Iranian Genetics Society
Journal of Genetics and Plant Breeding
Shahid Bahonar University of Kerman
Print ISSN : 3060-7965 Online ISSN : 3060-7271

Selection of superior cowpea lines using the selection index of ideal genotype method

Seid Mohammad Alavi-Siney

*Corresponding Author: Associate Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Southern Kerman Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Jiroft, Iran. Email address: M.Alavis@areeo.ac.ir

Reza Sekavat

Instructor, Seed and Plant Improvement Research Department, Safiabad Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Dezful, Iran. Email address: Reza.sekhavat@gmail.com

Reza Youneszadeh

Expert of Crop and Horticultural Science Research Department, South Kerman Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Jiroft, Iran. Email address: Reza.yonesi57@gmail.com

Mehdi Azadvar

Associate Professor, Plant Protection Research Department, Kerman Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Kerman, Iran. Email address: M.azadehvar@areeo.ac.ir

Abstract

Objective

The present study was conducted to evaluate promising cowpea lines and identified superior genotypes based on multiple morpho-phenological traits using the Selection Index of Ideal Genotype (SIIG).

Materials and Methods

Eleven advanced cowpea lines, along with two control cultivars (Kamran and Mashhad), were evaluated in a randomized complete block design with three replications across two consecutive cropping seasons (2021-2022) in Jiroft, Iran. Evaluated traits included days to flowering, days to maturity, plant height, number of pods per plant, number of grains per pod, hundred-grain weight,

and grain yield. The SIIG index was applied for the multi-trait selection of superior genotypes and hierarchical cluster analysis was performed to assess genotype grouping.

Results

A combined analysis of variance revealed that the main effect of the genotype × year interaction was significant for all traits studied, indicating inconsistent genotypic performance across environments. The highest genotypic coefficients of variation (GCV) were observed for 100-grain weight (15.23%) and grain yield (10.34%), whereas number of grains per pod and plant height exhibited relatively low GCV. Broad-sense heritability was exceptionally high for 100-grain weight (88.66%) and moderate for days to flowering (63.32%), while grain yield (27.01%) and plant height (6.01%) showed low heritability. Based on the SIIG index, genotype 7259 ranked first (SIIG= 0.69), followed by genotypes 1097 (0.57) and 7095 (0.52). The control cultivars Kamran and Mashhad ranked eighth (0.43) and fifth (0.50), respectively. Furthermore, cluster analysis using Ward's method categorized the genotypes into two distinct clusters, clearly separating the high-performing lines from the low-yielding ones.

Conclusion

Given its high heritability and substantial genetic variation, 100-grain weight can serve as an effective indirect selection criterion to enhance grain yield in cowpea. The SIIG index proved to be a robust approach for multi-trait selection, effectively standardizing traits measured in disparate units. Consequently, lines 7259, 1097, 7095, 7255, and 7244 are recommended as promising candidates for commercial release and future breeding programs targeting warm and arid regions.

Keywords: Cluster analysis, Cowpea, Hundred grain weight, SIIG.

Paper Type: Research Paper.

Citation: Alavi-Siney SM, Sekhavat R, Youneszadeh R, Azadvar M (2025) Selection of superior cowpea lines using the selection index of ideal genotype method. *Journal of Genetics and Plant Breeding* 2 (4), 101-118.

Journal of Genetics and Plant Breeding 2 (4), 101-118. DOI: 10.22103/gpb.2026.27594.1046

Received: October 12, 2025. Received in revised form: December 13, 2025.

Accepted: December 14, 2025. Published online: December 23, 2025.

Publisher: Research and Technology Institute of Plant Production, Afzalipour Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman and Iranian Genetics Society.

© the authors

مجله ژنتیک و به نژادی گیاهی
شاپا چاپی: ۷۹۶۵-۳۰۶۰ شاپا الکترونیکی: ۷۲۷۱-۳۰۶۰
انجمن ژنتیک ایران
دانشگاه شهید باهنر کرمان
پژوهشگاه اصفهانی پور

گزینش لاین‌های برتر لوبیا چشم‌بلبلی با استفاده از روش شاخص گزینش ژنوتیپ ایده‌آل

سید محمد علوی‌سینی

*نویسنده مسئول: دانشیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی جنوب استان کرمان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، جیرفت، ایران. رایانامه: M.Alavis@areeo.ac.ir

رضا سخاوت

مربی، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی صفی‌آباد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، جیرفت، ایران. رایانامه: Reza.sekhavat@gmail.com

رضا یونس‌زاده

کارشناس، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی جنوب استان کرمان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، جیرفت، ایران. رایانامه: Reza.yonesi57@gmail.com

مهدی آزادوار

دانشیار بخش تحقیقات گیاهپزشکی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان کرمان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمان، ایران. رایانامه: M.azadehvar@areeo.ac.ir

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۷/۲۰ تاریخ دریافت فایل اصلاح شده نهایی: ۱۴۰۴/۰۹/۲۲ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۹/۲۳

چکیده

هدف: لوبیا چشم‌بلبلی (*Vigna unguiculata* L.) یکی از حبوبات مهم در مناطق گرمسیری و نیمه‌گرمسیری است که نقش مهمی در تأمین پروتئین و امنیت غذایی ایفا می‌کند. پژوهش حاضر با هدف ارزیابی لاین‌های امیدبخش لوبیا چشم‌بلبلی و گزینش هم‌زمان لاین‌های برتر از نظر صفات مورفو–فنولوژیک با استفاده از شاخص گزینش ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) انجام گرفت.

مواد و روش‌ها: تعداد ۱۱ لاین انتخابی لوبیا چشم‌بلبلی به‌همراه دو رقم شاهد (کامران و مشهد) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در دو سال زراعی (۱۴۰۰ و ۱۴۰۱) در مزرعه تحقیقاتی مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی جنوب استان کرمان کشت شدند. صفات مورد اندازه‌گیری شامل روز تا گلدهی (DFL)، روز تا رسیدگی (DMA)، ارتفاع بوته،

تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در غلاف، وزن صد دانه و عملکرد دانه بودند. تجزیه واریانس مرکب با استفاده از نرم‌افزار SAS انجام شد و پارامترهای ژنتیکی شامل ضریب تغییرات ژنتیکی (GCV)، ضریب تغییرات فنوتیپی (PCV) و وراثت‌پذیری عمومی (H^2b) محاسبه گردید. برای انتخاب هم‌زمان ژنوتیپ‌های برتر از شاخص SIIG استفاده شد که بر اساس فاصله هر ژنوتیپ از ژنوتیپ ایده‌آل (d^+) و ژنوتیپ غیرایده‌آل (d^-) محاسبه می‌گردد. همچنین گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با روش تجزیه کلاستر انجام شد. **نتایج:** نتایج تجزیه واریانس مرکب نشان داد که اثر ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ در سال برای تمامی صفات مورد مطالعه معنی‌دار بود که بیانگر وجود تنوع ژنتیکی کافی و رفتار متفاوت ژنوتیپ‌ها در سال‌های مختلف است. بالاترین ضریب تغییرات ژنتیکی مربوط به وزن صد دانه (۱۵/۲۳ درصد) و عملکرد دانه (۱۰/۳۴ درصد) بود، در حالی که صفات تعداد دانه در غلاف و ارتفاع بوته دارای GCV بسیار پایینی بودند. وراثت‌پذیری عمومی برای وزن صد دانه (۸۸/۶۶ درصد) بسیار بالا و برای روز تا گلدهی (۶۳/۳۲ درصد) متوسط برآورد شد، در حالی‌که عملکرد دانه (۲۷/۰۱ درصد) و ارتفاع بوته (۶/۰۱ درصد) وراثت‌پذیری پایینی داشتند. بر اساس شاخص SIIG، ژنوتیپ ۷۲۵۹ با مقدار ۰/۶۹ در رتبه اول قرار گرفت و پس از آن به‌ترتیب ژنوتیپ‌های ۱۰۹۷ (۰/۵۷) و ۷۰۹۵ (۰/۵۲) در رتبه‌های دوم و سوم قرار داشتند. ارقام شاهد کامران و مشهد به‌ترتیب با مقادیر ۰/۴۳ و ۰/۵۰ در رتبه‌های هشتم و پنجم قرار گرفتند. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس SIIG نشان داد که بیشترین فراوانی مربوط به گروه‌های ۴ و ۵ با پنج ژنوتیپ در هر گروه است. دندروگرام حاصل از روش وارد نیز ژنوتیپ‌ها را به دو گروه اصلی تفکیک کرد که گروه اول شامل لاین‌های برتر و گروه دوم شامل لاین‌های ضعیف بود.

نتیجه‌گیری: با توجه به وراثت‌پذیری بالای وزن صد دانه، این صفت احتمالاً می‌تواند به‌عنوان معیار غیرمستقیم برای بهبود عملکرد دانه در برنامه‌های گزینش مورد استفاده قرار گیرد. شاخص SIIG به‌عنوان یک روش کارآمد در گزینش هم‌زمان چندین صفت با واحدهای متفاوت، توانست لاین‌های برتر را به‌خوبی شناسایی و رتبه‌بندی کند. بر این اساس، لاین‌های ۷۲۵۹، ۱۰۹۷، ۷۰۹۵، ۷۲۵۵ و ۷۲۴۴ به‌عنوان برترین لاین‌ها برای معرفی رقم جدید و استفاده در برنامه‌های اصلاحی آینده لوبیا چشم‌بلبلی در مناطق گرم و خشک توصیه می‌شوند.

کلیدواژه‌ها: تجزیه کلاستر، لوبیا چشم‌بلبلی، وزن صد دانه، SIIG

نوع مقاله: پژوهشی.

استناد: علوی‌سینی سیدمحمد، سخاوت رضا، یونس‌زاده رضا، آزادوار مهدی (۱۴۰۴) گزینش لاین‌های برتر لوبیا چشم‌بلبلی با استفاده از روش شاخص گزینش ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG). *مجله ژنتیک و به‌نژادی گیاهی*، ۲(۴)، ۱۱۸-۱۰۱.

Publisher: Research and Technology Institute of Plant Production, Afzalipour Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman and Iranian Genetics Society

© the authors

مقدمه

مواد ژنتیکی گیاهی، ذخایر بالقوه‌ای هستند که به‌عنوان پشتوانه‌ای ارزشمند برای متخصصین اصلاح‌نباتات محسوب می‌شوند. اگرچه بشر خود عاملی برای کاهش تنوع ژنتیکی در بسیاری از گونه‌های گیاهی بوده است و این کاهش می‌تواند به‌طور جدی برنامه‌های اصلاحی را محدود سازد، با این وجود متخصصین اصلاح نباتات تلاشی روز افزون و دامنه‌دار برای جمع‌آوری، نگهداری و بررسی این منابع ژنتیکی آغاز نموده‌اند. این منابع محدود و فناپذیر بوده و جمع‌آوری و مطالعه تنوع موجود در آن‌ها از اصول ضروری اصلاح گیاهان زراعی است. منابع ژنتیکی گیاهی، علاوه بر نقش زیر بنایی برای تولید ارقام جدید و گسترش سطح زیر کشت، به‌عنوان منبعی از ژن‌های مفید برای مقاومت به تنش‌های زنده و غیر زنده و گسترش سازگاری ژنتیکی در برابر تغییرات محیطی حایز اهمیت می‌باشند (Keshavarznia et al. 2013). از طرف دیگر حبوبات به‌ویژه لوبیا از منابع مهم تامین کننده پروتئین در اکثر کشورها به‌خصوص کشورهای در حال توسعه ازجمله ایران می‌باشد چرا که از نظر اقتصادی از پروتئین حیوانی ارزان‌تر بوده و تأمین کننده مناسبی برای ویتامین‌ها و مواد معدنی ضروری در جیره غذایی انسان می‌باشند (Broughton et al. 2003; Khaghani et al. 2012). لوبیا چشم بلبلی (*Vigna unguiculata* L.) یکی از مهم‌ترین گیاهان زراعی در برخی نقاط جهان است (Tan et al. 2012). منبع غنی و ارزان پروتئین به‌حساب می‌آید و برای افراد فقیر و افرادی که سبزیجات مصرف می‌کنند می‌تواند جایگزین خیلی خوبی برای پروتئین‌های حیوانی باشد. این گیاه غنی از آمینواسیدها است و حدود ۲۵ درصد پروتئین دارد (Boukar et al. 2011). دانه‌های برخی از ارقام لوبیا چشم بلبلی حدود ۳۰ درصد پروتئین دارد که نزدیک به میزان پروتئین سویا است (Santos et al. 2012). لوبیا چشم بلبلی به‌عنوان یک لگوم به‌خاطر تثبیت نیتروژن هوا در نظام‌های کشاورزی کم نهاده و سنتی نقش مهمی در حاصلخیزی خاک ایفا می‌کند (Bado et al. 2006). گزارش رسمی از سطح زیر کشت این گیاه در کشور وجود ندارد ولی طبق آمار غیررسمی سطح زیر کشت این گیاه حدود ۱۷-۱۵ هزار هکتار می‌باشد که استان‌های خوزستان، آذربایجان شرقی، جنوب کرمان، گیلان و خراسان رضوی مهم‌ترین استان‌های تولید کننده لوبیا چشم‌بلبلی در کشور هستند (Sekhavat et al. 2025).

فنوتیپ اولین و ساده‌ترین روش ارزیابی تنوع ژنتیکی در منابع ژنتیکی گیاهی می‌باشد و راهنمای مفیدی برای مطالعات ارزیابی و تشخیصی می‌باشد (Bozokalfa et al. 2011). در میان ژنوتیپ‌های لوبیا چشم‌بلبلی نیز تنوع قابل ملاحظه‌ای گزارش شده است که امکان گزینش ژنوتیپ‌های مناسب برای اصلاح واریته‌های لوبیا چشم‌بلبلی به‌منظور تولید دانه و علوفه از داخل این جمعیت را فراهم می‌کند (Bozokalfa et al. 2017). با توجه به اینکه یک واریته در همه شرایط مناسب نیست نیاز است واریته‌هایی با صفات مختلف برای مناطق و سیستم‌های کشت مختلف اصلاح شود. هرچند این گیاه در مقایسه با سایر گیاهان زراعی یک گیاه متحمل به خشکی شناخته می‌شود ولی عملکرد ارقام مختلف آن تحت تاثیر میزان رطوبت خاک قرار می‌گیرند و تنوع بالایی بین آن‌ها از لحاظ عملکرد وجود دارد (Boukar et al. 2019).

در اکثر این پژوهش‌ها، بحث در مورد رابطه بین صفات با عملکرد دانه انجام شده اما بحثی در مورد انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از طریق یک شاخص (براساس کلیه صفات موردمطالعه) صورت نگرفته است. بنابراین، به روشی نیاز است که بتواند ژنوتیپ‌های مطلوب را با توجه به صفات مورد بررسی گزینش نماید. شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل[1] (SIIG) یکی از روش‌هایی می‌باشد که می‌تواند علاوه بر انتخاب ژنوتیپ‌های ایده‌آل، فاصله بین ژنوتیپ‌ها را نیز مشخص کند. در این روش، امکان شناسایی ژنوتیپ‌های با ویژگی‌های مدنظر وجود دارد. روشSIIG، جهت ادغام روش‌های مختلف تجزیه پایداری برای اولین بار توسط Zali et al., (2015) معرفی شد. از روش SIIG می‌توان برای رتبه‌بندی و مقایسه بهتر ژنوتیپ‌های مختلف و انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها و تعیین فواصل بین ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی آن‌ها استفاده نمود. از ویژگی‌های روش SIIG این است که از صفات متفاوت (صفات مورفولوژیک، صفات فیزیولوژیک و...) برای محاسبه آن می‌توان استفاده نمود و کارایی گزینش را افزایش داد. ممکن است هر ژنوتیپی از نظر یک شاخص یا صفتی برتر باشد، ولی با افزایش تعداد صفات یا شاخص‌ها، انتخاب ژنوتیپ‌های مناسب دشوار می‌شود. در روش SIIG، تمام شاخص‌ها و صفات به‌صورت یک شاخص واحد درآمده و رتبه‌بندی و تعیین ژنوتیپ‌های برتر تسهیل می‌گردد. از جمله مزیت‌های این روش آن است که صفات مورد استفاده می‌توانند دارای واحدهای اندازه‌گیری متفاوتی بوده و حتی ضرایب مثبت و منفی داشته باشند (Zali et al. 2015; Zali et al. 2017; Tahmasebi et al. 2018). شاخص SIIG، به‌منظور انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها با استفاده از ادغام پارامترهای تجزیه پایداری (Najafi Mirak et al. 2018) و ادغام صفات مختلف مورفو-فنولوژیک (Zali & Barati 2020; Nazary et al., 2023; Alavi-Siney & Fanaei 2025) مورد استفاده قرار گرفته است. هدف از این پژوهش بررسی لاین‌های مختلف لوبیا چشم‌بلبلی و تعیین برترین لاین‌ها از لحاظ عملکرد و زودرسی از طریق روش گزینشی SIIG بود.

مواد و روش‌ها

به‌منظور ارزیابی و انتخاب لاین‌های برتر لوبیا چشم‌بلبلی با استفاده از عملکرد، صفات زراعی، فنولوژی تعداد ۱۱ لاین لوبیا چشم‌بلبلی (انتخابی از بین ۱۹۴ ژنوتیپ جمع‌آوری‌شده از ۴۴ شهرستان از ۱۵ استان کشور در آزمایش مقدماتی و نگهداری شده در بانک ژن گیاهی ملی ایران) و ارقام شاهد کامران و مشهد طی آزمایشی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار در سال‌های زراعی ۱۴۰۰ و ۱۴۰۱ در مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی جنوب استان کرمان واقع در جیرفت با مختصات جغرافیایی ۲۸ درجه، ۳۲ دقیقه و ۵۷ ثانیه شمالی و ۵۷ درجه، ۵۱ دقیقه و ۳۲ ثانیه با ارتفاع ۶۱۳ متری از سطح دریا کشت گردیدند (جدول ۱). میانگین بارندگی سالیانه این منطقه حدود ۱۷۰ میلی‌متر و متوسط درجه حرارت ۲۵ درجه سانتی‌گراد و

[1] - Selection index of ideal genotype

درجه حرارت حداکثر مطلق و حداقل مطلق ۵۰ و ۲- درجه سانتی‌گراد می‌باشد. خصوصیات فیزیکی و شیمیایی خاک محل اجرای آزمایش نیز بررسی گردید که شامل موارد زیر می‌باشد: بافت خاک (شنی لومی)، اسیدیته (۸/۳)، هدایت الکتریکی (۲/۵)، میزان مواد آلی خاک (۰/۱ درصد)، محتوی عناصر غذایی (فسفر و پتاسیم به‌ترتیب ۶ و ۲۰۵ قسمت در میلیون).

جدول ۱. فهرست لاین‌های مورد استفاده در این آزمایش

Table 1. List of used lines in this experiment

ردیف Row	شماره لاین Line code	منشأ Source	ردیف Row	شماره لاین Line code	منشأ Source
1	1057	Gene bank	8	7259	Gene bank
2	1097	Gene bank	9	7271	Gene bank
3	7013	Gene bank	10	7281	Gene bank
4	7095	Gene bank	11	7309	Gene bank
5	7244	Gene bank	12	Kamran	Variety
6	7252	Gene bank	13	Mashhad	Variety
7	7255	Gene bank	-	-	-

پیاده‌سازی آزمایش در مزرعه: هر کرت آزمایشی شامل چهار پشته به طول سه متر بود. فاصله بین ردیف‌ها ۶۰ سانتی‌متر و فاصله بوته‌ها روی ردیف ۲۰ سانتی‌متر بود. فاصله کرت‌ها یک متر و فاصله تکرارها از هم دو متر در نظر گرفته شد. در طول دوره رشد کلیه عملیات زراعی شامل آماده سازی زمین، شخم پاییزه، دیسک، ماله و پخش کود قبل از کشت، وجین علف‌های هرز، آبیاری، تغذیه و مبارزه با آفت و بیماری در زمان مناسب بر اساس شرایط منطقه جیرفت انجام گرفت. مراحل فنولوژیکی شامل تاریخ گلدهی، تاریخ رسیدگی فیزیولوژیک بوده و وقتی که ۵۰ درصد بوته‌های هر نمونه به آن مرحله رسیدند، ثبت شد. در زمان رسیدگی فیزیولوژیک پنج بوته به‌طور تصادفی از هر کرت انتخاب و صفات مرفولوژیکی مانند ارتفاع گیاه و اجزای عملکرد شامل تعداد غلاف در هر بوته، تعداد دانه در غلاف و وزن صد دانه اندازه‌گیری شد. پس از حذف دو ردیف کناری و نیم‌متر از ابتدا و انتهای خطوط هرکرت به‌عنوان اثر حاشیه‌ای، بوته‌ها در مرحله رسیدگی به‌صورت دستی برداشت و پس از جداسازی دانه‌ها و بوجاری بذور، وزن بدست آمده به‌عنوان عملکرد دانه در هر کرت منظور شد.

تجزیه واریانس مرکب صفات با استفاده از نرم افزار SAS نسخه (۹/۴) پس از بررسی نرمال بودن خطاهای آزمایشی با استفاده از آزمون شاپیروویلک و همگنی واریانس‌های خطای آزمایش در طی دو سال آزمایش با استفاده از آزمون بارتلت انجام شد. ضرایب تغییرات ژنتیکی (GCV) و فنوتیپی (PCV) و وراثت‌پذیری عمومی (H_b^2) با استفاده از امیدریاضی میانگین مربعات (EMS) جدول تجزیه واریانس بدست آمد (جدول ۲). در این آزمایش اثرات سال بصورت تصادفی و اثر ژنوتیپ ثابت در نظر گرفته شد.

جدول ۲. امیدریاضی میانگین مربعات تجزیه واریانس مرکب

Table 2. Expected Mean square of Combined ANOVA

منابع تغییر SOV	درجه آزادی df	E(MS)
سال (Year)	1	$\sigma_e^2 + g\sigma_{R/y}^2 + rg\sigma_y^2$
تکرار/ سال (Year/Rep)	4	$\sigma_e^2 + g\sigma_{R/y}^2$
ژنوتیپ (G)	12	$\sigma_e^2 + r\sigma_{Gy}^2 + ry\sigma_G^2$
ژنوتیپ ×سال (G×Year)	12	$\sigma_e^2 + r\sigma_{Gy}^2$
اشتباه (Erorr)	48	σ_e^2

$$GCV(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_G^2}}{\mu} \times 100$$ رابطه (۱)

$$PCV(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_P^2}}{\mu} \times 100$$ رابطه (۲)

$$H_b^2(\%) = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2} \times 100$$ رابطه (۳)

$$\sigma_p^2 = \sigma_G^2 + \frac{\sigma_{Gy}^2}{y} + \frac{\sigma_e^2}{ry}$$ رابطه (۴)

σ_G^2: واریانس ژنتیکی، σ_P^2: واریانس فنوتیپی، μ: میانگین کل، σ_e^2: واریانس محیطی، σ_{Gy}^2: واریانس اثر متقابل ژنوتیپ در سال، y: تعداد سال، r: تعداد بلوک

به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی و ادغام صفات مورفو–فنولوژیک از روش SIIG برمبنای میانگین داده‌های دو سال آزمایش استفاده شد که نحوه محاسبه این شاخص به شرح ذیل می‌باشد (Zali et al. 2015):

۱- تشکیل ماتریس داده‌ها: با توجه به تعداد ژنوتیپ‌ها و صفات مختلف مورد بررسی، ماتریس داده‌ها به‌صورت رابطه ۵ تشکیل شد (ماتریس D).

$$D = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & \cdots & x_{1m} \\ x_{21} & \vdots & \ddots & x_{2m} \\ \vdots & & & \vdots \\ x_{n1} & x_{n2} & \cdots & x_{nm} \end{bmatrix}$$ رابطه (۵)

در این ماتریس x_{ij} مقدار ژنوتیپ iام ($i = 1, 2, \ldots n$) در رابطه با صفت jام ($j = 1, 2, \ldots m$) بود. به‌عبارت دیگر ردیف‌ها را ژنوتیپ‌ها و ستون‌ها را صفات تشکیل دادند.

۲- تبدیل ماتریس داده‌های اولیه (ماتریس D) به یک ماتریس نرمال (ماتریس R): از رابطه ذیل برای نرمال‌کردن داده‌ها (بدون واحد کردن داده‌ها) استفاده شد:

$$r_{ij} = \frac{x_{ij}}{\sqrt{\sum_{i=1}^{n} x_{ij}^2}}$$ رابطه (۶)

در رابطه ۶، برای نرمال نمودن داده‌ها، مقدار صفات در همه ژنوتیپ‌ها برای هر صفت را به توان ۲ رسانده و سپس جمع نموده و جذر گرفته شد (مخرج کسر) و در نهایت تک تک ژنوتیپ‌ها به مخرج کسر تقسیم شد. بنابراین بعد از نرمال نمودن دادهای اولیه (ماتریس D)، ماتریس R به‌صورت رابطه ۷ تعریف می‌شود:

$$R = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & \cdots & r_{1m} \\ r_{21} & r_{22} & & r_{2m} \\ \vdots & & \ddots & \vdots \\ r_{n1} & r_{n2} & \cdots & r_{nm} \end{bmatrix}$$ رابطه (۷)

۳- پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ غیرایده‌آل (ضعیف) برای هر صفت (شاخص): در این مرحله با توجه به نوع صفت و نظر محقق برای هر صفت به‌طور جداگانه، بهترین ژنوتیپ (ایده‌آل) و ضعیف‌ترین (غیرایده‌آل) انتخاب شد. به‌عنوان مثال در مورد عملکرد، حداکثر مقدار عملکرد یک ژنوتیپ مقدار ایده‌آل و پایین‌ترین مقدار عملکرد به‌عنوان ژنوتیپ غیرایده‌آل (ضعیف) در نظر گرفته شد. هم‌چنین در مورد تعداد روز تا رسیدگی، به دلیل اهمیت زودرسی ژنوتیپ‌ها، مقدار ایده‌آل برابر کم‌ترین مقدار DMA و مقدار ضعیف برابر با حداکثر مقدار DMA برای ژنوتیپ‌ها در نظر گرفته شد.

۴- محاسبه فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل (d_i^+) و ژنوتیپ ضعیف (d_i^-): در این مرحله برای هر ژنوتیپ، فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل (d_i^+) و ژنوتیپ ضعیف (d_i^-) به‌ترتیب با استفاده از روابط ۸ و ۹ محاسبه شد. به‌عبارت دیگر برای محاسبه فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل (d_i^+)، با توجه به رابطه ۷، ابتدا مقادیر تمام صفات (نرمال شده) در یک لاین (ژنوتیپ) را از مقادیر ایده‌آل برای هر صفت (که در مرحله قبل مشخص شده است) کم نموده و به توان ۲ ر ساند‌ه و در نهایت آنها را جمع و جذر گرفته شد. همین کار را هم برای محاسبه فاصله از ژنوتیپ ضعیف (d_i^-) برای هر لاین انجام شد (رابطه ۸).

$$d_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^{m} \left(r_{ij} - r_j^+\right)^2} \quad i = 1, \ldots, n$$ رابطه (۸)

$$d_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^{m} \left(r_{ij} - r_j^-\right)^2} \quad i = 1, \ldots, n$$ رابطه (۹)

در روابط فوق r_{ij} مقدار نرمال شده ژنوتیپ iام ($i = 1, 2, \ldots n$) در صفت jام ($j = 1, 2, \ldots m$) است. r_j^+ و r_j^- به‌ترتیب مقادیر نرمال شده ژنوتیپ‌های ایده‌آل و ژنوتیپ‌های ضعیف برای هر صفت jام ($j = 1, 2, \ldots m$) است.

۵- محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG): در آخرین مرحله برای محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل برای هر لاین یا ژنوتیپ از رابطه ۱۰ استفاده شد:

$$SIIG_i = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \quad i = 1, 2 \ldots, n, \; 0 \le SIIG_i \le 1$$ رابطه (۱۰)

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 و دورترین از ژنوتیپ‌های

ضعیف است (Zali et al. 2015). تجزیه کلاستر براساس میانگین داده‌های دو سال آزمایش براساس روش Ward و معیار فاصله اقلیدوسی و با استفاده از نرم افزار SPSS نسخه ۲۱ انجام شد.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس مرکب در طی دو سال آزمایش (۱۴۰۱-۱۴۰۰) نشان داد که اثر سال برای تمامی صفات بجزء تعداد غلاف و عملکرد دانه کاملاً معنی‌دار است. اثر ژنوتیپ تنها برای صفات روز تا گلدهی و وزن صددانه معنی‌دار بود و برای سایر صفات معنی‌دار نبود و اثرمتقابل سال در ژنوتیپ برای تمامی صفات معنی‌دار شد (جدول ۳). معنی‌دار بودن اثر ژنوتیپ برای صفات روز تا گلدهی و وزن صددانه نشان می‌دهد که میان ژنوتیپ‌ها تنوع کافی از لحاظ این صفات وجود دارد. همچنین اثر متقابل ژنوتیپ در سال مشخص نمود که ژنوتیپ‌ها در سال‌های مختلف رفتار متفاوتی نشان داده‌اند. پژوهشگران دیگر نیز معنی‌داری اثر ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ در سال را برای صفات عملکرد و اجزای عملکرد و فنولوژی در لوبیا چشم‌بلبلی را گزارش کرده‌اند (Sekhavat et al. 2025).

در میان صفات مورد مطالعه بیشترین ضریب تغییرات فنوتیپی به صفات ارتفاع بوته، تعداد غلاف در بوته، وزن صد دانه و عملکرد دانه اختصاص داشت. تمامی صفات ضرایب تغییرات ژنتیکی پایینی نسبت به ضرایب تغییرات فنوتیپی داشتند. ضریب تغییرات ژنتیکی صفات وزن صد دانه و عملکرد دانه بالای ۱۰ بود و سایر صفات ضریب تغییرات ژنتیکی بسیار پایینی داشتند (جدول ۳). علت کاهش ضریب تغییرات ژنتیکی نسبت به ضریب تغییرات فنوتیپی یک امری طبیعی بوده و بیانگر بالابودن اثر محیط و اثر متقابل ژنوتیپ در محیط و تاثیرپذیری صفات مذکور از این اثرات می‌باشد. صفاتی مانند تعداد دانه در غلاف (GCV=0) و ارتفاع بوته (GCV=4.26) واجد تنوع ژنتیکی بسیار ناچیزی هستند و بهبود آنها از طریق انتخاب مستقیم، بسیار مشکل خواهد بود.

وراثت‌پذیری عمومی سهم واریانس ژنتیکی از واریانس فنوتیپی را نشان می‌دهد. وراثت‌پذیری بسیار بالای وزن صد دانه (۸۸٪/۶۶) (جدول ۳) نشان‌دهنده این موضوع است که این صفت تحت کنترل شدید عوامل ژنتیکی است و محیط تأثیر بسیار کمی بر آن دارد. بنابراین، انتخاب برای افزایش وزن دانه، به‌سرعت و با دقت بالا در نتایج نسل‌های بعدی ظاهر می‌شود. وراثت‌پذیری متوسط روز تا گلدهی (۶۳/۳۲٪) بیانگر تأثیر بیشتر اثرات ژنتیکی نسبت به سایر اثرات می‌باشد. وراثت‌پذیری بسیار پایین عملکرد دانه (۲۷/۰۱٪)، ارتفاع (۶/۰۱٪) و به‌ویژه تعداد دانه در غلاف (جدول ۳) نشان می‌دهد که این صفات به شدت تحت تأثیر شرایط محیطی و اثرات متقابل ژنوتیپ در محیط هستند. لذا اصلاح مستقیم عملکرد با تکیه بر خود عملکرد ممکن نیست و باید از طریق صفات وابسته (اجزای عملکرد) که وراثت‌پذیری بالاتری دارند (مانند وزن صد دانه)، به‌طور غیرمستقیم برای افزایش عملکرد اقدام کرد.

جدول ۳. تجزیه واریانس مرکب، ضریب تغییرات ژنتیکی، فنوتیپی و وراثت‌پذیری عمومی صفات مورد مطالعه در لوبیا چشم‌بلبلی

Table 3. Combined ANOVA, genotypic and phenotypic coefficients of variation, and broad-sense heritability of the traits studied in cowpea

منابع تغییر SOV	درجه آزادی df	روز تا گلدهی DFL	روز تا رسیدگی DMA	ارتفاع Height	تعداد غلاف NP	تعداد دانه در غلاف NGP	وزن صد دانه HGW	عملکرد Yield
سال (Year)	1	3683.28**	2392.62**	137576.88**	3.79^{ns}	140.97**	311.2**	869502.25^{ns}
تکرار/ سال (Year/Rep)	4	9.1	9.49	213.54	45.84	0.76	5.75	146580.39
ژنوتیپ (G)	12	65.9*	45.83^{ns}	1717.34^{ns}	35.83^{ns}	1.24^{ns}	42.96**	372758.53^{ns}
ژنوتیپ ×سال (G×Year)	12	24.17**	41.89**	1614.2**	32.28**	2.17**	4.87**	272089.43**
اشتباه (Erorr)	48	4.28	10.67	489.95	5.12	0.44	1.49	30567.05
ضریب تغییرات خطا (CV%)	–	3.58	3.64	22.72	23.46	8.39	7.39	13.95
ضریب تغییرات فنوتیپی (PCV%)	-	5.73	3.08	17.37	25.33	7.63	16.17	19.89
ضریب تغییرات ژنتیکی (GCV%)	-	4.56	0.90	4.26	7.97	0.00	15.23	10.34
وراثت‌پذیری عمومی (H_b^2)	-	63.32	8.60	6.01	9.91	0.00	88.66	27.01

^{ns}، * و **: به‌ترتیب غیرمعنی‌دار، معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۵ و ۰/۰۱

^{ns}, * and **: non-significant, significant at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively

DFL: Day to Flowering, DMA: Day to Maturity, NP: Number of Pod, NGP: Number of Grain per Pod, HGW: Hundred Grain Weight

به‌منظور انتخاب برترین ژنوتیپ‌ها از لحاظ صفات مورد مطالعه به‌طور همزمان، از شاخص SIIG استفاده شد (Zali et al., 2015). از آن‌جایی که میزان تغییرات این شاخص بین صفر تا یک متغیر می‌باشد، هر چه مقدار SIIG برای ژنوتیپی به یک

نزدیک‌تر باشد، آن ژنوتیپ از مطلوبیت بالاتری از لحاظ صفات مورد مطالعه، برخوردار است و هر چه مقدار SIIG برای ژنوتیپی به صفر نزدیکتر باشد، از نظر صفات مورد بررسی از مطلوبیت کمتری برخوردار خواهد بود (Zali et al., 2017).

جدول ٤. مقایسه میانگین صفات مورد مطالعه در لوبیا چشم‌بلبلی طی دو سال آزمایش

Table 4. Mean comparison of studied traits in cowpea during two years of experiments

ژنوتیپ Genotype	روز تا گلدهی DFL	روز تا رسیدگی DMA	ارتفاع (سانتی‌متر) Height (cm)	تعداد غلاف NP	تعداد دانه در غلاف NGP	وزن صد دانه (گرم) HGW (g)	عملکرد (کیلوگرم/هکتار) Yield (Kg/ha)
1057	55	88	82.26	6.95	7.89	17.91	964.12
1097	55	89	91.43	9.75	8.48	17.26	1481.26
7013	62	92	132.84	7.03	7.85	16.34	868.33
7095	61	88	104.32	11.73	6.86	16.56	1442.97
7244	57	88	81.22	9.37	8.31	18.26	1366.65
7252	55	90	109.42	7.23	7.82	17.86	1452.11
7255	64	96	81.52	14.37	8.09	10.47	1059.46
7259	55	87	86.12	11.67	7.50	18.53	1676.25
7271	59	92	114.85	8.07	7.76	17.24	928.73
7281	55	88	90.05	8.47	8.14	17.95	1070.62
7309	56	88	102.45	7.50	7.47	17.70	1326.78
Kamran	62	93	113.25	13.13	8.54	10.90	1356.88
Mashhad	56	88	76.32	10.17	7.75	18.10	1298.71
LSD (0.05)	6.18	8.14	50.54	7.15	1.85	2.78	656.1

گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس شاخص SIIG نشان داد که هیچ ژنوتیپی در گروه یک، دو و هشت قرار نگرفت ولی در گروه‌های ۳، ۴، ۵، ۶ و ۷ به‌ترتیب ۱، ۵، ۵، ۱ و۱ ژنوتیپ قرار گرفتند (جدول ۶). بر اساس نتایج، ژنوتیپ شماره ۷۲۵۹ با مقدار شاخص SIIG (۰/۶۹) در رتبه اول قرار گرفته است (جدول ۵). این ژنوتیپ کمترین فاصله با ژنوتیپ ایده‌آل (d^+) و بیشترین فاصله با ژنوتیپ غیرایده‌آل (d^-) را دارد، به این معنی که از نظر مجموع صفات مطلوب، کمترین فاصله را با حالت ایده‌آل دارد. ژنوتیپ ۷۲۵۹ بیشترین مقدار عملکرد و کمترین تعداد روز تا رسیدگی را دارد (جدول ۴). پس از آن، ژنوتیپ‌های ۱۰۹۷ و ۷۰۹۵ با داشتن مقدار شاخص ۰/۵۷ و ۰/۵۲ به ترتیب در رتبه‌های دوم و سوم قرار دارند (جدول ۵). این سه ژنوتیپ از پتانسیل بالایی برای معرفی به عنوان ارقام برتر یا استفاده در برنامه‌های دورگ‌گیری برخوردارند. ارقام شاهد (کامران و مشهد) به ترتیب با مقادیر شاخص ۰/۴۳ و ۰/۵۰ در رتبه‌های ۵ و ۸ قرار گرفته‌اند (جدول ۵). جایگاه متوسط ارقام نشان می‌دهد که لاین‌های جدید اصلاح شده (مانند ۷۲۵۹ و ۱۰۹۷) توانسته‌اند از رقم شاهد رایج پیشی بگیرند که نشان‌دهنده موفقیت برنامه به‌نژادی است. در انتهای جدول، ژنوتیپ‌های ۱۰۵۷ و ۷۰۱۳ به‌ترتیب با مقادیر ۰/۳۳ و ۰/۲۸ (جدول ۵) پایین‌ترین شاخصSIIG را در بین صفات داشته‌اند و به‌عنوان ژنوتیپ‌های نامطلوب برای کشت یا استفاده در تلاقی‌ها کنار گذاشته می‌شوند.

جدول ۵. مقادیر محاسبه شده شاخص گزینش ژنوتیپ ایده‌آل برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه

Table 5. Calculated values of Selection Index for Ideal Genotypes for studied genotypes

Rank	SIIG	d^-	d^+	ژنوتیپ Genotype
1	0.69	0.27	0.12	7259
2	0.57	0.21	0.16	1097
3	0.52	0.19	0.17	7095
4	0.51	0.23	0.22	7255
5	0.50	0.19	0.19	7244
5	0.50	0.19	0.19	Mashhad
6	0.49	0.21	0.22	7252
7	0.45	0.18	0.22	7309
8	0.43	0.16	0.21	Kamran
9	0.41	0.16	0.23	7281
9	0.41	0.17	0.25	7271
10	0.33	0.14	0.28	1057
11	0.28	0.11	0.29	7013

توزیع ژنوتیپ‌ها در گروه‌های مختلف نشان می‌دهد که بیشترین فراوانی مربوط به گروه ۵ (دارای شاخص بین ۰/۵ تا ۰/۶) و گروه ۶ (دارای شاخص بین ۰/۴ تا ۰/۵) با ۵ ژنوتیپ است (جدول ۶). این پراکندگی نشان می‌دهد که اکثر لاین‌های مورد بررسی از نظر صفات چندگانه، عملکردی متوسط دارند و تنها یک ژنوتیپ (۷۲۵۹) توانسته وارد گروه ۴ (دارای شاخص SIIG بین ۰/۶تا ۰/۷) شود. همچنین عدم حضور ژنوتیپ در گروه‌های 1، ۲ و ۳ (با SIIG بالای ۰/۷) نشان می‌دهد که هنوز هیچ یک از ژنوتیپ‌ها به سطح ایده‌آل مطلق نرسیده‌اند و نیاز به بهبود بیشتری دارند. گروه‌های برتر ایجاد شده توسط شاخص SIIG از لحاظ صفاتی دارای بالاترین مطلوبیت هستند که با آن‌ها همبستگی بالا و معنی‌دار داشته باشد. هر چه تنوع صفتی بالاتر باشد نقش آن در مقدار عددی شاخص SIIG بیشتر خواهد بود (Najafi Mirak et al. 2018).

به‌منظور گزینش ایده‌آل‌ترین ارقام و لاین‌ها از بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از شاخص SIIG به‌عنوان یک مدل گزینش‌گر استفاده می‌شود. به عبارت‌دیگر با استفاده از روش SIIG می‌توان ویژگی‌های مختلف را به‌صورت یک شاخص واحد محاسبه کرد و گزینش ژنوتیپ‌های برتر را مطمئن‌تر و دقیق‌تر انجام داد (Zali et al. 2017; Nazari et al. 2023; Alavi-Siney & Fanaei 2025). از دیگر ویژگی‌های شاخص SIIG، ادغام صفات دارای واحدهای متفاوت می‌باشد (Tahmasebi et al. 2018). در این پژوهش از صفاتی با واحدهای متفاوت و مطلوبیت متفاوت استفاده شد ولی در زمان محاسبه این شاخص صفات بدون واحد می‌شوند و مطلوبیت صفات مدنظر قرار می‌گیرد. میانگین صفات در گروه‌های مختلف نشان می‌دهد که گروه ۴ شامل لاین ۷۲۵۹ از لحاظ تمامی بجزء صفات ارتفاع، تعداد دانه در غلاف نسبت به سایر گروه‌ها برتر است. بیشترین مقدار تعداد غلاف در بوته، وزن صد دانه و عملکرد در واحد سطح و کمترین تعداد روز تا گلدهی و رسیدگی را دارد.

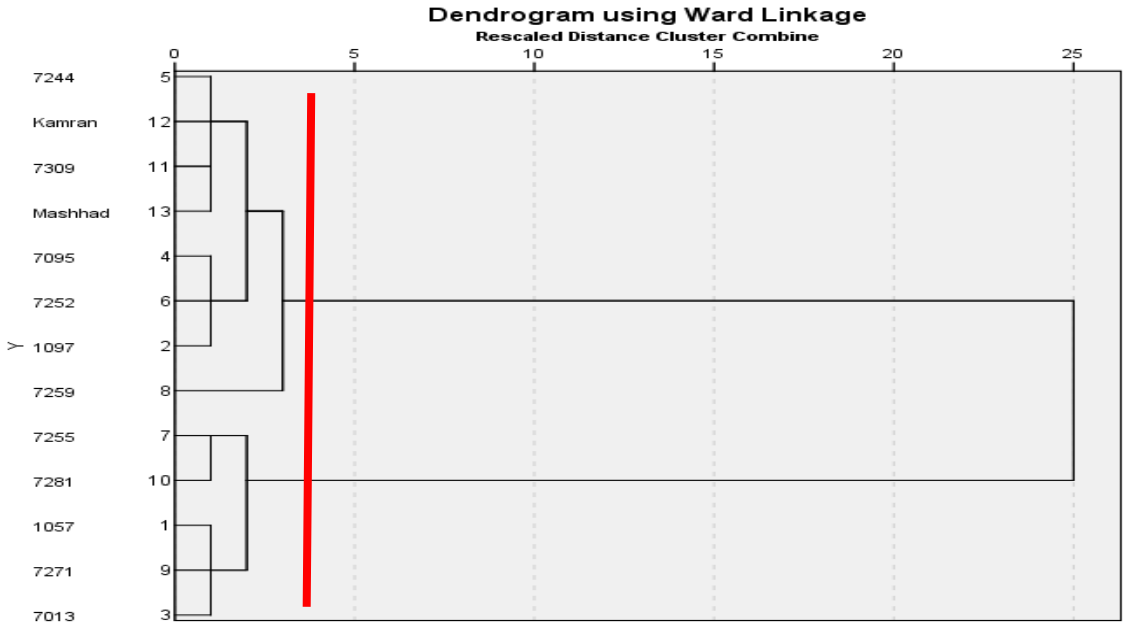
جدول ٦. گروه‌بندی ژنوتیپ‌های لوبیا چشم‌بلبلی براساس شاخص SIIG

Table 6. Grouping of Cowpea genotypes based on SIIG index

SIIG	گروه Groups	تعداد لاین‌ها Lines number	روز تا گلدهی DFL	روز تا رسیدگیDM A	ارتفاع (سانتی‌متر) Height (cm)	تعداد غلافNP	تعداد دانه در غلافNGP	وزن صد دانه (گرم)HGW(g)	عملکرد (کیلوگرم در هکتار)Yield(K g/ha)
0.9≤SIIG<1	1	0	-	-	-	-	-	-	-
0.8≤SIIG<0.9	2	0	-	-	-	-	-	-	-
0.7≤SIIG<0.8	3	0	-	-	-	-	-	-	-
0.6≤SIIG<0.7	4	1	55.17	87.00	86.12	11.67	7.50	18.53	1676.25
0.5≤SIIG<0.6	5	5	58.50	89.63	86.96	11.08	7.90	16.13	1329.81
0.4≤SIIG<0.5	6	5	57.37	90.20	106.00	8.88	7.95	16.33	1227.02
0.3≤SIIG<0.4	7	1	55.17	87.67	82.26	6.95	7.89	17.91	964.12
0.2≤SIIG<0.3	8	1	62.33	91.83	132.84	7.03	7.85	16.34	868.33
0.1≤SIIG<0.2	9	0	-	-	-	-	-	-	-
0 ≤SIIG<0.1	10	0	-	-	-	-	-	-	-

گروه ۵ (شامل لاین‌های ۱۰۹۷، ۷۰۹۵، ۷۲۵۵، ۷۲۴۴ و رقم شاهد مشهد) از لحاظ صفات عملکرد در واحد سطح، تعداد دانه در غلاف، تعداد غلاف در بوته و ارتفاع در رتبه دوم قرار دارد و کمترین مقدار وزن صد دانه را در بین تمامی گروه‌ها دارد. لاین شماره ۱۰۵۷ هرچند لاین زودرسی می‌باشد و وزن صد دانه بالایی دارد ولی بعلت تعداد غلاف پایین و عملکرد کم در گروه هفت قرار گرفته‌است که شاخص SIIG پایینی دارد. لاین ۷۰۱۳ به تنهایی در گروه هشت قرار گرفت. این لاین دیررس‌ترین لاین بود و بیشترین ارتفاع را در بین تمامی گروه‌ها بخود اختصاص داد ولی بعلت عملکرد پایین و دیررسی که در این شاخص صفات نامطلوب محسوب شدند کمترین شاخص SIIG را بخود اختصاص داد. بنابراین لاین‌های ۷۲۵۹، ۱۰۹۷، ۷۰۹۵، ۷۲۵۵ و ۷۲۴۴ بخاطر قرار گرفتن در گروه‌های برتر و داشتن بیشترین مقدار شاخص SIIG و همچنین بخاطر داشتن رتبه بهتر نسبت به ارقام شاهد به‌عنوان لاین‌های برتر گزینش می‌شوند.

دندروگرام ترسیم شده به‌روش وارد، ژنوتیپ‌ها را بر اساس شباهت ژنتیکی و عملکردی دسته‌بندی می‌کند. برای تأیید نتایج و بررسی اینکه آیا بین گروه‌های مختلف اختلاف معنی‌دار وجود دارد، تجزیه واریانس چندمتغیره انجام گردید به‌طوری‌که هر گروه به‌عنوان یک تیمار و ژنوتیپ‌های داخل هر گروه به‌عنوان تکرار برای آن تیمار در نظر گرفته شدند. نتایج تجزیه واریانس چند متغیره نشان داد که اختلاف معنی‌داری بین گروه‌ها وجود دارد و ژنوتیپ‌های موجود در گروه‌های جداگانه ازلحاظ صفات مطالعه شده اختلاف کاملاً معنی‌داری با یکدیگر دارند (جدول ۷). نتایج نشان می‌دهد که ژنوتیپ‌ها در دو گروه قرار گرفته‌اند. گروه اول شامل لاین‌های ۷۲۵۹، ۱۰۹۷، ۷۲۵۲، ۷۰۹۵، ۷۳۰۹، ۷۲۴۴ و ارقام شاهد کامران و مشهد می‌باشد و گروه دوم شامل لاین‌های ۷۲۵۵، ۷۲۸۱، ۱۰۵۷، ۷۲۷۱ و ۷۰۱۳ می‌باشد (شکل ۱).



شکل ۱. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه با استفاده از روش وارد

Figure 1. Dendrogram obtained from cluster analysis of the studied genotypes using Ward's method.

جدول ۷. تجزیه واریانس چند متغیره صفات موردمطالعه برای تائید نتایج گروه‌بندی

Table 7. Multivariate analysis of variance of studied traits for verifying grouping results

آزمون Test	درجه آزادی تیمار Treatment df.	درجه آزادی Error df.	مقدار Value	F	P value
Pillai	1	5	0.89	5.92	0.034
Wilks lambda	1	5	0.11	5.92	0.034
Hotelling	1	5	8.29	5.92	0.034
Roy,s largest root	1	5	8.29	5.92	0.034

میانگین گروه‌های بدست آمده از لحاظ صفات مورد مطالعه شده با یکدیگر مقایسه شدند (جدول ۸). نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های گروه اول (لاین‌های ۷۲۵۹، ۱۰۹۷، ۷۲۵۲، ۷۰۹۵، ۷۳۰۹، ۷۲۴۴، رقم کامران و رقم مشهد) از لحاظ تمامی صفات بجز ارتفاع و تعداد دلنه در غلاف در گروه a قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های گروه دوم (لاین‌های ۷۲۵۵، ۷۲۸۱، ۱۰۵۷، ۷۲۷۱ و ۷۰۱۳) تنها از لحاظ صفات ارتفاع و تعداد دانه در غلاف از گروه یک برتر بودند. ژنوتیپ‌های قرار گرفته در این گروه ژنوتیپ‌های دیررس، دارای ارتفاع بلند و عملکرد پایین بودند و ژنوتیپ‌های گروه یک برخلاف گروه دو، زودرس‌تر، دارای میانگین ارتفاع کمتر و میانگین عملکرد بالاتری بودند. بنابراین با توجه به نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای و مقایسه میانگین گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای می‌توان عنوان نمود که ژنوتیپ‌های گروه یک به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها گزینش گردند. چنانچه اگر بخواهیم والدینی از این

جمعیت برای تلاقی‌ها گزینش کنیم تلاقی بین ژنوتیپ‌های گروه یک و دو که بیشـــترین فاصـــله را دارند امکان حصـــول حداکثر واریانس ژنتیکی و صفات مطلوب مخصوصاً عملکرد دانه را فراهم خواهند کرد (Alavi-Siney and Saba, 2015).

جدول ۸. مقایسه میانگین گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای براساس میانگین صفات در هر گروه

Table 8. Comparison of the mean of groups obtained from cluster analysis based on the mean of traits in each group

گروه Cluster	تعداد ژنوتیپ‌ها Genotype Number	میانگین گروه‌ها Average of groups						
		DFL	DMA	Height (cm)	NP	NGP	HGW (g)	Yield (Kg/ha)
1	8	57.06a	88.79a	95.56b	10.07a	7.84b	16.90a	1425.20a
2	5	59.10b	91.07b	100.30a	8.98b	7.95a	15.98b	978.25b

بر اساس مقایسه و تطبیق نتایج تجزیه کلاستر با شاخص SIIG، مشخص شد در روش تجزیه کلاستر لاین ۷۲۵۵ که شاخص SIIG بالاتری از بهترین شاهد (رقم مشهد) داشت در گروه دو قرار گرفته است و لاین‌های ۷۲۵۲، ۷۳۰۹ و رقم کامران که شاخص SIIG پایین‌تری از بهترین شاهد (رقم مشهد) داشتند در گروه یک قرار گرفته‌اند. علت این موضوع بخاطر در نظر گرفتن مطلوبیت مقادیر کم برای صفات روز تا گلدهی و روز تا رسیدگی در روش شاخص SIIG می‌باشد. هرچند در روش تجزیه کلاستر نیز گروه‌بندی ضعیف‌ترین لاین‌ها و برترین لاین‌ها تاحدی قابل قبول است ولی در این روش ژنوتیپ یا ژنوتیپ‌های برتر هر گروه از لحاظ تمامی صفات مشخص نیست ولی در روش شاخص SIIG ژنوتیپ‌ها رتبه‌بندی شده و بسته به هدف پژوهشگر تعداد ژنوتیپ‌های برتر مشخص می‌شود. مقایسه دو روش مشخص نمود که هر دو روش باعث جدایی ژنوتیپ‌های مطلوب و ضعیف از یکدیگر شده که احتمالاً نشان دهنده کارایی بالای این روش‌ها در گزینش برترین‌ها می‌باشد. برتری روش SIIG نسبت به سایر روش‌ها، گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براســـاس مطلوبیت صـــفات (به‌طور مثال میانگین کم ژنوتیپ‌ها در صـــفات روز تا گل‌دهی و روز تا رسیدگی مطلوب هستند) و همچنین رتبه‌بندی ژنوتیپ‌هاست که این موضوع در تجزیه‌های چندمتغیره از قبیل تجزیه خوشه‌ای مدنظر قرار نمی‌گیرد (Nazari et al. 2023). بنابراین ژنوتیپ‌های گزینش شده از طریق شاخص SIIG بعنوان ژنوتیپ‌های برتر طی دو سال آزمایش برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی لوبیا چشم‌بلبلی توصیه می‌گردند.

نتیجه‌گیری: باتوجه به نتایج به دست آمده صفت وزن صد دانه دارای وراثت‌پذیری عمومی بالایی بوده که می‌توان از آن در برنامه‌های گزینشی برای بهبود عملکرد دانه استفاده کرد. همچنین شاخص گزینشی SIIG نشان داد که لاین‌های ۷۲۵۹، ۱۰۹۷، ۷۰۹۵، ۷۲۵۵ و ۷۲۴۴ به‌عنوان برترین لاین‌ها جهت معرفی رقم و استفاده در برنامه‌های آتی اصلاحی برای لوبیا چشم‌بلبلی گزینش می‌گردند.

References

Alavi-Siney, S. M., & Fanaei, H. R. (2025). Evaluation and selection of superior cumin ecotypes through quantitative and qualitative traits via multivariate methods under Jiroft climatic conditions. *Crop Science Research in Arid Regions*, *6*(4), 257-275. https://doi.org/10.22034/csrar.2024.430131.1387 [In Persian]

Alavi Siney, S. M., & Saba, J. (2015). Analysis of yield and yield components traits in twenty bread wheat genotypes under dryland conditions. *Philippine journal of crop science*, *40*(2), 78-87.

Bado, B., Bationo, A., & Cescas, M. P. (2006). Assessment of cowpea and groundnut contributions to soil fertility and succeeding sorghum yields in the Guinean savannah zone of Burkina Faso (West Africa). *Biology and Fertility of Soils*, *43*, 171-176. https://doi.org/10.1007/s00374-006-0076-7

Boukar, O., Massawe, F., Muranaka, S., Franco, J., Maziya-Dixon, B., & Singh, B. (2011). Evaluation of cowpea germplasm lines for protein and mineral concentrations in grains. *Plant Genetic Resources*, *9*, 515-522. https://doi.org/10.1017/S1479262111000815

Boukar, O., Belko, N., Chamarthi, S., Togola, A., Batieno, J., Owusu, E., Haruna, M., Diallo, S., Umar, M. L., Olufajo, O., et al. (2019). Cowpea (*Vigna unguiculata*): Genetics, genomics and breeding. *Plant Breeding*, *138*, 415-424. https://doi.org/10.1111/pbr.12589

Bozokalfa, M. K., Kaygisiz Aşçioğul, T., & Eşiyok, D. (2017). Genetic diversity of farmer-preferred cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) landraces in Turkey and evaluation of their relationships based on agromorphological traits. *Genetika*, 49(3), 935-957. https://doi.org/10.2298/GENSR1703935B

Bozokalfa, M. K., Yağmur, B., Kaygisiz Aşçioğul, T., & Eşiyok, D. (2011). Diversity in nutritional composition of Swiss chard (*Beta vulgaris* subsp. L. var. cicla) accessions revealed by multivariate analysis. *Plant Genetic Resources: Characterisation and Utilisation*, *9*(4), 557-566. https://doi.org/10.1017/S1479262111000876

Broughton, W. J., Hernández, G., Blair, M., Beebe, S., Gepts, P., & Vander Leyden, J. (2003). Beans (*Phaseolus spp*.) model food legumes. *Plant and Soil*, *252*, 55-128. https://doi.org/10.1023/A:1024146710611

Keshavarznia, R., Mohammadi Nargesi, B., & Abasi, A. R. (2013). The study of genetic variation of bean (*Phaseolus vulgaris* L.) based on morphological traits under normal and stress conditions. *Iranian Journal of Field Crop Science*, *44*(2), 305-315. https://doi.org/10.22059/ijfcs.2013.35119 [In Persian]

Khaghani, S., Bihamta, M. R., Hosseini, S. D., Mohammadi, S. S., & Darvish, F. (2012). Genetic analysis of common bean agronomic traits in stress and non-stress conditions. *African Journal of Agricultural Research*, *7*(6), 892-901.

Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Andarzian, B., Farzadi, H., Bahari, M., & Zali, H. (2018). Stability analysis of grain yield of durum wheat promising lines in warm and dry areas using parametric and non-parametric methods. *Journal of Crop Production and Processing*, *8*(2), 79-96. https://doi.org/10.29252/jcpp.8.2.79 [In Persian]

Nazary, H., Rostaii, M., & Alavi Siney, S. M. (2023). Selection of superior bread wheat lines under rainfed condition of Zanjan based on morpho-phenological traits. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, *16*(2), 547-560. https://doi.org/10.22077/escs.2023.4808.2075 [In Persian]

Santos, C. A. F., Campos da Costa, D. C., Roberto da Silva, W., & Boiteux, L. S. (2012). Genetic analysis of total seed protein content in two cowpea crosses. *Crop Sci*ence, *52*, 2501-2506. https://doi.org/10.2135/cropsci2011.12.0632

Sekhavat, R., Keshavarznia, R., Alavi Siney, S. M., & Moshref Ghahfaroukhi, G. A. (2025). Evaluation of yield stability and adaptability of promising lines of cowpea in hot and dry regions. *Iranian Journal of Field Crop Science*, *56*(2), 13-25. https://doi.org/10.22059/ijfcs.2024.381058.655095

Tahmasebi, S., Dastfal, M., Zali, H., & Rajaei, M. (2018). Drought tolerance evaluation of bread wheat cultivars and promising lines in warm and dry climate of the south. *Cereal Research*, *8*(2), 209-225. https://doi: 10.22124/C.2018.10434.1398 [In Persian]

Tan, H., Tie, M., Luo, Q., Zhu, Y., Lai, J., & Li, H. (2012). A review of molecular markers applied in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) breeding. *Journal of Life Sciences*, *6*(1), 1190-1199.

Zali, H., & 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. *Jouranal of Crop Breeding*, *12*(34), 93-104. https://doi.org/10.29252/jcb.12.34.93 [In Persian]

Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asghari, A., & Zeinalabedini, M. (2017). Appropriate strategies for selection of drought tolerant genotypes in canola. *Jouran of Crop Breeding*, *8*(20), 77-90. https://dor.isc.ac/dor/20.1001.1.22286128.1395.8.20.7.4 [In Persian]

Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asghari, A., & 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.