

ارزیابی مطلوبیت ژنوتیپ‌های گوجه‌سبز در اقلیم کرج با استفاده از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل تعدیل یافته

جعفر احمدی^{۱*}، امیر عباس تقی‌زاده^۲ و محی‌الدین پیرخضری^۳

- ۱- استاد، گروه ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی (ره)، قزوین
- ۲- دانشجوی پسادکتری، گروه ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی (ره)، قزوین
- ۳- استادیار، پژوهشکده میوه‌های معتدله و سردسیری، موسسه تحقیقات علوم باغبانی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۵/۰۲ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۰/۰۶)

چکیده

به‌منظور تعیین ژنوتیپ ایده‌آل گوجه‌سبز با در نظر گرفتن کمیت و کیفیت میوه، ۳۲ ژنوتیپ در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در ایستگاه تحقیقاتی مؤسسه تحقیقات علوم باغبانی کرج طی دو سال زراعی ۱۳۹۷ و ۱۳۹۸ ارزیابی شدند. جهت ارزیابی ژنوتیپ‌ها و تعیین ژنوتیپ مطلوب، از ۲۶ صفت مرتبط با میوه، باردهی و عملکرد استفاده شد. با تجزیه واریانس مرکب داده‌ها، منبع تغییر ژنوتیپ برای تمام صفات مورد بررسی در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار شدند. شاخص ASIIG نشان داد که ژنوتیپ‌های CodR، Cod100، گوجه ملایر و گوجه‌سیاه مطلوب‌ترین ژنوتیپ‌های آزمایشی با شاخص بالاتر از ۵۵ درصد بودند. همچنین ژنوتیپ‌های cod98، cod99، گوجه‌باغی قصردشت، گوجه قمی و گوجه هلندی با شاخص ASIIG بالاتر از ۴۹ درصد در رتبه‌های بعدی قرار گرفتند. با استفاده از نمودارهای روش ASIIG و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر این اساس، ژنوتیپ‌های CodR، Cod98، Cod100، گوجه ملایر، گوجه‌سیاه و گوجه‌باغی قصردشت در چارک مطلوب واقع شدند. با تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های CodR، Cod100، گوجه‌سیاه و گوجه ملایر به‌همراه ژنوتیپ فرضی کاملاً ایده‌آل (+) در فاصله برشی ۰/۱۸ در یک خوشه قرار گرفتند. بر اساس نتایج این تحقیق، هفت ژنوتیپ CodR، Cod100، Cod98، Cod99، گوجه ملایر، گوجه‌سیاه و گوجه‌باغی قصردشت به‌عنوان ژنوتیپ‌های مطلوب این پژوهش از نظر کمیت و کیفیت میوه انتخاب شدند. درنهایت به‌دلیل مزایای بالای شاخص ASIIG، پیشنهاد گردید از این شاخص جهت تعیین ژنوتیپ مطلوب در سایر محصولات باغی استفاده شود.

واژگان کلیدی: آمار چندمتغیره، انتخاب چندمعیاره، تجزیه مرکب، ژنوتیپ ایده‌آل، TOPSIS

* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: j.ahmadi@eng.ikiu.ac.ir

مقدمه

آلوه‌ها (Plum/Prune) از خانواده Rosaceae زیرخانواده Prunoidae و جنس *Prunus* با عدد پایه کروموزومی $x = 8$ می‌باشند. منشأ بیشتر آلوه‌های تجاری از آلوه‌های اروپایی (*P. domestica*) هگزاپلوئید ($2n = 6x = 48$)، آلوه‌های ژاپنی (*P. salicina*) و گوجه‌های دیپلوئید (*P. cerasifera*) می‌باشد. آلوه‌ها از مهم‌ترین میوه‌های مناطق معتدله در جهان و کشور ایران هستند (Riger, 2006). میزان تولید جهانی آلو و گوجه‌سبز در سال ۲۰۱۹ میلادی ۱۲/۶ هزار تن در ۲۷۲۷ هزار هکتار با میانگین عملکرد جهانی ۴۶۲۰ کیلوگرم در هکتار گزارش شده است. چین با بیش از پنجاه درصد تولید دنیا در مقام نخست (۶۹۹۵ هزار تن) و کشورهای شرق اروپا مانند رومانی، صربستان در مقام‌های بعدی قرار می‌گیرند (FAOSTAT, 2021). ایران با تولید ۳۵۹ هزار تن در رده پنجم جهانی قرار گرفته است (FAOSTAT, 2021).

از روش‌های متداول ارزیابی و مقایسه ارقام استفاده از صفات مورفولوژیکی، پومولوژیکی و فنولوژیکی است که در بسیاری از مطالعات مورد استفاده قرار گرفته است (Bozhkova, 2011). در تحقیقی که به‌منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی برخی ژنوتیپ‌های انجیر با استفاده از نشانگرهای مولکولی RAPD و ISSR انجام شد، ژنوتیپ‌های جمع‌آوری شده از منطقه ایلام به شش گروه اصلی طبقه‌بندی شدند (Gheitarani et al., 2020). در سال ۲۰۱۰ تعداد ۳۳۰۰ نمونه آلو و گوجه‌سبز به‌منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر و دورگ‌گیری مورد ارزیابی قرار گرفتند، که در آن ارقام مورد ارزیابی از نظر منشاء، خصوصیات مولکولی و فیزیولوژیکی بررسی شده و گروه‌بندی شدند (Maggioni et al., 2010). در تحقیقی، پنج رقم آلو (دو رقم محلی و سه رقم وارداتی شامل دو رقم از ایتالیا و رقم استانی)، از نظر صفاتی نظیر عملکرد درخت، وزن متوسط میوه، درصد ماده خشک، درصد مزوکارپ، درصد هسته، درصد قند و درصد اسیدهای آلی مورد مقایسه قرار گرفتند و ارقام ژاپنی به عنوان ارقام مناسب برای کشت در ابعاد کوچک معرفی شدند (Sherman and Rouse, 2001).

گنجی مقدم و همکاران (Ganji Moghaddam et al., 2011) در پژوهشی تعداد ۲۲ رقم خارجی آلو و گوجه‌سبز خارجی را با دو رقم شاهد با نام‌های سرخ اراک و قطره طلا در دو منطقه کرج و مشهد مورد ارزیابی سازگاری قرار دادند. نتایج آنها نشان داد که ارقام از نظر فنولوژی گل (تاریخ شروع گل‌دهی، تمام گل و پایان گل) در سه گروه زود، متوسط و دیر گل قرار می‌گیرند. صداقت‌حور و همکاران (Sedaghatthoor et al., 2009) هفت ژنوتیپ و رقم بومی آلو و گوجه‌سبز، نظیر برغانی، گوجه قرمز، شابلون، قطره طلا، گوجه پیوندی، بور آلوچه و آلو ترش را بر اساس صفات مورفولوژیکی ارزیابی نمودند و گزارش کردند که بیشترین قطر میوه مربوط به واریته گوجه‌سبز پیوندی و کمترین مقدار مربوط به بور آلوچه می‌باشد.

اهداف مختلفی از جمله کیفیت، کمیت، دیر گل‌دهی، زودرسی، دیررسی و تحمل به تنش‌های مختلف و قابلیت حمل و نقل از جمله اهداف به‌نژادی آلو و گوجه‌سبز هستند. پوست سبز تیره، اندازه درشت‌تر و زودرس‌تر و آبداری بیشترین پذیرش را در بین مصرف‌کنندگان دارد؛ در این راستا اطلاعات اندکی از ژنوتیپ‌های مختلف گوجه‌سبز در داخل کشور گزارش شده است (Pirkhezri, 2016a, b). از جمله اهداف دیگر مورد توجه در تحقیقات گوجه‌ها، زود باردهی، زودرسی، باردهی منظم، کیفیت میوه، اندازه میوه، ظاهر جذاب، رنگ سبز یکنواخت، تردی، آبدار بودن بافت میوه، قطر گوشت بیشتر، هسته کوچک، نسبت قند و اسید مناسب، تیپ باردهی میخچه‌ای، تراکم گل و اسپور بالا، تناوب گلدهی و دامنه گلدهی طولانی‌تر است (Pirkhezri, 2016a, b).

انتخاب در محصولات باغی مستلزم ارزیابی ارقام بر اساس صفات متعدد بر پایه هدف به‌نژادگر است. ارزیابی‌های متعددی جهت شناسایی ارتباط بین صفات و اهمیت آن‌ها با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره صورت گرفته است (Masoumi et al., 2020; Rezaei et al., 2020; Abdollahi et al., 2018; Shahi Gharelor et al., 2011). از آنجا که بیان مطلوبیت در محصولات باغی

مواد و روش‌ها

در این تحقیق ۳۱ ژنوتیپ جمع‌آوری شده گوجه‌سبز از استان‌های مختلف کشور به همراه رقم تجاری بومی گوجه‌سبز شهریار به‌عنوان شاهد به فاصله 5×5 (متر)، در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار و دو درخت در هر تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند. گوجه‌سبز شهریار ژنوتیپ تجاری بومی پر بار، با میوه درشت و با کیفیت مطلوب است که در بسیاری از باغات تجاری گوجه در شهریار و کرج کشت می‌گردد. درختان روی پایه گوجه وحشی پیوند و نتایج ۲۶ صفت طی دو سال زراعی ۱۳۹۷ و ۱۳۹۸ یادداشت‌برداری شدند. بر اساس هدف پژوهش از امتیازات سه خبره (کارشناس) جهت تعیین وزن هر صفت استفاده شد. پس از میانگین‌گیری از امتیازات، اثر هر وزن از مجموع تعیین و به‌عنوان وزن نهایی در محاسبات به‌کار گرفته شد.

جهت تجمیع اثرات هر صفت و موازنه مناسب بین صفات، در جهت هدف انتخاب، روش "شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل تعدیل‌یافته" پیشنهاد شد. این روش که بر مبنای روش‌های TOPSIS (Hwang and Yoon, 1981) و SIIG (Zali et al., 2015) بنا نهاده شده است که به شرح زیر اجرا گردید:

۱- تشکیل ماتریس داده‌های مشتمل بر آماره‌های پایداری به‌همراه میانگین عملکرد؛

$$D = \begin{bmatrix} X_{11} & X_{12} & \dots & X_{1m} \\ X_{21} & X_{22} & \dots & X_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ X_{n1} & X_{n2} & \dots & X_{nm} \end{bmatrix} \quad \text{رابطه (۱)}$$

در این ماتریس m : معرف هر صفت و n : ژنوتیپ است.

۲- نرمال‌سازی ماتریس داده‌ها برای حذف اثر مقیاس و تشکیل ماتریس R ؛

$$r_{ij} = \frac{X_{ij}}{\sqrt{\sum_{i=1}^n X_{ij}^2}} \quad R = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & \dots & r_{1m} \\ r_{21} & r_{22} & \dots & r_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{n1} & r_{n2} & \dots & r_{nm} \end{bmatrix} \quad \text{رابطه (۲)}$$

در این ماتریس m : معرف هر صفت و n : ژنوتیپ‌ها پس از نرمال‌سازی و بی‌مقیاس کردن آن‌هاست.

۳- تعیین مطلوب و ضد‌مطلوب برای هر معیار؛

از پیچیدگی و گستردگی بیشتری برخوردار است، نیاز به مطالعه هم‌زمان و اتخاذ تصمیم بر اساس ارزیابی چند صفت به‌طور هم‌زمان می‌باشد. مطالعات پیشین، در بیشتر موارد تنوع ژنتیکی و نهایتاً گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس روش‌های آماری چندمتغیره بررسی شده است. یکی از روش‌هایی که توانایی ارزیابی ژنوتیپ‌ها با در نظر گرفتن هم‌زمان چند صفت و در نهایت انتخاب ژنوتیپ(های) مطلوب را دارد، روش شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (Selection index of ideal genotype) می‌باشد (Zali et al., 2015; Zali et al., 2016).

از روش "شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل" یا SIIG که بر مبنای روش TOPSIS (Hwang and Yoon, 1981) پایه‌ریزی شده است می‌توان به‌طور هم‌زمان از چندین معیار (صفت) به‌عنوان آزمونگر (Tester) ارزیابی و انتخاب "مطلوب" استفاده نمود. مهمترین مشکل این روش، مدنظر قرار ندادن وزن مناسب برای هر صفت و با توجه به هدف پژوهش است. در روش SIIG تمام صفات از وزن یکسانی در محاسبات و سرانجام اتخاذ تصمیم در مورد مطلوبیت ارقام، برخوردار هستند و ارزش یکسانی برای تمام صفات در نظر گرفته می‌شود. تاکنون چند شاخص مختلف جهت ارزیابی هم‌زمان صفات و نهایتاً انتخاب معرفی شده‌اند که علاوه بر پیچیدگی محاسبات نیاز به برآورد پارامترهای دیگری از قبیل ارزش اقتصادی، فنوتیپی و وراثت‌پذیری برای هر صفت می‌باشد (Brim et al., 1959; Kamphorne and Nordskog, 1959)؛ در حالی‌که در روش SIIG علاوه بر سادگی نسبی محاسبات، نیازی به برآورد پارامتر جانبی دیگری نیست (Zali and Barati, 2020).

هدف از این پژوهش ارائه راهکاری جهت انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل بر مبنای مطلوبیت کیفی و کمی ارقام آلو و گوجه سبز با استفاده از اعمال وزن مناسب برای هر صفت و گروه‌بندی گرافیکی ارقام آزمایشی و نمایش فاصله مطلوبیت در بین ارقام و همچنین مدنظر قرار دادن چندین صفات به‌عنوان آزمونگر در بیان مطلوبیت در ارقام گوجه‌سبز است.

مقدار مطلوبیت و رابطه بین صفات از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (Principal component analysis) و تجزیه خوشه‌ای (Cluster analysis) استفاده شد. در تجزیه مرکب انجام شده، ارقام به‌عنوان عامل ثابت و سال‌ها به‌عنوان عامل تصادفی فرض شدند و جهت تأیید همگنی واریانس خطای محیط‌های آزمایشی از روش F-Max هارتلی استفاده شد. جهت تجزیه مرکب داده‌ها از نرم‌افزار Minitab 17 (نسخه ۱۷) و برای محاسبات مرتبط با آماره ASIIG از نرم‌افزار R (نسخه ۳/۴/۴) و Excel (نسخه ۲۰۱۶) استفاده شد.

نتایج و بحث

قبل از انجام تجزیه واریانس مرکب، همگنی واریانس خطای آزمایش‌های مستقل با استفاده از روش Fmax هارتلی تأیید شد (Hartley, 1950). با استفاده از تجزیه واریانس مرکب داده‌ها مشخص گردید، اثر سال برای تمام صفات به‌جز صفات کارایی عملکرد، تراکم اسپور، طول میوه در اندازه‌گیری اولیه، دم میوه، وزن هسته و درصد ماده خشک (معنی‌دار در سطح احتمال پنج درصد)، در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار شد. معنی‌دار شدن اثر سال در تمام صفات مورد مطالعه مبین تفاوت تظاهر ژنوتیپ‌های آزمایشی طی دو سال آزمایشی است. اثر معنی‌دار سال برای صفات عملکردی علاوه بر تفاوت‌های محیطی می‌تواند ناشی از وجود پدیده ژنتیکی سال‌آوری (Alternate bearing) باشد. نتایج مطالعه کورانجو (Couranjou, 1968) نیز وجود پدیده سال‌آوری در آلو را مورد تأیید قرار داده است.

بین ژنوتیپ‌های آزمایشی در تمام صفات، در سطح احتمال یک درصد تفاوت معنی‌دار مشاهده شد. اثر متقابل ژنوتیپ × سال در حقیقت نشانگر واکنش یک ژنوتیپ به عوامل مختلف محیطی و سازگاری است (Farshadfar, 2000). در این مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ × سال برای صفات شروع گلدهی، طول دوره گلدهی، تاریخ رسیدن، عملکرد، کارایی عملکرد، تراکم گل، وزن هسته و وزن میوه در اندازه‌گیری اولیه در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار شد. وجود اثر متقابل معنی‌دار در صفات مرتبط با گلدهی نشان دهنده تفاوت بالای واکنش ژنوتیپ‌های آزمایشی در محیط‌ها و سال‌های مختلف از نظر این صفات می‌باشد (جدول ۱).

در این گام می‌بایست ماهیت هر صفت موثر در انتخاب، بر مبنای ارزش حداقلی یا حداکثری آن مشخص گردد. بر این اساس صفات با مطلوبیت مثبت، دارای بیشترین مقدار و صفات با مطلوبیت منفی، از حداقل ارزش را برخوردار هستند. ۴- در گام بعد وزن هر صفت بر اساس میانگین نظرات و امتیازات سه خبره (کارشناس)، از امتیاز نهایی و کاملاً مطلوب، به هر صفت در جهت هدف پژوهش و انگیزه انتخاب و سهم هر صفت از مجموع امتیازات صفات، انجام می‌شود.

۵- برآورد فاصله از مطلوب و ضد مطلوب؛

$$d_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^+)^2} \quad \text{رابطه (۳)}$$

$$d_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^-)^2} \quad \text{رابطه (۴)}$$

d_i^+ : فاصله از مطلوب؛ d_i^- : فاصله از ضد مطلوب؛ r_{ij} : درایه‌های ماتریس نرمال‌سازی شده.

۶- محاسبه آماره ASIIG (Adjusted Selection Index of Ideal Selection): هرچه مقدار این آماره به یک نزدیک‌تر باشد، شباهت به ایده‌آل بیشتر و در نتیجه ژنوتیپ مشمول به‌صورت هم‌زمان برای صفات آزمایشی، بالاترین موقعیت انتخاب را دارد.

$$\text{رابطه (۵)} \quad \text{ASIIG} = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \quad i = 1, 2, \dots, m \quad 0 \leq \text{ASIIG} \leq 1$$

بر اساس این روش، بهترین ژنوتیپ، نزدیک‌ترین ژنوتیپ به ژنوتیپ‌های ایده‌آل و دورترین از ژنوتیپ‌های ضعیف است. در اینجا منظور از ژنوتیپ ایده‌آل، ژنوتیپی فرضی است که بیشترین برآیند مطلوب از نظر جمیع صفات را داشته باشد. به‌طور خلاصه ژنوتیپ ایده‌آل از مجموع مقادیر ایده‌آل هر یک از صفات موازنه شده به‌دست می‌آید، درحالی‌که ژنوتیپ ضعیف از مجموع مقادیر ضعیف هر یک از صفات آزمایشی حاصل می‌شود. به‌عنوان مثال در مورد عملکرد، حداکثر عملکرد یک ژنوتیپ، مقدار ایده‌آل و عملکرد پایین، به‌عنوان مقدار ضعیف در نظر گرفته می‌شود.

جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌های آزمایشی از دو نمودار حاصل از روش ASIIG استفاده شد. با استفاده از این نمودارها و بر اساس امتیاز کسب شده و مقدار فاصله از مطلوب و ضد مطلوب، ژنوتیپ‌ها به چهار گروه کاملاً مطلوب، مطلوب، نامطلوب و کاملاً نامطلوب گروه‌بندی شدند. جهت تعیین

جدول ۱- تجزیه واریانس مرکب صفات آزمایشی برای ۳۲ ژنوتیپ گوجه‌سبز مورد مطالعه

Table 1. Combined analysis of variance of experimental traits for 32 studied greengage genotypes

منابع تغییرات Sources of variation	درجه آزادی Df	شروع گلدهی Start of Blooming	طول دوره گلدهی Blooming Duration	زمان رسیدگی Ripening Time	عملکرد Yield	کارایی عملکرد Yield efficiency	تراکم اسپور Spur density	تراکم گل Flower density	وزن میوه (مرحله اول) Fruit weight (first stage)	طول میوه (مرحله اول) Fruit length (first stage)	عرض میوه (مرحله اول) Fruit width (first stage)	قطر میوه (مرحله اول) Fruit diameter (first stage)	TSS (مرحله اول) TSS (first stage)	pH (مرحله اول) pH (first stage)
سال Year	1	20.03**	97.76**	892.69**	7848.97**	979.53*	0.04*	0.69**	35.73**	152.31*	95.39**	108.23**	15.08**	1.49**
تکرار (سال) Rep (Year)	4	0.02	0.01	0.02	52.73	495.17	0.026	0.08	0.29	3.24	0.15	0.19	0.12	0.03
ژنوتیپ Genotype	31	22.86**	5.21**	590.32**	420.61**	2077.12**	0.05**	2.08**	57.66**	71.76**	90.79**	119.51**	15**	34.88**
ژنوتیپ × سال Genotype × Year	31	1.69**	3.4**	19.49**	39.17**	487.34**	0.01ns	0.05**	0.42**	1.19ns	0.75ns	0.78ns	0.21ns	1.22ns
خطا Error	124	0.02	0.65	0.015	12.68	146.72	0.01	0.02	0.21	2.01	0.51	0.84	0.18	0.04
ضریب تغییرات (%) C.V (%)		0.58	0.64	0.12	11.94	22.29	25.75	6.61	7.49	7	3.62	4.5	4.44	9.04

ns، * و **: به ترتیب عدم معنی داری، معنی داری در سطح پنج و یک درصد

ns, * and **: Non-significant, significant at 5% and 1% probability levels, respectively

ادامه جدول ۱
Continued table 1

منابع تغییرات Sources of variation	درجه آزادی Df	میانگین مربعات Means of squares												
		TA (مرحله اول) TA (first stage)	TA (مرحله اول) TA (second stage)	وزن میوه (مرحله دوم) Fruit weight (second stage)	طول میوه (مرحله دوم) Fruit length (second stage)	قطر میوه (مرحله دوم) Fruit diameter (second stage)	عرض میوه (مرحله دوم) Fruit width (second stage)	طول دم میوه Fruit peduncle	قطر گوشت میوه Fruit flesh diameter	وزن هسته Kernel weight	طول هسته Kernel length	عرض هسته Kernel width	قطر هسته Kernel diameter	ماده خشک (درصد) Dry % mater
سال Year	1	12.91**	151.49**	104.53**	156**	150.52**	115.39**	8.67*	114.63**	0.03*	8.9**	535**	1.81**	4.47*
تکرار (سال) Rep (Year)	4	0.26	3	5.39	1.69	4.5	1.46	1.96	3.74	0.07	3.72	0.07	0.07	0.15
ژنوتیپ Genotype	31	4.09**	627.49**	291.13**	202.62**	222.04**	232.03**	103.69**	258.71**	0.17**	48.68**	28.33**	14.71**	26.52**
ژنوتیپ × سال Genotype × year	31	0.14ns	2.17ns	2.39ns	2.17ns	1.43ns	0.89ns	0.68ns	1.47ns	0.00**	0.42ns	0.11ns	0.05ns	0.77ns
خطا Error	124	0.18	2.47	1.72	1.43	1.29	0.98	1.49	1.27	0.72	1.11	37.35	0.07	0.77
ضریب تغییرات (%) C.V (%)		6.5	6.48	10.01	5.17	4.39	4.01	10.26	5.04	24.62	7.56	5.19	4.47	7.91

ns، * و **: به ترتیب عدم معنی‌داری، معنی‌داری در سطح پنج و یک درصد.

ns, * and **: Non-significant, significant at 5% and 1% probability levels, respectively

واحد هستند و در رتبه‌های بعدی ژنوتیپ‌های Cod98، Cod99، گوجه‌باغی قصردشت، گوجه قمی و گوجه هلندی با شاخص ASIIG بالاتر از ۴۹ درصد قرار گرفتند (شکل ۱).

با توجه به نتایج حاصله از روش ASIIG ژنوتیپ‌های کاشان، گوجه فارس، آلوی زرد محلی سپیدان و گوجه فارس ۲۱۵ با بیشترین فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و کمترین مقدار شاخص ASIIG، نامطلوب‌ترین ژنوتیپ‌های آزمایشی در این پژوهش شناخته شدند.

علاوه بر رتبه‌بندی ژنوتیپ‌های آزمایشی، نیاز است به‌نحوی گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از نظر مطلوبیت صورت گیرد. در نمودارهای حاصل از روش ASIIG، با تعیین میزان فاصله از مطلوب و ضدمطلوب می‌توان ژنوتیپ‌ها را در چهار گروه کاملاً مطلوب، مطلوب، نامطلوب و کاملاً نامطلوب گروه‌بندی نمود. با توجه به شکل ۱، هفت ژنوتیپ CodR، Cod100، Cod98، Cod99، گوجه ملایر، گوجه‌سیاه و گوجه‌باغی قصردشت در چارک دوم یعنی چارک مطلوب واقع شده‌اند و سایر ژنوتیپ‌ها در چارک سوم یعنی چارک نامطلوب قرار گرفتند. عدم حضور هیچ‌یک از ژنوتیپ‌های آزمایشی در چارک کاملاً مطلوب به‌دلیل توزیع صفات ایده‌آل و ضد ایده‌آل به‌طور همگن در جمعیت مورد مطالعه است (شکل ۱). در تحقیقی که به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی و شناسایی ژنوتیپ‌های دارای صفات برتر ۶۰۸ ژنوتیپ مختلف گردو در شهرستان نیریز ارزیابی شد، صفاتی از قبیل رنگ مغز، شکل میوه، روزنه انتهای میوه، بافت پوست و گوشتی بودن مغز کدبندی و صفاتی مانند وزن مغز، درصد مغز و ضخامت پوست نیز اندازه‌گیری شد. در این پژوهش تعداد ۴۴ ژنوتیپ برتر مشخص و با ۱۰ صفت مورد ارزیابی بیشتر قرار گرفتند. آنالیز حاصل از تجزیه با روش وارد (Ward) ژنوتیپ‌های برتر را در چهار گروه مختلف قرار داد (Ebrahimi et al., 2010).

به‌منظور اختصاص وزن مناسب هر صفت، با توجه به هدف انتخاب مطلوب‌ترین ژنوتیپ، از میانگین امتیازات سه خبره (کارشناس) از محققین و پژوهشگران مؤسسه تحقیقات علوم باغبانی کشور، استفاده شد (جدول ۲). تأثیر این امتیازات پس از برآورد در ادامه محاسبات به‌کار گرفته شد. مزیت وزن‌دهی به صفات، تعیین درصد اثربخشی هر صفت در انتخاب ژنوتیپ مطلوب است. در این پژوهش با توجه به هدف انتخاب یعنی کمیت و کیفیت میوه، بیشترین امتیاز وزن‌دهی (۵/۷ درصد) به صفات قطر گوشت میوه، وزن میوه در مرحله اول اندازه‌گیری، کارایی عملکرد و تاریخ شروع گل‌دهی اختصاص یافت و پس از آن به صفات درصد ماده خشک، وزن هسته، طول دوره گلدهی، طول میوه در مرحله اول اندازه‌گیری، عرض میوه و قطر میوه در مرحله اول اندازه‌گیری، امتیاز وزن‌دهی معادل ۴/۶ درصد اختصاص یافت. برقراری توازن لازم بین صفات با توجه به ماهیت آن‌ها در محاسبه و اتخاذ تصمیم برای انتخاب ژنوتیپ مطلوب امری منطقی و اجتناب‌ناپذیر است. در این پژوهش صفات قطر هسته، عرض هسته، طول هسته، وزن هسته و تاریخ رسیدن دارای ماهیت منفی (-) بودند. به‌عبارت دیگر ارزش کم این صفات دارای مطلوبیت است و سایر صفات مورد مطالعه دارای ماهیتی مثبت (+) می‌باشند. شناخت و اعمال ماهیت صفات در محاسبات کمک می‌کند تا علاوه بر تأثیر مقتضی هر صفت در انتخاب از جانب مثبت یا منفی آن، راه برای انتخاب بر اساس چند صفت هموار شده و تأثیر آن‌ها به‌درستی اعمال شود (جدول ۲).

با استفاده از شاخص ASIIG و تعیین فاصله هر ژنوتیپ آزمایشی از مطلوب و ضد مطلوب، مشخص گردید ژنوتیپ‌های CodR، Cod100، گوجه ملایر و گوجه‌سیاه به‌ترتیب بهترین و مطلوب‌ترین ژنوتیپ‌های آزمایشی با شاخص ASIIG بالاتر از ۵۵ درصد و نزدیک‌ترین به

جدول ۲- امتیازات کارشناسان بر اساس هدف انتخاب برای صفات بررسی شده در ۳۲ ژنوتیپ آزمایشی گوجه‌سبز

Table 2. Experts' scores based on the purpose of selection for the studied traits of 32 experimental greengage genotypes

صفات Treatment	امتیاز کارشناس اول First expert score	امتیاز کارشناس دوم Second expert score	امتیاز کارشناس سوم Third expert score	امتیاز نهایی Final score	نسبت امتیاز Score ratio	+/-
شروع گلدهی Start of Blooming	10	10	10	10	0.057	+
طول دوره گلدهی Blooming Duration	9	8	7	8	0.046	+
زمان رسیدگی Ripening Time	2	2	2	2	0.011	-
عملکرد Yield	10	10	10	10	0.057	+
کارایی عملکرد Yield efficiency	10	10	10	10	0.057	+
تراکم اسپور Spur density	8	7	6	7	0.040	+
تراکم گل Flower density	8	7	6	7	0.040	+
وزن میوه (مرحله اول) Fruit weight (first stage)	10	10	10	10	0.057	+
طول میوه (مرحله اول) Fruit length (first stage)	10	6	8	8	0.046	+
عرض میوه (مرحله اول) Fruit width (first stage)	9	7	8	8	0.046	+
قطر میوه (مرحله اول) Fruit diameter (first stage)	9	6	9	8	0.046	+
TSS (مرحله اول) TSS (first stage)	7	7	7	7	0.040	+
pH (مرحله اول) pH (first stage)	6	6	6	6	0.034	+
TA (مرحله اول) TA (first stage)	5	5	5	5	0.029	+
TA (مرحله دوم) TA (second stage)	5	5	5	5	0.029	+
عرض میوه (مرحله دوم) Fruit weight (second stage)	4	4	4	4	0.023	+
طول میوه (مرحله دوم) Fruit length (second stage)	4	4	4	4	0.023	+
قطر میوه (مرحله دوم) Fruit diameter (second stage)	4	4	4	4	0.023	+
عرض میوه (مرحله دوم) Fruit width (second stage)	4	4	4	4	0.023	+
طول دم میوه Fruit peduncle	4	4	4	4	0.023	+
قطر گوشت میوه Fruit flesh diameter	10	10	10	10	0.057	+
وزن هسته Kernel weight	8	8	8	8	0.046	-
طول هسته Kernel length	6	6	6	6	0.034	-
عرض هسته Kernel width	6	6	6	6	0.034	-
قطر هسته Kernel diameter	6	6	6	6	0.034	-
درصد ماده خشک Dry mater%	6	9	9	8	0.046	+

جدول ۳- نتایج رتبه‌بندی و امتیازات کسب شده ۳۲ ژنوتیپ آزمایشی گوجه‌سبز بر اساس روش ASIIG

Table 3. Ranking results and scores obtained from 32 experimental greengage based on ASIIG method

ژنوتیپ	فاصله از ایده‌آل	فاصله از ضد ایده‌آل	ASIIG	رتبه
Genotype	Distance from Ideal	Distance from anti-ideal		Rank
Alileh	0.025	0.013	0.334	28
AlooZardMahaliSepidan	0.024	0.012	0.329	30
ASiahMahaliSepidan	0.023	0.015	0.397	18
AzarShahr	0.020	0.016	0.443	13
Baraghan	0.025	0.013	0.343	25
Cod100	0.014	0.024	0.630	2
Cod98	0.017	0.022	0.570	5
Cod99	0.017	0.020	0.536	6
CodR	0.013	0.026	0.655	1
GhBaghiGhasrDasht	0.018	0.018	0.502	7
GHPaezeGhasrDasht	0.023	0.014	0.371	20
GhTabestaneGh	0.022	0.016	0.421	16
GojeFars	0.026	0.012	0.311	31
GFars215	0.024	0.012	0.330	29
GojeGhermez	0.024	0.013	0.351	23
GojeGhAlocheh	0.024	0.012	0.336	27
GojeGhomi	0.018	0.018	0.497	8
GojeHolandiGH	0.019	0.019	0.493	9
GojeMalayer	0.014	0.022	0.612	3
GojePaezeSefid	0.025	0.013	0.339	26
GojeSiah	0.016	0.021	0.575	4
GSzBahareGh	0.021	0.015	0.411	17
GSzZemestaneGh	0.018	0.017	0.481	11
Kashan	0.024	0.011	0.309	32
MashahdNoh	0.024	0.014	0.366	21
MashahdSeh	0.020	0.016	0.434	15
Oromse20	0.023	0.012	0.347	24
Oromse30	0.020	0.017	0.456	12
SeifDirResGhatreTala	0.021	0.016	0.443	14
Shahriar	0.019	0.018	0.485	10
SoltaniRezaeeyeh	0.022	0.013	0.372	19
Tabriz	0.027	0.015	0.357	22

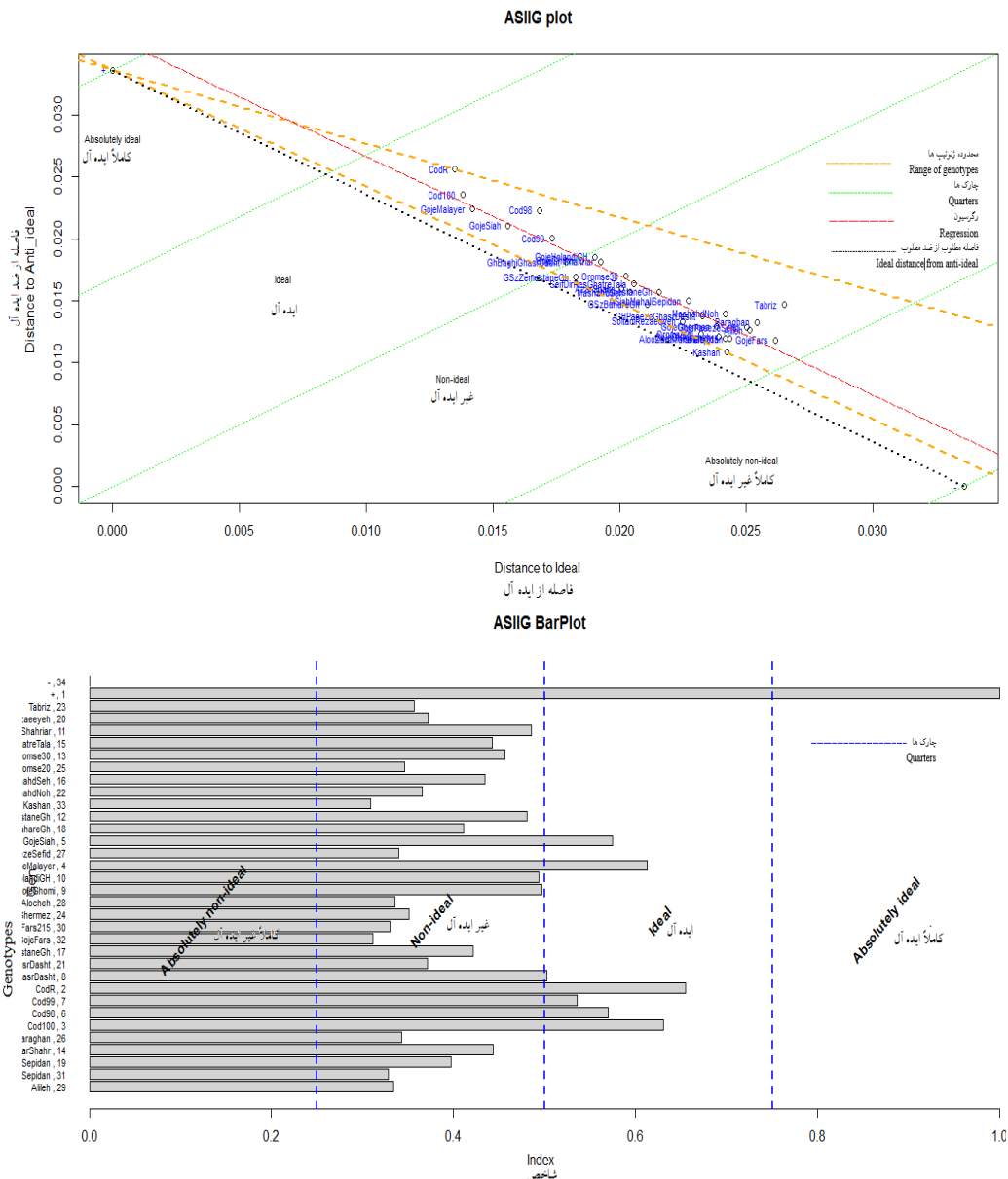
بودند. از طرفی بین صفات عملکردی نیز مانند عملکرد، کارایی عملکرد، تراکم گل و تراکم اسپور نیز همبستگی بالا و مثبتی مشاهده شد. همچنین با افزایش وزن میوه مقدار pH کل در میوه روبه کاهش گذاشت. این نتایج با نتایج حاصل از پژوهشی که به‌منظور بررسی تنوع ژنوتیپی گوجه‌سبز با استفاده از ویژگی‌های مورفولوژیکی در منطقه مراغه انجام شد مطابقت دارد (Jalili et al., 2011).

با انجام تجزیه خوشه‌ای با روش وارد بر روی ماتریس داده‌های نرمال و مؤثر از وزن هر صفت بر اساس هدف انتخاب می‌توان ژنوتیپ‌های آزمایشی را بر اساس مقدار مطلوبیت گروه‌بندی نمود. بر این اساس ژنوتیپ‌هایی که در فاصله کمتری با ژنوتیپ مطلوب فرضی متصل (Join) شده‌اند

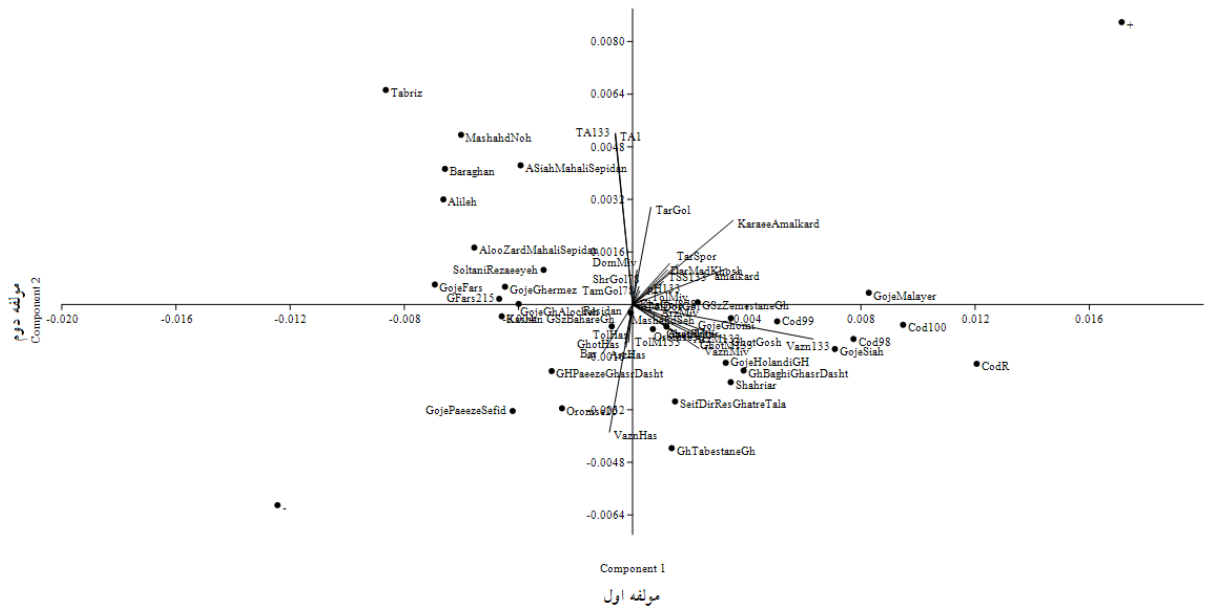
در بای‌پلات (Biplot) (شکل ۲) حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با استفاده از ماتریس صفات نرمال شده و مؤثر از وزن هر صفت، مؤلفه اول با ۵۴/۰۲ درصد و مؤلفه دوم با ۱۲/۰۷ درصد از کل تغییرات توانسته‌اند در مجموع ۶۶/۰۹ درصد از واریانس کل را توجیه نمایند. میزان pH کل در هر دو دوره یادداشت‌برداری بیشترین واریانس را از خود نشان داده و در نتیجه تأثیر بسازی در تفکیک ژنوتیپ‌های آزمایشی داشته‌اند. مقدار این صفت در هر دو دوره یادداشت‌برداری همبستگی بالا و مثبتی از خود نشان داد. اکثر صفات مرتبط با میوه مانند وزن میوه، قطر میوه، عرض میوه، طول میوه و قطر گوشت میوه دارای واریانس اندک و همبستگی بالا و مثبتی با یکدیگر

پژوهش یعنی کیفیت و کمیت بالای میوه از مطلوبیت بیشتری نسبت به سایر ژنوتیپ‌های آزمایشی برخوردار می‌باشند. در صورتی که در فاصله بالاتر دندروگرام برش داده شود (فاصله ۰/۰۳۰) مجموع ژنوتیپ‌ها به دو گروه تقسیم خواهند شد و در نتیجه گروهی که شامل ژنوتیپ فرضی کاملاً ضدایده‌آل (-) می‌باشد از مطلوبیت پایین‌تری نسبت به گروهی که شامل ژنوتیپ کاملاً ایده‌آل فرضی است، می‌باشد (شکل ۳).

از مطلوبیت بالاتری در مجموع سایر ژنوتیپ‌ها برخوردار هستند. با برش دندروگرام (Dendrogram) حاصل (شکل ۳) در فاصله ۰/۰۱۸ (برش I) ژنوتیپ‌ها به پنج خوشه مجزا تقسیم خواهند شد. در خوشه‌ایی که ژنوتیپ کاملاً مطلوب فرضی (+) واقع شده است ژنوتیپ‌های CodR، Cod100، گوجه‌سیاه و گوجه ملایر نیز حضور دارند و بنابراین می‌توان چنین نتیجه‌گیری کرد که این ژنوتیپ‌ها با توجه به هدف انتخاب در این

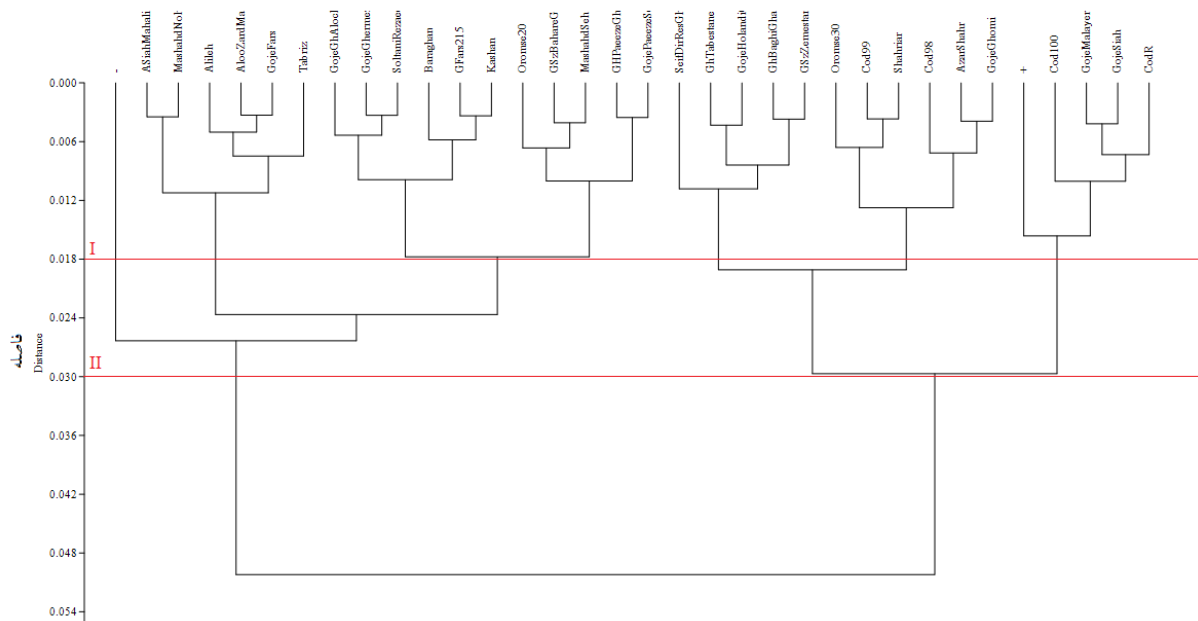


شکل ۱- نمودارهای حاصل از روش ASIIG بر اساس مقدار مطلوبیت و هدف انتخاب در ۳۲ ژنوتیپ گوجه‌سبز آزمایشی
Figure 1. Diagrams obtained from ASIIG method based on the amount of desirability and purpose of selection in 32 experimental greengage genotypes



شکل ۲- بای پلات حاصل از دو مؤلفه اول حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با استفاده از ماتریس داده‌های نرمال و وزن‌دار شده‌ی ۳۲ ژنوتیپ گوجه‌سبز آزمایشی

Figure 2. Biplot obtained from the first two components obtained from parsing into PCA using normal and weighted data matrices of 32 experimental greengage genotypes



شکل ۳- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای بر روی داده‌های نرمال و وزن‌دار شده ۳۲ ژنوتیپ گوجه‌سبز آزمایشی

Figure 3. Dendrogram obtained from cluster analysis on normal and weighted data of 32 experimental greengage genotypes

گرفتن هدف و انگیزه محقق از انتخاب، ارائه راهکاری جهت حصول به نتیجه مطلوب بر اساس وزن مناسب برای صفات امری ضروری است. با مدنظر قرار دادن

با توجه به تأثیر چندین صفت در تعیین ایده‌آل در محصولات باغی و لزوم اتخاذ تصمیم بر مبنای چند صفت به‌طور هم‌زمان در این محصولات و با در نظر

مشاهده‌ای در بین صفات مربوط به صفت pH کل در میوه می‌باشد. تجزیه خوشه‌ای نشان داد که ژنوتیپ‌های CodR، Cod100، گوجه‌سیاه و گوجه ملایر همراه با ژنوتیپ کاملاً ایده‌آل فرضی (+) در خوشه‌ای مجزا قرار گرفتند، بنابراین ایده‌آل‌ترین ژنوتیپ‌های آزمایشی در این تحقیق با توجه به کیفیت و کمیت میوه شناخته شدند. در نهایت به دلیل مزایای بالای شاخص ASIIG، مدنظر قرار دادن چند معیار، تعیین وزن هر معیار، رتبه‌بندی و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها پیشنهاد می‌شود از این شاخص در طیف وسیع‌تری از محصولات باغی جهت تعیین رقم یا ژنوتیپ مطلوب استفاده گردد.

سپاسگزاری

از مؤسسه تحقیقات علوم باغبانی و پژوهشکده میوه‌های معتدله و سردسیری که مجال این تحقیق را فراهم نمودند صمیمانه سپاسگزاریم.

نتایج تجزیه واریانس مرکب، ۲۶ صفت آزمایشی در تمام صفات اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه نشان داد، از این رو نیاز است تا با رتبه‌بندی و در نهایت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با در نظر گرفتن وجوه تمایز و مطلوب (یا ضد مطلوب) هر ژنوتیپ، توزیع مطلوبیت در جامعه را مورد ارزیابی قرار داد. با استفاده از روش ASIIG و رتبه‌بندی انجام شده بر این مبنا، ژنوتیپ‌های CodR، Cod100، گوجه ملایر و گوجه‌سیاه به ترتیب بهترین و مطلوب‌ترین ژنوتیپ‌های آزمایشی با شاخص نزدیک به یک شناخته شدند. بر اساس رتبه‌بندی انجام شده با استفاده از نمودارهای حاصله از روش ASIIG، ژنوتیپ‌های CodR، Cod100، Cod98، Cod99، گوجه ملایر، گوجه‌سیاه و گوجه‌باغی قصدشت در چارک مطلوب واقع شدند. در بای‌پلات حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی مشخص گردید بیشترین واریانس

References

- Abdollahi, R., Hajilou, J., Zainalabedini, M., Mahna, N. and Ghaffari, M.R. (2018). Evaluation of pomological and genetic diversity of peach genotypes in Iran. *International Journal of Horticultural Science and Technology*, **19(2)**: 227-246.
- Bozhkova, V. (2011). Evaluation of parent combinations fertility in plum breeding (*Prunus domestica* L.). *Acta Agriculturae Serbica*, **16(31)**: 43-49.
- Brim, C.A., Johnson, H.W. and Cockerham, C.C. (1959). Multiple selection criteria in soybeans. *Agronomy Journal*, **51**: 42-46.
- Couranjou, J. (1968). Variety influence on alternate bearing reactions in domestic plum. *Acta Horticulture*, **10**: 203-210.
- Ebrahimi, A., FttahiMoghadam, M., Zamani, Z. and Vahdati, K. (2010). An investigation on genetic diversity of 608 Persian walnut accessions for screening of some genotypes of superior traits. *Iranian Journal of Horticultural Science*, **40(4)**: 83-94 (In Persian).
- FAOSTAT. (2021). *FAOSTAT data of Food and Agriculture Organization of the United Nations*. <http://faostat.fao.org/>.
- Farshadfar, E. (2000). *Application of Quantitative Genetics in Plant Breeding*. Razi University Press, Kermanshah, IR (In Persian).
- Ganji Moghaddam, E., Ava, H. Akhavan, S. and Hosseini, S. (2011). Phonological pomological characteristics of some plum (*Prunus* spp.) cultivar grown in Mashhad, Iran. *Crop Breeding Journal*, **1(2)**: 105-108.
- Gheitarani, B., Erfani-Moghadam, J. and Fazeli, A. (2020). Evaluation of genetic diversity among some common fig using RAPD and ISSR molecular markers. *Plant Genetic Researches*, **6(2)**: 43-54 (In Persian).
- Hartley, H.O. (1950). The maximum F-ratio as a short cut test for homogeneity of variance, *Biometrika*, **3**: 308-312.
- Hwang, C.L. and Yoon, K. (1981). *Multiple Attributes Decision Making Methods and Applications*. Springer, Berlin Heidelberg, DE.

- Jalili, I., Rabiee, V., Azami, M.A. and Daghestani, M.** (2011). Genotypic diversity of prune and plum using morphological characteristics in Maragheh region. *Seed and Plant Improvement Journal*, **27(3)**: 357-374 (In Persian).
- Kamphorne, O. and Nordskog, A.W.** (1959). Restricted selection indices. *Biometrics*, **15**: 10-19.
- Maggioni, L., Lateur, M., Balsemin, E. and Lipman, E.** (2010). Report of a Working Group on Prunus: Eight Meeting. *Bioversity International; European Cooperative Programme for Plant Genetic Resource*, Forli, Italy.
- Masoumi, P., Amini, F. and Ramshini, H.** (2020). Genetic variation of seed related traits in *Festuca arundinacea* using multivariate statistical methods. *Plant Genetic Researches*, **6(2)**: 55-68 (In Persian).
- Pirkhezri, M.** (2016a). *Practical Guideline to Plum and Prune Culture*. TAK Press, Tehran, IR (In Persian).
- Pirkhezri, M.** (2016b). The first report on identification and collection of plum and prune germplasm in Iran. *13th International Genetic Congress*, 9-11 March, Tehran, Iran (In Persian).
- Rezaei, A., Arzani, K. and Sarikhani, S.** (2020). Morphological evaluation and identification of walnut (*Juglans regia* L.) superior genotypes in north Hamadan province of Iran. *Iranian Journal of Horticultural Science*, **51(2)**: 441-457 (In Persian).
- Riger, M.** (2006). *Introduction to Fruit Crop*. Haworth Press, Philadelphia, Pennsylvania, USA.
- Sedaghatoor, S., Ansari, R., Allahyari, M. S. and E. Nasiri.** (2009). Comparison of morphological characteristics of some plum and prune cultivars of Iran. *Scientific Research and Essays*, **4(10)**: 992-996.
- Shahi Gharelor, A., Zamani, Z., Fattahi Moghadam, M., Boozari, N. and Khadivi Khoob, A.** (2011). Evaluation of genetic diversity in some cerasus sub-genus wild genotypes using plant vegetative and seed characteristics. *Iranian Journal of Horticultural Science*, **41(4)**: 359-373 (In Persian).
- Sherman, W.B. and Rouse, R.E.** (2001). Characterization of plums from the university of Florida breeding program. *Proceedings of the Florida State Horticultural Society*, **11**: 30-32.
- Zali, H. and Barati, A.** (2020). Evaluation of selection index of ideal genotype (SIIG) in other to selection of barley promising lines with high yield and desirable agronomy traits. *Journal of Crop Breeding*, **12 (34)**: 93-104 (In Persian).
- Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asghari, A. and Hoseini, M.** (2015). Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method. *Biological Forum – An International Journal*, **7(2)**: 703-711.
- Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asghari, A. and Zeinalabedini, M.** (2016). Appropriate strategies for selection of drought tolerant genotypes in canola. *Journal of Crop Breeding*, **78(20)**: 77-90 (In Persian).

Investigation of the Suitability of Greengage Genotypes in Karaj Climate Using the Adjusted Selection Index of Ideal Genotype

Jafar Ahmadi^{1,*}, Amir Abbas Taghizadeh² and Mohialdin Pirkhezri³

- 1- Professor, Department of Genetics and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Imam Khomeini International University, Qazvin, Iran
- 2- Postdoctoral Researcher Student, Department of Genetics and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Imam Khomeini International University, Qazvin, Iran
- 3- Assistant Professor, Temperate Fruits Research Center, Horticultural Sciences Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

(Received: July 24, 2022 – Accepted: December 27, 2022)

Abstract

To determine the ideal genotypes in terms of the quantity and quality of fruit, 32 genotypes of greengage were evaluated in a randomized complete block design with three replications at the research station of Horticultural Research Institute in Karaj during two cropping seasons 2018 and 2019. To evaluate the genotypes and to determine the ideal genotype, 26 traits related to fruit, fruiting and yield were used. Combined variance analysis of data showed that the genotype source of variation was significant for all studied traits at the level of 0.01 probability level. ASIIG index showed that the genotypes CodR, Cod100, Malayer, and Gojeh Siah are the best and most desirable genotypes with an index higher than 55%, respectively. Also, Cod98, Cod99, Gojeh Baghi Qasr Dasht, Gojeh Qomi, and Gojeh Holandi with ASIIG index higher than 49% were ranked next. The grouping of genotypes using ASIIG method diagrams, the genotypes CodR, Cod100, Cod98, Cod99, Gojeh Malayer, Gojeh Siah, and Gojeh Baghi Qasr Dasht were located in the ideal quartile. Using cluster analysis, the genotypes CodR, Cod100, black, and Malayer as well as completely ideal hypothetical genotype (+) were placed in a group at a distance line of 0.018. According to the results of this study, seven genotypes CodR, Cod100, Cod98, Cod99, Gojeh Malayer, Gojeh Siah, and Gojeh Baghi Qasr Dasht were selected as the ideal genotypes in terms of fruit quantity and quality. Finally, due to the high benefits of the ASIIG index, it was suggested that this index can be used in other horticultural products to determine the ideal genotype.

Keywords: Multivariate statistics, Multi-criteria selection, Combined analysis, Ideal genotype, TOPSIS

* Corresponding Author, E-mail: j.ahmadi@eng.ikiu.ac.ir