانشکده هنرها و علوم، دانشگاه قطر، دوحه، قطر. رایانامه: ahqudah@gmail.com
تاریخ دریافت: ۱۴۰۵/۰۳/۱۱ تاریخ دریافت فایل اصلاح شده نهایی: ۱۴۰۵/۰۵/۲۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۵/۲۲

چکیده

هدف: خشکی از تنش‌های غیر زیستی است که موجب کاهش عملکرد در محصولات کشاورزی به ویژه گندم، در نواحی خشک و نیمه خشک جهان می‌شود. ارزیابی صفات زراعی و فیزیولوژیک در شرایط تنش کم‌آبی برای شناسایی صفات تأثیرگذار بر عملکرد دانه و شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل به خشکی برای استفاده در برنامه‌های به‌ژادی مفید است.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه به منظور ارزیابی پتانسیل عملکرد دانه و انتخاب ژنوتیپ‌های متحمل به تنش کم‌آبی، ۲۵۵ ژنوتیپ گندم نان در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار در شرایط نرمال و تنش کم‌آبی در مزرعه تحقیقاتی پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی دانشگاه شهید باهنر کرمان مورد ارزیابی قرار گرفتند همچنین ژنوتیپ‌یابی با استفاده از آرایه چندشکلی تک نوکلئوتیدی (SNP) با تراکم ۹۰k در موسسه IPK آلمان انجام شد. برای تجزیه داده‌ها از روش‌های آماری شامل تجزیه واریانس مرکب، همبستگی، رگرسیون گام‌به‌گام و تجزیه علیت استفاده شد و همچنین شاخص‌های تحمل به تنش و ارزش‌های اصلاحی ژنومی (GEBV) برآورد گردید.

نتایج: نتایج تجزیه واریانس مرکب تفاوت معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای اکثر صفات نشان داد. اکثر صفات مرتبط با اجزای عملکرد، همبستگی مثبتی با عملکرد دانه نشان دادند. بر اساس نتایج تجزیه رگرسیون و تجزیه علیت، صفات تعداد دانه در واحد سطح و وزن هزار دانه تأثیر عمده‌ای بر عملکرد دانه داشتند. همچنین، دقت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی در محدوده ۰/۵۶ تا ۰/۸۲ و وراثت‌پذیری خصوصی بین ۰/۰۹ تا ۰/۴۲ برآورد شد که بیانگر کارایی مناسب انتخاب ژنومی در شرایط تنش کم‌آبی است. مقایسه رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص STS و GEBV نشان داد که بین دو روش همبستگی مثبت و معنی‌داری وجود دارد ($P < 0.001$, $\rho = 0.705$) و برخی ژنوتیپ‌ها، از جمله ۴۰، ۵۳ و ۱۳۲، در هر دو روش در بین ژنوتیپ‌های برتر قرار گرفتند.

نتیجه‌گیری: در مجموع، صفات تعداد دانه در واحد سطح، وزن هزار دانه و وزن دانه در بوته به‌عنوان مهم‌ترین صفات مؤثر بر عملکرد دانه در شرایط تنش شناسایی شدند. همچنین نتایج این پژوهش نشان داد که انتخاب ژنومی و شاخص STS، با وجود تفاوت در مبنای ارزیابی، اطلاعات مکملی در شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل به تنش کم‌آبی ارائه می‌کنند و استفاده تلفیقی از آن‌ها می‌تواند دقت انتخاب را در برنامه‌های اصلاحی افزایش دهد.

کلیدواژه‌ها: انتخاب ژنومی، تجزیه علیت، رگرسیون گام به گام، عملکرد دانه، همبستگی.

نوع مقاله: پژوهشی.

استناد: رحیمی صادق، ملحه، ساردوئی نسب سمیه، درانی‌نژاد مریم، سودابه گلستانی کرمانی سودابه، خاندانی شکوفه، عبوده ماجده دشر محسن، محمدی‌نژاد قاسم، بورنر آندرس، القضاة احمد (۱۴۰۵) تلفیق ارزیابی فنوتیپی و تحلیل ژنومی بر پایه نشانگر SNP برای شناسایی ژنوتیپ‌های گندم متحمل به تنش کم‌آبی. *مجله بیوتکنولوژی کشاورزی*، ۱۸(۴)، ۱۳۱-۱۶۰.

Publisher: Shahid Bahonar University of Kerman & Iranian Biotechnology Society.
© the authors



مقدمه

گندم نان (*Triticum aestivum* L.) یکی از مهم‌ترین غلات جهان است که به‌دلیل سازگاری گسترده با شرایط اقلیمی مختلف، به‌طور وسیع در سراسر دنیا کشت شده و غذای اصلی بیش از یک‌سوم جمعیت جهان را تأمین می‌کند (Ahmadi, Lahijani and Emam, 2013). با توجه به قرار گرفتن ایران در مناطق خشک و نیمه‌خشک و محدودیت منابع آبی، تنش خشکی یکی از عوامل اصلی کاهش عملکرد این محصول راهبردی محسوب می‌شود (Naseri et al., 2016)؛ از سوی دیگر، با افزایش جمعیت جهان تا حدود ۹ میلیارد نفر تا سال ۲۰۵۰، بهبود عملکرد و پایداری تولید گندم نقش کلیدی در تأمین امنیت غذایی خواهد داشت (Rakshit et al., 2012). تنش کم‌آبی از مهم‌ترین تنش‌های غیر زنده محیطی است که موجب کاهش عملکرد محصولات کشاورزی، به ویژه در نواحی خشک و نیمه خشک جهان می‌شود (Afrawi et al., 2011). نتایج تحقیقات پیشین نشان داده است که تنش کم‌آبی تأثیرات بارز و کاهنده‌ای بر اکثر صفات فیزیولوژیکی و ریخت‌شناسی دارد (Abdoli and

2013; Amiri et al., 2012; Saeidi). حداکثر اثرات و زیان تنش کم آبی بر محصولات زراعی به ویژه گندم در مرحله زایشی به صورت کاهش تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه بوده است (Rahman et al., 2009). عملکرد دانه یک صفت کمی است که به وسیله تعداد زیادی ژن با اثرات کم کنترل می شود و وراثت پذیری عملکرد دانه به علت اثر متقابل ژنوتیپ در محیط پایین می باشد و انتخاب مستقیم بر اساس عملکرد در کارهای به نژادی چندان موثر نمی باشد (Dawari and Luthra, 1991). اما صفات مورفولوژیکی وراثت پذیری بالایی دارند و به دقت و با سادگی زیادی قابل اندازه گیری هستند و انتخاب بر اساس این صفات ممکن است راه مطمئن و سریع تری برای غربال کردن جامعه گیاهی و بهبود عملکرد دانه باشد (Yap et al., 1972). روابط بین صفات عملکرد و اجزای عملکرد، بازده برنامه های اصلاحی را از طریق انتخاب شاخص های مناسب و مؤثر افزایش می دهد در این راستا، استفاده از روش هایی مانند همبستگی فنوتیپی، رگرسیون گام به گام و تجزیه علیت، امکان شناسایی اثرات مستقیم و غیرمستقیم صفات بر عملکرد دانه را فراهم می کند. شناخت روابط بین عملکرد دانه و صفات مرتبط با آن، نقش مهمی در افزایش کارایی برنامه های اصلاحی دارد. در این زمینه، گزارش شده است که عملکرد دانه با صفاتی نظیر عملکرد زیستی، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک همبستگی مثبت و معنی داری دارد، در حالی که برخی روابط منفی نیز میان اجزای عملکرد مشاهده شده است (Dehghan et al., 2011). همچنین استفاده از روش هایی نظیر همبستگی و تجزیه علیت در گندم و سایر غلات، امکان شناسایی صفات دارای اثر مستقیم و غیرمستقیم بر عملکرد را فراهم کرده و به تعیین معیارهای مؤثر در انتخاب ژنوتیپ های برتر کمک کرده است (Khodadadi et al., 2011; Aklilu et al., 2020; Soleymani and Naseri, 2020). تنش خشکی از مهم ترین عوامل محدود کننده تولید محصولات زراعی است و ارزیابی ژنوتیپ ها از طریق شاخص های تحمل به خشکی یکی از روش های رایج برای شناسایی ژنوتیپ های برتر محسوب می شود. به منظور این ارزیابی، شاخص های متعددی از جمله TOL، MP، GMP، STI، SSI، HM، YI، ATI، SSPI و YSI معرفی شده اند که هر یک جنبه ای از واکنش ژنوتیپ ها به شرایط تنش و بدون تنش را توصیف می کنند (Fernandez, 1992; Moosavi et al., 2008). انتخاب شاخص مناسب از اهمیت زیادی برخوردار است، زیرا شاخص کارآمد باید بتواند ژنوتیپ های دارای عملکرد مطلوب در هر دو شرایط تنش و بدون تنش را شناسایی کند (Fernandez, 1992). همچنین گزارش شده است که استفاده همزمان از شاخص های تحمل و حساسیت به تنش و به کارگیری شاخص های تلفیقی، دقت رتبه بندی ژنوتیپ ها و تفکیک ژنوتیپ های متحمل از حساس را افزایش می دهد (Abdolshahi et al., 2013). بنابراین، استفاده همزمان از چندین شاخص تحمل و حساسیت می تواند ارزیابی جامع تر و دقیق تری از واکنش ژنوتیپ ها به تنش خشکی فراهم کند. با این حال، به دلیل ماهیت کمی عملکرد دانه و تأثیرپذیری آن از برهم کنش ژنوتیپ و محیط، استفاده از روش های نوین مانند انتخاب ژنومی و برآورد ارزش های اصلاحی ژنوم، (GEBV)¹ می تواند دقت انتخاب را به طور قابل توجهی افزایش دهد. این رویکرد با بهره گیری همزمان از اطلاعات فنوتیپی و نشانگرهای مولکولی، امکان پیش بینی پتانسیل ژنتیکی ژنوتیپ ها را فراهم کرده و فرآیند اصلاح را تسریع می کند (Gidamo, 2022). در گندم، انتخاب ژنومی با موفقیت برای تعدادی از صفات کلیدی از جمله عملکرد دانه (Lozada et al., 2019)، کیفیت دانه (Haile et al., 2018) و مقاومت کمی به بیماری، مانند بیماری فوزاریوم (Herter et al., 2019) اجرا شده است. با وجود مطالعات متعدد در زمینه ارزیابی تحمل به خشکی و شناسایی صفات مؤثر بر عملکرد در گندم، بیشتر پژوهش ها بر ارزیابی فنوتیپی

¹ Genome estimated breeding values; GEBV

ژنوتیپ‌ها یا استفاده از شاخص‌های تحمل به خشکی متمرکز بوده‌اند. همچنین مطالعات انتخاب ژنومی در گندم عمدتاً بر پیش‌بینی صفات زراعی در شرایط عمومی متمرکز شده و اطلاعات محدودی درباره تلفیق ارزیابی فنوتیپی تحمل به تنش کم‌آبی با پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی مبتنی بر نشانگرهای SNP در مجموعه‌های ژنتیکی گندم وجود دارد. از این‌رو، بررسی همزمان عملکرد ژنوتیپ‌ها در شرایط تنش و بدون تنش، شناسایی صفات مؤثر بر عملکرد و بهره‌گیری از انتخاب ژنومی می‌تواند دقت انتخاب ژنوتیپ‌های برتر را افزایش داده و کارایی برنامه‌های اصلاحی را بهبود بخشد. در مجموع، انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در شرایط تنش کم‌آبی و شناسایی صفات مؤثر بر عملکرد، از اهداف اصلی برنامه‌های به‌نژادی محسوب می‌شود. بنابراین، این مطالعه با هدف ارزیابی صفات زراعی و فیزیولوژیک، بررسی روابط بین صفات، برآورد ارزش‌های اصلاحی ژنومی و شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل به خشکی به‌منظور استفاده در برنامه‌های اصلاحی آینده انجام شد.

مواد و روش‌ها

تعداد ۲۵۵ ژنوتیپ مختلف گندم نان که از مؤسسه IPK آلمان تهیه شده بودند، در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار طی سال زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹ در مزرعه تحقیقاتی پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی دانشگاه شهید باهنر کرمان (طول جغرافیایی ۵۷ درجه و عرض جغرافیایی ۳۰ درجه و ارتفاع ۱۷۵۶ متری از سطح دریا)، در دو محیط نرمال و تنش کم‌آبی ارزیابی شدند. اسامی ژنوتیپ‌ها در جدول شماره ۱ آورده شده است. باتوجه به آمار ایستگاه هواشناسی در منطقه‌ی مورد کشت، میانگین سالانه درجه حرارت هوا، درصد رطوبت نسبی و مجموع میزان بارندگی به ترتیب ۱۷/۲ درجه سانتی‌گراد، ۳۲/۸ درصد و ۵۹/۲ میلی‌متر بودند. تنش کم‌آبی در مرحله ۴ برگ‌ی اعمال گردید. اعمال تنش کم‌آبی بر اساس پایش رطوبت خاک در ناحیه ریشه (عمق صفر تا ۳۰ سانتی‌متر) با استفاده از دستگاه TDR انجام شد. اندازه‌گیری رطوبت خاک در هر کرت آزمایشی به‌صورت منظم در بازه‌های زمانی هر ۲ تا ۳ روز یک‌بار و همچنین پیش از هر نوبت آبیاری انجام گرفت. در شرایط نرمال، رطوبت خاک در حد ظرفیت زراعی (۸۶/۱۸ درصد) و در شرایط تنش کم‌آبی در سطح ۳۰ درصد ظرفیت زراعی حفظ گردید (Haque et al., 2021). برای یکنواخت‌سازی شرایط تنش در تمام کرت‌ها، اندازه‌گیری‌ها در ساعات ثابت روز (صبح‌ها بین ۸ تا ۱۰ صبح) انجام شد و مقادیر ثبت‌شده برای تصمیم‌گیری آبیاری و پایش شدت تنش مورد استفاده قرار گرفت. همچنین، تمامی مراقبت‌های لازم از جمله کوددهی و وجین علف‌های هرز به صورت یکسان و دستی برای تمامی ژنوتیپ‌ها انجام شد. صفات فیزیولوژیک شامل سرعت فتوسنتز با استفاده از دستگاه فتوسنتزومتر و میزان کلروفیل با دستگاه SPAD و صفات زراعی شامل روز تا سنبله‌دهی، روز تا رسیدگی، طول برگ پرچم، عرض برگ پرچم، طول سنبله، ارتفاع بوته و تعداد سنبله بارور و صفات عملکرد شامل وزن دانه در بوته، تعداد دانه در بوته، تعداد دانه در واحد سطح، وزن هزار دانه، عملکرد زیستی و عملکرد دانه در هر دو شرایط تنش و نرمال ارزیابی شدند. بعد از انجام آزمون بارتلت برای بررسی یکنواخت بودن واریانس محیط‌ها، تجزیه واریانس مرکب، رگرسیون گام به گام و تجزیه علیت با استفاده از نرم‌افزارهای آماری EXCLE 2019، SAS 9.1 و SPSS 26 انجام و همچنین همبستگی پیرسون با پکیج corrplot در محیط نرم افزاری R انجام شد (Wei et al., 2017).

جدول ۱. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه

Table 1. The studied genotypes

شماره Number	نام Name	منشاء Origin	شماره Number	نام Name	منشاء Origin	شماره Number	نام Name	منشاء Origin
1	KATYA	UnKnown ناشناخته	20	Skipetr	RUS روسیه	39	Brigant	GBR بریتانیا
2	KP134-3	RUS روسیه	21	Narobna	PL لهستان	40	BCD 1302/83	MDA مولداوی
3	Wesley/SD9704 9	USA آمریکا	22	NS 602	SRB صربستان	41	Benni multifloret	USA آمریکا
4	SD98444/SD97 060	USA آمریکا	23	Svilena	BUL بلغارستان	42	Bankut 1205	HUN مجارستان
5	88-86	RUS روسیه	24	Crina	ROM رومانی	43	NS 33/90	UnKnown ناشناخته
6	BORG	SWE سوئد	25	UMKA	RUS روسیه	44	Nova banatka	SRB صربستان
7	Zlatica	BUL بلغارستان	26	LUTESCENS 410H39	KAZ قزاقستان	45	NS 63-24	SRB صربستان
8	FOLKE	SWE سوئد	27	ZOLOTAVA/ DAR ZERNOGRA DA	UKR اوکراین	46	Roma	PL لهستان
9	Muza	PL لهستان	28	BULK02R2B	USA آمریکا	47	Bezostaja 1	RUS روسیه
10	KARABALYK SKAYA 101	KAZ قزاقستان	29	SERI82	MEX مکزیک	48	Naridana	PL لهستان
11	Durin	FRA فرانسه	30	88-85	RUS روسیه	49	Rywalka	PL لهستان
12	Donska polupat.	RUS روسیه	31	STARKE I	UnKnown ناشناخته	50	LUTESCE NS410H48	KAZ قزاقستان
13	Capelle Desprez	FRA فرانسه	32	JYVÄ	FIN فنلاند	51	LUTESCE NS410H53	KAZ قزاقستان
14	Ai-bian	JPN ژاپن	33	Norstar	USA آمریکا	52	KRUZHIN KA/MV IRMA	UKR اوکراین
15	Cajeme 71	MEX مکزیک	34	Filatovka	RUS روسیه	53	ST.ERYHT R 1334-07	UKR اوکراین
16	Ana	HRV کرواسی	35	Ul'yanovka	RUS روسیه	54	Acciaio	ITA ایتالیا
17	Avalon	GBR بریتانیا	36	HOLME	SWE سوئد	55	SD98W302/ NW97S186	USA آمریکا
18	Norin 10	JPN ژاپن	37	Florida	USA آمریکا	56	LINNA	FIN فنلاند
19	Kristall	BUL بلغارستان	38	Sailor	GER آلمان	57	AURA	FIN فنلاند

Table1. Continued

جدول ۱. ادامه

شماره Number	نام Name	منشاء Origin	شماره Number	نام Name	منشاء Origin	شماره Number	نام Name	منشاء Origin
58	Roughrider	USA آمریکا	79	Lambriego Inia	CHL شیلی	100	Smuga	PL لهستان
59	Legenda	PL لهستان	80	L - 1	HUN مجارستان	101	Moskovskaja 56	RUS روسیه
60	Korweta	PL لهستان	81	NI9814	USA آمریکا	102	Doneko	RUS روسیه
61	Muszelka	PL لهستان	82	Triple Dirk B (GK 12)	AUS استرالیا	103	Nizija	SRB صربستان
62	Mikon	GER آلمان	83	NS 55-25	SRB صربستان	104	Min. Dwarf	AUS استرالیا
63	Zentos	GER آلمان	84	Ermak	RUS روسیه	105	TJB 990-15	GBR بریتانیا
64	Mulan	GER آلمان	85	Favoritka	RUS روسیه	106	Triple Dirk B (GK 775)	AUS استرالیا
65	Flair	GER آلمان	86	Sakura	CZ جمهوری چک	107	Slavija	USA آمریکا
66	Cook	AUS استرالیا	87	Purd.39120	USA آمریکا	108	Sava	SRB صربستان
67	Centurk	USA آمریکا	88	Purd.5392	USA آمریکا	109	Karabalikskaya Osimaya	KAZ قزاقستان
68	Nov.Crvena	SRB صربستان	89	ZG K 238/82	HRV کرواسی	110	Simila	CZ جمهوری چک
69	NS 22/92	SRB صربستان	90	Rusalka	BUL بلغارستان	111	Pobeda	SRB صربستان
70	Vakka	FIN فنلاند	91	Vel	USA آمریکا	112	PKB Krupna	SRB صربستان
71	Zvonniza	RUS روسیه	92	NS 66/92	SRB صربستان	113	NS 79/90	SRB صربستان
72	Ridit	USA آمریکا	93	M-31/Holley	RUS روسیه	114	ZG 1011	GBR بریتانیا
73	Neda	BUL بلغارستان	94	AURELE	FRA فرانسه	115	M-31/Fox	RUS روسیه
74	Slawa	PL لهستان	95	KOMSOMOLSKAYA 103	KAZ قزاقستان	116	7109	RUS روسیه
75	Sukces	PL لهستان	96	Bezenchukskaya 616	RUS روسیه	117	M-31/Cloud	RUS روسیه
76	Helios	USA آمریکا	97	FI-400	UnKnown ناشناخته	118	Zemka	RUS روسیه
77	NS 46/90	SRB صربستان	98	S01-31-12	CAN کانادا	119	Bezostaya 1	RUS روسیه
78	L 1/91	SRB صربستان	99	GSA 6 (P97TP538)	GER آلمان	120	su3ore	SWE سوئد

Table1. Continued

جدول ۱. ادامه

شماره	نام	منشاء	شماره	نام	منشاء	شماره	نام	منشاء
Number	Name	Origin	Number	Name	Origin	Number	Name	Origin
121	BANCO	SWE سوئد	141	Red Coat	SRB صربستان	161	Moskovskaya 56	RUS روسیه
122	GSA 14 (MH. 98-16)	GER آلمان	142	M- 31*/Jo3088	RUS روسیه	162	Smuglyanka	RUS روسیه
123	SAXO	SWE سوئد	143	Saratovskaya 17	RUS روسیه	163	Liona	UKR اوکراین
124	GSA 4 (P94TP538)	GER آلمان	144	Rannyaya 12	RUS روسیه	164	ZG K T 159/82	HRV کرواسی
125	Tonacja	PL لهستان	145	Severodonets kaya Yubileinaya	RUS روسیه	165	7114 (Kavkaz/M- 43*/Kavkaz)	RUS روسیه
126	Turnia	PL لهستان	146	Svetoch	RUS روسیه	166	M-31/Flex	RUS روسیه
127	Norin 10/Brev.14	AUS استرالیا	147	DH01-25- 199*R	CAN کانادا	167	Kohelia	PL لهستان
128	Holly E	USA آمریکا	148	BUENNO	FRA فرانسه	168	Bashkirskaya 10	RUS روسیه
129	Mina	SRB صربستان	149	PICARD	FRA فرانسه	169	Resurs	RUS روسیه
130	Mironovska 808	UKR اوکراین	150	GSA 9 (SUR.2001/2 07)	GER آلمان	170	SKAGEN	GER آلمان
131	Szegedi 768	HUN مجارستان	151	ARLEQUIN	GER آلمان	171	GSA 11 (SUR. 99934)	GER آلمان
132	Suwon 92	IND هندوستان	152	GSA 8 (SUR.2001/1 66)	GER آلمان	172	Pergaja	UnKnow n ناشناخته
133	Sofija	SRB صربستان	153	S01-285- 20*R	CAN کانادا	173	KARABALYK SKAYA OSTISTAYA	KAZ قزاقستان
134	Antonovka	BUL بلغارستان	154	DH01-29- 167	CAN کانادا	174	Kuibyshevka	RUS روسیه
135	GSA 12 (Wvß 6305)	GER آلمان	155	S01-360-1	CAN کانادا	175	Povolzhskaya 86	RUS روسیه
136	Tulsa	GER آلمان	156	CDC BUTEO	CAN کانادا	176	S01-350-6	CAN کانادا
137	Renesansa	SRB صربستان	157	DH02-15-54	UnKnown ناشناخته	177	S01-249-14*R	CAN کانادا
138	Peking 11	SWE سوئد	158	DH01-29- 125	CAN کانادا	178	Mironovskaya 808	UKR اوکراین
139	7017 (Kavkaz/M- 43*/Kavkaz)	RUS روسیه	159	PEREGRIN E	CAN کانادا	179	APACHE	FRA فرانسه
140	ZG K 3/82	HRV کرواسی	160	Moskovskay a 40	RUS روسیه	180	AKTEUR	GER آلمان

Table1. Continued

جدول ۱. ادامه

شماره	نام	منشاء	شماره	نام	منشاء	شماره	نام	منشاء
Number	Name	Origin	Number	Name	Origin	Number	Name	Origin
181	LEIFFER	GER آلمان	203	Hazen	USA آمریکا	225	PIKO	GER آلمان
182	DH01-25-135*R	CAN کانادا	204	DH99-39-55-5*	CAN کانادا	226	GSA 2 (DI.9714)	GER آلمان
183	DH02-18-88	CAN کانادا	205	DH01-29-33*R	CAN کانادا	227	Santa	RUS روسیه
184	TARSO	GER آلمان	206	SW TATAROS	GER آلمان	228	Bezenchukskaya 790	RUS روسیه
185	BRILLIANT	GER آلمان	207	CDC FALCON	CAN کانادا	229	Guberniya	RUS روسیه
186	Viktoriya 95	RUS روسیه	208	MAGISTER	GER آلمان	230	GSA 5 (P96QH529)	FRA فرانسه
187	Levoberezhnaya 3	RUS روسیه	209	SW MAXI	GER آلمان	231	DH01-32-13	CAN کانادا
188	Ershovskaya 11	RUS روسیه	210	DH99-55-342-4	CAN کانادا	232	S01-249-8*R	CAN کانادا
189	Kalach 60	RUS روسیه	211	TÜRKIS	GER آلمان	233	TRANSIT	GER آلمان
190	Irkutskaya ozimaya	RUS روسیه	212	TIGER	GER آلمان	234	Goldfield	USA آمریکا
191	Podoljanka	UKR اوکراین	213	DISCUS	GER آلمان	235	ATHLON	GER آلمان
192	Batuta	PL لهستان	214	ZOBEL	GER آلمان	236	ARKTIS	GER آلمان
193	Odessa 267	UKR اوکراین	215	Saratovskaya 90	RUS روسیه	237	Bezenchukskaja 380	RUS روسیه
194	Bagrationovskaya	RUS روسیه	216	Levoberezhnaya 1	RUS روسیه	238	Biruz	RUS روسیه
195	Kobra plus	PL لهستان	217	Almari	PL لهستان	239	Biryuz	RUS روسیه
196	BEZOSTAYA (1?)	RUS روسیه	218	Kirija	UKR اوکراین	240	FAMULUS	GER آلمان
197	Malakhit	RUS روسیه	219	Powaga	UKR اوکراین	241	BULAVA	RUS روسیه
198	GSA 10 (SUR. 99820)	FRA فرانسه	220	Bogatka	PL لهستان	242	Nemchinovskaya 57	RUS روسیه
199	GSA 7 (SUR.01/186)	FRA فرانسه	221	Novosibirskaya 32	RUS روسیه	243	CHEYENNE	USA آمریکا
200	Dzhangal	RUS روسیه	222	Polisska 90	UKR اوکراین	244	Wagrein	AUT اتریش
201	Kazanskaya 285	RUS روسیه	223	Finezja	PL لهستان	245	MATRIX	GER آلمان
202	Kazanskaya 560	RUS روسیه	224	GSA 13 (BR2736d)	GER آلمان	246	Volzhskaya K	RUS روسیه

Table1 Continued

جدول ۱. ادامه

شماره	نام	منشاء	شماره	نام	منشاء	شماره	نام	منشاء
Number	Name	Origin	Number	Name	Origin	Number	Name	Origin
247	Bezenchukskaya 380	RUS روسیه	250	Ernie	USA آمریکا	253	Superhead	IRN ایران
248	Nemchinovskaya 24	RUS روسیه	251	JULIUS	GER آلمان	254	Kavir	IRN ایران
249	Kirgiskaja 16	RUS روسیه	252	Tritipyrom	IRN ایران	255	Sabalan	IRN ایران

برای گزینش ژنوتیپ‌های متحمل به خشکی از شاخص‌های تحمل به خشکی در جدول ۲ به صورت زیراستفاده گردید: در رابطه‌های (۲-۹) Y_s = عملکرد ژنوتیپ‌ها در شرایط تنش، Y_p = عملکرد ژنوتیپ‌ها در شرایط بدون تنش، $\bar{Y}_s$ = میانگین عملکرد کل ژنوتیپ‌ها در شرایط تنش، $\bar{Y}_p$ = میانگین عملکرد کل ژنوتیپ‌ها در شرایط بدون تنش و SI شدت تنش می‌باشد. برای نمره تحمل به تنش (STS)، ابتدا شاخص‌ها طبق فرمول (۱) استاندارد می‌شوند و سپس با استفاده از فرمول (۱۰) محاسبه می‌گردد. در رابطه (۱) X_{ij}, Z_{ij} به ترتیب نمره استاندارد شاخص i ام برای اکوتیپ j ام، $\bar{X}_i$ میانگین و S_i انحراف معیار شاخص i ام است.

$$Z_{ij} = \frac{X_{ij} - \bar{X}_i}{S_i} \quad \text{رابطه (۱)}$$

ژنوتیپ‌بایی ۲۵۵ ژنوتیپ گندم مورد مطالعه با استفاده از آرایه چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی (iSelect 90K (SNP) Illumina Inc., San Diego, CA, USA) در موسسه IPK آلمان انجام شده بود. داده‌های خام ژنوتیپی ابتدا تحت فرآیند کنترل کیفیت قرار گرفتند تا نشانگرهای با کیفیت پایین حذف شوند. بدین منظور، تمامی مراحل پالایش داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار TASSEL (نسخه ۵) انجام شد. ابتدا نشانگرهایی که دارای بیش از ۳۰ درصد داده گمشده بودند و ژنوتیپ‌های از دست رفته بیش از ۵ درصد از مجموعه داده حذف شدند. سپس نشانگرها براساس فراوانی آللی نادر (MAF)^۲ غربال شده و نشانگرهای دارای MAF کمتر از ۰/۰۳ کنار گذاشته شدند. علاوه بر این، نشانگرهای دارای هتروزیگوسیتی بیش از ۱۲/۵ درصد نیز حذف شدند تا از تأثیر خطاهای احتمالی ژنوتیپی و نشانگرهای کم‌اطمینان بر نتایج تحلیل کاسته شود (Schierenbeck et al., 2021). پس از اعمال فیلترهای کنترل کیفیت، تعداد ۱۷۰۵۴ نشانگر SNP با کیفیت بالا و ۲۳۷ ژنوتیپ باقی ماند. این مجموعه نشانگری برای محاسبه ارزش‌های اصلاحی ژنومی و برازش مدل‌های پیش‌بینی ژنومی مورد استفاده قرار گرفت. برای برآورد ارزش‌های اصلاحی ژنومی (GEBV) در شرایط تنش برای صفات وارد شده در مدل رگرسیون گام به گام همراه عملکرد دانه، از مدل خطی آمیخته ژنومی (GBLUP)^۳ استفاده شد (Meuwissen et al., 2001; Bernardo, 2010). تحلیل‌ها در نرم‌افزار R و با بسته rrBLUP انجام شد (Endelman, 2011) و مؤلفه‌های واریانس با روش REML برآورد گردید. مدل آماری به صورت $y = Xb + Zu + e$ در نظر گرفته شد که در آن u و e به ترتیب اثرات تصادفی ژنوتیپی و خطا با توزیع نرمال چندمتغیره فرض شدند (Piepho et al., 2008). ماتریس رابطه ژنومی (G) براساس روش VanRaden (2008) محاسبه شد.

². Minor Allele Frequency; MAF

³. Genomic best linear unbiased prediction; GBLUP

جدول ۲. معرفی شاخص‌های تحمل و حساسیت به تنش کم‌آبی

Table 2. Drought tolerance indices

شاخص‌ها Indices	منبع Reference	شاخص‌ها Indices	
$TOL = Y_p - Y_s^4$	Rosielle and Hamblin, 1981	تحمل Stress tolerance	رابطه ۲)
$MP = (Y_s + Y_p) / 2^5$	Rosielle and Hamblin, 1981	بهره‌وری متوسط Mean productivity	رابطه ۳)
$GMP = \sqrt{Y_s \times Y_p}^6$	Fernandez, 1992	میانگین هندسی تولید Geometric mean productivity	رابطه ۴)
$STI = (Y_p \times Y_s) / \bar{Y}_p^2^7$	Fernandez, 1992	تحمل به تنش Stress tolerance index	رابطه ۵)
$SSI = [1 - (Y_s/Y_p)] / SI^8$	Fischer and Maurer, 1978	حساسیت به تنش Stress susceptibility index	رابطه ۶)
$SI = I - \frac{\bar{Y}_s}{\bar{Y}_p}$			
$HM = [2 \times (Y_s \times Y_p)] / (Y_s + Y_p)^9$	Schneider et al., 1997	هارمونیک mean Harmonic	رابطه ۷)
$ATI = \frac{(Y_p - Y_s)}{(\frac{Y_p - Y_s}{Y_s})} \times \sqrt{Y_p \times Y_s}$	Moosavi et al., 2008	تحمل تنش غیرزیستی Abiotic Tolerance Index	رابطه ۸)
$SSPI = \frac{(Y_p - Y_s)}{2\bar{Y}_p} \times 100$	Moosavi et al., 2008	درصد حساسیت به تنش Stress Susceptibility Percentage Index	رابطه ۹)
$STS = MP + GMP + STI + HM + ATI - SSPI - TOL - SSI^{10}$	Abdolshahi et al., 2013	نمره تحمل به تنش Stress Tolerance score	رابطه ۱۰)

همچنین وراثت‌پذیری ژنومی به صورت نسبت واریانس ژنتیکی افزایشی به واریانس فنوتیپی کل محاسبه شد. به منظور ارزیابی عملکرد مدل‌های پیش‌بینی ژنومی، از روش اعتبارسنجی متقابل (Cross-validation) استفاده شد. بدین منظور، کل جمعیت به پنج زیرمجموعه (5-fold) با اندازه تقریباً مساوی تقسیم گردید. در هر تکرار، چهار زیرمجموعه (۸۰ درصد داده‌ها) به عنوان مجموعه آموزش برای برآورد اثر نشانگرها و محاسبه GEBVها مورد استفاده قرار گرفت و زیرمجموعه باقیمانده (۲۰ درصد داده‌ها) به عنوان مجموعه اعتبارسنجی در نظر گرفته شد. این فرآیند به گونه‌ای تکرار شد که هر زیرمجموعه یک بار به عنوان مجموعه اعتبارسنجی استفاده شود. سپس توان پیش‌بینی به صورت ضریب همبستگی پیرسون بین مقادیر پیش‌بینی شده GEBV و مقادیر فنوتیپی مشاهده شده افراد موجود در مجموعه اعتبارسنجی محاسبه شد. میانگین همبستگی حاصل از تمامی تکرارها به عنوان معیار نهایی ارزیابی عملکرد مدل گزارش گردید (Meuwissen et al., 2001; Crossa et al., 2017). برای مقایسه نتایج حاصل از شاخص‌های تنش STS و GEBV، از ضریب همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن بین رتبه‌های ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در دو

⁴. Stress tolerance; TOL

⁵. Mean productivity; MP

⁶. Geometric mean productivity; GMP

⁷. Stress tolerance index; STI

⁸. Stress susceptibility index; SSI

⁹. Harmonic mean; HM

¹⁰. Stress Tolerance score; STS

روش استفاده شد. همچنین، به منظور بررسی بصری میزان همخوانی رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها، نمودار پراکنش رتبه‌ها با استفاده از بسته ggplot2 در محیط نرم‌افزار R ترسیم گردید.

نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس مرکب صفات اندازه‌گیری شده در جدول شماره ۳ ارائه شده است. میانگین مربعات محیط برای همه صفات اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد نشان داد، که این اختلاف بیانگر تفاوت قابل توجه بین دو شرایط رطوبتی مورد مطالعه (نرمال و تنش کم‌آبی) بود. در میانگین مربعات ژنوتیپ‌ها، برای تمامی صفات اختلاف بسیار معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد مشاهده شد که این اختلاف بسیار معنی‌دار، نشان‌دهنده وجود تفاوت قابل ملاحظه‌ای بین ژنوتیپ‌های آزمایشی است. اطلاع از وجود تنوع ژنتیکی کافی در جمعیت مورد مطالعه برای انتخاب ژنوتیپ‌های پرمعمر، پیش‌نیاز هر برنامه اصلاحی است. در پژوهشی Khodadadi et al. (2011) تفاوت معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های گندم از نظر صفات طول و عرض برگ پرچم، وزن هزار دانه، طول خوشه، فاصله غلاف برگ پرچم تا خوشه، ارتفاع بوته، تعداد ساقه بارور، تعداد کل ساقه، مدت زمان پنجه‌زدن و کلروفیل برگ در مراحل مختلف پر شدن دانه گزارش کردند. در مطالعه حاضر، اثر متقابل ژنوتیپ در محیط برای تمامی صفات به جز، طول سنبله و ارتفاع بوته معنی‌دار بود. این نتیجه نشان‌دهنده واکنش متفاوت ژنوتیپ‌ها از لحاظ صفات معنی‌دار در محیط‌های مختلف می‌باشد.

همبستگی: نتایج همبستگی بین صفات در شرایط تنش کم‌آبی در شکل ۱ ارائه شده است. شناسایی صفاتی که بیشترین همبستگی را با عملکرد دانه تحت شرایط تنش دارند، علاوه بر تبیین روابط فنوتیپی، می‌تواند در بهبود تفسیر نتایج انتخاب ژنومی نیز مؤثر باشد. همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری بین وزن دانه در بوته و تعداد دانه در بوته ($r=0/89$) و همچنین بین تعداد دانه در واحد سطح و عملکرد دانه ($r=0/90$) مشاهده شد. بین روز تا سنبله‌دهی و روز تا رسیدگی نیز همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری وجود داشت ($r=0/81$)، در حالی که این صفات با اجزای عملکرد و عملکرد دانه همبستگی منفی و معنی‌داری نشان دادند. همچنین، ارتفاع بوته همبستگی مثبت و معنی‌داری با عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه داشت. نتایج نشان می‌دهد که اجزای عملکرد، به‌ویژه تعداد دانه، نقش مهمی در تعیین عملکرد دانه تحت تنش کم‌آبی دارند، در حالی که همبستگی منفی صفات فنولوژیک با عملکرد، اهمیت زودرسی و فرار از تنش را نشان می‌دهد. این نتایج با گزارش‌های مربوط به نقش اجزای عملکرد در تعیین عملکرد نهایی گندم همخوانی دارد، اگرچه تفاوت با برخی مطالعات احتمالاً ناشی از تفاوت در شدت و زمان اعمال تنش، شرایط اقلیمی و مواد ژنتیکی مورد بررسی است (Islam et al., 2015; Tabatabai et al., 2017; Sadeghi et al., 2022).

رگرسیون گام به گام: برای حذف اثر صفات غیر مؤثر یا کم‌تأثیر بر روی عملکرد دانه، از رگرسیون گام به گام استفاده شد. نتایج تجزیه رگرسیون گام به گام در جدول شماره ۴ آورده شده است. در این تحلیل، عملکرد دانه به عنوان متغیر وابسته و بقیه صفات به عنوان متغیرهای مستقل در نظر گرفته شدند. استقلال خطاها با استفاده از آماره دوربین-واتسون بررسی شد ($DW=1/88$) که نشان‌دهنده عدم وجود خود همبستگی در خطاها بود. همچنین هم‌خطی چندگانه با استفاده از شاخص‌های تحمل (Tolerance) و عامل تورم واریانس (VIF) ارزیابی شد.

جدول ۳. تجزیه واریانس مرکب صفات مختلف گندم نان در دو محیط تنش کم آبی و نرمال

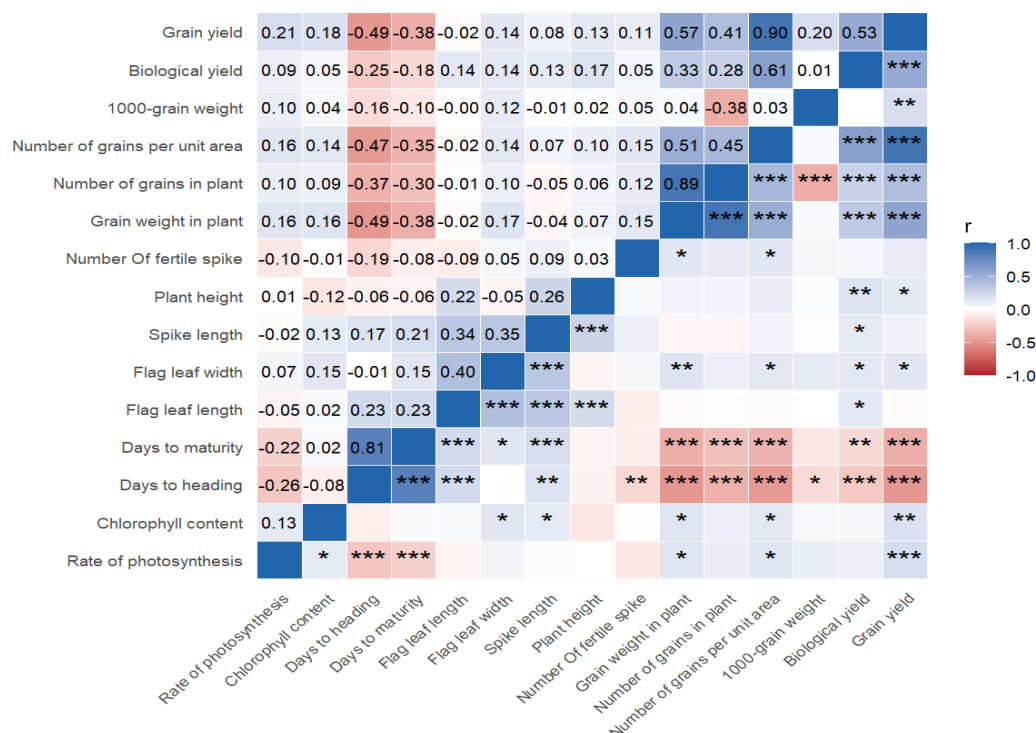
Table 3. Combined analysis of variance of different bread wheat traits under drought stress and normal environments

منابع تغییر Source of variation	درجه آزادی Degrees of freedom	میانگین مربعات Mean square						
		میزان کلروفیل Chlorophyll content	سرعت فتوسنتز Rate of photosynthesis	روز تا سنبله دهی Days to heading	روز تا رسیدگی Days to maturity	طول برگ پرچم Flag leaf length (cm)	عرض برگ پرچم Flag leaf width (cm)	طول سنبله Spike length (cm)
محیط Environment	1	2690.54*	19.40**	4736.47**	3663.22*	4730.29*	3.40**	31.52.**
تکرار درون مکان Rep (env)	2	391.75	6.22	22.30	649.58	122.80	0.20	17.97
ژنوتیپ Genotype	254	67.57**	0.67**	425.19**	253.10**	37.48**	0.16**	64.10**
محیط × ژنوتیپ Genotype × Environment	254	31.38*	0.59*	24.42**	44.45**	18.81**	0.11**	2.99 ^{ns}
خطا Error	508	38.80	0.48	15.05	14.96	14.97	0.07	2.56
ضریب تغییرات (%) Coefficient of variations		13.07	30.11	2.61	2.08	19.68	16.03	15.93

منابع تغییر Source of variation	درجه آزادی Degrees of freedom	میانگین مربعات Mean square							
		ارتفاع بوته Plant height (cm)	تعداد سنبله بارور Number of Fertile spike	وزن دانه در بوته Grain weight in plant (g)	تعداد دانه در بوته Number of grains in plant	تعداد دانه در واحد سطح Number of grains per unit area (m ²)	وزن هزار دانه 1000-grain weight (g)	عملکرد بیولوژیک Biological yield (t ha ⁻¹)	عملکرد دانه Grain yield (t ha ⁻¹)
محیط Environment	1	11654.23**	656**	2053.19**	1950331.76**	182964697**	374.15**	6647.24**	159.96**
تکرار درون مکان Rep (env)	2	211.82	7.31	65.21	131857.93	30304001	70.61	57.68	3.79
ژنوتیپ Genotype	254	971.66**	15.0**	29.68**	33219.58*	4702365*	51.87*	3.46**	0.14**
محیط × ژنوتیپ Genotype × Environment	254	190.57 ^{ns}	12.76**	13.25**	19701.93*	1562431*	32.55*	1.27**	0.16**
خطا Error	508	178.51	2.92	7.98	11136.16	1335204	15.05	1.09	0.11
ضریب تغییرات Coefficient of variations		14.55	29.70	28.56	29.36	27.33	13.77	19.77	29.69

***، * و ns: به ترتیب معنی دار در سطح احتمال ۱٪ و ۵٪ و غیر معنی دار

***, * and ^{ns}: Significant at the probability levels of 5% and 1%, respectively and non-significant



شکل ۱. ضرایب همبستگی بین صفات مختلف در ارقام مختلف گندم نان در پاسخ به تنش کم‌آبی. *، ** و ***: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪، ۵٪ و ۰/۱٪ و خانه‌های خالی غیر معنی‌دار

Figure 1. Correlation coefficients of different traits of bread wheat lines in response to drought stress. *, ** and ***: Significant at the probability levels of 5%, 1% and 0.1%, respectively; blank cells are not statistically significant

مقادیر VIF برای تمامی متغیرهای مستقل بین ۱ تا ۱/۳۶ و مقادیر Tolerance بین ۰/۷۴ تا ۰/۹۹ بود که نشان می‌دهد مشکل هم‌خطی چندگانه وجود ندارد. در این مدل، تعداد دانه در واحد سطح نخستین متغیر وارد شده بود و به‌تنهایی ۸۱ درصد از تغییرات عملکرد دانه را تبیین کرد. با ورود وزن هزار دانه، ضریب تبیین مدل به ۸۴ درصد افزایش یافت و در نهایت با اضافه شدن وزن دانه در بوته، ۸۶ درصد از تغییرات عملکرد دانه تبیین شد.

تجزیه علیت: تجزیه علیت برای تفسیر دقیق‌تر نتایج همبستگی و رگرسیون گام‌به‌گام انجام شد. در این تحلیل، عملکرد دانه به‌عنوان متغیر وابسته و صفات تعداد دانه در واحد سطح، وزن هزار دانه و وزن دانه در بوته به‌عنوان متغیرهای مستقل در نظر گرفته شدند (جدول ۵). نتایج نشان داد که تعداد دانه در واحد سطح (۰/۸۳) و پس از آن وزن هزار دانه (۰/۱۶) بیشترین اثر مستقیم را بر عملکرد دانه دارند. برتری این صفت نسبت به وزن هزار دانه و سایر اجزای عملکرد احتمالاً ناشی از آن است که در شرایط تنش کم‌آبی، عملکرد دانه بیشتر از طریق کاهش تعداد دانه‌ها محدود می‌شود تا کاهش وزن تک‌دانه. تنش در مراحل زایشی موجب اختلال در تشکیل، تلقیح و بقای دانه‌ها شده و در نتیجه تعداد دانه تولیدشده را کاهش می‌دهد، در حالی که فرایند پرشدن دانه تا حدودی می‌تواند توسط ذخایر ساقه و بازتخصیص مواد فتوسنتزی جبران شود. بنابراین بخش عمده اختلاف عملکرد ژنوتیپ‌ها تحت تنش کم‌آبی از طریق تغییر در تعداد دانه ایجاد شده است (Fischer, 2011; Reynolds et al., 2009).

جدول ۴. نتایج رگرسیون گام به گام در شرایط تنش کم آبی

Table 4. Results of stepwise regression in drought stress conditions

مدل Model	عوامل Factors	ضرایب رگرسیونی B±SE	ضرایب رگرسیونی تصحیح شده Beta	R ² مدل Model R- Squar	خطای استاندارد تخمین Std. Error of the Estimate	عامل تحمل Tolerance	عامل تورم VIF
	Intercept ثابت	-0.35±0.047					
1	تعداد دانه در واحد سطح Number of grains per unit area p(m ²)	0.0002±0.00	0.83	0.81	0.11	0.74	1.36
32	وزن هزار دانه 1000-grain weight(g)	0.01±0.002	0.16	0.84	0.10	0.99	1.0
4	وزن دانه در بوته Grain weigh in plant (g)	0.014±0.003	0.14	0.86	0.1	0.74	1.36

همچنین اثرات غیرمستقیم وزن دانه در بوته از طریق تعداد دانه در واحد سطح و وزن هزار دانه، و نیز اثرات غیرمستقیم وزن هزار دانه از طریق وزن دانه در بوته و تعداد دانه در واحد سطح بر عملکرد دانه مثبت بود. در مطالعات پیشی نیز بیان شده است که در گندم، صفات عملکرد بیولوژیک و تعداد دانه بیشترین اثر مستقیم مثبت را بر عملکرد دانه دارند (Hamze et al., 2009). با این حال، تفاوت در اهمیت نسبی اجزای عملکرد در مطالعات مختلف می‌تواند ناشی از تفاوت در شرایط محیطی، شدت تنش خشکی و تنوع ژنتیکی مواد گیاهی مورد بررسی باشد. براساس نتایج رگرسیون و تجزیه علیت، صفات تعداد دانه در واحد سطح و وزن هزار دانه مهم‌ترین عوامل مؤثر بر عملکرد دانه بوده و می‌توانند به‌عنوان معیارهای مؤثر در گزینش لاین‌های متحمل به خشکی در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار گیرند. مطالعات پیشین نیز نقش مهم اجزای عملکرد به‌ویژه تعداد دانه و وزن هزار دانه، را در پیش‌بینی عملکرد دانه تحت شرایط تنش تأیید کرده‌اند. (Hoseinzadeh et al., 2009; Ghorbani, 2010; Mandolakani et al., 2010; Tabatabai et al., 2017). اهمیت این صفات تنها به پیش‌بینی عملکرد محدود نمی‌شود، بلکه می‌تواند در تفسیر زیستی نتایج انتخاب ژنومی نیز مفید باشد. از آنجا که ارزش‌های اصلاحی ژنومی براساس اثر تجمعی نشانگرهای ژنتیکی بر عملکرد محاسبه می‌شوند، صفات مؤثر بر عملکرد احتمالاً بخش مهمی از سیگنال ژنتیکی پیش‌بینی‌شده توسط مدل GBLUP را تشکیل می‌دهند (Cossa et al., 2017; Lozada and Carter, 2019).

شاخص‌های تحمل به کم آبی: با توجه به وجود لاین‌هایی با میانگین عملکرد بالا در شرایط تنش کم آبی، شناسایی و گزینش این لاین‌ها می‌تواند گام مؤثری در جهت بهبود لاین‌های متحمل به خشکی در گندم نان باشد. شناسایی ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا نه تنها به به‌نژادگران امکان می‌دهد تا تنوع ژنتیکی موجود را بهره‌برداری کنند، بلکه همچنین می‌تواند به توسعه ارقام جدیدی که با شرایط چالش برانگیز سازگارتر هستند، کمک کند. به منظور گزینش ژنوتیپ‌های متحمل به خشکی در گندم نان، از شاخص‌های تحمل به خشکی استفاده شد. نتایج همبستگی بین شاخص‌های تحمل به کم آبی و عملکرد دانه در شرایط نرمال (Y_n) و تنش (Y_s) در شکل ۲ ارائه شده است. عملکرد دانه در شرایط نرمال و تنش دارای همبستگی مثبت و معنی‌داری با یکدیگر بودند ($r=0.51$)، که نشان‌دهنده وجود ژنوتیپ‌هایی با عملکرد مطلوب در هر دو شرایط است. عملکرد دانه در شرایط نرمال

با شاخص‌های STI, GMP, TOL, MP, HM, ATI و SSPI همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری نشان داد، در حالی که با شاخص SSI همبستگی منفی و بسیار معنی‌داری ($r = -0.65$) داشت.

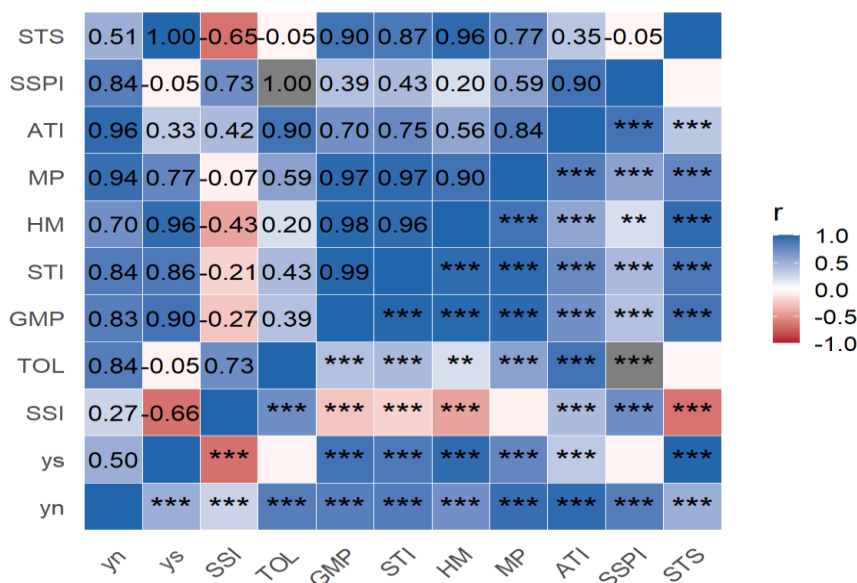
جدول ۵. نتایج حاصل از تجزیه علیت در شرایط تنش کم‌آبی

Table 5. Results of path analysis in drought stress conditions

صفات Traits	اثر مستقیم Direct effect	اثرات غیر مستقیم Indirect effects			همبستگی Correlation
		تعداد دانه در واحد سطح Number of grains per unit area	وزن هزار دانه 1000-grain weight	وزن دانه در بوته Grain weight in plant	
تعداد دانه در واحد سطح Number of grains per unit area p	0.83	-	0.005	0.07	0.90**
وزن هزار دانه 1000-grain weight	0.16	0.02	-	0.005	0.20**
وزن دانه در بوته Grain weight in plant	0.14	0.42	0.006	-	0.57**
باقیمانده Residual	0.37				

***, * و ns: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪ و ۵٪ و غیر معنی‌دار

***, * and ns: Significant at the probability levels of 5% and 1%, respectively and non-significant



شکل ۲. ضرایب همبستگی ساده بین عملکرد در شرایط نرمال، تنش کم‌آبی و شاخص‌های تحمل به تنش کم‌آبی در ۲۵۵ ژنوتیپ گندم نان. *, **, و ***: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪، ۵٪ و ۱۰٪ و خانه‌های خالی غیر معنی‌دار

Figure 2. Simple correlation coefficients between Y_p , Y_s and drought tolerance indices of 255 bread wheat genotypes. *, ** and ***: Significant at the probability levels of 5%, 1% and 0.1%, respectively; blank cells are not statistically significant.

همچنین عملکرد دانه در شرایط تنش با شاخص‌های GMP, STI, HM, MP, ATI, SSPI و STS همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری نشان داد. در میان شاخص‌های مورد بررسی، شاخص MP, GMP, STI و HM همبستگی بالایی با عملکرد دانه در هر دو شرایط نرمال و تنش داشتند همخوانی بالای این شاخص‌ها با عملکرد دانه در هر دو شرایط، بیانگر کارایی این شاخص‌ها در شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل و پرمحصول است (Kamrani et al., 2018) در حالی که SSI دارای همبستگی منفی با عملکرد در شرایط نرمال و همبستگی مثبت با عملکرد در شرایط تنش بود. مقادیر شاخص‌های تحمل به تنش و عملکرد در شرایط نرمال و تنش و نمره به تحمل به تنش (STS) برای همه ژنوتیپ‌ها در فایل ضمیمه ۱ آورده شده است. به علت تعداد زیاد ژنوتیپ‌ها، در جدول شماره ۶ فقط مقادیر نمره تحمل به تنش (STS) برای متحمل‌ترین و حساس‌ترین ژنوتیپ‌ها (از هر کدام ده ژنوتیپ) آورده شده است. متحمل‌ترین و حساس‌ترین ژنوتیپ‌ها برای سایر شاخص‌های تحمل در جدول ضمیمه ۱ پررنگ شده‌اند. گزینش براساس شاخص‌های STI, GMP, MP و HM مبنای مقادیر بالاتر این شاخص‌ها می‌باشد (Fernandez, 1992). براساس این شاخص‌ها ژنوتیپ‌های شماره ۱۹، ۵۳، ۸۱، ۱۲۱، ۱۳۲، ۱۶۳، ۱۶۹، ۲۳۸، ۲۵۳، ۲۵۴، ۲۵۵ ژنوتیپ‌های متحمل به خشکی و ژنوتیپ‌های شماره ۲، ۶، ۳۲، ۵۷، ۸۷، ۹۵، ۱۲۳، ۱۴۱، ۱۷۲، ۲۲۱ ژنوتیپ‌های حساس معرفی شدند. هر یک از شاخص‌های تحمل به خشکی ممکن است تحت تأثیر عوامل محیطی، فیزیولوژیکی و ژنتیکی متفاوتی قرار گیرند. این موضوع می‌تواند منجر به نتایج متناقض در گزینش ژنوتیپ‌ها شود و انتخاب‌های به‌نژادی را دشوار کند. بنابراین، استفاده از یک روش جامع و چندوجهی برای ارزیابی عملکرد و تحمل به تنش می‌تواند به بهبود دقت گزینش و افزایش اطمینان به نتایج کمک کند. بدین منظور از نمره تحمل به تنش (STS) به‌عنوان یک معیار جامع و موثر، استفاده شد. براساس نمره تحمل به تنش، به ترتیب ژنوتیپ‌های شماره ۴۰، ۵۳، ۸۱، ۱۲۱، ۱۳۲، ۲۳۸، ۲۵۳، ۲۵۴ و ۲۵۵ بالاترین نمره تحمل به تنش را دارا بودند. این ژنوتیپ‌ها می‌توانند به عنوان منابع ژنتیکی ارزشمند در برنامه‌های اصلاحی و ارزیابی‌های تکمیلی مورد استفاده قرار گیرند.

جدول ۶. ده ژنوتیپ متحمل و حساس براساس نمره تحمل به تنش

Table 6. 10 tolerant and sensitive genotypes base on stress tolerance score

مقاوم Tolerant			حساس sensitive		
ژنوتیپ Genotypes	نمره تحمل به تنش STS	مجموع رتبه ارزش اصلاحی Total GEBV Rank	ژنوتیپ Genotypes	نمره تحمل به تنش STS	مجموع رتبه ارزش اصلاحی Total GEBV Rank
253	10.41	-	90	-7.95	117
255	10.02	-	24	-7.89	231
132	9.51	93	87	-7.89	815
254	9.24	-	50	-7.59	746
81	8.74	204	95	-7.55	695
121	8.35	640	6	-7.54	916
53	8.22	99	172	-7.54	-
40	7.68	81	168	-7.47	619
238	7.64	-	36	-7.44	906
163	7.59	123	35	-7.34	849

-ژنوتیپ‌ها در بررسی‌های ژنتیکی حذف شده‌اند

-These genotypes were excluded from the genetic evaluation.

ارزش های اصلاحی ژنومی: ارزش های اصلاحی ژنومی (GEBV) ۱۰ ژنوتیپ برتر، وراثت پذیری خصوصی و دقت محاسبه شده برای مدل GBLUP در شرایط تنش کم آبی برای صفات مهم تعداد دانه در واحد سطح، وزن هزار دانه و وزن دانه در بوته که در مدل رگرسیون گام به گام وارد شده بودند به همراه عملکرد دانه در جدول ۷ آورده شده است. همچنین مقادیر GEBV برای همه ژنوتیپ ها همراه رتبه بندی ژنوتیپ ها بر اساس ارزش های اصلاحی در جدول ضمیمه ۲ آورده شده است. معیار اصلی ارزیابی کارایی انتخاب ژنومی، دقت پیش بینی ارزش های اصلاحی ژنومی است که معمولاً از طریق همبستگی بین مقادیر پیش بینی شده و مقادیر واقعی یا فنوتیپی صفت برآورد می شود (Meuwissen et al., 2001; Daetwyler et al., 2010). دقت محاسبه ارزش های اصلاحی در بین صفات متفاوت بود و بیشترین مقدار آن برای صفت وزن دانه در بوته (۰/۸۲) و کمترین مقدار آن برای صفت وزن هزار دانه (۰/۵۶) بود و همچنین وراثت پذیری خصوصی بین ۰/۰۹ (وزن هزار دانه) تا ۰/۴۲ (وزن دانه در بوته) قرار داشت. این نتایج بیانگر تفاوت در میزان کنترل ژنتیکی و قابلیت پیش بینی صفات مختلف است. در حالی که تعداد دانه در واحد سطح در تحلیل های فنوتیپی بیشترین نقش را در عملکرد دانه داشت، وزن دانه در بوته بالاترین دقت پیش بینی ژنومی را نشان داد. این موضوع با مبانی نظری انتخاب ژنومی مطابقت دارد، زیرا دقت پیش بینی یک صفت علاوه بر ارتباط آن با عملکرد، به میزان وراثت پذیری، ساختار ژنتیکی صفت و قدرت مدل پیش بینی نیز وابسته است (Meuwissen et al., 2001; Daetwyler et al., 2010). این تفاوت نشان می دهد که اهمیت یک صفت در تبیین عملکرد الزاماً با قابلیت پیش بینی ژنومی آن یکسان نیست و هر یک بازتاب دهنده جنبه متفاوتی از معماری ژنتیکی صفات هستند. در یک مطالعه مرتبط در برنامه اصلاح گندم نیمه خشک CIMMYT، استفاده از GBS برای شناسایی ۴۱۳۷۱ SNP در ۲۵۴ لاین اصلاحی انجام شد. اگرچه دقت پیش بینی GEBV برای عملکرد دانه در محدوده ۰/۲۸ تا ۰/۴۵ گزارش شده است، این نتایج نشان می دهد که کارایی انتخاب ژنومی به شدت به طراحی جمعیت، ساختار صفات و شرایط آزمایشی وابسته است و GBS به عنوان یک منبع داده ژنومی می تواند در چارچوب این محدودیت ها مورد استفاده قرار گیرد (Poland and Rife, 2012). بر اساس ارزش های اصلاحی ژنومی، ژنوتیپ های ۹۲، ۵۳، ۱۴۴، ۲۱۹ و ۱۰۰ بیشترین GEBV را برای عملکرد دانه در شرایط تنش نشان دادند. همچنین برای صفت وزن دانه در بوته، ژنوتیپ شماره ۱۱۹ در رتبه اول قرار گرفت و ژنوتیپ های شماره ۴۷ و ۷۵ به ترتیب رتبه های دوم و سوم را به خود اختصاص دادند. در صفت تعداد دانه در واحد سطح، ژنوتیپ های شماره ۹۲، ۱۳۲ و ۹۰ رتبه های اول تا سوم را به خود اختصاص دادند. علاوه بر آن، در صفت وزن هزار دانه، ژنوتیپ های شماره ۱۳۴، ۷۳ و ۴۷ به ترتیب برترین بودند. به طور کلی با توجه به مجموع رتبه بندی ژنوتیپ ها بر اساس ارزش های اصلاحی ژنومی، ده لاین برتر از نظر صفات مورد مطالعه در تنش کم آبی به ترتیب شامل ارقام با شماره ۱۱۴، ۲۳، ۲۱۹، ۱۳۳، ۱۰۰، ۴۰، ۱۱۱، ۹۲، ۱۹۶ و ۱۳۲ بودند.

مقایسه رتبه بندی ژنوتیپ ها بر اساس شاخص STS و GEBV: به منظور ارزیابی میزان توافق بین ارزیابی

فنوتیپی و انتخاب ژنومی در شناسایی ژنوتیپ های متحمل به تنش کم آبی، رتبه بندی ژنوتیپ ها بر اساس شاخص تحمل به تنش (STS) با رتبه بندی حاصل از ارزش های اصلاحی ژنومی (GEBV) مقایسه شد (جدول ۶ و شکل ۳). نتایج نشان داد که برخی ژنوتیپ ها، از جمله ژنوتیپ های ۴۰، ۵۳ و ۱۳۲، به طور هم زمان در بین ژنوتیپ های برتر هر دو روش قرار گرفتند (ژنوتیپ ها با رنگ قرمز در نمودار مشخص شده اند) که بیانگر همگرایی نسبی دو رویکرد در شناسایی بخشی از ژنوتیپ های برتر است. برای ارزیابی کمی این توافق، ضریب همبستگی رتبه ای اسپیرمن بین دو رتبه بندی محاسبه شد که همبستگی مثبت و معنی داری را نشان داد

همچنین، نمودار پراکنش بیانگر آن بود که با بهبود رتبه ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص STS، رتبه آن‌ها بر اساس GEBV نیز عموماً بهبود می‌یابد، اگرچه برای تعدادی از ژنوتیپ‌ها اختلاف رتبه مشاهده شد. همپوشانی مشابهی بین ژنوتیپ‌های برتر انتخاب‌شده بر اساس عملکرد مزرعه‌ای و مقادیر GEBV نیز در مطالعات پیشین گزارش شده است (Crossa et al., 2017; Lozada and Carter, 2019).

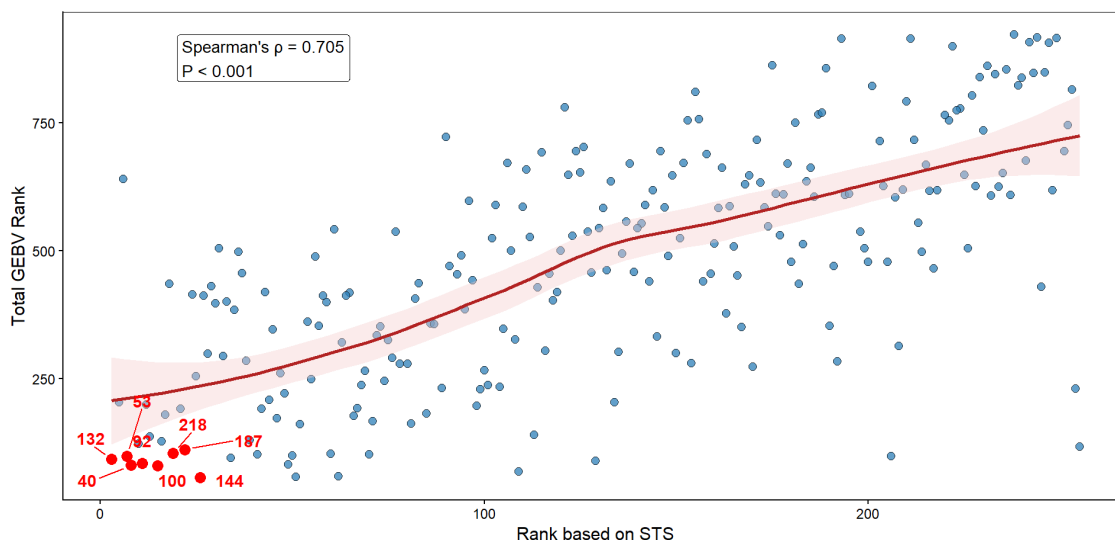
جدول ۷. ارزش اصلاحی ده ژنوتیپ برتر و وراثت‌پذیری خصوصی صفات مهم در شرایط تنش کم‌آبی

Table 7. Genomic Estimated Breeding Values (GEBVs) of the Top Ten Genotypes and Narrow-Sense Heritability of Important Traits under Drought Stress Conditions

رتبه Rank	شماره ژنوتیپ Genotype ID	وزن دانه در بوته بوته Grain weight in plant (g)	شماره ژنوتیپ Genotype ID	تعداد دانه در واحد سطح Number of grains per unit area	شماره ژنوتیپ Genotype ID	وزن هزار دانه-1000 grain weight (g)	شماره ژنوتیپ Genotype ID	عملکرد دانه Grain yield (t ha ⁻¹)	شماره ژنوتیپ Genotype ID	مجموعه رتبه Total Rank
1	119	11.10	92	4752.05	134	29.02	92	0.98	114	57
2	47	11.08	132	4745.18	73	28.93	53	0.96	23	58
3	75	10.93	90	4700.25	47	28.75	114	0.91	219	59
4	196	10.92	19	4683.43	119	28.73	219	0.90	133	69
5	100	10.87	81	4652.24	196	28.62	100	0.90	100	80
6	133	10.79	169	4595.32	75	28.62	106	0.90	40	81
7	111	10.74	205	4524.67	53	28.49	82	0.90	111	83
8	15	10.72	27	4517.68	100	28.47	40	0.90	92	85
9	144	10.72	23	4491.94	106	28.43	23	0.90	196	90
10	78	10.68	117	4488.25	82	28.43	196	0.89	132	93
دقت پیش‌بینی Accuracy		0.825		0.809		0.558		0.789		
دقت پیش‌بینی با اعتبارسنجی متقابل CV_accuracy		0.371		0.306		0.079		0.303		
وراثت‌پذیری خصوصی h _{nb}		0.425		0.379		0.093		0.356		

این تفاوت را می‌توان به ماهیت متفاوت دو رویکرد نسبت داد. شاخص STS بر اساس عملکرد مشاهده‌شده ژنوتیپ‌ها در شرایط تنش و بدون تنش محاسبه می‌شود و علاوه بر عوامل ژنتیکی، تحت تأثیر شرایط محیطی و برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط نیز قرار دارد (Kondwakwenda et al., 2021). در مقابل، ارزش‌های اصلاحی ژنومی عمدتاً توان ژنتیکی افزایشی ژنوتیپ‌ها را بر اساس اطلاعات نشانگرهای SNP برآورد می‌کنند. از سوی دیگر، تحمل به خشکی صفتی پیچیده و چندژنی است که توسط تعداد زیادی ژن با اثرات کوچک کنترل می‌شود؛ ازاین‌رو، مدل‌های پیش‌بینی ژنومی ممکن است همه مؤلفه‌های ژنتیکی مؤثر بر این صفت را به‌طور کامل برآورد نکنند (Sallam et al., 2019; Vivek et al., 2017). در مجموع، می‌توان نتیجه گرفت که، اگرچه رتبه‌بندی‌های حاصل از شاخص STS و GEBV کاملاً منطبق نیستند، اما همبستگی معنی‌دار و همپوشانی بخشی از ژنوتیپ‌های برتر بیانگر آن است که این دو رویکرد اطلاعات مکملی درباره عملکرد مشاهده‌شده و پتانسیل ژنتیکی ژنوتیپ‌ها ارائه می‌کنند. بنابراین، استفاده تلفیقی از ارزیابی‌های فنوتیپی و انتخاب ژنومی می‌تواند دقت شناسایی ژنوتیپ‌های امیدبخش را افزایش داده و کارایی برنامه‌های اصلاحی گندم تحت شرایط تنش کم‌آبی را بهبود بخشد. این یافته از به‌کارگیری تلفیقی ارزیابی‌های

فنوتیپی و انتخاب ژنومی در برنامه‌های اصلاحی گندم حمایت می‌کند، زیرا این رویکرد می‌تواند دقت شناسایی ژنوتیپ‌های برتر و کارایی انتخاب را افزایش دهد (Crossa et al., 2017; Hickey et al., 2017; Lozada and Carter, 2019).



شکل ۳. نمودار پراکنش رتبه ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص STS و ارزش اصلاحی ژنومی (GEBV)

Figure 3. Scatter plot showing the relationship between genotype ranks based on the STS index and genomic estimated breeding values (GEBV)

نتیجه‌گیری: نتایج این پژوهش نشان داد که تنش کم‌آبی موجب کاهش معنی‌دار عملکرد دانه و اغلب صفات زراعی مورد بررسی شد، اما پاسخ ژنوتیپ‌ها به تنش متفاوت بود که بیانگر وجود تنوع ژنتیکی قابل توجه برای تحمل به خشکی در مجموعه ژرم‌پلاسما مورد مطالعه است. نتایج همبستگی، رگرسیون گام‌به‌گام و تجزیه علیت نشان داد که تعداد دانه در واحد سطح مهم‌ترین مؤلفه تعیین‌کننده عملکرد دانه تحت شرایط تنش کم‌آبی بوده و بیشترین اثر مستقیم را بر این صفت اعمال می‌کند. همچنین، وزن هزار دانه و وزن دانه در بوته نیز در حفظ عملکرد دانه نقش مؤثری داشتند. در میان شاخص‌های تحمل مورد بررسی، شاخص STS توانایی بیشتری در تفکیک ژنوتیپ‌های متحمل و حساس نشان داد. از سوی دیگر، نتایج انتخاب ژنومی نشان داد که دقت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی در بین صفات مختلف متفاوت است که این موضوع بیانگر تفاوت در میزان کنترل ژنتیکی و قابلیت پیش‌بینی این صفات است. مقایسه رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص STS و GEBV نشان داد که برخی ژنوتیپ‌ها، از جمله ژنوتیپ‌های ۴۰، ۵۳ و ۱۳۲، به‌طور هم‌زمان در بین ژنوتیپ‌های برتر هر دو روش قرار گرفتند. همچنین، همبستگی مثبت و معنی‌دار بین دو رتبه‌بندی نشان داد که انتخاب ژنومی تا حد زیادی با ارزیابی فنوتیپی در شناسایی ژنوتیپ‌های برتر همسو است. با این حال، عدم انطباق کامل رتبه‌بندی‌ها نشان داد که هر یک از این دو رویکرد جنبه متفاوتی از عملکرد مشاهده‌شده و پتانسیل ژنتیکی ژنوتیپ‌ها را منعکس می‌کنند. در مجموع، نتایج این پژوهش نشان می‌دهد که انتخاب ژنومی نمی‌تواند به‌طور کامل جایگزین ارزیابی‌های فنوتیپی و شاخص‌های تحمل به تنش شود، اما در کنار آن‌ها می‌تواند دقت شناسایی ژنوتیپ‌های امیدبخش را افزایش دهد. بنابراین، استفاده تلفیقی از شاخص‌های تحمل به خشکی و ارزش‌های اصلاحی ژنومی، با بهره‌گیری هم‌زمان از

اطلاعات فنوتیپی و ژنومی، راهبردی کارآمد برای افزایش دقت انتخاب و تسریع پیشرفت ژنتیکی در برنامه‌های اصلاحی گندم تحت شرایط کم‌آبی محسوب می‌شود.

سپاسگزاری: نویسندگان این مقاله مراتب قدردانی و تشکر خود را از وزارت علوم، تحقیقات و فناوری به دلیل حمایت مالی از اجرای این پژوهش اعلام می‌دارند. همچنین از بانک ژن مؤسسه Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK)، آلمان، به دلیل تأمین ژرم پلاسم گندم مورد استفاده در این تحقیق صمیمانه سپاسگزاری می‌شود. علاوه بر این، از دانشگاه بصره، عراق، به دلیل مشارکت در اجرای طرح پژوهشی مشترک با هدف بهبود و اصلاح ژنوتیپ‌های گندم متحمل به تنش خشکی و همکاری‌های علمی مؤثر در پیشبرد این پژوهش، صمیمانه تشکر و قدردانی می‌شود.

منابع

- احمدی لاهیجانی محمدجواد، امام یحیی (۱۳۹۲). بررسی واکنش ژنوتیپ‌های گندم به تنش خشکی انتهای فصل با استفاده از شاخص‌های فیزیولوژیک. نشریه تولید و فرآوری محصولات زراعی و باغی. ۳ (۹): ۱۶۳-۱۷۶.
- امیری رضا، بهرامی نژاد صحبت، ساسانی شهریار (۱۳۹۱). ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم نان بر اساس صفات فیزیولوژیک در شرایط بدون تنش و تنش خشکی آخر فصل. تحقیقات غلات ۲ (۴): ۲۸۹-۳۰۵.
- حسین زاده عبدالهادی، خضری عفرای منصور، میری سید تراب، پیغمبری علی (۱۳۸۸). ارزیابی لاین‌های مختلف گندم دوروم (*Triticum turgidum* L.) تحت شرایط مطلوب و محدود آبی. علوم گیاهان زراعی ایران، ۴۰ (۳): ۱۶۹-۱۶۱.
- حمزه حمزه، صبا جلال، جابری فرهاد، نصیری جابر، علوی حسینی سید محمد (۱۳۸۸). برآورد اجزای واریانس، قابلیت توارث و ضرایب همبستگی صفات فنوتیپی و ژنوتیپی عملکرد دانه و اجزاء آن در گندم نان تحت شرایط دیم. تنش‌های محیطی در علوم زراعی ۲ (۱): ۳۸-۲۹.
- خدادادی مصطفوی، دهقانی حمید، فتوکیان محمد حسین (۱۳۹۰). بررسی توارث‌پذیری، تجزیه علیت و تحلیل عامل‌ها در ژنوتیپ‌های گندم پاییزه (*Triticum aestivum* L.). دانش زراعت، ۲ (۴): ۶۷-۷۸.
- خضری عفرای منصور، حسین زاده عبدالهادی، محمدی ولی اله، احمدی علی (۱۳۸۹). ارزیابی مقاومت به خشکی در ارقام بومی گندم دوروم ایران تحت شرایط تنش آبی و آبیاری طبیعی. علوم گیاهان زراعی ایران، ۴۱ (۴): ۷۵۳-۷۴۱.
- دهقان عبدالرزاق، خدارحمی منوچهر، مجیدی هروان اسلام (۱۳۹۰). تنوع ژنتیکی صفات مورفو لوژیکی و فیزیولوژیکی در لاین‌های گندم دوروم. نهال و بذر، ۲۷ (۱): ۱۲۰-۱۰۳.
- سلیمانی فرد عباس و ناصری رحیم (۱۳۹۹). بررسی روابط بین عملکرد دانه و صفات آگروفیزیولوژیکی ژنوتیپ‌های گندم نان در شرایط دیم. تنش‌های محیطی در علوم زراعی، ۱۳ (۳): ۷۱۴-۷۰۱.
- صابری محمدحسین، آرمجو الیاس، امینی اشکبوس (۱۳۹۵). ارزیابی تنوع و شناسایی صفات موثر بر عملکرد لاین‌های امیدبخش گندم نان تحت تنش شوری. پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی ۸ (۲۰): ۴۰-۳۱.
- صادقی کاوه، پهلوانی محمدهادی، اسماعیل زاده مقدم محسن، زینلی نژاد خلیل (۱۴۰۰). ارزش‌گذاری متغیرها به عنوان شاخص انتخاب برای بهبود عملکرد دانه در گندم نان. پژوهش‌های ژنتیک گیاهی ۸ (۲): ۶۹-۸۲.

صادق زاده اهری داود (۱۳۸۵) ارزیابی تحمل به تنش خشکی در ژنوتیپ‌های امیدبخش گندم دوروم دیم. نشریه علوم زراعی ایران ۸ (۱)، ۳۰-۴۵

طباطبایی سیدمحمد تقی، سلوکی محمود، فاخری براتعلی، اسماعیل زاده مقدم محسن، مهدی نژاد نفیسه (۱۳۹۶) ارزیابی عملکرد دانه و روابط بین صفات لاین‌های خالص نوترکیب گندم نان (*Triticum aestivum* L.) حاصل از تلاقی Babax ۸۲SeriM/در شرایط تنش خشکی. نشریه علوم زراعی ایران ۱۹ (۴)، ۲۷۰-۲۸۳.

قربانی مندولکانی حسین، خدارحمی منوچهر، درویش فرخ، تائب محمد (۱۳۸۹) بررسی رابطه صفات مهم زراعی با عملکرد دانه در لاین‌های گندم نان. به زراعی کشاورزی ۱۲ (۱)، ۵۹-۶۷.

کامرانی مرتضی، فرضی عباس، شیرین منوچهر (۱۳۹۶) ارزیابی تحمل به خشکی در برخی از ژنوتیپ‌های گندم با استفاده از شاخص‌های تحمل به تنش خشکی پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی ۹ (۳۳)، ۹-۱۷.

ناصری رحیم، براری مهرشاد، زارع محمدجواد، خاوازی کاظم، طهماسبی زهرا (۱۳۹۵) مطالعه سیستم ریشه بذری و نابجای ارقام گندم نان و دوروم. شریه علمی - پژوهشی اکوفیزیولوژی گیاهان زراعی ۲ (۳۸)، ۴۷۷-۴۹۹.

References

- Abdoli, M., & Saeidi, M. (2012). Effects of water deficiency stress during seed growth on yield and its components, germination and seedling growth parameters of some wheat cultivars. *International Journal of Agriculture and Crop Sciences*, 4(15), 1110-1118. <https://www.scirp.org/reference/referencespapers?referenceid=1626768>
- Abdolshahi, R., Safarian, A., Nazari, M., Pourseyedi, S., & Mohamadi-Nejad, G. (2013). Screening drought-tolerant genotypes in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) using different multivariate methods. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 59(5), 685-704. <https://doi.org/10.1080/03650340.2012.667080>
- Afrawi, M. K., Hoseinzadeh, A., Mohammadi, V., & Ahmadi, A. (2011). Evaluation of drought resistance in some Iranian landraces of durum wheat (*Triticum turgidum*). *Iranian Journal of Field Crop Science*, 41, 741-753. <https://dor.isc.ac/dor/20.1001.1.20084811.1389.41.4.10.5>. [In Persian].
- Ahmadi Lahijani, M. J., & Emam, Y. (2013). Response of wheat genotypes to terminal drought stress using physiological indices. *Isfahan University of Technology-Journal of Crop Production and Processing*, 3, 163-176. <http://jcpr.iut.ac.ir/article-1-1943-fa.html>. [In Persian]
- Aklilu, E., Dejene, T., & Worede, F. (2020). Genotypic and phenotypic correlation and path coefficient analysis for yield and yield related traits in barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces in North Gondar, Ethiopia. *Indian Journal of Pure & Applied Biosciences*, 8, 24-36. <http://dx.doi.org/10.18782/2582-2845.8082>.
- Amiri, R., Bahraminejad, S., & Sasani, S. (2013). Evaluation of genetic diversity of bread wheat genotypes based on physiological traits in non-stress and terminal drought stress conditions. *Cereal Research*, 2, 289-305. <https://dor.isc.ac/dor/20.1001.1.22520163.1391.2.4.4.0>. [In Persian]

- Bernardo, R. (2002). Breeding for quantitative traits in plants (Vol. 1, p. 369). Woodbury, MN: Stemma press. <https://doi.org/10.2135/cropsci2003.1578>.
- Bousslama, M., & Schapaugh Jr, W. T. (1984). Stress tolerance in soybeans. I. Evaluation of three screening techniques for heat and drought tolerance. *Crop science*, 24, 933-937. <https://doi.org/10.2135/cropsci1984.0011183x002400050026x>.
- Crossa, J., Pérez-Rodríguez, P., Cuevas, J., Montesinos-López, O., Jarquín, D., De Los Campos, G., Burgueño, J., González-Camacho, J.M., Pérez-Elizalde, S., Beyene, Y. & Dreisigacker, S. (2017). Genomic selection in plant breeding: methods, models, and perspectives. *Trends in plant science*, 22(11), 961-975. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2017.08.011>.
- Daetwyler, H. D., Villanueva, B., & Woolliams, J. A. (2008). Accuracy of predicting the genetic risk of disease using genome-wide markers. *PLoS ONE*, 3(10), e3395. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0003395>.
- Dawari, N. H., & Luthra, O. P. (1991). Character association studies under high and low environments in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Indian Journal of Agricultural Research*, 25, 68-72. <https://doi.org/10.56093/ijas.v84i4.39462>.
- Dehghan, A., Khodarahmi, M., & Majidi, E. (2011). Genetic variation of morphological and physiological traits in durum wheat lines. *Seed and Plant Journal*, 27, 103-120. <https://doi.org/10.1001.1.20086954.1390.27.1.9.5>. [In Persian].
- Endelman, J.B. (2011). Ridge regression and other kernels for genomic selection with R package rrBLUP. *The Plant Genome*, 4(3): 250–255. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2011.08.0024>.
- Fernandez, G. C. (1992). Effective selection criteria for assessing plant stress tolerance. *In Proceeding of the International Symposium on Adaptation of Vegetables and other Food Crops in Temperature and Water Stress*, Aug. 13-16, Shanhua, Taiwan, 257-270.
- Fischer, R. A. (2011). Wheat physiology: a review of recent developments. *Crop & Pasture Science*, 62(2), 95-114. <https://doi.org/10.1071/cp10344>.
- Fischer, R. A., & Maurer, R. (1978). Drought resistance in spring wheat cultivars. I. Grain yield responses. *Australian Journal of Agricultural Research*, 29, 897-912. <https://doi.org/10.1071/AR9780897>.
- Gavuzzi, P., Rizza, F., Palumbo, M., Campanile, R. G., Ricciardi, G. L., & Borghi, B. (1997). Evaluation of field and laboratory predictors of drought and heat tolerance in winter cereals. *Canadian Journal of Plant Science*, 77, 523-531. <https://doi.org/10.4141/P96-130>.
- Ghorbani Mandolakani, H., Khodarahmi, M., Darvish, F., & Taeb, M. (2010.) Study the relationship of important agronomic traits with grain yield in bread wheat lines. *Journal of Crops Improvement*, 12, 59-67. [In Persian]
- Gidamo, G. H. (2022). Genomic selection: a faster strategy for plant breeding. In Case studies of breeding strategies in major plant species. IntechOpen. <https://doi.org/10.5772/intechopen.105398>.
- Guzman, Carlos, Roberto Javier Peña, Ravi Singh, Enrique Autrique, Susanne Dreisigacker, Jose Crossa, Jessica Rutkoski, Jesse Poland, & Sarah Battenfield (2016). Wheat quality

- improvement at CIMMYT and the use of genomic selection on it. *Applied & translational genomics*, 11, 3-8. <https://doi.org/10.1016/j.atg.2016.10.004>.
- Haile, J. K., N'Diaye, A., Clarke, F., Clarke, J., Knox, R., Rutkoski, J., Bassi, F. M., & Pozniak, C. J. (2018). Genomic selection for grain yield and quality traits in durum wheat. *Molecular Breeding*, 38, 1-18. <https://doi.org/10.1007/s11032-018-0818-x>.
- Hamzeh, H., Saba, J., Jabari, F., Nassiri, J., & Alavi Hosseini, S. M. (2009). Estimation of components variation, genotypic and phenotypic correlation coefficients of grain yield and its component in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) under rainfed conditions. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 2, 29-38. <https://doi.org/10.22077/escs.2009.50>. [In Persian]
- Haque, M. S., Saha, N. R., Islam, M. T., Islam, M. M., Kwon, S. J., Roy, S. K., & Woo, S. H. (2021). Screening for drought tolerance in wheat genotypes by morphological and SSR markers. *Journal of Crop Science and Biotechnology*. 24, 27-39. <https://doi.org/10.1007/s12892-020-00036-7>.
- Herter, C. P., Ebmeyer, E., Kollers, S., Korzun, V., & Miedaner, T. (2019). An experimental approach for estimating the genomic selection advantage for Fusarium head blight and Septoria tritici blotch in winter wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 132, 2425-2437. <https://doi.org/10.1007/s00122-019-03364-7>.
- Hoseinzadeh, A. H., Khezri-Afrawi, M., Miri, T., & Peyghambari, A. (2009). An evaluation of different durum wheat (*Triticum turgidum* L.) lines under stress and non-stress conditions. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 40, 161-169. <https://dor.isc.ac/dor/20.1001.1.20084811.1388.40.3.16.2>. [In Persian].
- Islam, M. A., Raffi, S. A., Hossain, M. A., & Hasan, A. K. (2015). Character association and path coefficient analysis of grain yield and yield related traits in some promising early to medium duration rice advanced lines. *International Journal of Experimental Agriculture*, 5, 8-12.
- Kamrani, M., Farzi, A., & Shiri, M., (2017). Evaluation of Drought Tolerance in Some Wheat Genotypes using Drought Tolerance Indices. *Journal Crop Breeding*. 9:9-17. <http://dx.doi.org/10.29252/jcb.9.23.9>. [In Persian].
- Kashif, M., & Khaliq I., (2004). Heritability, correlation and path coefficient analysis for some metric traits in wheat. *International Journal of Agriculture and Biology*, 1: 138-142.
- Khodadadi, M., Dehghani, H., & Fotokian, M. H. (2011). Study of heritability, path and factor analysis in winter wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. *Journal of Agronomy Sciences*, 4, 67-78. [In Persian].
- Kondwakwenda, A., Sibiya, J., Zengeni, R., & Musvosvi, C. (2021). Aspects in breeding maize for drought tolerance: Progress and modern breeding approaches. *Australian Journal of Crop Science*, 810–817. <https://doi.org/10.21475/AJCS.21.15.04.P2779>
- Lozada, D. N., Mason, R. E., Sarinelli, J. M., & Brown-Guedira, G. (2019). Accuracy of genomic selection for grain yield and agronomic traits in soft red winter wheat. *BMC genetics*, 20, 1-12. <https://doi.org/10.1186/s12863-019-0785->.

- Mardeh, A. S. S., Ahmadi, A., Poustini, K., & Mohammadi, V. (2006). Evaluation of drought resistance indices under various environmental conditions. *Field Crops Research*, 98, 222-229. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2006.02.001>.
- Meuwissen, T. H., Hayes, B. J., & Goddard, M. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *genetics*, 157(4), 1819-1829. <https://doi.org/10.1093/genetics/157.4.1819>.
- Moosavi, S. S., Yazdi Samadi, B., Naghavi, M. R., Zali, A. A., Dashti, H. & Pourshahbazi, A. (2007). Introduction of new indices to identify relative drought tolerance and resistance in wheat genotypes. *Desert*, 12(2), 165-178. <https://doi.org/10.22059/jdesert.2008.27115>.
- Naseri, R., Barari, M., Zarea, M. J., Khavazi, K., & Tahmasebi, Z. (2016). Studying morphological characteristics of seminal and adventitious root systems of durum and bread wheat cultivars. *Journal of Crop Ecophysiology*, 10, 477-492. [In Persian]
- Piepho, H. P., Möhring, J., Melchinger, A. E., & Büchse, A. (2008). BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*, 161(1), 209-228. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9449-8>.
- Poland, J. A., & Rife, T. W. (2012). Genotyping-by-sequencing for plant breeding and genetics. *The plant genome*, 5(3). <https://doi.org/10.1007/s13580-017-0297-8>.
- Rahman, M. A., Chikushi, J., Yoshida, S., & Karim, A. J. M. S. (2009). Growth and yield components of wheat genotypes exposed to high temperature stress under control environment. *Bangladesh Journal of Agricultural Research*, 34, 360-372. <https://doi.org/10.3329/bjar.v34i3.3961>.
- Rakshit, S., Ganapathy, K. N., Gomashe, S. S., Rathore, A., Ghorade, R. B., Kumar, M. N., & Patil, J. V. (2012). GGE biplot analysis to evaluate genotype, environment and their interactions in sorghum multi-location data. *Euphytica*, 185, 465-479. <https://doi.org/10.1007/s10681-012-0648-6>.
- Reynolds, M., Bonnett, D., Chapman, S. C., Furbank, R. T., Manès, Y., Mather, D. E., & Parry, M. A. (2011). Raising yield potential of wheat. I. Overview of a consortium approach and breeding strategies. *Journal of experimental botany*, 62(2), 439-452. <https://doi.org/10.1093/jxb/erq311>.
- Rosielle, A. A., & Hamblin, J. (1981). Theoretical aspects of selection for yield in stress and non-stress. *environment. Crop science*, 21, 943-946. <https://doi.org/10.2135/cropsci1981.0011183X002100060033x>.
- Saberi, M. H., Arazmjoo, E., & Amini, A. (2017). Assessment of diversity and identifying of effective traits on grain yield of bread wheat promised lines under salt stress conditions. *Journal of Crop Breeding*, 8, 31-40. <http://jcb.sanru.ac.ir/article-1-378-en.html>. [In Persian]
- Sadeghi, K., Pahlevani, M., Esmeilzadeh Moghaddam, M., & Zaynali Nezhad, K., (2022). Valuations of Variables as Selection Index for Improving Grain Yield in Bread Wheat. *Plant Genetic Researches*, 8, 69-82. <http://dx.doi.org/10.52547/pgr.8.2.6>. [In Persian].

- Sadeghzadeh A. D. (2006). Evaluation for tolerance to drought stress in dryland promising durum wheat genotypes. *Journal Crop Science*, 8, 30-45. <https://dor.isc.ac/dor/20.1001.1.15625540.1385.8.1.3.2>. [In Persian]
- Sallam, A., Alqudah, A. M., Dawood, M. F. A., Baenziger, P. S., & Börner, A. (2019). Drought Stress Tolerance in Wheat and Barley: Advances in Physiology, Breeding and Genetics Research. *International Journal of Molecular Sciences*, 20(13), 3137. <https://doi.org/10.3390/IJMS20133137>
- Schierenbeck, M., Alqudah, A. M., Lohwasser, U., Tarawneh, R. A., Simón, M. R., & Börner, A. (2021). Genetic dissection of grain architecture-related traits in a winter wheat population. *BMC Plant Biology*, 21(1), 417. <https://doi.org/10.1186/s12870-021-03183-3>.
- Schneider, K.A., Rosales-Serna, R., Ibarra-Perez, F., Cazares-Enriquez, B., Acosta-Gallegos, J.A., Ramirez-Vallejo, P., Wassimi, N. & Kelly, J.D. (1997) Improving common bean performance under drought stress. *Crop science*, 37(1), 43-50. <https://doi.org/10.2135/CROPSCI1997.0011183X003700010007X>.
- Soleymani, A., & Naseri, R. (2020). Evaluation of relationships between grain yield and agro - physiological traits of bread wheat genotypes under rainfed conditions. *Journal Environmantal stress in Crop Sciences*. 13,701-714. <https://doi.org/10.22077/escs.2020.2268.1581>. [In Persian].
- Tabatabai, S. M. T., Solouki, M., Fakhery, B., Esmailzadeh-Moghaddam, M., & Mehdinezhad, N. (2017). Evaluation of grain yield of recombinant inbred lines of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) derived from SeriM82/Babax cross under drought stress conditions. *Iranian Journal of Crop Sciences* 19, 270-283. <http://agrobreedjournal.ir/article-1-818-en.html>. [In Persian]
- VanRaden, P.M. (2008). Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of Dairy Science*, 91, 4414–4423. <https://doi.org/10.3168/jds.2007-0980>.
- Vivek BS, Krishna GK, Vengadessan V, Babu R, Zaidi PH, Kha LQ, Mandal SS, Grudloyma P, Takalkar S, Krothapalli K, Singh IS, Ocampo ETM, Xingming F, Burgueño J, Azrai M, Singh RP, Crossa J. (2017). Use of Genomic Estimated Breeding Values Results in Rapid Genetic Gains for Drought Tolerance in Maize. *Plant Genome*. 10(1). <https://doi.org/10.3835/plantgenome2016.07.0070>.
- Wei, T., Simko, V., Levy, M., Xie, Y., Jin, Y., & Zemla, J. (2017). Package ‘corrplot’. *Statistician*, 56(316), e24. <https://doi.org/10.32614/cran.package.corrplot>
- Yap, T. C., & Harvey, B. L. (1972). Inheritance of Yield Components and Morpho-physiological Traits in Barley (*Hordeum vulgare* L.). *Journal Crop Science*, 12, 283-286. <https://doi.org/10.2135/cropsci1972.0011183X001200030008x>