



Genetic Diversity of Bread Wheat Genotypes and Relationship between Agronomic Traits using Multivariate Analysis

Hossein Dashti¹✉ | Mozghan Gholizadeh Vazvani² | Mohammad Reza Bihamta³

1. Corresponding Author, Department of Genetics and Plant Production, Faculty of Agriculture, Vali-e-Asr University of Rafsanjan, Rafsanjan, Iran. E-mail: dashti@vru.ac.ir
2. Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture, Vali-e-Asr University of Rafsanjan, Rafsanjan, Iran. E-mail: mozghan.gholizadeh@stu.vru.ac.ir
3. Department of Agronomy & Plant Breeding, College of Agriculture & Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran. E-mail: mrghanad@ut.ac.ir

Article Info

Article type:

Research Article

Article history:

Received: January 1, 2024

Received in revised form:

March 24, 2024

Accepted: April 1, 2024

Published online: September

22, 2024

Keywords:

Fuzzy clustering,

genetic diversity,

k-means,

path analysis,

yield.

ABSTRACT

Germplasm improvement and genetic diversity are fundamental solutions for reliable and sustainable production of field crops. To study the genetic diversity and the relationship between agronomic traits, 800 winter bread wheat genotypes along with five varieties of Falat, Sardari, Roshan, Zare, and Pishgam in the farm of the Faculty of Agriculture of Vali –e- Asr University in Rafsanjan were evaluated in an augmented design. Cluster analysis was conducted by two methods k-Means and fuzzy clustering. The studied genotypes were divided into 4 groups in both methods. The traits were including biological weight, seed yield, harvest index, height, spike length, and seed weight per spike were respectively the most important in grouping the genotypes in both clustering methods. In the regression analysis, the traits of days to flowering and days to ripening, spike length, biological yield, number of seeds and weight of seeds per spike, 1000 kernel weight, and harvest index accounted for 85.89% of the total variation in grain yield. The traits of Biological yield and harvest index had the most direct and positive effect on grain yield. Based on the results, some genotypes were superior to control cultivars based on a number of traits, especially seed yield and its components. These genotypes can be considered as candidate genotypes in breeding programs in Rafsanjan climate conditions.

Cite this article: Dashti, H., Gholizadeh Vazvani, M., & Bihamta, M.R. (2024). Genetic diversity of bread wheat genotypes and relationship between agronomic traits using multivariate analysis. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 55(3), 133-148. DOI: 10.22059/ijfcs.2024.370255.655054.



© The Authors.

Publisher: University of Tehran Press.

DOI: <http://doi.org/10.22059/ijfcs.2024.370255.655054>



انتشارات دانشگاه تهران

علوم گیاهان زراعی ایران

Homepage: <https://ijfcs.ut.ac.ir/>

شاپا الکترونیکی: ۸۰۸۲-۲۴۲۳

بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم نان و روابط بین صفات زراعی با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره

حسین دشتی^{۱*} | مژگان قلی‌زاده وزوانی^۲ | محمدرضا بی‌همتا^۳

۱. نویسنده مسئول، گروه ژنتیک و تولید گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ولی عصر (عج) رفسنجان، رفسنجان، ایران. رایانامه: dashti@vru.ac.ir

۲. گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ولی عصر (عج) رفسنجان، رفسنجان، ایران. رایانامه: mozghan.gholizadeh@stu.vru.ac.ir

۳. گروه و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران. رایانامه: mrghanad@ut.ac.ir

اطلاعات مقاله	چکیده
<p>نوع مقاله: مقاله پژوهشی</p> <p>تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۱۰/۱۱</p> <p>تاریخ بازنگری: ۱۴۰۳/۰۱/۰۵</p> <p>تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۱/۱۳</p> <p>تاریخ انتشار: ۱۴۰۳/۰۷/۰۱</p> <p>کلیدواژه‌ها: تجزیه مسیر، تنوع ژنتیکی، خوشه‌بندی فازی، عملکرد، کامینز.</p>	<p>بهبود ژرم‌پلاسم و تنوع ژنتیکی راهکاری اساسی برای تولید قابل اعتماد و پایدار گیاهان زراعی است. به منظور مطالعه تنوع ژنتیکی و ارتباط صفات زراعی، ۸۰۰ ژنوتیپ گندم پائیزه به همراه پنج رقم فلات، سرداری، روشن، زارع و پیشگام در قالب طرح حجیم‌شده در مزرعه دانشکده کشاورزی دانشگاه ولی عصر (عج) رفسنجان مورد ارزیابی قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در تجزیه خوشه‌ای به روش‌های فازی و کامینز به چهار گروه تقسیم شدند. صفات وزن بیولوژیکی، عملکرد دانه، شاخص برداشت، ارتفاع، طول سنبله و وزن دانه در سنبله به ترتیب بیشترین اهمیت را در بروز تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌ها در هر دو روش خوشه‌بندی داشتند. در تجزیه رگرسیون چندگانه صفات روز تا گلدهی و روز تا رسیدگی، طول سنبله، عملکرد بیولوژیک، تعداد دانه و وزن دانه در سنبله، وزن هزار دانه و شاخص برداشت ۸۵/۸۹ درصد از کل تغییرات عملکرد دانه را توجیه نمودند. صفات عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت بیشترین اثر مستقیم و مثبت را روی عملکرد دانه داشتند. نتایج نشان داد که برخی از ژنوتیپ‌ها بر اساس تعدادی از صفات، به‌ویژه عملکرد دانه و اجزاء آن نسبت به ارقام شاهد برتری داشتند. این ژنوتیپ‌ها می‌توانند در شرایط آب و هوایی رفسنجان به عنوان ژنوتیپ‌های کاندید در برنامه‌های اصلاحی مورد توجه قرار گیرند.</p>

استناد: دشتی، ح.، قلی‌زاده وزوانی، م.، و بی‌همتا، م. (۱۴۰۳). بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم نان و روابط بین صفات زراعی با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره. *علوم گیاهان زراعی ایران*، ۵۵(۳)، ۱۳۳-۱۴۸.

DOI: 10.22059/ijfcs.2024.370255.655054



© نویسنده‌گان

ناشر: موسسه انتشارات دانشگاه تهران.

۱. مقدمه

گندم بعد از برنج مهمترین گیاه زراعی در جهان است که حدود ۱۸ درصد از کالری دریافتی و ۲۰ درصد از پروتئین روزانه را برای انسان فراهم می‌کند. گندم یک غذای اصلی و از پرمصرف‌ترین محصولات زراعی در تمام نقاط جهان است (Reynolds *et al.*, 2012). با ادامه رشد جمعیت انسانی، تولید گندم باید تا سال ۲۰۵۰ میلادی بیش از ۴۰ درصد نسبت به سطح فعلی افزایش یابد تا برآورده‌کننده تقاضا باشد (Reynolds & Braun, 2022).

گندم به دلیل سازگاری گسترده آن در طیف وسیعی از محیط‌ها، مناطق خشک و مناطقی که کمبود آب خاک یک عامل محدودکننده اصلی رشد محصول است کشت می‌شود؛ ولی تولید آن به رطوبت ذخیره‌شده خاک بستگی دارد (Monneveux *et al.*, 2012). علاوه بر این، فعالیت‌های صنعتی و روند رو به رشد صنعتی‌شدن کشورها، دمای بالا و دسترسی نامنظم آب بر مناطق عمده تولیدکننده گندم تاثیر می‌گذارد (Thalassinos & Antoniadis, 2021; Yanagi, 2024). تلاش برای افزایش تولید گندم با به‌کارگیری منابع ژنومی مختلف و شناسایی تنوع آلی درون گونه و خلق بهترین ترکیب آلی جهت تولید ارقام برتر امکان‌پذیر می‌باشد (Zhao *et al.*, 2018; Montenegro *et al.*, 2017).

افزایش تقاضا برای محصولات زراعی به خصوص گندم از یک طرف و کاهش بهره‌وری کشاورزی توسط عوامل تنش زیستی و غیر زیستی از طرف دیگر، اهمیت و ضرورت تلاش برای درک چگونگی واکنش گیاهان به تنش‌های مختلف و استفاده از دانش تولیدشده در برنامه‌های اصلاح نباتات جهت افزایش عملکرد را نشان می‌دهد (Dresselhaus & Hückelhoven 2018). در کشورهای تولیدکننده گندم توجه زیادی به انتخاب ژنوتیپ‌های پرمحصول و مقاوم در برابر عوامل نامطلوب محیطی می‌شود.

برای افزایش عملکرد، در دسترس داشتن منابع ژنتیکی با تنوع زیاد در صفات زراعی و فیزیولوژیکی از اهمیت زیادی برخوردار است. صفات عملکرد و اجزای آن به‌طور موفقیت‌آمیزی برای تخمین تنوع ژنتیکی و اصلاح برای افزایش عملکرد مورد استفاده قرار گرفته‌اند. صفات ارتفاع، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه در افزایش عملکرد گندم کمک زیادی کرده‌اند (Adilova *et al.*, 2020). ژرم‌پلاسم با تنوع ژنتیکی زیاد از ابزارهای اساسی برای اصلاح و تولید قابل اعتماد و پایدار محصولات غذایی است. به منظور بهره‌برداری موثر از ژرم‌پلاسم گیاهی، مطالعه و ارزیابی تنوع از فعالیت‌های مستمر و همیشگی متخصصین اصلاح نباتات بوده است. استفاده از الگوریتم‌های آماری چندمتغیره، استراتژی مهم برای طبقه‌بندی ژرم‌پلاسم و تجزیه و تحلیل روابط ژنتیکی بین و درون منابع اصلاحی است (Ajmal *et al.*, 2013). نخستین ارزیابی‌های تنوع، بر اساس صفات مورفولوژی و صفات زراعی بوده است (Condón *et al.*, 2008). توسعه ارقام پرمحصول و پایدار در تنش‌های زیستی و غیر زیستی، نیازمند ژرم‌پلاسم جدید و ارزیابی آن برای حفظ و استفاده مداوم از آنها می‌باشد (Dos Santos *et al.*, 2009). روش‌های مختلفی برای مطالعه تنوع ژنتیکی در گونه‌های گیاهی وجود دارد. استفاده از روش‌های تجزیه و تحلیل چندمتغیره برای طبقه‌بندی ژرم‌پلاسم و تجزیه و تحلیل روابط ژنتیکی موجود بین مواد اصلاحی امری الزامی می‌باشد. در بین روش‌های مختلف تجزیه چندمتغیره، تجزیه خوشه، تجزیه به مولفه‌های اصلی، تجزیه به عامل‌ها، تجزیه رگرسیون چندمتغیره و تجزیه مسیر مهمترین روش‌ها هستند (Naghavi & Khalili, 2017). برای نمونه در پژوهشی با روش‌های تجزیه خوشه‌ای، ضرایب همبستگی، تجزیه به مولفه‌های اصلی و با به‌کارگیری شاخص‌های تحمل به خشکی، ارقام گندم مقاوم به خشکی شناسایی شد (Arshad & Zahravi, 2011).

خصوصیات کمی و کیفی ۹۰ لاین اصلاح‌شده و ۵۵ رقم زراعی و بومی گندم در قالب طرح حجیم‌شده (آگمنت) به همراه سه شاهد مورد تجزیه و تحلیل چندمتغیره شامل تجزیه به مولفه‌های اصلی، رگرسیون مرحله‌ای، تجزیه خوشه‌ای و همبستگی قرار گرفتند. در تجزیه به مولفه‌های اصلی، هفت مولفه توانستند ۷۷ درصد از کل تنوع را توجیه کنند. با به‌کارگیری این تجزیه‌ها، در نهایت ارقام با خصوصیت بالای پروتئین و عملکرد بالای دانه شناسایی شد (Shahin Nia & Rezai, 2002).

در مطالعه‌ای از هیبریدهای F_1 گندم دوروم، به منظور مطالعه تنوع ژنتیکی و میزان تبعیت گزینش والدین تلاقی، از تجزیه خوشه‌ای (برآورد فواصل ژنتیکی به روش وارد و مربع فاصله اقلیدسی) و همبستگی استفاده شد. با این روش‌ها والدین با مشابهت ژنتیکی زیاد و همچنین فواصل ژنتیکی دور شناسایی شدند (Farahani & Arzani, 2006). در پژوهش دیگری، با روش‌های آماری همبستگی ساده، تحلیل مسیر، رگرسیون خطی چندگانه، رگرسیون گام‌به‌گام، تحلیل عاملی، مولفه‌های اصلی و تجزیه و تحلیل

خوشه‌ای روابط عملکرد دانه گندم و اجزای آن در شرایط خشکسالی مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد که تعداد سنبله در متر مربع، وزن ۱۰۰ دانه، وزن دانه در سنبله و عملکرد بیولوژیکی مؤثرترین متغیرهای مؤثر بر عملکرد دانه در شرایط خشکسالی بودند (Leilah & Al-Khateeb, 2005). در مطالعه دیگری، تنوع ژنتیکی ۶۴ لاین گندم نان در شرایط مزرعه‌ای با روش‌های آماری پیشرفته مورد بررسی قرار گرفت. لاین‌ها به چهار گروه اصلی تقسیم شدند. در تجزیه به مولفه‌های اصلی، پنج عامل اول ۸۶/۹۵ درصد از تنوع بین ژنوتیپ‌ها را توجیه نمودند که طول سنبله، عملکرد بیولوژیکی، عملکرد دانه و وزن ۱۰۰ دانه مهمترین صفات توجیه‌کننده تنوع ژنتیکی بودند (Ali et al., 2021). یکی از روش‌ها برای انجام تجزیه خوشه‌ای استفاده از روش K-means می‌باشد. این الگوریتم ابتدا توسط مک‌کوین (۱۹۶۷) مطرح شد. این روش یک روش پایه برای بسیاری از روش‌های خوشه‌بندی دیگر محسوب می‌شود (MacQueen, 1967). الگوریتم K-means نسبت به الگوریتم‌های سلسله‌مراتبی خوشه‌بندی سریع‌تر بوده و برای حجم وسیعی از داده‌ها به کار می‌آید. این روش برای مجموعه داده‌های بزرگ، معمولاً سریع‌ترین راه خوشه‌بندی و ارزیابی تنوع ژنتیکی است (Abbasali & Zahravi, 2017). با توجه به اهمیت اقتصادی و زراعی گندم و ارزش استراتژیک آن، اولین قدم برای ارزیابی میزان تنوع ژنتیکی گندم نان و برنامه‌ریزی هدفمند برای کارهای اصلاحی، اطلاع از تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم می‌باشد. نگرش منطقی برای تنظیم نمونه‌های حاوی تنوع بالا، استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره را می‌طلبد. هدف از این پژوهش، بررسی تنوع ژنتیکی ۸۰۵ ژنوتیپ گندم نان و روابط بین صفات با روش‌های آماری چندمتغیره در شرایط آب و هوایی رفسنجان و غربالگری اولیه ژنوتیپ‌های برتر از شاهدها از نظر عملکرد دانه و اجزاء عملکرد می‌باشد.

۲. روش‌شناسی پژوهش

۲-۱. منبع ژنتیکی مورد استفاده و کشت در مزرعه

تعداد ۸۰۰ ژنوتیپ گندم نان پائیزه، شامل ژنوتیپ‌های جمع‌آوری شده از مناطق مختلف ایران (تهران، خراسان، خوزستان، سیستان و بلوچستان و سمنان) و خارج از کشور (استرالیا، انگلستان و افغانستان) از دانشکده کشاورزی کرج تهیه شده و در آبان‌ماه ۱۳۹۸، ژنوتیپ‌ها در قالب طرح حجیم‌شده در هشت بلوک همراه با ارقام شاهد (فلات، پیشگام، زارع، سرداری و روشن) در مزرعه دانشکده کشاورزی دانشگاه ولی عصر (عج) در یک خط ۱۵۰ سانتی‌متری، با فاصله بین ردیف ۱۵ و فاصله روی خط چهار سانتی‌متر کشت شدند. به منظور تأمین عناصر مورد نیاز گیاه، کود فسفات آمونیوم و کود حیوانی، قبل از کاشت با خاک مخلوط شدند. کود نیتروژن به‌صورت دست‌پاش، در اوایل به‌ساقه‌رفتن به خاک اضافه شد.

۲-۲. صفات مورد بررسی

صفات شاخص کلروفیل (SPAD)، ارتفاع در زمان رسیدگی (H)، طول پدانکل (LP)، تاریخ سنبله‌دهی (DF)، تاریخ رسیدگی (DR)، وزن کل بیولوژیکی (WPP)، وزن کل دانه (WSP)، وزن دانه در سنبله (WS)، تعداد دانه در سنبله (NS)، طول سنبله (LS)، تعداد سنبلچه (SP)، وزن هزار دانه (W1000) و شاخص برداشت (HI) از جمله صفاتی بودند که در طول فصل رویشی و پس از برداشت اندازه‌گیری و ثبت شدند.

۲-۳. تجزیه‌های آماری

به منظور بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌ها، روابط بین صفات زراعی و غربالگری ژنوتیپ‌های برتر نسبت به ارقام شاهد، تجزیه واریانس، تجزیه خوشه‌ای به روش‌های (K-means) و فازی (FCM)، تجزیه رگرسیون چندمتغیره، تجزیه مسیر و برآورد اثرات مستقیم و غیر مستقیم صفات روی عملکرد انجام شد. به منظور انجام تجزیه‌ها، از نرم‌افزارهای آماری SAS، SPSS، MINITAB18 و Path2 استفاده شد. در خوشه‌بندی کامینز ابتدا تعدادی نقطه یا فرد (به تعداد خوشه‌های مورد نیاز) به‌عنوان مرکز اولیه خوشه‌ها به‌طور تصادفی و یا غیر تصادفی انتخاب و سپس افراد با توجه به میزان نزدیکی یا شباهت آنها به مراکز خوشه‌ها به هر یک از خوشه‌ها نسبت داده شدند و بدین ترتیب خوشه‌های جدیدی حاصل شد. با تکرار همین روال می‌توان در هر تکرار با میانگین‌گیری

افراد هر خوشه مرکز جدیدی برای هر خوشه به وجود آورد و مجدداً افراد را به خوشه‌های جدید منتسب نمود و این روند تا زمانی ادامه پیدا می‌کند که میانگین هر خوشه بهترین نماینده افراد آن خوشه باشد و دیگر تغییری در میانگین خوشه‌ها حاصل نشود که این مرحله را مرحله همگرا شدن می‌گویند. تابع هدف در الگوریتم کا-مینز به صورت رابطه ۱ تعریف می‌شود (Wu, 2012).

$$\text{Arymin} = \sum_i \sum_k D(x_i, c_j(i))^2 \quad \text{یا} \quad J = \sum_i \sum_k \|x_i - c_j\|^2 \quad \text{رابطه ۱}$$

در این تابع c_j نشان‌دهنده مرکز خوشه z و x_i فرد i و $\|x_i - c_j\|$ فاصله فرد i از مرکز خوشه z و k تعداد خوشه است. لذا فرد i در خوشه‌ای قرار می‌گیرد که این فاصله و یا تابع Minimum باشد؛ بنابراین در خوشه‌بندی کا-مینز مراکز خوشه‌ها در جذب نمونه‌های x_i با هم در رقابت هندسی‌اند و یک x_i به مرکز خوشه‌ای تعلق دارد که فاصله آن تا مرکز آن خوشه کمترین باشد. ضعف‌هایی برای کا-مینز ذکر شده که عمده‌ترین آنها عبارتند از: تعیین تعداد خوشه‌ها از قبل، وقتی تعداد افراد کم است دقت خوشه‌بندی کم است، افراد دارای اطلاعات پرت مراکز خوشه‌ها را از محل واقعی خودشان خارج می‌کند و جواب نهایی به انتخاب خوشه‌های اولیه بستگی دارد. افزایش تعداد افراد و استفاده از میانه به جای میانگین حسابی در محاسبه مراکز خوشه‌ها، تدابیری هستند که برای کاهش مشکلات فوق ارائه شده‌اند.

تفاوت مجموعه‌های فازی یا گروه‌بندی فازی بر اساس منطق فازی با مجموعه‌های کلاسیک که کا-مینز یکی از آنها است در این است که تابع تعلق مجموعه‌های کلاسیک دارای دو مقدار است (صفر یا یک)؛ ولی تابع تعلق در مجموعه‌های فازی دو مقداری نیست؛ بلکه هر مقداری را بین صفر یا یک می‌تواند اختیار کند. به عبارتی، در خوشه‌بندی کلاسیک یک فرد نمی‌تواند متعلق به بیش از یک خوشه باشد، ولی در خوشه‌بندی فازی این امر پذیرفته شده است؛ اما با درجه خاصی که تابع عضویت و یا تعلق آن را تعیین می‌کند. یکی از ضعف‌های گروه‌بندی کلاسیک، ورود افرادی که در فاصله بین مراکز خوشه‌ها قرار می‌گیرند به یکی از خوشه‌ها است که ممکن است جایگاه واقعی آن فرد نباشد، ولی در خوشه‌بندی فازی با تعیین درجه عضویت فرد به یک گروه و یا چند گروه این مشکل رفع می‌شود. با توجه به تابع هدف که برای الگوریتم خوشه‌بندی فازی تعریف شده است، رابطه ۲ تعریف می‌شود.

$$J = \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n U_{ik}^m \|x_k - v_i\|^2 \quad \text{رابطه ۲}$$

در این تابع x_k نمونه k ام، v_i مرکز خوشه i ام، $\|x_k - v_i\|^2$ فاصله x_k از مرکز خوشه i ام و U_{ik} درجه عضویت نمونه i ام در خوشه k ام و c تعداد خوشه‌ها و n تعداد افراد می‌باشد. برای محاسبه $(x_k - v_i)$ می‌توان از هر تابعی که بیانگر تشابه نمونه و مرکز خوشه باشد استفاده کرد. از مقادیر درجات عضویت افراد به خوشه‌های مختلف U_{ik} ماتریس U تعریف می‌شود که دارای c سطر و n ستون است و اعضاء آن هر مقداری بین صفر و یک می‌تواند باشد ($0 < U_{ik} < 1$). اگر تمامی اعضاء این ماتریس فقط به صورت صفر و یک باشد الگوریتم همان خوشه‌بندی کلاسیک را اعمال می‌کند. مجموع اعضاء هر ستون این ماتریس برابر است با یک. با استفاده از این شرط تابع هدف را Minimum می‌نمایند.

$$U = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & \dots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} & \dots & a_{2n} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ a_{c1} & a_{c2} & \dots & a_{cn} \end{bmatrix} \quad \text{رابطه ۳}$$

$$= 1, \dots, n \sum_{i=1}^c U_{ik} = 1, V_k$$

$$V_i = \frac{\sum_{k=1}^n U_{ik} X_k}{\sum_{k=1}^n U_{ik}^m} \quad \text{رابطه ۴}$$

$$U_{ik} = \frac{1}{\sum_{i=1}^c \left(\frac{d_{ik}}{d_{jk}} \right)^{\frac{2}{m-1}}} \quad \text{رابطه ۵}$$

خوشه‌بندی فازی همان تعمیم خوشه‌بندی کامینز است با این تفاوت که در فازی درجه عضویت هر فرد به تمام خوشه‌ها تعیین می‌شود و وقتی m به سمت بی‌نهایت میل نماید خوشه‌بندی فازی به خوشه‌بندی کلاسیک منطبق می‌شود، ولی در فازی مقدار m

را معمولاً دو در نظر می‌گیرند (Ashabi et al., 2020; Dehariya et al., 2010; Shedthi et al., 2017; Shovon & Haque, 2012).

به منظور محاسبه شاخص‌های اعتبار و همچنین ارزیابی کیفیت مدل رگرسیون چندگانه شاخص‌های متوسط انحراف پیشگویی از مقدار واقعی (MAE)، جذر میانگین مربعات خطا (RMSE)، میانگین درصد قدر مطلق خطا (MAPE) و ضریب تغییرات جذر میانگین مربعات خطا (CV RMSE) طبق روابط زیر (روابط ۶، ۷، ۸ و ۹) محاسبه شد (Hodson, 2022):

$$MAE = \frac{1}{n} \sum |y - \hat{y}| \quad \text{رابطه ۶}$$

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{n} \sum (y - \hat{y})^2} \quad \text{رابطه ۷}$$

$$MAPE = \frac{1}{n} \sum \left| \frac{y - \hat{y}}{y} \right| \times 100 \quad \text{رابطه ۸}$$

$$CV (RMSE) = \frac{RMSE}{\bar{y}} \times 100 \quad \text{رابطه ۹}$$

در روابط فوق y ، \hat{y} و \bar{y} به ترتیب مقدار مشاهده شده، مقدار برآورده شده و میانگین متغیر تابع است.

۳. نتایج پژوهش و بحث

ابتدا به منظور تعیین وضعیت یکنواختی زمین و لزوم تصحیح برای اثر بلوک، شاهد‌ها مورد تجزیه واریانس قرار گرفتند. نتایج حاصل نشان داد که برای کلیه صفات (بجز تعداد روز تا رسیدگی و شاخص کلروفیل) اختلاف معنی‌داری بین بلوک‌ها مشاهده نشد و در نتیجه نیاز به تصحیحات مربوط به اثر بلوک نبود و صفات روز تا رسیدگی و شاخص کلروفیل نسبت به اثر بلوک تصحیح شدند. آمار توصیفی برای صفات زراعی در جدول ۱ آورده شده است. این نتایج نشان‌دهنده وجود تنوع قابل ملاحظه‌ای از نظر مهم‌ترین صفات زراعی در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه است. با توجه به این نتایج می‌توان بیان کرد که در منبع ژنتیکی مورد بررسی از تنوع ژنتیکی موجود بین ژنوتیپ‌ها برای عملکرد دانه و اجزای آن در برنامه‌های اصلاحی می‌توان استفاده نمود.

صفات وزن دانه، وزن دانه در سنبله و شاخص برداشت را به عنوان صفات با بالاترین میزان تنوع، و صفات تعداد روز تا گلدهی و تعداد روز تا رسیدگی را به عنوان صفات با کمترین میزان تنوع معرفی می‌شوند. صفات دارای دامنه تغییرات زیاد و تنوع بالا در برنامه‌های به‌نژادی می‌توانند مورد توجه به‌نژادگران قرار گیرند. افزایش عملکرد دانه در گندم نان از طریق توسعه و کشت ژنوتیپ‌های برتر با ترکیب ویژگی‌های زراعی و فیزیولوژیکی مرتبط با عملکرد حاصل از ژرمپلاسم متنوع و با تنوع ژنتیکی بالا به دست آمده است (Tshikunde et al., 2019). بنابراین، در این پژوهش صفات دارای دامنه تغییرات زیاد و تنوع بالا که در ژرمپلاسم مورد مطالعه دیده شده است، می‌تواند در برنامه‌های به‌نژادی مورد توجه به‌نژادگران در برنامه‌های دورگ‌گیری و انتخاب قرار گیرند.

۳-۱. تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها

تجزیه خوشه‌ای می‌تواند برای گروه‌بندی افراد بر اساس تشابه و یا عدم تشابه مورد استفاده قرار گیرد که در اصلاح نباتات اهمیت زیادی دارد. بر این اساس، به منظور تعیین روابط بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی و گروه‌بندی آنها از نظر صفات اندازه‌گیری شده، تجزیه خوشه‌ای به روش کا-مینز بر مبنای فاصله اقلیدسی به عنوان معیار فاصله انجام شد. از آنجایی که در تجزیه خوشه‌ای به روش کا-مینز تعداد خوشه‌ها را باید از قبل تعیین نمود، جهت اطلاع از تعداد خوشه مطلوب یک تجزیه خوشه‌ای سلسله مراتبی به روش وارد انجام شد که تعداد چهار خوشه مناسب به نظر می‌رسید و از طرفی چون منشا ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از چهار کشور مختلف بودند؛ لذا تعداد خوشه چهار در نظر گرفته شد و ژنوتیپ‌های مورد مطالعه به چهار گروه تقسیم شدند (جدول ۲). تجزیه واریانس چندمتغیره تفاوت معنی‌دار بین بردار میانگین‌های صفات برای چهار گروه را نشان می‌دهد که بیان‌کننده منطقی بودن و توجیه‌پذیر بودن تعداد خوشه‌ها است (جدول ۳)، همچنین همگن بودن واریانس‌های داخل گروه‌ها اعتباری برای تجزیه واریانس است (جدول

1. Mean Absolute Error
2. Root of Error Mean Square
3. Mean Absolute Percentage Error
4. Coefficient of Error Variation for RMSE

۳). گروه اول ۲۱۷ ژنوتیپ، گروه دوم ۲۴۲ ژنوتیپ، گروه سوم ۱۶۰ ژنوتیپ و گروه چهارم ۱۸۶ ژنوتیپ را شامل شد. با توجه به ضرایب بردار ویژه صفات، گروه اول و دوم در گروه ژنوتیپ‌های دیررس قرار می‌گیرند (جدول ۲). ژنوتیپ‌های گروه ۳ از نظر تمام صفات مورد مطالعه بجز شاخص برداشت، نسبت به دیگر گروه‌ها برتری دارند؛ لذا جهت انتخاب ژنوتیپ‌های با طول خوشه، تعداد سنبلچه در سنبله و عملکرد بیولوژیکی بالا و در ضمن دیررس، ارتفاع زیاد و همچنین دارای بیشترین عملکرد دانه، تعداد دانه و وزن دانه در سنبله بیشتر باید به گروه ۲ مراجعه نمود. همچنین برای انتخاب ژنوتیپ‌های زودرس و در ضمن دارای طول سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله خوب و متوسط و همچنین بالاترین شاخص برداشت باید به کلاستر ۴ مراجعه نمود (جدول ۲). بنابراین تجزیه خوشه‌ای بر اساس تنوع ژنتیکی عملکرد دانه و اجزای آن می‌تواند برای ارزیابی تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های گیاهی برای شناسایی ژنوتیپ‌های پرمحصول، کارایی بالایی داشته باشد. بسیاری از پژوهشگران، انتخاب اولیه ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا را به منظور تعیین اثربخشی استفاده از تجزیه خوشه‌ای برای ارزیابی لاین‌ها و ژنوتیپ‌های دارای صفات اقتصادی ارزشمند انجام داده‌اند (Ahmadizadeh *et al.*, 2011; Awan *et al.*, 2014; Hailegiorgis *et al.*, 2011).

جدول ۱. آمار توصیفی صفات زراعی.

Traits	Mean	SD	Maximum	Minimum	CV (%)
H (cm)	66.76	14.67	113.4	38.4	21.98
LP (cm)	32.57	5.63	63.4	17.8	17.31
DF	146.649	11.86	167	101	8.09
DR	188.588	8.78	206	173	4.65
SPAD	49.07	6.32	67.167	34.86	12.88
LS (cm)	10.67	2.01	20.6	5.8	18.92
SP	16.37	2.59	24	8.4	15.83
WPP (gr)	298.73	152.14	948	52.8	51
WSP (gr)	102.15	50.29	389.54	29.56	49.3
HI (%)	37.08	13.29	79.75	4.69	35.83
NS	40.54	10.85	98	9.6	26.76
WS (gr)	1.70	0.50	3.501	0.383	29.75
W1000 (gr)	39.84	6.96	60.06	18.208	12.88

ripening DR: Days to, (روز تا گلدهی)، DF: Days to flowering (طول پدانکل)، LP: Peduncle Length (ارتفاع)، H: Plant Height (روز تا رسیدگی)، SPAD: chlorophyll index (شاخص کلروفیل)، LS: spike length (طول خوشه)، SP: the number of spikelet (تعداد سنبلچه)، WPP: Biological yield in row (عملکرد بیولوژیک در ردیف)، WSP: Seed yield in row (عملکرد دانه در ردیف)، HI: Harvest index (شاخص برداشت)، NS: number of seed (تعداد دانه در خوشه)، WS: weight of seed (وزن دانه در خوشه)، W1000: 1000 kernel weight (وزن هزار دانه).

در تجزیه خوشه‌ای به روش فازی، ژنوتیپ‌ها به چهار گروه تقسیم شدند که ۲۵۰، ۱۷۲، ۱۷۵ و ۶۱ ژنوتیپ با درجه عضویت بیشتر از نیم به ترتیب در گروه‌های اول، دوم، سوم و چهارم قرار گرفتند (جدول ۴). اعضای دو گروه برتر مانند تجزیه خوشه‌ای به روش کامینز از نظر اکثر صفات زراعی برتر می‌باشند (جدول ۵). به نظر می‌رسد تلاقی بین ژنوتیپ‌هایی که در گروه‌های متفاوت قرار دارند (مانند ژنوتیپ‌های گروه اول و سوم در هر دو روش تجزیه خوشه‌ای می‌تواند ژنوتیپ‌های با حداکثر تنوع را به وجود آورد). همانطور که در پژوهشی اثبات شد که تلاقی بین ژنوتیپ‌هایی که فواصل دوری از یکدیگر دارند، برای به دست آوردن حداکثر واگرایی ژنتیکی مفید خواهد بود که می‌تواند برای بهبود ژنتیکی و تولید واریته‌های جدید گندم به کار برده شوند و این اطلاعات می‌تواند برای طرح‌ریزی تلاقی‌های گسترده، بهره‌برداری از تنوع ژنتیکی و به حداکثر رساندن بیان هتروزیس مورد استفاده قرار گیرد (Ahmad *et al.*, 2014).

جدول ۲. نتایج گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها در خوشه‌های مختلف به همراه ضرایب بردار ویژه میانگین صفات در هر گروه.

Variable	Cluster 1	Cluster 2	Cluster 3	Cluster 4
H	-0.4717	-0.7728	1.1606	0.5574
LP	-0.2311	-0.5797	0.7234	0.4017
DF	-0.3651	-0.5750	0.6714	0.5965
DR	-0.3842	-0.7191	0.8876	0.6203
SPAD	-0.0972	0.1002	0.3297	-0.3006
LS	0.1559	-0.7491	1.0503	-0.1108
SP	0.1309	-0.8113	1.1417	-0.0793
WPP	-0.1394	-0.7053	1.3102	-0.0468
WSP	0.3412	-0.6103	0.8937	-0.3727
NS	0.6904	-0.4847	0.5367	-0.6364
WS	0.6577	-0.7394	0.7643	-0.4628
W1000	0.0798	-0.6695	0.5873	0.2727
HI	0.6096	0.1913	-0.5181	-0.5145
Number of genotypes	217	242	160	186
Within cluster sum of squares	1682.142	1786.015	1672.298	1635.017
Average distance from centroid	2.679	2.623	3.067	2.882
Maximum distance from centroid	5.854	5.659	10.142	5.491
within Variance	7.78	7.41	10.51	8.83

جدول ۳. تجزیه واریانس چندمتغیره برای چهار خوشه.

Criterion	Test Statistic	Approx F	DF		P
			Num	Denom	
Wilks'	0.08983	75.298	39	2337	0.000
Lawley-Hotelling	5.03929	101.776	39	2363	0.000
Pillai's	1.41384	54.236	39	2373	0.000
Roy's	3.89845				

s = 3 m = 4.5 n = 393.5

جدول ۴. درجه عضویت افراد در گروه‌های تشکیل شده در خوشه‌بندی فازی.

Explanation	Cluster 1	Cluster 2	Cluster 3	Cluster 4
The number of individuals with a membership degree of more than 0.5 in each cluster	250	172	175	61
The number of individuals with a membership degree of less than 0.01 in each cluster	20	42	6	319
The number of individuals with a membership degree of more than 0.99 in each cluster	0	0	0	1

به منظور مقایسه خوشه بندی به روش کا-مینز و فازی، همبستگی بردارهای میانگین خوشه‌های تشکیل شده در دو روش محاسبه شد. همبستگی بالای بردار میانگین صفات در گروه‌های تشکیل شده در دو روش نشان می‌دهد که روش کا-مینز با روش فازی مشابهت زیادی دارد. چون روش فازی تعمیم یافته روش کا-مینز است (جدول ۶). ژنوتیپ‌های برتر در هر دو گروه بندی می‌توانند به عنوان ژنوتیپ‌های کاندید در برنامه‌های به‌نژادی گندم مورد استفاده و بهره‌برداری قرار بگیرند.

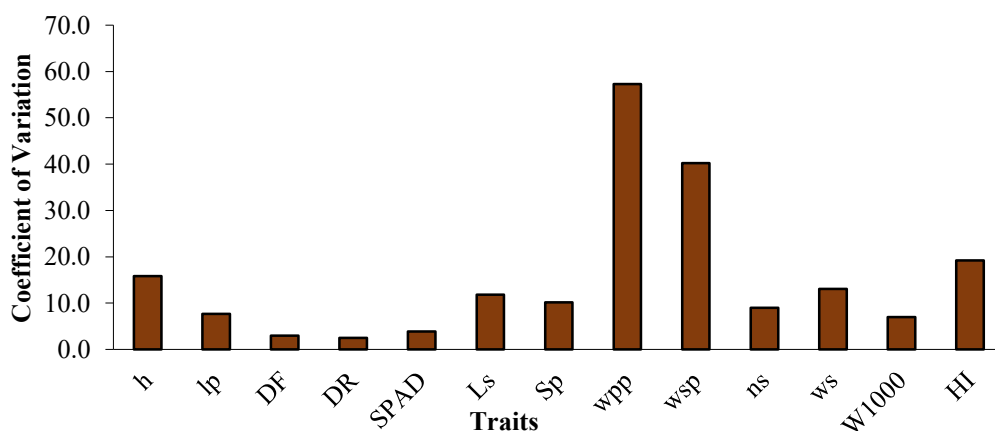
جدول ۵. میانگین صفات در هریک از خوشه‌های به‌دست‌آمده به روش فازی.

Cluster	H	LP	DF	DR	SPAD	LS	SP	WPP	WSP	NS	WS	W1000
FCM1	58.2	30.1	144.0	185.3	9.7	14.9	153.4	62.2	36.2	1.5	37.2	42.3
FCM2	74.3	34.5	150.5	191.8	11.7	17.7	419.6	137.8	44.2	1.9	41.8	33.3
FCM3	64.9	32.3	145.1	187.5	10.4	16.2	270.7	100.4	41.3	1.7	39.8	37.6
FCM4	83.7	36.0	153.5	195.9	12.7	18.9	649.4	172.9	44.0	2.0	43.8	26.5

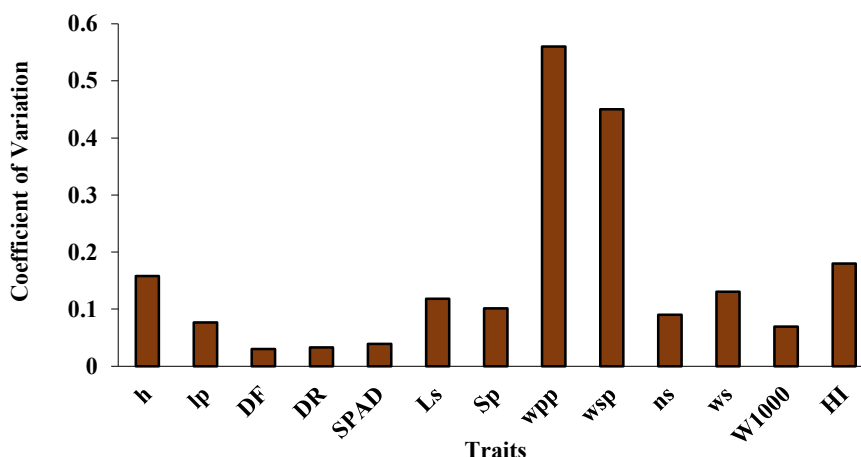
جدول ۶. همبستگی مراکز خوشه‌ها در دو روش K-means و فازی (Fcm).

Clusters	Cluster1	Cluster2	Cluster3	Cluster4	FCM1	FCM2	FCM3	FCM4
Cluster1	1							
Cluster2	0.926***	1						
Cluster3	0.921***	0.707**	1					
Cluster4	0.973***	0.817**	0.985***	1				
FCM1	0.904***	0.998***	0.668*	0.784**	1			
FCM2	0.986***	0.850***	0.973**	0.998***	0.820**	1		
FCM3	0.998***	0.948***	0.895**	0.957***	0.929***	0.973***	1	
FCM4	0.944***	0.753**	0.997***	0.995**	0.716***	0.986***	0.921***	1

هیستوگرام ضریب تغییرات صفات به‌منظور شناسایی مهم‌ترین صفات در گروه بندی ژنوتیپ‌ها در هر دو روش رسم شد. در روش فازی عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه، شاخص برداشت، ارتفاع و صفات مربوط به اجزاء عملکرد با بیشترین میزان ضریب تغییرات به عنوان مهم‌ترین صفات در گروه بندی صفات معرفی می‌شوند (شکل ۱). همچنین در روش کا-مینز نیز همین صفات بیشترین میزان ضریب تغییرات و بیشترین تاثیر را در گروه بندی ژنوتیپ‌ها داشتند (شکل ۲). به عبارت دیگر، این صفات دارای تنوع ژنتیکی بالایی در بین دیگر صفات هستند و تنوع بالا به به‌نژادگر در برنامه‌های به‌نژادی و انجام دورگ گیری و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر کمک می‌نماید.



شکل ۱. هیستوگرام ضریب تغییرات میانگین صفات مختلف جهت نشان دادن اهمیت هریک از صفات در تجزیه خوشه‌ای و گروه بندی ژنوتیپ‌ها به روش فازی.



شکل ۲. ضریب تغییرات میانگین صفات در خوشه‌های مختلف جهت نشان دادن اهمیت هر یک از صفات در تجزیه خوشه‌ای و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها به روش K-means

۲-۳. همبستگی بین صفات زراعی

جدول ۷، همبستگی بین صفات زراعی را نشان می‌دهد. بالاترین ضریب همبستگی بین وزن کل دانه با وزن کل بیولوژیک (***) (۰/۷۱۱)، وزن دانه در سنبله با تعداد دانه در سنبله (***) (۰/۶۹۲) و طول پدانکل با ارتفاع (***) (۰/۷۱۱) بود. همبستگی وزن هزار دانه با وزن دانه در سنبله مثبت و معنی‌دار بود (***) (۰/۳۱۹). همبستگی ارتفاع با تمام صفات بجز تعداد دانه در سنبله، معنی‌دار و با شاخص برداشت، منفی و معنی‌دار (***) (-۰/۳۴۰) بود. می‌توان این موضوع را به امکان انتخاب غیر مستقیم برای عملکرد دانه بیشتر، از طریق تعداد دانه در سنبله دانست (Arshad & Zahravi, 2011). با افزایش ارتفاع، وزن کل بیولوژیک (***) (۰/۵۳۰) و وزن کل دانه (***) (۰/۲۷۶) بیشتر می‌شود. افزایش وزن کل بیولوژیک همراه با افزایش تعداد پنجه و تعداد سنبله می‌باشد که این صفات منجر به افزایش تعداد دانه و در نهایت وزن دانه می‌شوند و همراه با افزایش وزن دانه، شاخص برداشت هم افزایش می‌یابد (***) (۰/۲۳۹). همبستگی شاخص برداشت با دیگر صفات اندازه‌گیری شده، منفی و معنی‌دار است. همبستگی تعداد روز تا رسیدگی با صفات تعداد روز تا گلدهی، ارتفاع، طول پدانکل، شاخص کلروفیل، طول سنبله، تعداد سنبلچه، وزن کل بیولوژیک، وزن کل دانه، وزن دانه در سنبله و وزن هزار دانه مثبت و معنی‌دار بود. یافته‌های این پژوهش با بیشتر یافته‌های محققان دیگر کاملاً همخوانی دارد (Farahani & Arzani, 2006; Pour Danesh *et al.*, 2014; Tabrizi & Kazemi-e-Arbat, 2011).

محتوای کلروفیل یک صفت مفید برای اصلاح پتانسیل بالای عملکرد دانه در گندم است. صفت سبز ماندن که مربوط به حفظ محتوای کلروفیل است به عنوان یک صفت هدف کلیدی برای بهبود استفاده از نور شناسایی شده است و می‌تواند به افزایش عملکرد گندم کمک کند (Cossani & Reynolds, 2012). همچنین مشخص شده است که سبز ماندن با عملکرد تحت تنش گرمایی و گرما همراه با خشکی در گندم بهاره همبستگی دارد. بنابراین، انتخاب برای صفت سبز ماندن در ژنوتیپ‌های امیدبخش گندم، احتمالاً نرخ پیشرفت ژنتیکی برای سازگاری گندم را افزایش می‌دهد (Lopes & Reynolds, 2012; Christopher *et al.*, 2018). همچنین گزارش شده است که ارتباط معنی‌دار بین صفت سبز ماندن (شاخص کلروفیل) و بهبود عملکرد دانه می‌تواند برای توسعه رقم جدید مورد استفاده قرار گیرد (Lopes *et al.*, 2012; Beche *et al.*, 2014).

علاوه بر این، گزارش شده است که عملکرد دانه با عملکرد بیولوژیک و تعداد سنبله در متر مربع همبستگی مثبت دارد که با نتایج این پژوهش هماهنگ است (Okuyama *et al.*, 2004). با افزایش تعداد روز تا رسیدگی، شاخص برداشت کاهش می‌یابد. به عبارت دیگر، گیاهان فرصت بیشتری برای رشد رویشی خواهند داشت و با افزایش رشد رویشی، بیوماس (زیست‌توده) گیاهی افزایش یافته ولی ضریب افزایش عملکرد دانه به اندازه ضریب افزایش زیست‌توده نبوده، لذا شاخص برداشت هم که از تقسیم عملکرد دانه به عملکرد بیولوژیک به دست می‌آید، کاهش می‌یابد. همچنین گزارش شده است که ارقامی که زود به سنبله می‌روند، فرصت بیشتری برای پر کردن دانه و افزایش وزن دانه دارند و بنابراین وزن دانه و عملکرد دانه هم افزایش می‌یابد (Tabrizi & Kazemi-e-Arbat 2011). صفات شاخص برداشت، تعداد و طول سنبله از اجزای مهم عملکرد دانه بوده و انتخاب بر

اساس آنها می‌تواند موجب بهبود عملکرد دانه در گندم شود (Dawari & Luthra, 1991). عملکرد گندم نان عمدتاً به سه عامل مهم بستگی دارد، این عوامل عبارتند از تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و تعداد سنبله در واحد سطح. از طرف دیگر، بسیاری از به‌نژادگران روی اصلاح تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه گندم تمرکز می‌کنند تا به عملکرد بالایی دست یابند (Leilah & Al-Khateeb 2005; Kesavan *et al.*, 2013; Distelfeld *et al.*, 2014). بنابراین، برای انتخاب ارقام برتر باید به مهمترین صفات مرتبط با عملکرد توجه نمود؛ البته ذکر این نکته مهم است که ژن‌ها و صفاتی که برای اهداف بالقوه انتخاب شناسایی می‌شوند باید برهمکنش و تعامل معنی‌داری با سایر ژن‌ها و صفات مرتبط داشته باشند؛ زیرا فقط ترکیبات آل خاصی برای عملکرد دانه گندم مفید هستند. بسیاری از صفات مربوط به عملکرد توسط چندین ژن کنترل و کدگذاری می‌شوند. افزایش تعداد سنبلچه و انشعاب سنبلچه در سنبله به عنوان یک عامل مهم در افزایش عملکرد دانه گندم گزارش شده است که می‌توان با هرمی نمودن ژن‌های مؤثر بر عملکرد (افزایش تعداد سنبلچه، وزن دانه در خوشه و تعداد دانه در خوشه)، عملکرد دانه گندم را افزایش داد (Nadolska-Orczyk *et al.*, 2017).

جدول ۷. همبستگی (r) بین صفات زراعی.

Traits	H	LP	DF	DR	SPAD	LS	SP	WPP	WSP	HI	NS	WS	W1000
H	1												
LP	0.711**	1											
DF	0.428**	0.179***	1										
DR	0.566**	0.251***	0.537***	1									
SPAD	0.126**	0.088*	-0.144**	-0.096*	1								
LS	0.382**	0.166**	0.277**	0.379**	0.068*	1							
SP	0.440**	0.220**	0.316**	0.387**	0.088**	0.699***	1						
WPP	0.530**	0.317**	0.257**	0.371**	0.176**	0.457***	0.481**	1					
WSP	0.276**	0.222**	0.056	0.116**	0.113**	0.305***	0.305**	0.711**	1				
HI	-0.340**	-0.152**	-0.211**	-0.301**	-0.125**	-0.190**	-0.260**	-0.410**	0.239**	1			
NS	0.015	0.045	-0.008	-0.002	0.079*	0.438**	0.476**	0.254**	0.392**	0.110**	1		
WS	0.210**	0.280**	0.074*	0.143**	0.034	0.455**	0.448**	0.329**	0.491**	0.153**	0.692**	1	
W1000	0.394**	0.318**	0.222**	0.310**	-0.021	0.228**	0.225**	0.294**	0.275**	0.055	0.027	0.319**	1

۳-۳. رگرسیون چندگانه به روش مرحله‌ای

در این پژوهش، به منظور تعیین صفاتی که میزان قابل ملاحظه‌ای از تغییرات عملکرد را توجیه نمایند، صفت وزن کل دانه (عملکرد دانه در ردیف) به عنوان متغیر تابع در مقابل سایر صفات زراعی قرار گرفت. نتایج نشان داد که از بین ۱۳ صفت زراعی مورد مطالعه، هشت صفت شامل روز تا رسیدگی (DR)، روز تا گلدهی (DF)، طول سنبله (LS)، عملکرد بیولوژیک (WPP)، تعداد دانه در سنبله (NS)، وزن دانه در سنبله (WS)، وزن هزار دانه (W1000) و شاخص برداشت (HI) وارد مدل شدند و این صفات ۸۵/۸۹ درصد از کل تغییرات عملکرد دانه را توجیه نمودند (جدول ۸). بر اساس رگرسیون استاندارد، صفات عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، طول سنبله، وزن هزار دانه، روز تا گلدهی و روز تا رسیدن به ترتیب بیشترین اهمیت و تاثیر را در پیشگویی عملکرد دانه داشتند. شاخص‌های ارزیابی اعتبار و دقت مدل (جدول ۹) نشان می‌دهد که مدل از اعتبار بالایی برخوردار است (توزیع خطاها نرمال می‌باشد $(\text{probe}(ks) = 0.09)$ ، ضریب تبیین چندگانه تعدیل شده ۸۵٪، میانگین VIF برابر ۱/۸ که بسیار نزدیک به دو بوده و حاکی از عدم همبستگی خطاها است و علاوه بر این شاخص‌های MAE، RMSE و MAPE که متوسط میزان خطای پیشگویی را برحسب گرم نشان می‌دهند، همگی در حد مطلوب و قابل قبول و نزدیک یکدیگر بوده و CvRMSE که ضریب تغییرات خطا در پیشگویی را بر حسب درصدی از میانگین متغیر تابع نشان می‌دهد برابر با ۱۵/۹٪ است که مقداری قابل قبول است (جدول‌های ۸، ۹ و ۱۰).

می‌توان استنباط نمود که برای بهبود عملکرد دانه گندم باید به این صفات که بیشترین اثر را روی عملکرد دانه گیاه دارند توجه داشت. طبق معادله رگرسیونی به‌دست‌آمده صفات روز تا رسیدگی و طول سنبله دارای ضرایب منفی هستند؛ در صورتی که انتظار می‌رود با افزایش این صفات عملکرد دانه افزایش یابد، اما در این معادله ظاهراً با افزایش این صفات عملکرد کاهش می‌یابد، احتمالاً این صفات اثر مثبت خود را به‌طور غیر مستقیم از طریق صفات دیگر روی عملکرد اعمال می‌نمایند. از آنجایی که در تولید ارقام پرمحصول باید ارتباط بین عملکرد دانه و سایر صفات به‌ویژه اجزاء عملکرد در نظر گرفته شود؛ لذا برای بررسی این مسئله تجزیه مسیر انجام شد و اثرات مستقیم و غیر مستقیم صفات روی عملکرد دانه محاسبه شد.

بسیاری از صفات مربوط به عملکرد توسط چندین ژن کنترل و کدگذاری می‌شوند. هر می‌نمودن ژن‌های مؤثر بر عملکرد با سایر ژن‌های مهم زراعی می‌توان به افزایش عملکرد در گندم رسید (Nadolska-Orczyk *et al.*, 2017).

جدول ۸. نتایج تجزیه واریانس رگرسیون چندگانه به روش مرحله‌ای.

S.O.V	df	MS	MS*	F	prob
Regression	8	241944	86.456	612.55	0.000
Error	796	335	0.041		
R ²	86.03				
R ² (adj)	85.89				

Model: wsp = -28.8-0.184DF-0.232DR-1.657LS+0.316wpp+0.346ns+6.6ws+0.335w1000+2.315HI
 Standard Model:wsp = -0.0414DF-0.0384DR-0.0633LS+0.9515WPP+0.0709NS+ 0.0633WS+0.044W1000+0.5817HI

جدول ۹. آزمون معنی‌داری ضرایب رگرسیون.

Trait	Partial regression coefficient in standard model	T	prob	VIF
DF	-0.0414	-2.61	0.009	1.43
DR	-0.0384	-2.23	0.026	1.7
LS	-0.063	-3.66	0.000	1.7
wpp	0.951	55.4	0.000	1.68
Ns	0.0709	3.45	0.001	2.41
Ws	0.0633	2.93	0.003	2.65
W1000	0.044	2.79	0.005	1.42
HI	0.581	36.66	0.000	1.43

جدول ۱۰. شاخصهای اعتبار و کیفیت مدل رگرسیون چندگانه در پیشگویی.

Durbin-Watson	MAE	RMSE	MAPE	CV (RMSE)	VIF	R ² (adj)	KS	prob
1.85	12.69	18.27	15.9	15.9%	1.8	85.89	0.029	0.09

۳-۴. تجزیه مسیر

در این پژوهش، با توجه به نتایج حاصل از تجزیه رگرسیون مرحله‌ای و ضرایب همبستگی بین صفات از تجزیه مسیر برای بررسی اثرات مستقیم و غیر مستقیم صفات بر عملکرد دانه استفاده شد. اثرات مستقیم صفات وارد شده در مدل روی متغیر تابع همان ضرایب رگرسیون جزء در مدل استاندارد می‌باشند (جدول ۱۱)، صفات عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت به ترتیب با ضرایب ۰/۹۱۵ و ۰/۵۸۱ بیشترین اثر مستقیم و مثبت را روی عملکرد دانه داشتند. صفت عملکرد بیولوژیک، بیشترین اثر غیر مستقیم و منفی (۰/۳۹۱-) را از طریق شاخص برداشت روی عملکرد دانه داشت. صفات DF، DR و LS که ضرایب منفی در مدل رگرسیونی دارند، از طریق صفت وزن بیولوژیکی اثر مثبت خود را بر عملکرد دانه اعمال می‌نمایند؛ چون به ترتیب دارای اثرات غیر مستقیم ۰/۲۴۴، ۰/۳۵۲ و ۰/۴۳۲ از طریق WPP روی عملکرد دانه می‌اشند. به منظور توسعه ارقام گندم پرمحصول، باید ارتباط ژنتیکی بین عملکرد دانه و اجزای آن در نظر گرفته شود. از آنجایی که عملکرد دانه توسط چند ژن کنترل می‌شود، تجمع تدریجی ژن‌ها باعث عملکرد بالاتر و حذف ژن‌های نامطلوب از طریق روش‌های مختلف اصلاحی می‌شود. تجزیه و تحلیل آماری صفات زراعی از طریق آنالیز مسیر می‌تواند در دستیابی به ارقام گندم نان پرمحصول در برنامه‌های اصلاح ژنتیکی کارا باشد، زیرا صفات زراعی حاصل عملکرد ژن‌ها هستند.

جدول ۱۱. نتایج تجزیه مسیر و اثرات مستقیم و غیر مستقیم صفات مختلف بر عملکرد دانه.

Traits	Correlation	Direct effect	Indirect effect							
			DF	DR	LS	WPP	NS	WS	W1000	HI
DF	0.056	-0.042	-	-0.021	-0.018	0.244	-0.001	0.004	0.009	-0.123
DR	0.116	-0.039	-0.023	-	-0.025	0.352	0	0.008	0.013	-0.176
LS	0.305	-0.064	-0.012	-0.015	-	0.434	0.031	0.028	0.01	-0.111
WPP	0.711	0.951	-0.011	-0.015	-0.029	-	0.018	0.02	0.015	-0.239
NS	0.392	0.071	0	-0.001	-0.028	0.241	-	0.043	-0.002	0.063
WS	0.491	0.063	-0.004	-0.006	-0.029	0.314	0.049	-	0.014	0.089
W1000	0.275	0.044	-0.01	-0.012	-0.015	0.279	-0.002	0.019	-	-0.032
HI	0.055	0.581	0.008	0.011	0.012	-0.391	0.007	0.009	-0.003	-
Residual					0.373					

در جدول ۱۲، شماره تعدادی از ژنوتیپ‌ها همراه با ویژگی شاخص آنها که نسبت به ارقام شاهد برتری نشان دادند آورده شده است. این ژنوتیپ‌ها بر اساس صفاتی انتخاب شدند که در تجزیه خوشه‌ای و گروه‌بندی به دو روش ک-مینز و فازی دارای اهمیت زیادی بودند (شکل ۱ و ۲)، در رگرسیون چندگانه وارد مدل رگرسیونی شدند (جدول ۷)، همبستگی بالایی با عملکرد دانه داشتند (جدول ۷) و از مهم‌ترین اجزای عملکرد هستند.

این ژنوتیپ‌ها می‌توانند در برنامه‌های دورگ‌گیری مورد استفاده قرار گیرند. همچنین می‌توان آزمایش‌های غربال‌گری نسبت به تنش‌های زیستی و غیر زیستی را به منظور شناسایی بهترین ژنوتیپ‌ها (با عملکرد و مقاومت بالا) انجام داد. آنچه مسلم است این است که این ژنوتیپ‌ها به عنوان ژنوتیپ‌های منتخب و بارزش بالا می‌توانند مورد استفاده پژوهشگران و موسسات تحقیقاتی قرار گیرند. وزن هزار دانه، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله و طول سنبله از صفات بسیار مهم و تاثیرگذار روی عملکرد دانه هستند. به نظر می‌رسد که در اصلاح گندم اهمیت به هریک از این صفات می‌تواند تا حد زیادی عملکرد دانه گندم را افزایش دهد. تغییرات وزن هزار دانه در ارقام شاهد از ۳۶/۱۴ گرم در رقم فلات تا ۵۴/۷۶ گرم در رقم سرداری مشاهده شد، در این بین ژنوتیپ‌هایی مشاهده شدند که وزن هزار دانه بیشتر از ۵۵ گرم را داشتند. طول سنبله یکی دیگر از صفات مهم است که می‌تواند بر عملکرد دانه تاثیرگذار باشد تغییرات طول سنبله ۶/۵۷ سانتی‌متر در رقم پیشگام تا ۱۰/۲۵ سانتی‌متر در رقم روشن متغیر بود؛ ولی تعدادی از ژنوتیپ‌ها طول سنبله بیشتر از ۱۵ سانتی‌متر را داشتند که توجه به این صفت و همچنین افزایش تعداد و وزن دانه در سنبله می‌تواند در انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا به به‌نژادگر کمک زیادی نماید. در پژوهش‌های پیشین گزارش شده است که واکنش عملکرد دانه در گندم نان تحت تأثیر چندین صفت زراعی (ارتفاع، شاخص برداشت، عملکرد بیولوژیک، تعداد پنجه بارور، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله، تعداد سنبله‌چه، وزن هزار دانه و وزن دانه در سنبله) و صفات فیزیولوژیکی شامل محتوای کلروفیل است (Chen *et al.*, 2012; Foulkes *et al.*, 2007; Beche *et al.*, 2014; Chen & Hao, 2015). بنابراین، با استفاده از ژنوتیپ‌های با عملکرد و تنوع ژنتیکی بالا و دسترسی به ژرم‌پلاسم متنوع در برنامه‌های به‌نژادی گندم، می‌توان افزایش عملکرد گندم را تسریع و بهبود بخشید (Chen *et al.*, 2012; Bustos *et al.*, 2013; Reynolds *et al.*, 2012).

۴. نتیجه‌گیری

منابع ژنتیکی مورد بررسی در این پژوهش، از نظر صفات عملکرد و اکثر صفات زراعی از تنوع بسیار بالایی برخوردار بودند. در تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها در چهار گروه قرار گرفتند و صفات وزن بیولوژیک، عملکرد دانه، شاخص برداشت و ارتفاع مهم‌ترین نقش را در گروه‌بندی داشتند و گروه‌بندی به روش فازی نتایج مشابهی را در بیان تنوع ارائه نمود. نتایج رگرسیون چندگانه نشان داد که عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله، وزن دانه در سنبله، وزن هزاردانه، روز تا سنبله‌دهی و روز تا رسیدن به ترتیب مهم‌ترین صفاتی بودند که وارد مدل شدند و ۸۵٪ تنوع عملکرد دانه را توجیه نمودند. با توجه به نتایج، تعدادی از ژنوتیپ‌ها بر اساس تعدادی از صفات مهم که وارد مدل رگرسیونی شدند نسبت به ارقام شاهد هم عملکرد بالاتری داشتند و این نشان می‌دهد که این ژنوتیپ‌ها در شرایط آب و هوایی رفسنجان می‌توانند به‌عنوان ژنوتیپ‌های کاندید در برنامه‌های اصلاحی مورد توجه ویژه قرار گیرند.

جدول ۱۲. غربال ژنوتیپ‌های برتر در مقایسه با ارقام شاهد.

Traits	Genotypes	Control cultivars				
		Pishgam	Falat	Zare	Sardari	Roshan
W1000 (more than 55 gram)	1299, 862, 922, 2143, 180, 1299, 2174, 458, 2162, 1457, 1475, 697	39.32	36.14	37.25	54.76	52.64
WS (more than 2.5 gram)	1417, 2156, 1391, 1640, 428, 1621, 691, 1468, 66, 140, 1797, 610, 717, 41, 35, 2117, 1437, 2203, 48, 862, 3785, 1403, 890, 1629, 750, 1578, 629, 88, 8035, 458, 1542, 612, 9054, 14-1, 1493, 9021, 765, 681, 522, 2039, 452, 132, 2053, 879, 1299, 2044-1, 485, 2058, 433, 144, 1455, 1622, 507, 483, 2013, 181, 501, 143, 1579	1.79	2	1.43	1.53	1.89
NS (more than 70)	2058, 610, 433, 1520, 522, 132, 629, 1629, 631, 1622, 2053, 567	44.4	44.45	33.3	29.83	37.30
WSP (more than 300 gram)	458, 1493, 2038, 1573, 3785, 765	77.91	145.85	118.79	131.69	152.37
WPP (more than 600 gram)	457, 488, 769, 1540, 2175, 497, 1642, 645, 871, 1493, 753, 878, 2039, 9046, 1643, 2129, 43, 1551, 730, 23, 725, 483, 2156, 1575, 48, 2179, 116, 1621, 2189, 1626, 1553, 1797, 458, 1573, 1560, 728, 2038, 765, 15, 3785	262.24	291.09	295.19	413.39	492.35
HI (more than 63%)	155, 163, 164, 165, 175, 182, 420, 430, 438, 485, 524, 580-1, 581, 603, 607, 608, 624, 625, 638, 640, 674, 681, 736, 792, 912, 943, 946, 1444, 1460, 1592, 1606, 2042, 3786, 9006	29.70	50.10	40.24	31.85	30.94
LS (more than 15 cm)	1642, 2180-1, 2018, 468, 1797, 41, 88, 452, 656, 458, 2158, 2053, 485, 726, 48, 66, 116, 9021, 1578, 1579, 1452, 483, 1542, 9033, 2103, 9012, 2157,	8.57	8.92	8.88	9.51	10.25

۵. منابع

- Abbasali, M., & Zahravi, M. (2017). Genetic diversity in safflower germplasm of national plant gene bank of Iran. *Seed and Plant Journal*, 32(4), 527-543.
- Adilova, S.S., Qulmamatova, D.E., Baboev, S.K., Bozorov, T.A., & Morgunov, A.I. (2020). Multivariate cluster and principle component analyses of selected yield traits in Uzbek bread wheat cultivars. *American Journal of Plant Sciences*, 11(06), 903.
- Ahmad, H.M., Awan, S.I., Aziz, O., & Ali, M.A. (2014). Multivariate analysis of some metric traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *European Journal of Biotechnology and Bioscience*, 1(4), 22-26.
- Ahmadizadeh, M., Nori, A., Shahbazi, H., & Habibpour, M. (2011). Effects of drought stress on some agronomic and morphological traits of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) landraces under greenhouse condition. *African Journal of Biotechnology*, 10(64), 14097-14107.
- Ajmal, S.U., Minhas, N.M., Hamdani, A., Shakir, A., Zubair, M., & Ahmad, Z. (2013). Multivariate analysis of genetic divergence in wheat (*Triticum aestivum*) germplasm. *Pakistan Journal of Botany*, 45(5), 1643-1648.
- Ali, N., Hussain, I., Ali, S., Khan, N.U., & Hussain, I. (2021). Multivariate analysis for various quantitative traits in wheat advanced lines. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 28(1), 347-352.
- Arshad, Y., & Zahravi, M. (2011). Identification of drought tolerant genotypes in selected wheat genetic resources in the National Plant Gene-Bank of Iran. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 13(1), 157-177.
- Ashabi, A., Sahibuddin, S.B., & Salkhordeh Haghighi, M. (2020). The systematic review of K-means clustering algorithm. *Paper presented at the Proceedings of the 2020 9th International Conference on Networks, Communication and Computing*, 13-18.
- Awan, F.K., Khurshid, M.Y., Afzal, O., Ahmed, M., & Chaudhry, A.N. (2014). Agro-morphological evaluation of some exotic common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes under rainfed conditions of Islamabad, Pakistan. *Pakistan Journal of Botany*, 46(1), 259-264.
- Beche, E., Benin, G., da Silva, C.L., Munaro, L.B., & Marchese, J.A. (2014). Genetic gain in yield and changes associated with physiological traits in Brazilian wheat during the 20th century. *European Journal of Agronomy*, 61, 49-59.

- Becher, E., Benin, G., da Silva, C.L., Munaro, L.B., & Marchese, J.A. (2014). Genetic gain in yield and changes associated with physiological traits in Brazilian wheat during the 20th century. *European Journal of Agronomy*, 61, 49-59.
- Bustos, D.V., Hasan, A.K., Reynolds, M.P., & Calderini, D.F. (2013). Combining high grain number and weight through a DH-population to improve grain yield potential of wheat in high-yielding environments. *Field Crops Research*, 145, 106-115.
- Chen, S., Gao, R., Wang, H., Wen, M., Xiao, J., Bian, N., & Wang, X. (2015). Characterization of a novel reduced height gene (*Rht23*) regulating panicle morphology and plant architecture in bread wheat. *Euphytica*, 203, 583-594.
- Chen, X., Min, D., Yasir, T.A., & Hu, Y.G. (2012). Evaluation of 14 morphological, yield-related and physiological traits as indicators of drought tolerance in Chinese winter bread wheat revealed by analysis of the membership function value of drought tolerance (MFVD). *Field Crops Research*, 137, 195-201.
- Christopher, M., Chenu, K., Jennings, R., Fletcher, S., Butler, D., Borrell, A., & Christopher, J. (2018). QTL for stay-green traits in wheat in well-watered and water-limited environments. *Field Crops Research*, 217, 32-44.
- Condón, F., Gustus, C., Rasmusson, D.C., & Smith, K.P. (2008). Effect of advanced cycle breeding on genetic diversity in barley breeding germplasm. *Crop Science*, 48(3), 1027-1036.
- Cossani, C.M., & Reynolds, M.P. (2012). Physiological traits for improving heat tolerance in wheat. *Plant Physiology*, 160(4), 1710-1718.
- Dawari, N., & Luthra, O. (1991). Character association studies under high and low environments in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Indian Journal of Agricultural Research*, 25, 68-72.
- Dehariya, V.K., Shrivastava, S.K., & Jain, R. (2010). Clustering of image data set using k-means and fuzzy k-means algorithms. *Paper presented at the 2010 International conference on computational intelligence and communication networks*, 386-391.
- Distelfeld, A., Avni, R., & Fischer, A.M. (2014). Senescence, nutrient remobilization, and yield in wheat and barley. *Journal of Experimental Botany*, 65(14), 3783-3798.
- Dos Santos, T.M., Ganança, F., Slaski, J.J., & Pinheiro de Carvalho, M.Â. (2009). Morphological characterization of wheat genetic resources from the Island of Madeira, Portugal. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 56, 363-375.
- Dresselhaus, T., & Hückelhoven, R. (2018). Biotic and abiotic stress responses in crop plants. *Agronomy*, 8(11), 267.
- Farahani, A., & Arzani, A. (2006). Genetic variation of F₁ hybrid varieties and genotypes of durum wheat using agronomic and morphological traits. *Science and Technology of Agriculture and Natural Resources*, 10(4), 341-354.
- Foulkes, M.J., Sylvester-Bradley, R., Weightman, R., & Snape, J.W. (2007). Identifying physiological traits associated with improved drought resistance in winter wheat. *Field Crops Research*, 103(1), 11-24.
- Hailegiorgis, D., Mesfin, M., & Genet, T. (2011). Genetic divergence analysis on some bread wheat genotypes grown in Ethiopia. *Journal of Central European Agriculture*, 12(2), 344-352.
- Hodson, T.O. (2022). Root-mean-square error (RMSE) or mean absolute error (MAE): When to use them or not, *Geosci. Model Dev.*, 15, 5481-5487. <https://doi.org/10.5194/gmd-15-5481-2022>, 2022.
- Kesavan, M., Song, J.T., & Seo, H.S. (2013). Seed size: A priority trait in cereal crops. *Physiologia Plantarum*, 147(2), 113-120.
- Leilah, A., & Al-Khateeb, S. (2005). Statistical analysis of wheat yield under drought conditions. *Journal of Arid Environments*, 61(3), 483-496.
- Lopes, M.S., & Reynolds, M.P. (2012). Stay-green in spring wheat can be determined by spectral reflectance measurements (normalized difference vegetation index) independently from phenology. *Journal of Experimental Botany*, 63(10), 3789-3798.
- Lopes, M.S., Reynolds, M.P., Manes, Y., Singh, R.P., Crossa, J., & Braun, H.J. (2012). Genetic yield gains and changes in associated traits of CIMMYT spring bread wheat in a "historic" set representing 30 years of breeding. *Crop Science*, 52(3), 1123-1131.
- MacQueen, J. (1967). Some methods for classification and analysis of multivariate observations. *Paper presented at the Proceedings of the fifth Berkeley symposium on mathematical statistics and probability*, 1(14), 281-297.
- Monneveux, P., Jing, R., & Misra, S.C. (2012). Phenotyping for drought adaptation in wheat using physiological traits. *Frontiers in Physiology*, 3, 429.
- Montenegro, J.D., Golicz, A.A., Bayer, P.E., Hurgobin, B., Lee, H., Chan, C.K.K., Visendi, P., Lai, K., Doležel, J., Batley, J., & Edwards, D. (2017). The pangenome of hexaploid bread wheat. *The Plant Journal*, 90(5), 1007-1013.
- Nadolska-Orczyk, A., Rajchel, I.K., Orczyk, W., & Gasparis, S. (2017). Major genes determining yield-related traits in wheat and barley. *Theoretical and Applied Genetics*, 130, 1081-1098.

- Naghavi, M.R., & Khalili, M. (2017). Evaluation of genetic diversity and traits relations in wheat cultivars under drought stress using advanced statistical methods. *Acta Agriculture Slovenia*, 109(2), 403–415.
- Okuyama, L.A., Federizzi, L.C., & Barbosa Neto, J.F. (2004). Correlation and path analysis of yield and its components and plant traits in wheat. *Ciência Rural*, 34, 1701-1708.
- Pour Danesh, A., Arshad, Y., Vaezi, S., & Rashidi, V. (2014). The study of genetic diversity and relationships of major agronomical traits for several wheat accessions of National Plant Gene Bank of Iran. *Applied Field Crops Research*, 27(104), 76-86.
- Reynolds, M.P., & Braun, H.J. (2022). *Wheat improvement: Food security in a changing climate* (p. 629). Springer Nature.
- Reynolds, M., Foulkes, J., Furbank, R., Griffiths, S., King, J., Murchie, E., Parry, M., & Slafer, G. (2012). Achieving yield gains in wheat. *Plant, Cell & Environment*, 35(10), 1799-1823.
- Shahin Nia, F., & Rezai, A.M. (2002). An evaluation of quantitative and qualitative characteristics of breeding lines, cultivars and landrace varieties of bread wheat sing multivariate statistical analysis. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, 33(1), 89-102.
- Shedthi, B.S., Shetty, S., & Siddappa, M. (2017). Implementation and comparison of K-means and fuzzy C-means algorithms for agricultural data. Paper presented at the 2017. *International Conference on Inventive Communication and Computational Technologies*.
- Shovon, M.H.I., & Haque, M. (2012). An approach of improving students academic performance by using k means clustering algorithm and decision tree. *ArXiv preprint arXiv*, 1211, 6340.
- Tabrizi, M., & Kazemi-e-Arbat, H. (2011). Genetic diversity for grain yield and its components in winter wheat genotypes (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Crop Ecophysiology*, 18(2), 35-50.
- Thalassinos, G., & Antoniadis, V. (2021). Monitoring potentially toxic element pollution in three wheat-grown areas with a long history of industrial activity and assessment of their effect on human health in Central Greece. *Toxics*, 9(11), 293.
- Tshikunde, N.M., Mashilo, J., Shimelis, H., & Odindo, A. (2019). Agronomic and physiological traits, and associated quantitative trait loci (QTL) affecting yield response in wheat (*Triticum aestivum* L.): A review. *Frontiers in Plant Science*, 10, 1428.
- Wu, J. (2012). Cluster analysis and K-means clustering: An Introduction. In: *Advances in K-means Clustering*. Springer Theses. Springer, Berlin, Heidelberg. https://doi.org/10.1007/978-3-642-29807-3_1.
- Yanagi, M. (2024). Climate change impacts on wheat production: Reviewing challenges and adaptation strategies. *Advances in Resources Research*, 4(1), 89-107.
- Zhao, Q., Feng, Q., Lu, H., Li, Y., Wang, A., Tian, Q., Zhan, Q., Lu, Y., Zhang, L., Huang, T., & Wang, Y. (2018). Pan-genome analysis highlights the extent of genomic variation in cultivated and wild rice. *Nature Genetics*, 50(2), 278-284.