علوم گیاهان زراعی ایران
دورهٔ ۴۶، شمارهٔ ۱، بهار ۱۳۹۴ (ص ۶۹-۵۷)

ارزیابی خصوصیات چند ژنوتیپ گندم نان ایرانی با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدودشده تحت شرایط تنش و عدم تنش شوری

امیدعلی اکبرپور[۱]، حمید دهقانی[۲*]، محمدجواد روستا[۳] و اشکبوس امینی[۴]
۱. دانشجوی دکتری اصلاح نباتات، دانشکدهٔ کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس
۲. دانشیار گروه اصلاح نباتات، دانشکدهٔ کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس
۳. استادیار پژوهش مرکز تحقیقات شوری یزد
۴. مربی پژوهش بخش غلات، مؤسسهٔ تحقیقات اصلاح و تهیهٔ نهال و بذر
(تاریخ دریافت: ۱۳۹۳/۱/۳۱ - تاریخ تصویب: ۱۳۹۳/۱۰/۲۱)

چکیده

به‌کارگیری روش تجزیهٔ آماری مناسب می‌تواند مکمل اجرای یک طرح آزمایشی دقیق برای اصلاح نباتات و دام باشد. در این آزمایش ۳۳ ژنوتیپ گندم ایرانی نان در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در دو شرایط عدم تنش و تنش شوری در مزرعهٔ تحقیقاتی مرکز ملی شوری ایران واقع در استان یزد کشت شدند. از برآوردگر حداکثر درستنمایی محدودشده (Restricted Maximum Likelihood, REML) برای بررسی ساختارهای مختلف واریانس-کوواریانس ژنوتیپی و برآورد همبستگی‌های ژنوتیپی و فنوتیپی برخی از صفات در لاین‌های گندم ایرانی نان در شرایط عدم تنش و تنش شوری استفاده شد. برآوردهای مختلف به‌روش REML نشان داد که صفات عملکرد دانه، عملکرد زیست‌توده و شاخص برداشت دارای تنوع ژنتیکی در شرایط نرمال و تنش شوری بودند که از این تنوع می‌توان در برنامه‌های اصلاحی گندم برای تحمل به شوری استفاده کرد. همچنین با استفاده از روش REML اثر متقابل ژنتیک × محیط برای هیچ‌کدام از صفات به‌ویژه عملکرد که یکی از مهم‌ترین صفات برای ارزیابی تحمل به تنش شوری در گندم است، مشاهده نشد. با مقایسهٔ میانگین عملکرد دانه، لاین‌های SALT22، SALT29، SALT28 بیشترین عملکرد و لاین شمارهٔ ۶، رقم شاه‌پسند و لاین شمارهٔ ۱۳ کمترین عملکرد را در دو شرایط تنش و نرمال داشتند. با استفاده از برآوردگر REML همبستگی ژنتیکی مثبت و معنی‌داری بین عملکرد دانه با زیست‌توده (۰/۹۷) و شاخص برداشت (۰/۹۴) در دو شرایط عدم تنش و تنش شوری و همبستگی منفی و معنی‌داری بین عملکرد دانه و تعداد روز تا رسیدگی (۰/۳۲-) در شرایط تنش شوری برآورد شد. ازاین‌رو امکان انتخاب ژنوتیپ‌های زودرس پرمحصول در شرایط تنش شوری به‌ویژه در محل اجرای آزمایش (یزد) وجود دارد و می‌توان گزینش برای بهبود عملکرد بیشتر در شرایط تنش شوری را انجام داد.

واژه‌های کلیدی: حداکثر درست‌نمایی محدودشده، شوری، گندم، مدل مختلط.

مقدمه

پیشرفت شوری خاک سبب نابودی زمین‌های زراعی در طی سالیان گذشته شده است. برای مثال در حدود ۴/۵ تا ۸/۶ میلیون هکتار از زمین‌های کالیفرنیا در طی قرن

* تلفن: ۰۲۱-۴۸۲۹۲۰۴۰، ۰۹۱۲۵۱۴۴۸۲۰
E-mail: dehghanr@modares.ac.ir

اخیر دچار پدیدهٔ شوری شده‌اند. سالانه ۱۰ میلیون هکتار از زمین‌های کشاورزی تحت آبیاری دنیا به‌دلیل شوری ثانویهٔ ناشی از فعالیت‌های بشر از چرخهٔ تولید خارج می‌شوند و به زمین‌های نکاشت تبدیل می‌شوند (Pessarakli & Szabolcs, 2011). کشور ایران نیز با اقلیم گرم و خشک از پدیدهٔ شوری در امان نیست. به‌نحوی که بیش از نیمی از زمین‌های قابل کشت آن (در حدود ۲۷ میلیون هکتار) از خاک‌های شور و سدیمی تشکیل شده است (Rezvani Moghaddam & Koocheki, 2001). براساس گزارش فائو کشورهای ایران و عراق در حال از دست دادن حدود ۴۰ درصد از زمین‌های تحت آبیاری خود در اثر شور شدن خاک‌اند (FAO, 2005). ازاین‌رو برنامه‌های اصلاحی برای پایداری عملکرد در تنش شوری باید از اولویت برخوردار شود. اگرچه حذف شوری خاک‌ها یکی از گزینه‌های مقابله با این تهدید است، این روش بیشتر مبتنی بر فرضیه است و اجرای آن با منابع کنونی بشر امکان‌پذیر نیست (Tester & Davenport, 2003). راهکار عملی افزایش تحمل به شوری با استفاده از روش‌های اصلاحی ژنتیکی مانند روش‌های کلاسیک، روش‌های مبتنی بر نشانگرها و بیوتکنولوژی است (Qureshi *et al*., 1990; Flowers, 2004). ازاین‌رو به‌منظور استفادهٔ بهینه از اراضی با منابع آب شور، اصلاح و افزایش تحمل به تنش شوری گیاهان همراه با توان تولید بیشتر، یکی از رویکردهای مهم مقابله با تنش شوری است (Rashid, 1986).

به‌دلیل پیچیدگی تأثیرگذاری تنش شوری بر رشدونمو گیاهان، موفقیت‌های کمی در زمینهٔ اصلاح و افزایش عملکرد پایدار برای رشد محصولات در خاک‌های شور به‌دست آمده است (Hasegawa *et al*., 2000; Zhu, 2001). عدم دسترسی به تنوع ژنتیکی کافی برای تحمل به شوری از مشکلات اساسی ارقام و ژنوتیپ‌های امروزی در برنامه‌های اصلاحی است (Flowers, 2004).

یکی از مشکلات اساسی اجرای طرح‌های آزمایشی در خاک‌های شور، توزیع غیریکنواخت شوری در مزرعه است که موجب پیچیدگی تجزیه‌های آماری و افزایش خطای آزمایش می‌شود (Munns *et al*., 2002). در دهه‌های گذشته بهبود تجزیه‌های آماری همواره مدنظر محققان اصلاح نباتات بوده است. به‌طور کلی هدف اصلی تجزیهٔ واریانس و مدل‌های آماری نزدیک کردن مقدار برآوردها به‌مقدار حقیقی آن با خطای کمتر است (Burgueno *et al*., 2000; Yang, 2010). در آزمایش‌های چندمحیطی، براساس مدل‌های کلاسیک با تقسیم اجزای مدل به آثار مختلفی مانند محیط و بلوک‌های مختلف تا حدودی میزان ناهمگنی آزمایش‌ها برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها را به حداقل ممکن می‌رسانند تا تخمین داده‌ها به‌مقدار واقعی نزدیک شود (Burgueno *et al*., 2000). به‌عبارتی می‌توان بیان داشت که یک تجزیهٔ آماری مناسب مکمل یک طرح آزمایشی دقیق برای کاهش خطای آزمایش و برآورد دقیق و درست پارامترهای ژنتیکی در برنامه‌های اصلاحی است (Burgueno *et al*., 2000).

در آزمایش‌های چندمحیطی عدم تجانس محیط‌ها و عدم همبستگی کامل بین صفات مختلف ژنوتیپ‌ها در دو شرایط، مهم‌ترین عامل به‌وجود آمدن اثر متقابل ژنوتیپ در محیط هستند (Cockerham, 1963; Bernardo, 2002). وجود اثر متقابل ژنوتیپ در محیط نیز یکی از مهم‌ترین موانع انتخاب ژنوتیپ برای صفت یا صفات خاصی است. اثر متقابل ژنوتیپ در محیط خود می‌تواند به دو بخش متقاطع[1] یعنی عدم همبستگی کامل بین صفات در محیط‌های جفت و غیرمتقاطع[2] به‌دلیل عدم تجانس واریانس ژنتیکی در محیط باشد. این دو بخش از مجموع مربعات دارای توزیع کای‌اسکوئر نیستند، بنابراین آزمون مستقیم این دو محاسبه‌شدنی نیست، اما با استفاده از مدل مخلوط (Mixed Models) می‌توان هر یک از این اجزا را آزمایش کرد (Yang, 2002). روش‌های مخلوط قادر به تحلیل داده‌های نامتعادل، داده‌های مربوط به زمان‌های مختلف یک موجود زنده و برآورد مؤلفه‌های واریانس و کوواریانس‌اند (Yang, 2010).

یکی از روش‌های مهمی که برای تجزیهٔ داده‌های چندمحیطی معرفی شده، روش تجزیه با استفاده از حداکثر درست‌نمایی محدودشده[3] (REML) است که اساس آن، مدل تئوریکی هندرسون (Henderson, 1984) است. در این روش محدودیت‌های تجزیهٔ واریانس

1. Crossover
2. Non-Crossover
3. Restricted Maximum Likelihood

به‌روش کمترین مربعات[1] برای داده‌های نامتعادل و همچنین نامتجانس برطرف می‌شود (Holland, 2006). از مزایای روش REML نسبت به روش‌های کلاسیک برای برآورد مؤلفه‌های واریانس می‌توان به مواردی نظیر ارائهٔ مستقیم همبستگی‌های ژنتیکی و اشتباه استاندارد آنها با دقت بیشتر، انعطاف‌پذیری در مدل‌های خطی برای تجزیهٔ انواع داده‌های متعادل و نامتعادل مانند آزمایش‌های چندمحیطی، بازدهی بسیار زیاد برای آزمایش‌هایی نظیر طرح‌های آلفا لاتیس، طرح‌های آگمنت که فقط یک تکرار دارند و در نهایت کاهش تعداد برآورد منفی پارامترهای ژنتیکی که به‌دلیل مشکلاتی نظیر مناسب نبودن طرح آزمایشی در روش‌های کلاسیک ایجاد می‌شود، اشاره کرد (Searle *et al*., 1992; Liu *et al*., 1997; Holland, 2006).

در اصلاح نباتات برای تحمل به شوری، روش‌های مختلفی برای غربال و انتخاب ژنوتیپ‌ها پیشنهاد شده است که مبتنی بر عوامل فیزیولوژیک، مورفولوژیک و بیوشیمیایی هستند. غربالگری قابل اعتماد یکی از قسمت‌های مهم هر برنامهٔ اصلاحی موفق است. مشکلات مربوط به نمک و شوری به‌ندرت در یک فرایند جداگانه تعریف می‌شود، بلکه با مشکلات عدیده‌ای همراه است. برای شاخص‌های مورفولوژیکی، عملکرد، مهم‌ترین شاخص برای ارزیابی تحمل به تنش شوری بیان شده است (Richards *et al*., 1987; Sing, 2006). ذخیرهٔ ژنتیکی کم ارقام جدید برای تحمل به تنش شوری، ناشی از اصلاح و انتخاب برای افزایش عملکرد دانه بوده است که این گزینش‌ها بیشتر در شرایط نرمال بوده است؛ ازاین‌رو گزینش علیه ظرفیت تحمل به شوری انجام گرفته است. به‌عبارت دیگر همبستگی منفی بین مکان‌های ژنی عملکرد و مکان‌های ژنی تحمل به شوری وجود داشته است (Botella *et al*., 2005). بنابراین، یافتن منابع ژنتیکی درون‌گونه‌ای از مهم‌ترین اولویت‌های اصلاح برای افزایش تحمل به تنش شوری در ارقام امروزی است (Sing, 2006).

در تحقیق حاضر برخی از مواد ژنتیکی لاین‌های بومی هستند که هیچ گونه انتخاب مصنوعی روی آنها انجام نگرفته است. همچنین برخی از ژنوتیپ‌ها لاین‌های جدید امیدبخش‌اند که برای اصلاح در شرایط تنش شوری گزینش شده و تا مراحل نهایی برنامه اصلاحی، پیش‌برده شده‌اند. ازاین‌رو هدف از اجرای این تحقیق، انتخاب ژنوتیپ‌های پرمحصول و متحمل به شوری گندم با استفاده از روش REML است.

مواد و روش‌ها

مواد ژنتیکی این تحقیق ۳۳ ژنوتیپ گندم شامل، ۱۶ تودهٔ خالص بومی جمع‌آوری‌شده از مناطق مختلف ایران به‌خصوص گرم و خشک کویر، ۱۳ لاین پیشرفتهٔ غربال‌شده در شرایط تنش شوری که در مراحل نهایی اصلاحی بودند؛ و ارقام شاهد شامل کراچیا به‌عنوان یک رقم بین‌المللی شناخته‌شده برای تحمل به تنش شوری (Pessarakli & Szabolcs, 2011)، روشن به‌عنوان یک رقم شناخته‌شدهٔ متحمل در ایران (Poustini & Siosemardeh, 2004)، شاه‌پسند به‌عنوان یک رقم حساس به تنش شوری (Saboora *et al*., 2006) و یک رقم محلی بودند که از مؤسسهٔ اصلاح و تهیهٔ نهال و بذر کرج تهیه شدند (جدول ۱). مزرعهٔ تحقیقاتی مرکز ملی شوری ایران واقع در استان یزد برای انجام این آزمایش در نظر گرفته شد. بذرهای ۳۳ ژنوتیپ موجود در دو شرایط تنش و عادی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کشت شدند. میزان شوری آب آبیاری در دو شرایط تا مرحلهٔ پنجه‌زنی ۲ دسی‌زیمنس بر متر بود و پس از مرحلهٔ پنجه‌زنی میزان شوری آب آبیاری در شرایط تنش به ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر افزایش یافت (این میزان شوری به‌ترتیب معادل ۲۰ و ۱۰۰ میلی‌مولار NaCl است). میزان هدایت الکتریکی (EC) آب آبیاری قبل از پمپاژ به داخل مزرعه توسط یک دستگاه سنجش هدایت الکتریکی قابل حمل (مدل LF 318) اندازه‌گیری شد. یادداشت‌برداری صفات مورفولوژیکی و اجزای عملکرد روی ده بوتهٔ رقابت‌کننده برای هر ژنوتیپ روی دو خط یک متری (با فاصلهٔ ۲۰ سانتی‌متر) و عملکرد روی تمام بوته‌های واحد آزمایشی براساس روش توصیف‌نامه سیمیت (Reynolds *et al*., 2001) در گندم اندازه‌گیری شد.

1. Least Square

جدول ۱. نام و شجرهٔ ژنوتیپ‌های گندم مورد مطالعه

شماره	نام ژنوتیپ	شجره/ منطقهٔ جمع‌آوری	شمارهٔ کلکسیون (Accession No)	شماره	نام ژنوتیپ	شجره/ منطقهٔ جمع‌آوری	شمارهٔ کلکسیون (Accession No)
۱	بومی ۱	یزد	۲۷۶۶	۱۸	روشن	ایران	–
۲	بومی ۲	شیراز	۲۵۹۴	۱۹	SALT18	Nad/Ww//Lee/Fn…/3/Attila-50Y	–
۳	بومی ۳	شاه‌پسند × آتیلا	۲۹۳۳	۲۰	SALT19	1-66-22//Bow"s"/Crow"s"/3/Kavir	–
۴	بومی ۴	شیراز	۲۵۹۱	۲۱	SALT20	Daibra/Marn	–
۵	بومی ۵	Acova cal ×1-29-11666	۲۹۷۰	۲۲	SALT21	Emu"s"/Tj84-1543//1-27-7876/Cndr/3/1-66-22	–
۶	بومی ۶	ایران	۳۵۶۵	۲۳	SALT22	Gf-gy54/Attila	–
۷	بومی ۷	ایران	۳۵۶۷	۲۴	SALT23	Gk zombor/Zrn	–
۸	بومی ۸	ایران	۳۵۹۳	۲۵	SALT24	Ombu/Alamo//Alvd/3/Kauz/Stm	–
۹	بومی ۹	بوشهر	۳۶۰۹	۲۶	SALT25	Ombu/Alamo//Mahooti/3/1-66-22	–
۱۰	بومی۱۰	ایران	۳۶۶۶	۲۷	SALT26	Sakha 8/Darab#2//1-66-22	–
۱۱	بومی۱۱	ایران	۳۶۶۹	۲۸	SALT27	Hmd//1-66-22//Inia	–
۱۲	بومی۱۲	مشهد	۴۲۰۳	۲۹	SALT28	Hmd//1-66-22//Inia	–
۱۳	بومی۱۳	مشهد	۴۲۳۵	۳۰	SALT29	1-66-22/3/Alvd//Aldan/Las	–
۱۴	بومی۱۵	ایران	۵۰۷۷	۳۱	SALT30	Desprez80/Rsh//1-66-22/Inia	–
۱۵	بومی ۱۶	اصفهان	۵۲۴۲	۳۲	رقم محلی	یزد	–
۱۶	بومی ۱۷	مشهد	۴۲۹۷	۳۳	شاه‌پسند	ایران	–
۱۷	کراچیا	پاکستان	-	–	–	–	–

برای شناسایی صفات مرتبط و مؤثر بر عملکرد به‌عنوان مهم‌ترین صفت و نیاز به کاهش تعداد صفات یادداشت‌برداری‌شده و خلاصه کردن بحث و نتایج در مورد صفات مهم وابسته به عملکرد ابتدا تجزیهٔ رگرسیون به‌روش گام‌به‌گام ترتیبی[1] بر روی تمامی صفات انجام گرفت. صفت عملکرد به‌عنوان متغیر وابسته و سایر متغیرها به‌عنوان متغیرهای مستقل در نظر گرفته شدند. صفات مرتبط با عملکرد شامل عملکرد زیست‌توده (BM) و شاخص برداشت (HI) در مرتبهٔ اول، و صفات تعداد سنبلچه در گیاه (NSP)، روز تا رسیدگی (DMA)، طول پرچم (FLH) و محتوای کلروفیل (CPC) در مرتبهٔ دوم در مدل رگرسیونی وارد مدل شده و برای تجزیهٔ واریانس و مقایسهٔ میانگین انتخاب شدند. صفت درصد سبزشدهٔ کرت که برحسب نسبت تعداد بوته‌های سبزشده به تعداد کل بذرهای کاشته شده بود، نیز به‌عنوان متغیر همراه (کوواریت) برای تجزیه‌های صفات عملکرد، عملکرد زیست‌توده و شاخص برداشت در نظر گرفته شد. محیط تنش و نرمال به‌صورت مرکب تجزیهٔ واریانس شدند. برای همهٔ صفات تمام فرضیه‌های مربوط به تجانس و عدم تجانس محیط آزمون شد و الگوی پاسخ صفات به محیط‌ها با استفاده از مدل مخلوط در نظر گرفته شد (Yang, 2002). چندین مدل مختلف برای تجزیهٔ واریانس بررسی شد. در تجزیهٔ مرکب ژنوتیپ و شرایط آزمایش به‌صورت فاکتور ثابت و بلوک به‌صورت فاکتور تصادفی تجزیه شد. ازآنجا که هم تأثیرات ثابت و هم تأثیرات تصادفی در مدل تجزیهٔ واریانس وجود داشت، از رویهٔ مختلط[2] زیر در نرم‌افزار SAS برای مدلسازی صفات مختلف استفاده شد:

```
Proc Mixed Asycov Method=Reml Covtest;
Class Condition Block Genotype;
Model Nsp = Condition Genotype Condition*Genotype /DDFM =Kenwardroger;
Random Block (Condition);
Random Condition/ Subject = Genotype TYPE = UNR;
Repeated /Group=Condition;
Parms 67.0449 67.0449 0.999 1.2566 66.4272/
Eqcons=3 Upperb= .,.,0.999,.,.,.,.;
Run;
```

1. Sequential Stepwise Regression

2. Mixed

عبارت Asycov ماتریس مجانب پارامترهای برآوردشده را در خروجی SAS نشان می‌دهد. این مجانب‌ها مشتق ریشهٔ دوم پارامترهای برآوردشده است و از آنها می‌توان برای آزمون پارامترها استفاده کرد. در واقع این مجانب به‌طور مستقیم برآورد واریانس کوواریانس‌هایی را که به‌صورت غیرمستقیم از تابع خطی میانگین مربعات محاسبه می‌شد برآورد می‌کند (Snedecor, 1956). عبارت Covtest پارامترهای برآوردشده را برای معنی‌داری مورد آزمون قرار می‌دهد. در مدل برنامه، تأثیراتی که بعد از مساوی قرار دارند، به‌صورت ثابت تخمین زده می‌شوند. عبارت بعد از ممیز DDFM =Kenwardroger درجهٔ آزادی مدل را به‌روش ساترویت (Satterthwaite, 1946) تخمین می‌زند و اشتباه استاندارد تأثیرات ثابت را تصحیح می‌کند (Littell *et al*., 2006). عبارت Random واریانس تأثیرات تصادفی را برآورد می‌کند. عبارت Subject بیانگر این است که واریانس ژنوتیپ‌ها در محیط اول، کوواریانس ژنوتیپ‌ها بین محیط نرمال و تنش شوری و واریانس ژنوتیپ‌ها در محیط تنش محاسبه شود. عبارت TYPE بیانگر نوع ساختار کوواریانسی است که برای هر صفت از ژنوتیپ‌های مختلف محیط‌ها فرض می‌شود. که گزینه‌های CS، UN، UNR، AR و دیگر ساختارها می‌توانند در این برنامه جایگزین شوند. عبارت CS (Compound Symmetry) به‌معنی واریانس مشترک و ادغام‌شده برای همهٔ ژنوتیپ‌ها در همهٔ محیط‌هاست. عبارت UN به‌معنای Unstructure یک ماتریس واریانس-کوواریانس برای ژنوتیپ‌ها در محیط‌هاست - که روی قطر واریانس ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف و خارج از قطر کوواریانس ژنوتیپ‌ها برای محیط‌های مختلف است- که در این نوع ساختار محدودیتی برای همگنی ساختار واریانس و کوواریانس ژنوتیپی وجود ندارد. گزینهٔ UNR بیانگر همان UN است، با این تفاوت که عناصر خارج از قطر ماتریس واریانس-کوواریانس به‌جای کوواریانس‌ها، با حاصل‌ضرب ضرایب همبستگی و انحراف معیار پارامترها جایگزین می‌شود. عبارت AR بیانگر یکسان بودن واریانس ژنوتیپ‌ها در دو شرایط آزمایش است، با این تفاوت که با افزایش فاصلهٔ دو محیط یا زمان، میزان همبستگی با توان بیشتر و قدرت کمتری فرض می‌شود. ساختارهای کوواریانس به‌ترتیب شبیه ساختارهای زیرند (Littell *et al*., 2006):

$$\mathrm{CS} = \sigma^2 \begin{bmatrix} 1 & \rho & \rho \\ \rho & 1 & \rho \\ \rho & \rho & 1 \end{bmatrix}$$

$$\mathrm{UN} = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & & \\ \sigma_{21} & \sigma_2^2 & \\ \sigma_{31} & \sigma_{32} & \sigma_3^2 \end{bmatrix}$$

$$\mathrm{AR(1)} = \sigma^2 \begin{bmatrix} 1 & \rho & \rho^2 & \rho^3 \\ & 1 & \rho & \rho^2 \\ & & 1 & \rho \\ & & & 1 \end{bmatrix}$$

$$\mathrm{UN} = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & & \\ \sigma_{21} & \sigma_2^2 & \\ \sigma_{31} & \sigma_{32} & \sigma_3^2 \end{bmatrix}$$

$$\mathrm{UNR} = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & & \\ \sigma_2\sigma_1\rho_{21} & \sigma_2^2 & \\ \sigma_3\sigma_1\rho_{31} & \sigma_3\sigma_2\rho_{32} & \sigma_3^2 \end{bmatrix}$$

در عبارت Repeated محیط‌ها با استفاده از گزینهٔ Group به‌صورت عدم تجانس خطای آزمایش محیط‌ها و با حذف کل عبارت، تجانس واریانس خطای آزمایشی بین محیط‌ها آزمایش می‌شود. در گزینهٔ Parms مقدار اولیه برای شروع الگوریتم نیوتن رافسون برای برآورد بهینه‌ترین پارامترها داده می‌شود. در گزینهٔ Eqcons به‌ترتیب از بالا به پایین، پارامتری را که برای آن محدودیت قائل شده‌ایم می‌توان ذکر کرد که در این تحقیق همبستگی بین دو محیط با استفاده از این برنامه برابر با ۰/۹۹۹ قرار داده شده است که در واقع همبستگی کامل بین صفات ژنوتیپ‌ها در دو محیط آزمایش می‌شود. گزینهٔ Upperb نیز می‌تواند پارامترهایی را که به‌صورت منفی برآورد می‌شوند محدود کند (Yang, 2002).

از آماره‌های 2- Res Log، AIC (Akaike) و BIC می‌توان برای انتخاب مدل استفاده کرد، که در این تحقیق از آمارهٔ 2- Res Log برای انتخاب بهترین مدل استفاده شد. در این آماره مقدار کمتر، بیانگر کیفیت بیشتر مدل بوده و دارای توزیع کای‌اسکوئر است (Littell *et al*., 2006).

برای برآورد همبستگی بین صفات به‌روش حداکثر درست‌نمایی محدودشده از روش و برنامهٔ SAS

که توسط Holland (2006) ارائه شده است استفاده شد. این برنامه در نشانی اینترنتی http://www4.ncsu.edu/~jholland/homepage.htm در دسترس است. با استفاده از این برنامه، همبستگی ژنوتیپی و فنوتیپی صفات برای آزمایش‌های سادهٔ محیط‌ها به‌صورت جداگانه و همچنین آزمایش مرکب محیط‌ها در قالب طرح بلوک قابل محاسبه‌اند.

نتایج و بحث

تجزیهٔ واریانس مرکب برای صفات عملکرد (GY)، عملکرد زیست‌توده (BM)، شاخص برداشت (HI)، تعداد سنبلچه در گیاه (NSP)، روز تا رسیدگی (DMA) و طول پرچم (FLH)، محتوای کلروفیل (CPC) در جدول ۲ نشان داده شده است. به‌طور کلی در تمامی صفات اگرچه تمامی اثرات متقابل ژنوتیپ در محیط معنی‌دار نشد، از بین مدل‌های مختلف آزمایش‌شده در جدول ۳ برای صفت عملکرد حضور کوواریت (درصد جوانه‌زنی کرت) به‌همراه همبستگی کامل ژنوتیپ‌ها در محیط‌ها با کمترین میزان آمارهٔ Res Log 2- و برای صفات عملکرد زیست‌توده و شاخص برداشت، مدل حضور کوواریت بدون محدودیت برای همبستگی کامل و عدم تجانس محیطی برترین مدل شناخته شدند. میزان اختلاف آمارهٔ Res Log 2- این مدل‌ها از مدل‌های دیگر بیشتر از آمارهٔ کای‌اسکوئر با درجهٔ آزادی یک (۳/۸۴) است. بنابراین قابلیت درست‌نمایی این مدل‌ها برای برآورد تأثیرات ثابت و تصادفی مدل بیشتر بود و مقایسهٔ میانگین و سایر استنباط‌های آماری براساس این مدل‌ها انجام گرفت. برای صفات روز تا رسیدگی، طول برگ پرچم، تعداد سنبلچه در گیاه و محتوای کلروفیل مدل بدون کوواریت برترین مدل از نظر آمارهٔ Res Log 2- شناخته شد. ازآنجا که اثر متقابل ژنوتیپ در محیط در هیچ‌کدام از صفات مورد مطالعه معنی‌دار نشد (جدول ۳)، محدودیت حضور آزمایش همبستگی ژنوتیپ‌ها در محیط‌ها به‌جز عملکرد و عدم تجانس محیطی برای اکثر صفات نتیجه‌ای جز افزایش آمارهٔ Res Log 2- و عدم کفایت این نوع مدل‌ها نداشت (جدول ۳). به‌دلیل معنی‌دار نبودن اثر متقابل ژنوتیپ در محیط، مقایسهٔ میانگین فقط برای تأثیرات سادهٔ ژنوتیپ‌ها انجام گرفت (جدول ۵). به‌طور کلی اثر متقابل ژنوتیپ در محیط برای ارقام مورد مطالعه از نوع تغییر رتبه وجود نداشت. این نتیجه با یافته‌های Ali *et al.* (2005) که اثر متقابل چندین لاین پیشرفتهٔ گندم در محیط‌های مختلف شوری را بررسی کرده بودند مطابقت داشت. Sardouie-Nasab *et al.* (2014) نیز در مطالعهٔ لاین‌های ایرانی برای شرایط نرمال و تنش شوری اثر متقابل ژنوتیپ در محیط برای صفت عملکرد را مشاهده نکردند.

جدول ۲. برآورد آمارهٔ F برای تأثیرات ثابت در تجزیهٔ واریانس صفات گندم با استفاده از رویهٔ MIXED

منابع تغیرات	درجهٔ آزادی	عملکرد	عملکرد زیست‌توده	شاخص برداشت	تعداد سنبلچه در گیاه	روز تا رسیدگی	طول برگ پرچم
محیط	۱	۷/۲۹*	۷/۲۸*	۰/۴۲ns	۶۸/۶۹**	۶/۹۳*	۸/۲۴*
ژنوتیپ	۳۲	۴/۸۹**	۵/۳۹**	۵/۹۸**	۲/۲۷**	۱۰/۵۵**	۵/۵۲**
ژنوتیپ × محیط	۳۲	۰/۷۳ns	۰/۱۶ns	۰/۸۸ns	۰/۸۱ns	۰/۵۲ns	۰/۴۸ns
درصد سبز شدن کرت	۱	۸/۱۴**	۱۸/۱۷**	۱/۰۳ns	-	-	-

ns، *، ** به‌ترتیب بیانگر عدم معنی‌داری؛ و معنی‌داری در سطح ۵ و ۱ درصد.

جدول ۳. آمارهٔ Res Log 2- برای مدل‌های آزمایش‌شده برای برآورد پارامترهای ژنتیکی با استفاده از روش REML

نوع مدل	عملکرد	عملکرد بیولوژیک	شاخص برداشت	طول برگ پرچم	روز تا رسیدگی	تعداد سنبلچه در گیاه	محتوای کلروفیل
بدون کوواریت[1] و بدون محدودیت	۲۰۰۹/۱	۲۳۱۰	-۲۸۰/۱	۸۹۲/۴	۶۹۸/۱۵	۹۲۷/۵	۷۹۶/۱
حضور کوواریت و بدون محدودیت	۱۹۹۵	۲۲۳۸	-۲۶۴/۲	۸۷۸/۸	۷۳۲/۱۳	۹۹۵/۱	۸۲۸/۳
همبستگی کامل	۱۹۴۸/۵	۲۲۸۶	-۲۶۸/۲	۸۹۱/۵	۷۳۲	۱۰۰۲/۲	۸۳۱
عدم تجانس محیطی	۱۹۹۵	۲۲۸۲	-۲۶۸/۷	۸۹۲/۳	۷۳۲/۸	۹۹۶	۸۵۴/۳
همبستگی کامل و عدم تجانس	۱۹۹۵	۲۲۸۲/۳	۲۶۸/۷	۸۹۲/۳	۷۳۱/۷	۹۹۶	۷۹۸/۸

۱. درصد سبزشدهٔ کرت

مقایسهٔ میانگین برای صفات عملکرد نشان داد که لاین‌های SALT22، SALT29، SALT28 بیشترین عملکرد را برای هر دو شرایط تنش و نرمال و لاین بومی۶، رقم شاه‌پسند و لاین بومی۱۳ به‌ترتیب کمترین مقدار عملکرد برای هر دو شرایط نرمال و تنش شوری را دارا بودند. یعنی ژنوتیپ‌هایی که در شرایط نرمال عملکرد مطلوبی داشتند، در شرایط تنش نیز پاسخ مشابهی داشتند. Acevedo *et al.* (1998) بیان داشتند که ژنوتیپ‌های تجاری با عملکرد زیاد، در آزمایش‌های تحمل به تنش شوری نیز عملکرد زیادی از خود نشان دادند. در تمامی صفات جز شاخص برداشت اختلاف معنی‌داری بین میانگین دو محیط مشاهده شد (جدول۲). ازاین‌رو می‌توان بیان داشت که روند کاهش صفات مختلف در شرایط تنش شوری، به‌طور تقریبی یکسان بود که مانع معنی‌داری کلی اثر متقابل ژنوتیپ در محیط شد. تنش شوری سبب کاهش عملکرد، وزن بیوماس و دیگر صفات مورد ارزیابی شد. به‌طور کلی عوامل مختلف فیزیولوژیکی و بیوشیمیایی در کاهش صفات نقش دارند، اما بیشتر تأثیر شوری بر رشد سلول، کاهش سطح برگ، عملکرد و وزن زیست‌توده است (Acevedo *et al*., 2002). همان‌طور که در جدول ۳ مشاهده می‌شود، همبستگی کامل بین عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های دارای آمارهٔ 2 Res Log- دارای کمترین مقدار ممکن بود. فرض H_0 برای آزمایش همبستگی کامل ژنوتیپی بین دو محیط با استفاده از گزینهٔ Parms و محدود کردن پارامتر همبستگی با قرار دادن عدد ۰/۹۹۹ قابل آزمون بود. به‌عبارتی با محدود کردن مدل برای وجود همبستگی بین میانگین عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های نرمال و تنش کفایت مدل تجزیهٔ واریانس بهتر می‌شود. در واقع اثر متقابل متقاطع یا به‌عبارتی با تغییر رتبهٔ عملکرد در صفت عملکرد برای ژنوتیپ‌ها وجود ندارد. بنابراین با وجود تجانس محیطی می‌توان براساس مقایسهٔ میانگین ساده، ژنوتیپ یا ژنوتیپ‌های برتری برای محیط‌ها انتخاب کرد (DeLacy *et al*., 1996).

در کشاورزی اثر متقابل ژنوتیپ در محیط زمانی بیشترین اهمیت را داراست که تغییر رتبهٔ ژنوتیپ در عرض محیط‌ها وجود داشته باشد. زمانی‌که بیشتر تغییرات اثر متقابل به‌وسیلهٔ واریانس ناهمگن ژنتیکی در محیط‌ها توجیه می‌شود، اثر متقابل بی‌اهمیت به‌نظر می‌رسد، زیرا بیانگر اثر غیرمتقابل است (Non-COI) (Yang & Beker, 1991). Yang (2002) نشان داد که چگونه از روش REML براساس تئوری مدل مختلط برای برآورد پارامترهای ژنتیکی و آزمایش‌های آماری برای معنی‌داری کلی همبستگی ژنتیکی بین محیط‌ها برای تشخیص وجود اثر متقابل (COI) استفاده شود. آمارهٔ نسبت درست‌نمایی (LR) برای مقایسهٔ همهٔ مدل‌های ساختار کوواریانس غیر محدود با مدل‌های کاهش‌یافته با محدودیت خاص برای تعیین برخی از پارامترهای مؤلفه‌های واریانس در نظر گرفته می‌شود. تجزیه‌های چندمتغیرهٔ معمولی برای مطالعهٔ اثر متقابل (COI) دارای ویژگی‌های نامطلوب است، یعنی دارای تخمین‌هایی از مؤلفه‌های واریانس است که محدودیتی برای منفی شدن ندارند (که این خود ممکن است به برآورد منفی وراثت‌پذیری و خارج از مرز بودن همبستگی ژنوتیپی منجر شود). روش REML فاقد این ویژگی است (Yang, 2002).

مقایسهٔ میانگین برای صفت زیست‌توده نشان داد که رقم روشن، لاین‌های SALT29 و SALT22 بیشترین مقدار وزن زیست‌توده را به خود اختصاص دادند. لاین‌های بومی۶، بومی۱۳ و بومی۱۶ نیز به‌ترتیب کمترین وزن زیست‌توده را به خود اختصاص دادند (جدول ۵). در این صفت اثر متقابل از نوع متقاطع غیرمعنی‌دار و از نوع غیرمتقاطع معنی‌دار بود، بنابراین برای انتخاب ژنوتیپ براساس این صفت نیز مانند عملکرد، مقایسهٔ تأثیرات سادهٔ ژنوتیپ‌ها کافی بود.

مقایسهٔ میانگین برای صفت شاخص برداشت نشان داد که لاین‌های SALT22، SALT28 و SALT27 بیشترین مقدار و رقم شاه‌پسند، لاین‌های بومی۶ و ۱۰ کمترین میزان شاخص برداشت را به خود اختصاص دادند (جدول ۵). لاین‌های بومی۱۰، بومی۶ و رقم شاه‌پسند بیشترین تعداد روز تا رسیدگی را داشتند و لاین‌های بومی ۸، بومی ۹ و SALT18 به‌ترتیب کمترین تعداد روز تا رسیدگی را داشتند و ژنوتیپ‌های زودرس‌تری از سایر ژنوتیپ‌ها بودند. برای صفت طول برگ پرچم نیز رقم روشن بیشترین طول برگ پرچم را

دارا بود و لاین SALT19 نیز کمترین مقدار این صفت را داشت. برای صفت تعداد سنبلچه در گیاه، رقم روشن بیشترین و لاین SALT23 نیز کمترین تعداد سنبلچه در گیاه را داشتند (جدول ۵). متوسط صفت تعداد سنبلچه در گیاه در شرایط دو آزمایش، اختلاف معنی‌دار نشان داد که در شرایط تنش شوری کاهش داشت. Dixit & Deli (2010) نشان دادند که تنش شوری موجب کاهش معنی‌دار تعداد سنبلچه در گیاه نسبت به شرایط با تنش شوری کمتر می‌شود. آنها بیان داشتند که ساقه و ریشه، وزن زیست‌توده، تعداد سنبلچه در گیاه، تعداد سنبله در گیاه، تعداد و وزن دانه و در نهایت عملکرد مهم‌ترین صفاتی‌اند که تأثیرپذیر زیادی از تنش شوری دارند (Dixit & Deli, 2010). به‌طور کلی تنش شوری سبب کاهش وزن زیست‌توده و میزان رشد هوایی و در نتیجه کاهش وزن کل گیاه می‌شود. در مطالعهٔ گلخانه‌ای Holloway & Alston (1992) صفات عملکرد، وزن خشک و وزن ریشه بیشترین تأثیر پذیری از تنش شوری را نشان دادند.

بررسی ساختار واریانس و کوواریانس صفات در جدول ۴ نشان می‌دهد که در صفات عملکرد ساختار UN، در صفات شاخص برداشت و عملکرد زیست‌توده برترین ساختار کوواریانس از نظر آمارهٔ Res Log 2-، ساختار CS بود. ساختار UN بیانگر ناهمگنی واریانس ژنوتیپی برای صفت مذکور در دو شرایط تنش و عدم تنش بود. در سایر صفات ساختار AR یا CS تفاوتی از نظر آمارهٔ Res Log 2- با ساختار UN نداشتند؛ به‌عبارت دیگر یک واریانس ژنتیکی ادغام‌شده از دو شرایط می‌تواند نمایندهٔ دو محیط باشد و واریانس ژنوتیپ‌ها در دو محیط، یکسان در نظر گرفته می‌شوند. مزیت UN نسبت به ساختار CS و AR(1) این است که امکان آزمایش همبستگی بین صفات ژنوتیپ‌ها در دو محیط وجود دارد. برای تمامی صفات خطای دو آزمایش همگن نشان داده شد و آمارهٔ Res Log 2- بیانگر همگنی دو محیط از نظر خطای آزمایش بود (جدول ۳). در این تحقیق واریانس ژنتیکی معنی‌داری برای صفات مورد مطالعه در دو شرایط نرمال و تنش شوری به‌صورت محیط‌های جداگانهٔ تجزیه‌شده و مرکب وجود داشت (جدول ۴) که بیانگر قابلیت اصلاح برای ارقام و توده‌های بومی ایران به‌خصوص برای تنش شوری بود. اگرچه برخی از محققان بیان داشته‌اند که تنوع ژنتیکی برای گندم به دلایل مختلف برای تحمل به تنش شوری کم است (Ashraf, 2004, Botella *et al*., 2005)؛ این تحقیق گواهی بر وجود تنوع زیاد ژنتیکی لاین‌ها و توده‌های بومی ایران برای اصلاح در شرایط شور است.

جدول ۴. پارامترهای ژنتیکی برآوردشده با استفاده از روش REML در ژنوتیپ‌های گندم

پارامترهای ژنتیکی	عملکرد	عملکرد بیولوژیک	شاخص برداشت	طول برگ پرچم	روز تا رسیدگی	تعداد سنبلچه در گیاه	محتوای کلروفیل
σ^2_{G1} شرایط نرمال	۳/۲۰۴×۱۰^{۱۱}	۱/۲۱×۱۰^{۱۳}	۱/۰۲×۱۰$^{-۲}$	۷۲۱/۳۶	۱۰۲/۲۳	۳۵/۰۴×۱۰$^{-۷}$	۴۵۳/۹۲
	(۴/۲۳۵×۱۰^{۱۱})	(۵/۷۵×۱۰^{۱۱})	(۰/۱۳×۱۰$^{-۲}$)	(۹۰/۱۷)	(۱۲/۹۸)	(۰)	(۵۸/۱۷)
σ^2_{G2} شرایط تنش شوری	۱۲۹۹۰۰	۱۶۸۶۱۷۷	۰/۴۲۲×۱۰$^{-۲}$	۷۲۱/۳۶	۱۰۲/۲۳	۳۵/۰۴×۱۰$^{-۷}$	۴۵۳/۹۲
	(۱۷۱۷۳)	(۲۱۹۷۹۵)	(۰/۶×۱۰$^{-۳}$)	(۹۰/۱۷)	(۱۲/۹۸)	(۰)	(۵۸/۱۷)
ρ_{G12} بین شرایط تنش و نرمال	۲/۸۲×۱۰^{۱۱}	-۷/۰۶×۱۰$^{-۱۷}$	۰/۰	۰/۰	۰/۰	۰/۰	۰/۰
	(۰)	(۰)	(۰/۰)	(۰/۰)	(۰/۰)	(۰/۰)	(۰/۰)
تکرار درون محیط	۶۷۱۱۵	۷۳۴۲۳۲	۰/۱۳×۱۰$^{-۳}$	۱۱/۸۴	۰/۲۴۹	۰/۳۳	۴/۵۷
	(۶۷۰۷۳)	(۶۳۱۶۱۷)	(۰/۲×۱۰$^{-۳}$)	(۸/۹۵)	(۰/۴)	(۱/۶۶)	(۳/۸۹)
باقی‌مانده	۵۵۸۹۹۳	۳۴۳۱۹۳۸	۰/۳۱×۱۰$^{-۲}$	۲۶/۸۶	۱۰/۱۱	۶۶/۷۴	۲۱
	(۷۳۹۰۱)	(۴۴۷۳۵۷)	(۰/۴×۱۰$^{-۲}$)	(۳/۳۶)	(۱/۲۸)	(۸/۳۴)	(۲/۶۹)

همبستگی ژنوتیپی و فنوتیپی به روش حداکثر درست‌نمایی محدودشده REML در جدول ۶ برای شرایط نرمال، تنش شوری و تجزیهٔ مرکب دو محیط نرمال و تنش شوری نشان داده شده است. صفت عملکرد با شاخص برداشت و عملکرد زیست‌توده همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی مثبت معنی‌داری نشان داد. همچنین عملکرد،

همبستگی فنوتیپی با تعداد سنبلچه در گیاه داشت؛ ولی همبستگی ژنوتیپی آن معنی‌دار نشد. سایر صفات همبستگی معنی‌داری با عملکرد نشان ندادند (جدول ۶). صفت عملکرد زیست‌توده علاوه بر عملکرد همبستگی فنوتیپی مثبتی با شاخص برداشت، طول برگ پرچم، و تعداد سنبلچه در گیاه نشان داد. همچنین این صفت همبستگی ژنوتیپی با تعداد سنبلچه در گیاه نشان داد (جدول ۶). صفت شاخص برداشت همبستگی ژنتیکی منفی و معنی‌داری با تعداد روز تا رسیدگی و طول برگ پرچم در تجزیهٔ داده‌های ادغام‌شدهٔ دو محیط نرمال و تنش شوری داشت. صفت روز تا رسیدگی همبستگی ژنتیکی مثبتی با طول برگ پرچم و تعداد سنبلچه در گیاه، و همبستگی ژنتیکی مثبتی در سطح ۱۰ درصد با محتوای کلروفیل داشت. به‌عبارتی با افزایش مقدار کلروفیل برگ، طول دورهٔ رشد گیاه افزایش داشته است (جدول ۶). ازآنجا که ژنوتیپ‌های با عملکرد کم، بیشترین تعداد روز تا رسیدگی را داشتند (جدول ۵) و همچنین با توجه به عدم همبستگی معنی‌دار مثبت برای این صفت با عملکرد و عملکرد زیست‌توده (جدول ۶)، انتخاب ژنوتیپ‌های زودرس برای شرایط نرمال و تنش، به‌خصوص در منطقهٔ آزمایش (استان یزد) روش مناسبی برای گزینش و بهبود ژنوتیپ‌های پرعملکرد خواهد بود. همبستگی تعداد روز تا رسیدگی فقط در شرایط تنش با عملکرد برابر با ۰/۳۲- بود (جدول ۶) که بیانگر این است با افزایش تنش، میزان پیری زودرس برگ افزایش می‌یابد و در نتیجهٔ جایگزینی برگ جدید، توان گیاه برای افزایش عملکرد کم می‌شود (Munns, 1993). صفت طول برگ پرچم در سطح ۱۰ درصد همبستگی منفی با عملکرد نشان داد که این همبستگی گرچه متوسط در شرایط تنش و نرمال است، می‌تواند بیانگر این باشد که کاهش ساق و برگ گیاه در شرایط تنش موجب کاهش عملکرد می‌شود که با تحقیق Läuchli & Epstein (1990) مطابقت دارد.

اگر همهٔ تأثیرات یک مدل (به‌جز عرض از مبدأ)، فاکتور تصادفی در نظر گرفته شود، مدل را مدل تصادفی می‌گویند؛ مشابه آن اگر همهٔ تأثیرات ثابت باشند، مدل را ثابت می‌گویند. حال اگر برخی فاکتورها ثابت و برخی تصادفی باشند، مدل را مختلط (Mixed model) می‌نامند (Anonymous, 2008). مؤلفه‌های واریانس به‌طور معمول در ژنتیک آماری برای میزان وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی استفاده می‌شوند. برآوردکننده‌های سنتی اغلب از برآوردکننده‌های ANOVA استفاده می‌کردند که از طریق مقایسهٔ میانگین مربعات مورد مشاهده و مورد انتظار و حل نتایج معادلات به‌دست می‌آید. اگر داده‌ها متعادل باشند، برآوردکننده‌های ANOVA دارای ویژگی‌های خوبی‌اند. در شرایط نامتعادل (دادهٔ گمشده‌ای در بین داده‌ها وجود داشته باشد)، این ویژگی‌ها به‌ندرت در رسیدن به تصمیم درست، کمک‌کننده‌اند. در شرایط نامتعادل دو گروه از برآوردکننده‌ها مورد توجه‌اند: ۱. حداکثر درست‌نمایی و حداکثر درست‌نمایی محدودشده (ML و REML)؛ ۲. تخمین کمترین نرم و کمترین میزان واریانس نااریب کوادراتیک (MINQUE و MIVQUE) (Rasch & Masata, 2006).

مسئلهٔ ناشی از برآورد تأثیرات فاکتورها به‌صورت ثابت این است که مقدار برآوردشده به شرایط مکانی و زمانی همان آزمایش برمی‌گردد. درصورتی که وقتی محققان یا کشاورزان در شرایط مربوط به خودشان مواد آزمایشی دیگران را بررسی می‌کنند انتظار آنها آن‌طور که محققان پیشین بیان کرده‌اند برآورده نمی‌شود و گاهی دچار این اشتباه می‌شوند که محقق قبلی نتایج اشتباهی منتشر کرده است. این برداشت اشتباه فقط ممکن است ناشی از این مسئله باشد که نتایجی که به‌صورت ثابت برآورد (BLUE) می‌شوند با نتایجی که به‌صورت تصادفی (BLUP) برآورد می‌شوند متفاوت‌اند؛ زیرا نتایج پیش‌بینی‌شده به‌صورت BLUP میزان خطای ناشی از پیش‌بینی را در مدل رعایت می‌کند و نتایج با دقت بیشتری برآورد می‌شوند تا قابل تعمیم به سال‌ها و مکان‌های دیگر نیز باشد (Burgueño *et al*., 2000).

در برآورد همبستگی ژنوتیپی همهٔ عوامل جز عرض از مبدأ به‌صورت تصادفی در نظر گرفته شدند. نکتهٔ اول اینکه این همبستگی‌ها برای سال‌ها و مکان‌های دیگر تعمیم‌پذیرند و دوم اینکه فرض گرفتن تأثیرات محیط، ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ در محیط به‌صورت تصادفی تأثیر ناچیزی به‌خصوص در صورت تعادل داده‌ها بر میزان برآوردها دارد. همچنین انتظار می‌رود که فرض تصادفی گرفتن برای تأثیرات مهم مانند ژنوتیپ و محیط، اختلاف

زیادی با برآورد به‌صورت ثابت نداشته باشد (Piepho & Mohring, 2005). از دلایل دیگر که فرض تأثیرات تصادفی در نظر گرفته می‌شود این است که ماتریس مجانب برای مؤلفه‌های واریانس که به‌صورت تصادفی برآورد می‌شوند به‌صورت مستقیم از روش REML محاسبه می‌شود که این ماتریس به‌روش دلتا برای آزمایش همبستگی ژنوتیپی و فنوتیپی استفاده می‌شود (Holland *et al*., 2003; Mode & Robinson 1959).

جدول ۵. مقایسهٔ میانگین برای صفات گندم در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری

نام ژنوتیپ	عملکرد دانه	اشتباه استاندارد	عملکرد زیست‌توده	اشتباه استاندارد	شاخص برداشت	اشتباه استاندارد	تعداد سنبلچه در گیاه	طول برگ پرچم	محتوای کلروفیل	روز تا رسیدگی
بومی ۱	۳۴۷۵/۰۸	۷۹۶/۳۷	۱۰۳۶۳/۰۰	۸۳۰/۵۵	۰/۳۴	۰/۱۱۶۹	۳۶/۵۰	۴۶/۶۳	۵۷/۵۹	۱۷۷/۳۳
بومی ۲	۲۵۳۹/۰۹	۷۹۷/۱۰	۸۴۴۰/۰۲	۸۳۴/۹۰	۰/۳۰	۰/۱۱۷۰	۳۹/۸۳	۵۰/۸۶	۵۱/۲۰	۱۷۲/۶۷
بومی ۳	۱۶۹۲/۵۳	۷۹۶/۵۶	۶۱۶۶/۷۷	۸۳۱/۷۷	۰/۲۷	۰/۱۱۶۹	۲۷/۵۰	۴۹/۵۶	۵۱/۰۸	۱۷۵/۱۷
بومی ۴	۲۵۳۳/۶۱	۷۹۶/۹۶	۸۰۸۰/۳۷	۸۳۴/۱۲	۰/۳۲	۰/۱۱۷۰	۳۳/۸۳	۵۲/۴۷	۵۵/۶۱	۱۷۵/۶۷
بومی ۵	۳۲۰۲/۰۰	۷۹۶/۶۸	۱۰۳۰۸/۰۰	۸۳۲/۵۱	۰/۳۰	۰/۱۱۶۹	۳۱/۳۳	۵۳/۵۴	۵۲/۲۵	۱۷۵/۵۰
بومی ۶	۸۵۱/۷۶	۷۹۶/۶۴	۵۱۸۹/۷۵	۸۳۲/۲۵	۰/۱۷	۰/۱۱۶۹	۲۷/۸۳	۴۴/۲۸	۴۵/۰۳	۱۷۹/۱۷
بومی ۷	۱۶۱۷/۰۵	۷۹۶/۴۹	۶۲۸۶/۲۹	۸۳۱/۳۸	۰/۲۵	۰/۱۱۶۹	۲۸/۱۷	۵۱/۰۰	۴۹/۲۱	۱۷۶/۱۷
بومی ۸	۱۹۰۵/۲۶	۸۱۱/۹۱	۷۷۶۲/۴۷	۹۱۷/۱۱	۰/۲۴	۰/۱۱۷۵	۲۴/۱۷	۵۳/۴۶	۴۷/۶۵	۱۶۶/۱۷
بومی ۹	۱۸۹۹/۵۵	۷۹۶/۴۹	۶۶۲۱/۷۰	۸۳۱/۳۸	۰/۲۹	۰/۱۱۶۹	۲۷/۰۰	۴۹/۳۰	۵۳/۲۹	۱۶۴/۸۳
بومی ۱۰	۱۸۷۷/۰۵	۷۹۶/۳۷	۷۸۴۱/۸۹	۸۳۰/۶۰	۰/۲۳	۰/۱۱۶۹	۳۲/۰۰	۵۱/۷۴	۵۰/۵۸	۱۷۹/۶۷
بومی ۱۱	۳۶۷۹/۲۹	۸۱۱/۶۲	۱۰۲۱۳/۰۰	۸۳۰/۷۳	۰/۳۳	۰/۱۱۷۵	۳۴/۱۷	۵۴/۷۱	۵۱/۷۳	۱۷۵/۱۷
بومی ۱۲	۱۴۷۸/۶۳	۸۱۱/۵۳	۵۴۲۳/۵۴	۸۳۱/۶۵	۰/۲۵	۰/۱۱۷۵	۲۵/۵۰	۴۷/۸۴	۴۷/۵۹	۱۶۹/۵۰
بومی ۱۳	۲۴۷۴/۱۴	۸۱۱/۴۶	۹۱۱۵/۱۸	۹۱۵/۱۱	۰/۲۸	۰/۱۱۷۵	۳۵/۱۷	۴۸/۸۹	۵۰/۴۳	۱۷۵/۵۰
بومی ۱۵	۲۹۸۱/۷۱	۸۱۱/۴۵	۸۶۵۳/۸۲	۸۳۱/۴۵	۰/۳۲	۰/۱۱۷۵	۲۸/۳۳	۵۱/۵۳	۵۶/۵۵	۱۷۳/۸۳
بومی ۱۶	۱۶۷۳/۷۹	۸۱۳/۲۹	۵۵۶۱/۲۰	۸۳۹/۵۹	۰/۲۵	۰/۱۱۷۶	۲۸/۳۳	۴۱/۷۸	۵۴/۲۷	۱۶۸/۸۳
بومی ۱۷	۲۷۹۲/۸۱	۷۹۶/۷۳	۸۸۹۱/۳۵	۸۳۲/۳۶	۰/۳۱	۰/۱۱۶۹	۳۴/۸۳	۵۱/۸۹	۵۶/۰۳	۱۷۵/۶۸
کراچیا	۲۰۱۷/۷۰	۷۹۶/۶۰	۷۲۱۶/۸۷	۸۳۱/۶۵	۰/۲۷	۰/۱۱۶۹	۲۴/۳۳	۵۰/۶۵	۴۸/۷۳	۱۶۸/۸۳
روشن	۳۹۰۷/۹۳	۷۹۷/۴۱	۱۱۵۷۹/۰۰	۸۳۵/۹۵	۰/۳۴	۰/۱۱۷۰	۴۵/۶۷	۵۵/۹۸	۵۴/۲۹	۱۷۴/۵۰
SALT18	۲۹۹۷/۴۱	۷۹۶/۴۴	۷۹۸۹/۹۷	۸۳۱/۰۶	۰/۳۷	۰/۱۱۶۹	۲۸/۰۰	۴۴/۹۷	۴۸/۰۷	۱۶۶/۵۰
SALT19	۲۷۹۰/۵۴	۸۲۶/۰۷	۹۱۷۶۶۷	۹۹۱/۳۰	۰/۳۶	۰/۱۱۸۱	۲۵/۵۰	۳۶/۸۷	۵۱/۳۷	۱۶۶/۰۰
SALT20	۲۸۵۶/۶۲	۷۹۶/۶۴	۸۴۵۳/۹۲	۸۳۱/۸۷	۰/۳۴	۰/۱۱۶۹	۳۳/۳۳	۴۱/۸۵	۴۷/۰۲	۱۶۹/۶۷
SALT21	۲۷۵۸/۲۸	۷۹۶/۹۶	۹۰۴۰/۷۹	۸۳۴/۱۲	۰/۳۱	۰/۱۱۷۰	۳۱/۱۷	۴۰/۶۳	۴۷/۶۳	۱۶۷/۵۰
SALT22	۴۵۱۷/۰۴	۸۲۶/۱۲	۱۰۸۶۱/۰۰	۹۹۱/۴۹	۰/۴۱	۰/۱۱۸۱	۳۱/۱۷	۴۲/۱۲	۴۹/۸۱	۱۷۱/۶۷
SALT23	۲۵۶۴/۳۱	۷۹۶/۴۴	۷۷۷۰/۳۷	۸۳۰/۸۶	۰/۳۳	۰/۱۱۶۹	۲۲/۸۳	۴۲/۸۳	۴۸/۶۶	۱۶۶/۶۷
SALT24	۳۰۴۴/۰۰	۷۹۷/۳۳	۹۰۵۴/۸۰	۸۳۴/۵۰	۰/۳۵	۰/۱۱۷۰	۳۰/۸۳	۵۲/۵۴	۵۱/۰۳	۱۶۷/۳۳
SALT25	۳۲۲۶/۹۹	۷۹۶/۴۶	۷۸۵۵/۳۴	۸۳۰/۹۸	۰/۳۷	۰/۱۱۶۹	۳۶/۰۰	۴۱/۱۴	۵۱/۵۶	۱۶۹/۰۰
SALT26	۳۷۱۳/۳۰	۷۹۶/۴۹	۱۰۷۳۳/۰۰	۸۳۱/۳۸	۰/۳۴	۰/۱۱۶۹	۳۱/۸۳	۴۲/۲۸	۵۱/۵۱	۱۷۰/۸۳
SALT27	۲۷۳۱/۳۹	۷۹۶/۶۸	۷۶۰۰/۱۴	۸۳۲/۱۰	۰/۳۷	۰/۱۱۶۹	۲۹/۸۳	۴۲/۶۶	۵۲/۵۳	۱۶۹/۰۰
SALT28	۴۱۸۰/۰۱	۷۹۸/۱۰	۱۰۷۴۹/۰۰	۸۳۹/۵۹	۰/۳۹	۰/۱۱۷۰	۳۰/۸۳	۴۵/۷۳	۴۷/۸۷	۱۷۳/۵۰
SALT29	۴۱۹۶/۷۰	۸۲۶/۵۹	۱۱۲۸۳/۰۰	۹۹۳/۵۳	۰/۳۷	۰/۱۱۸۱	۲۵/۰۰	۴۵/۰۹	۴۹/۴۱	۱۶۸/۰۰
SALT30	۳۵۷۳/۰۰	۷۹۶/۴۹	۱۰۰۰۲/۰۰	۸۳۱/۱۲	۰/۳۵	۰/۱۱۶۹	۲۷/۰۰	۴۴/۶۴	۴۸/۹۹	۱۷۳/۵۰
رقم محلی	۳۶۸۳/۶۷	۷۹۷/۴۷	۱۰۳۴۳/۰۰	۸۳۷/۰۱	۰/۳۶	۰/۱۱۷۰	۲۳/۴۴	۴۲/۵۲	.	.
شاه‌پسند	۱۰۷۷/۴۷	۷۹۶/۶۸	۶۱۲۱/۴۵	۸۳۲/۵۱	۰/۱۷	۰/۱۱۶۹	۲۶/۳۳	۵۲/۷۳	۵۱/۴۲	۱۷۸/۸۳
LSD (۰/۰۵)		-	-	-	-	-	۴/۷۲	۲/۹۹	۲/۶۳	۱/۸۴
LSD (۰/۰۱)		-	-	-	-	-	۶/۲۵	۳/۹۶	۳/۴۹	۲/۴۳

جدول ۶. برآورد همبستگی ژنوتیپی (اعداد پایین قطر) و فنوتیپی (اعداد بالای قطر) صفات گندم در شرایط نرمال، تنش شوری و تجزیهٔ مرکب با استفاده از روش REML

	صفات	CPC	NSP	FLH	DMA	HI	BM	GY
شرایط نرمال	GY	۰/۰۱(۱)	۰/۱۷(۰/۱)	۰/۰۵(۱)	۰/۱۴(۱)	۰/۷۶(۱)	۰/۸۷(۰/۰۲)	۱
	BM	۰/۰۲(۰/۱)	۰/۲۶(۰/۰۹)	۰/۲۹(۰/۱۱)	۰/۲۴(۰/۱۱)	۰/۳۹(۱)	۱	۱(۰)
	HI	-۰/۰۱(۰/۱۱)	۰/۰۹(۰/۱)	-۰/۱۷(۰/۱۲)	-۰/۰۶(۰/۱۳)	۱	۰/۹۹(۱)	۰/۹۷(۱/۰)
	DMA	-۰/۰۲(۰/۱۲)	۰/۲۷(۰/۱)	۰/۴۳(۰/۱)	۱	-۰/۲۵(۰/۲۲)	۰/۰۲(۰/۲۴)	-۰/۰۷(۰/۲۲)
	FLH	۰/۰۳(۰/۱۱)	۰/۱۱ (۰/۱)	۱	۰/۴۱(۰/۱)	-۰/۵۸(۰/۲۱)	-۰/۳۶(۰/۲۹)	۰/۰(۰/۰۸)
	NSP	۰/۲۲(۰/۱)	۱	۰/۳۷(۰/۴)	۰/۶۷(۰/۳۵)	۰/۴۳(۰/۴)	۰/۵۵(۰/۳۹)	۰/۴۱(۰/۳۶)
	CPC	۱	۱(۰/۶۲)	۰/۸(۰/۳۵)	۰/۶۷(۰/۳۲)	۰/۴۴(۰/۳۴)	۰/۶۱(۰/۳)	۰/۴۹(۱)
شرایط تنش شوری	GY	-۰/۱۴(۱)	۰/۳۳(۰/۰۹)	۰/۱۲(۰/۱۲)	-۰/۰۹(۰/۱۳)	۰/۷۷(۱)	۰/۹(۰)	۱
	BM	-۰/۰۴(۰/۱)	۰/۳۹(۰/۰۹)	۰/۳۳(۰/۱۱)	۰/۰۸(۰/۱۴)	۰/۴۵(۱)	۱	۰/۹۳(۰/۰۳)
	HI	-۰/۱۳(۰/۱۱)	۰/۱(۰/۱۱)	-۰/۰۴(۰/۱۳)	-۰/۲۹(۰/۱۱)	۱	۰/۶۴(۱)	۰/۸۶(۰/۱۲)
	DMA	۰/۰۶(۰/۱۱)	۰/۲۱(۰/۱)	۰/۴۳(۰/۰۹)	۱	-۰/۸۱(۰/۱۵)	-۰/۰۶(۰/۲۵)	-۰/۳۲(۰/۱۳)
	FLH	-۰/۱(۰/۱۱)	۰/۳۴(۰)	۱	۰/۶(۰/۱۸)	-۰/۷۷(۰/۲۴)	-۰/۰۲(۰/۲۷)	-۰/۲۸(۰/۲۳)
	NSP	۰/۱(۰/۱)	۱	۰/۵۵(۰/۲۸)	۰/۳۳(۰/۲)	۰/۳۶(۰/۳۱)	۰/۷۵(۰/۲۳)	۰/۶۹(۰/۲۵)
	CPC	۱	۰/۹۲(۰/۵۳)	۰/۸۶(۰/۵)	۰/۲۷(۰/۳۴)	۰/۲۱(۰/۳۸)	۰/۵۶(۰/۴۱)	۰/۴۲(۱)
ترکیب دو شرایط	GY	-۰/۰۶(۰/۰۹)	۰/۲۴(۰/۰۸)	۰/۰۷(۰/۰۸)	۰/۰۴(۰/۱۲)	۰/۷۶(۰/۳۶)	۰/۸۸(۰/۰۱)	۱
	BM	۰/۰ (۰/۰)	۰/۳۲(۰/۰۷)	۰/۳۱(۰/۱)	۰/۱۶(۰/۱۱)	۰/۴۲(۰/۱۴)	۱	۰/۹۷(۰/۰۲)
	HI	۰/۰(۰/۰۹)	۰/۱(۰/۰۸)	۰/۰(۰/۰)	-۰/۱۷(۰/۱)	۱	۰/۷۵(۰/۳۰)	۰/۹۴(۰/۳۵)
	DMA	۰/۰۱(۰)	۰/۲۵(۰/۰۸)	۰/۴۱(۰/۰۹)	۱	-۰/۴(۰/۱۶)	۰/۰۸(۰/۲)	-۰/۱(۰/۲)
	FLH	-۰/۰۱(۰/۱)	۰/۲۲(۰/۰۸)	۱	۰/۵۴(۰/۱۶)	-۰/۵(۰/۱۴)	-۰/۱۵(۰/۲۵)	-۰/۲۸(۰/۱۷)
	NSP	۰/۱۹(۰)	۱	۰/۲۷(۰/۲۴)	۰/۴۵(۰/۲۱)	۰/۲۷(۰/۲۵)	۰/۴۷(۰/۲۴)	۰/۳۳(۰/۲۳)
	CPC	۱	۰/۴(۰/۲۶)	۰/۴۴(۰/۲۴)	۰/۴۱(۰/۲۲)	۰/۳۶(۰/۲۴)	۰/۳۱(۰/۲۷)	۰/۳۵(۰/۲۵)

اعداد بالای قطر، همبستگی فنوتیپی و اعداد پایین قطر، همبستگی ژنوتیپی هستند. اعداد داخل پرانتز اشتباه استاندارد همبستگی‌های ژنوتیپی و فنوتیپی هستند.
علائم اختصاری GY: عملکرد دانه؛ BM: عملکرد بیولوژیک؛ HI: شاخص برداشت؛ FLH: طول برگ پرچم؛ DMA: روز تا رسیدگی؛ NSP: تعداد سنبلچه در گیاه و CPC: محتوای کلروفیل‌اند.

به‌طور کلی با استفاده از برآوردهای مختلف به‌روش REML در این تحقیق صفات عملکرد، عملکرد زیست‌توده و شاخص برداشت تنوع ژنتیکی متفاوت و معنی‌داری در دو شرایط نرمال و تنش شوری داشتند که بیانگر تنوع ژنتیکی لاین‌های مورد مطالعه در این تحقیق برای اصلاح در شرایط شورند. همچنین با استفاده از روش REML اثر متقابل ژنتیک در محیط برای هیچ کدام از صفات مورد ارزیابی مشاهده نشد که بیانگر این است که می‌توان با مقایسهٔ میانگین عملکرد به‌عنوان مهم‌ترین صفت و سایر صفات بر روی متوسط دو محیط، ژنوتیپ(های) مناسبی انتخاب کرد و به‌منظور اصلاح برای شرایط تنش شوری نیز از آنها استفاده کرد. همچنین همبستگی مثبت معنی‌دار ژنتیکی بین عملکرد، عملکرد زیست‌توده، و شاخص برداشت بدست آمد.

سپاسگزاری

از مسئولان مؤسسهٔ مرکز ملی شوری ایران در استان یزد به‌دلیل همکاری صمیمانه در اجرای این آزمایش تشکر و قدردانی می‌شود. همچنین از همکاران محترم مؤسسهٔ نهال و بذر کرج (بخش غلات) برای فراهم کردن مواد ژنتیکی تشکر و قدردانی می‌گردد.

REFERENCES

1. Acevedo, E. (1991). Improvement of winter cereal crops in Mediterranean environments: use yield, morphological and physiological traits. In. Acevedo, E., Conesa, A. P., Monneveux, P. & Srivastava, P. (Eds.) *Physiology breeding of winter cereals for stressed Mediterranean environments*. (pp. 273-305). Montpellier, France, INRA.

2. Acevedo, E., Silva, P. & Silva, H. (2002). Wheat growth and physiology. http://www.fao.org/DOCREP/006/Y4011E/y4011e06.htm.
3. Ali, Y., Aslam, Z., Sarwar, G. & Hussain, F. (2005). Genotypic and environmental interaction in advanced lines of wheat under salt-affected soils environment of Punjab, *International Journal of Environment Science and Technology*, 2(3), 223-228.
4. Ashraf, M. (2004). Some important physiological selection criteria for salt tolerance in plants. *Flora*, 199, 361-376.
5. Bernardo, R. (1996). Best linear unbiased prediction of the performance of crosses between untested maize inbreds. *Crop Science*, 36, 872-876.
6. Botella, M.A., Rosado, A., Bressan, R.A. & Hasegawa, P.M. (2005). Plant adaptive responses to salinity stress. In: Jenks, M.A. & Hasegawa, P.M. (Eds.) *Plant abiotic stress*. (pp. 38-62). Blackwell Publishing, Oxford.
7. Burgueño, J., Cadena, A., Crossa, J., Banziger, M., Gilmour, A. & Cullis, B. (2000). *User's guide for spatial analysis of field variety trials using ASREML*. Cimmyt, Mexico.
8. Cockerham, C. C. (1963). Estimation of genetic variances. In: Hanson, W. D. & Robinson, H. F. (Eds.) *Statistical genetics and plant breeding*. (Vol. 982). (pp. 53-94). NAS - Natl. Res. Counc. Publ, Washington, DC.
9. Dixit, P.N. & Deli, C. (2010). Impact of spatially variable soil salinity on crop physiological properties, soil water content and yield of wheat in a semi arid environment. *Australian Journal of Agricultural Engineering*, 1, 93-100.
10. DeLacy, I.H., Cooper, M. & Basford, K.E. (1996). Relationships among analytical methods used to study genotype-by-environment interactions and evaluation of their impact on response to selection. In: M. S. Kang. & H. G. Jr. Gauch. (Eds.) *Genotype-by- Environment Interaction*. (pp. 51–84).CRC Press, Boca Raton, Florida.
11. FAO. (2005). Global network on integrated soil management for sustainable use of salt-affected soils. Rome, Italy: FAO Land and Plant Nutrition Management Service. http://www.fao.org/ag/agl/agll/spush.
12. Flowers, T. J. (2004). Improving crop salt tolerance. *Journal of Experimental Botany*, 55, 307-319.
13. Hasegawa, P. M., Bressan, R. A., Zhu, J.-K. & Bohnert, H. J. (2000). Plant cellular and molecular responses to high salinity. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*, 51, 463-499.
14. Henderson, C. R. (1984). *Applications of Linear Models in Animal Breeding*. Guelph, Ont.: University of Guelph.
15. Holland, J. B., Nyquist, W. E. & Cervantes-Martínez, C. T. (2003). Estimating and interpreting heritability for plant breeding: An update. In: Plant breeding reviews (Vol. 22). (pp. 9-112).Wiley, New York.
16. Holloway, R. & Alston, A. (1992). The effects of salt and boron on growth of wheat. *Crop and Pasture Science*, 43, 987-1001.
17. Holland, J.B. (2006). Estimating genotypic correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc MIXED. *Crop Science* 46, 642-654.
18. Läuchli, A. & Epstein, E. (1990). Plant responses to saline and sodic conditions. In: K.K.Tanji (Ed.). *Agricultural salinity assessment and management*. (pp. 113-137). ASCE manuals and reports on engineering practice, ASCE New York. No: 71.
19. Littell, R., Milliken, G., Stroup, W. & Wolfinger, R. (2006) *SAS System for Mixed Models*. Second edition. Cary, NC: SAS Institute.
20. Liu, B. H., Knapp S. & Birkes, D. (1997). Sampling distributions, biases, variances, and confidence intervals for genetic correlations. *Theoretical and Applied Genetics*, 94, 8-19.
21. Mode, C. J. & Robinson, H. F. (1959). Pleiotropism and the genetic variance and covariance. *Biometrics*, 15, 518-537.
22. Munns, R. (1993). Physiological processes limiting plant growth in saline soils-some dogmas and hypotheses. *Plant Cell and Environment*, 16, 15-24.
23. Munns, R., Husain, S., Rivelli, A. R., James, R., Condon, A. G., Lindsay, M., Lagudah, E., Schachtman, D. & Hare, R. (2002). Avenues for increasing salt tolerance of crops, and the role of physiologically-based selection traits. *Plant Soil*, 247, 93-105.
24. Narjesi V., Majidi Hervan, E., Zali A., Mardi, M. & Naghavi, M. R. (2010). Effect of salinity stress on grain yield and plant characteristics in bread wheat recombinant inbred lines. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 12, 291 - 304.
25. Pessarakli, M. & Szabolcs, I. (2011). Soil salinity and sodicity as particular plant/crop stress factors. In: Pessarakli, M. (Ed.), *Handbook of Plant and Crop Stress*. (pp. 3-21).3rd Edition, Revised and Expanded. Taylor and Francis, Florida, CRC Press.
26. Poustini, K. & Siosemardeh, A. (2004). Ion distribution in wheat cultivars in response to salinity stress. *Field Crop Research*, 85, 125-133.

27. Qureshi, R. H., Rashid, A. & Ahmad, N. (1990). A procedure for quick screening of wheat cultivars for salt tolerance. In. El Bassam, N., Dambroth, M. & Loughman, B. C. (Eds.) *Genetic Aspects of Plant Mineral Nutrition*. (pp. 315-324), Kluwer.
28. Rasch, D. & Masata, O. (2006). Methods of variance component estimation. *Czech Journal of Animal Science*. 51 (6), 227-235.
29. Rashid, A. (1986). *Mechanism of salt tolerance in wheat* (*Triticum aestivum* L.). PhD Thesis, Department of Soil Science, University of Agriculture, Faisalabad, Pakistan.
30. Reynolds, M. P., Ortiz-Monasterio, J. I. & McNab, A. (2001). *Application of Physiology in Wheat Breeding*. Mexico, D. F. CIMMYT.
31. Saboora, A., Kiarostami, K., Behroozbayati, F. & Hajihashemi, S. (2006). Salinity (NaCl) tolerance of wheat genotypes at germination and early seedling growth. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 9(11), 2009-2021.
32. Rezvani Moghaddam, P. & Koocheki, A. (2001). Research history on salt affected lands of Iran: Present and future prospects-Halophytic ecosystem. International Symposium on Prospects of Saline Agriculture in the GCC countries, Dubai, UAE.
33. Richards, R. A. (1987). Physiology and the breeding of winter-grown cereals of dry areas. In. Srivastava, J. P., Porceddu, E., Acevedo, E. & Varma, S. (Eds.) *Drought tolerance in winter cereals*. (pp. 133-150). Chichester, UK, Willey.
34. Sardouie-Nasab, S., Mohammadi-Nejad, G. & Nakhoda, B. (2014). Field screening of salinity tolerance in Iranian bread wheat lines. *Crop Science*, 54, 1489-1496.
35. SAS/STAT (2008). SAS/STAT® 9.2 Users Guide. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
36. Satterthwaite, F. E. (1946). An approximate distribution of estimates of variance components. *Biometrics Bulletin*, 2, 110-114.
37. Searle, S.R., Casella, G. & McCulloch, C. (1992). Variance components. Wiley, New York.
38. Singh, R.K. (2006). Breeding for salt tolerance in rice. IRRI, Philippines.
39. Snedecor, G. W. (1956). *Statistical Methods*. Iowa State University Press, Ames, IA.
40. Tester, M. & Davenport, R. J. (2003). Na^+ tolerance and Na^+ transport in higher plants. *Annals Botany*, 91, 503-527.
41. Yang, R. C. (2002). Likelihood-based analysis of genotype–environment interactions. *Crop Science*, 42, 1434-1440.
42. Yang, R.C. (2010). Towards understanding and use of mixed-model analysis of agricultural experiments. *Canadian Journal of Plant Science*, 90, 605-627.
43. Yang, R.C. & Baker, R.J. (1991). Genotype-environment interactions in two wheat crosses. *Crop Science*, 31, 83-87.
44. Yang, R.C. (2010). Towards understanding and use of mixed-model analysis of agricultural experiments. *Canadian Journal of Plant Science*, 90, 605-627.
45. Zhu, J. K. (2001). Plant salt tolerance. *Trends in Plant Science*, 6, 66-71.