

Evaluation of Mean Yield and Stability of Lentil Genotypes using WAASB index and linear Mixed Effects Model (LMM)

Payam Pezeshkpour^{1*}, Amir Mirzaei², Iraj Karami³

Received: 25 October 2022 Accepted: 12 April 2023

1– Assist. Prof., Crop and Horticultural Science Research Dept., Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Lorestan, Iran.

2– Assist. Prof., Crop and Horticultural Science Research Dept., Ilam Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Ilam, Iran.

3-MSc, Dryland Agricultural Research Institute, Sararood Branch, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Kermanshah, Iran.

*Corresponding Author Email:papezeshkpour@yahoo.com

Abstract

Background and Objectives: The aim of study was to evaluate the efficiency of yield stability analysis models by BLUP and AMMI models.

Materials and Methods: In this research, nineteen advanced lentil genotypes along with three cultivars of check Kimia, Bileh Sawar and local mass in agricultural research stations of Khorramabad, Ilam and Sararoud in the form of complete blocks design. Randomly with three repetitions and for two crop years (2018-2020), were evaluated. To quantify the genotypic stability, singular value decomposition (SVD) was used with a linear mixed effect model (LMM).

Results: The likelihood ratio test (LRT) indicated that the effect of GEI was significant on seed yield. Therefore, the best linear unbiased predictors (BLUPs) analysis was considered appropriate for these data. Mosaic plot showed that the portion of sum squares of genotype (G) and sum squares of genotype by environment interaction (GEI) in total sum of squares (TSS) were 6.75% and 34.36%, respectively. The biplot of first principle component (PC1) of the environment versus nominal yield showed that genotypes 13, 6, 16, 9 and 10, were more stable.

Conclusion: Biplot of seed yield versus WAASB Showed that the genotypes 10, 16, 1, 20, 15, 4, 13 and 7 were very productive and stable due to the large value of response variable (high seed yield) and high stability (low values of WAASB). Identification of genotypes with WAASBY showed genotypes 16 and 1 high yielding and stable, and therefore can be candidate for cultivar introduction.

Keywords: Average of Absolute Scores, Lentil, Mosaic Plot, Single Value Decomposition (SVD), Simultaneous Selection, Weighted

ارزیابی عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌های عدس با استفاده از شاخص WAASB و مدل اثرهای مخلوط خطی (LMM)

پیام پزشکپور^۱، امیر میرزایی^۲، ایرج کرمی^۳

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۸/۳ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۱/۲۳

۱- استادیار پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران.
۲- استادیار پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان ایلام، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ایلام، ایران.
۳- کارشناس، موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، معاونت سرارود، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه، ایران.

*مسئول مکاتبه: Email:papezeshkpour@yahoo.com

چکیده

اهداف: هدف از این تحقیق ارزیابی کارایی مدل‌های تجزیه پایداری با استفاده از مدل‌های آمی (AMMI) و بلاپ (BLUP) بود.

مواد و روش‌ها: در این تحقیق ۱۹ ژنوتیپ پیشرفته عدس به همراه سه رقم شاهد کیمیا، بیله سوار و توده محلی در ایستگاه‌های تحقیقات کشاورزی خرم‌آباد (لرستان)، زنجره (ایلام) و سرارود (کرمانشاه) به مدت دو سال زراعی (۱۳۹۷-۹۹) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند. برای تعیین کمیت پایداری ژنوتیپی، از تجزیه مقادیر منفرد (SVD) با یک مدل اثرمخلوط خطی (LMM) استفاده شد.

یافته‌ها: نتایج آزمون نسبت درست‌نمایی (Likelihood ratio test, LRT) نشان داد که برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط بر عملکرد دانه معنی‌دار بودند. بنابراین، تجزیه BLUPs برای این داده‌ها مناسب تشخیص داده شد. نمودار موزاییکی نشان داد که سهم مجموع مربعات ژنوتیپ و برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط در مجموع مربعات کل به ترتیب ۶/۷۵ و ۳۴/۳۶ درصد بود. بای پلات اولین مؤلفه اصلی محیط در برابر عملکرد اسمی نشان داد که ژنوتیپ‌های ۱۳، ۶، ۱۶، ۹ و ۱۰ از پایداری بیشتری برخوردار بودند.

نتیجه‌گیری: بای پلات عملکرد دانه در برابر میانگین وزنی نمرات مطلق (WAASB) نشان داد که ژنوتیپ‌های ۱۰، ۱۶، ۱، ۲۰، ۱۵، ۴، ۱۳ و ۷ به دلیل بزرگی متغیر پاسخ (داشتن عملکرد بالا) و پایداری بالا (مقادیر پایین WAASB)، بسیار پر محصول و پایدار بودند. شناسایی ژنوتیپ‌ها با معیار WAASBY نشان داد که ژنوتیپ‌های ۱۶ و ۱ پر محصول و پایدار بودند و می‌تواند نامزد معرفی ارقام جدید باشند.

واژه‌های کلیدی: تجزیه مقادیر منفرد، گزینش همزمان، میانگین وزنی نمرات مطلق، عدس، نمودار موزاییکی

مقدمه

دیم و ۴۲۴۴ هکتار به کشت آبی اختصاص دارد. عملکرد عدس دیم در کشور ۴۸۵ کیلوگرم در هکتار و عملکرد عدس آبی ۱۶۷۵ کیلوگرم در هکتار گزارش شده است (احمدی و همکاران ۲۰۲۱).

مجموع سطح زیر کشت عدس (*Lens culinaris*) در کشور در سال زراعی ۱۳۹۹-۴۰۰، ۶۴۶۳۹ هکتار بوده است که از این مقدار ۶۰۳۹۵ هکتار به کشت

عنوان یک مانع در نظر می‌گیرند. با این حال، اگر به طور دقیق اندازه‌گیری شود، می‌توان از آن برای بهبود عملکرد، بهره برداری کرد. آگاهی از برهمکنش ژنوتیپ × محیط، به نژادگران یاری می‌رساند تا در ارزیابی ژنوتیپ‌ها، با دقت بیشتری عمل کرده و بهترین ژنوتیپ‌ها را برگزینند (بگار و همکاران ۲۰۲۳). پایداری عملکرد صفتی موروثی است (کریمزاده و همکاران ۲۰۲۱) که به روش‌های مختلفی شامل تک متغیره پارامتری و ناپارامتری و چندمتغیره ارزیابی می‌شود. در بین روش‌های چندمتغیره می‌توان روش اثرات اصلی جمع پذیر و برهمکنش ضرب پذیر (AMMI)^۱ (گائوچ و زوبل ۱۹۹۷) و GGE (اثر اصلی ژنوتیپ + برهمکنش ژنوتیپ × محیط) بای بلات^۲ (یان و همکاران ۲۰۰۰) را نام برد. به تازگی، روش بهترین پیش بینی‌های خطی ناریب (BLUPs)^۳ نیز برای ارزیابی داده‌های آزمایش‌های چند محیطی^۴ به کار گرفته شده است، که میانگین‌ها را با دقت بالا به ویژه در مدل‌های مخلوط برآورد می‌کند (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹) و در هنگام وجود اثر مخلوط (آمیخته) خطی (LMM)^۵، پتانسیل پیش بینی دقیق اثرات تصادفی را فراهم می‌کند (شریفی ۲۰۲۰). در این روش، برای بهره‌گیری از مزایای دو روش AMMI و BLUP با مدل مخلوط خطی مبتنی بر BLUP یک ماتریس برهمکنش ژنوتیپ × محیط به دست می‌آید و از تجزیه این ماتریس با تجزیه ارزش منفرد (SVD)^۶، که پایه تجزیه AMMI است، یک معیار پایداری ژنوتیپی به نام شاخص پایداری میانگین وزنی نمرات مطلق (WAASB)^۷ معرفی شده است که حاصل تلفیق دو روش AMMI و BLUP است (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹).

برای افزایش دقت پیش بینی، یکی از گزینه‌های پیش روی به نژادگران، بهره‌گیری از مدل‌های آماری با

عدس (*Lens culinaris Medik*) یکی از بقولات دانه‌ای سرمدوست است که عموماً در مناطق معتدل نیمه‌خشک کشت می‌گردد (ارسکین و همکاران ۲۰۰۹). ورود بقولات دانه‌ای مانند عدس در سیستم‌های زراعی و تناوب با سایر محصولات، می‌تواند از طریق تثبیت بیولوژیکی نیتروژن اتمسفر در خاک، به پایداری چرخه نیتروژن و افزایش حاصل خیزی خاک و مختل کردن چرخه‌های بیماری و ایجاد محیط تولید بهتر برای سایر محصولات، کمک کند (ارسکین و همکاران ۲۰۰۹). عدس منبع خوبی از مواد مغذی مورد نیاز انسان شامل پروتئین، کربوهیدرات، کارتنوئیدها، ویتامین‌ها، فیبر، مواد معدنی و ترکیبات آنتی‌اکسیدانی هستند که غالباً به‌عنوان جایگزین گوشت استفاده می‌شوند و می‌تواند به واسطه دارا بودن چندین آمینواسید ضروری، مکمل پروتئین غلات باشد (میگلیوزی و همکاران ۲۰۱۵). یکی از دلایل اصلی کاهش کشت عدس فقدان ارقام اصلاح شده و پایداری ضعیف آنها در شرایط مختلف محیطی است (زاکاردلی و همکاران ۲۰۱۰). عدس (*Lens culinaris Medik*) یکی از گیاهان مهم است که نقش مهمی در تأمین پروتئین مردم در کشورهای در حال توسعه دارد (سارکر و همکاران ۲۰۰۳). توزیع نامناسب بارندگی و کاهش بارندگی از عوامل عمده کاهش عملکرد عدس در واحد سطح است (پزشکپور و همکاران ۲۰۲۱)، بنابراین به کارگیری ژنوتیپ‌های سازگار به شرایط نامساعد محیطی، می‌تواند نقش مهمی در افزایش عملکرد در چنین شرایطی داشته باشد (کریمزاده و همکاران ۲۰۰۸). سرعت فرآیندهای به‌نژادی برای صفات کمی در گیاهان زراعی، وابسته به وجود برهم‌کنش‌های ژنوتیپ × محیط است و هر چه این واکنش‌ها بیشتر باشند، گزینش ژنوتیپ‌ها بر اساس فنوتیپ مشکل‌تر خواهد بود. این برهمکنش‌های ژنوتیپ × محیط به ویژه برای عملکرد دانه، به‌عنوان یک صفت کمی پیچیده از اهمیت بیشتری برخوردار است (پزشکپور و همکاران ۲۰۲۱). در آزمایشات مقایسه عملکرد در چند محیط، عملکرد دانه تحت تأثیر ساختار ژنتیکی و برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط قرار می‌گیرد (تینکر و یان ۲۰۰۶). اصلاحگران اغلب برهمکنش ژنوتیپ × محیط را به

1 - Additive Main effect and Multiplicative Interaction, AMMI

2 - Genotype + Genotype * Environment

3 - Best linear unbiased predictors, BLUPs

4 - Multi environment trials, MET

5 - linear mixed-effects models, LMM

6 - Singular value decomposition, SVD

7 - Weighted average of absolute scores, WAASB

AMMI و BLUP است و قادر به وزن دهی بین صفت وابسته (عملکرد دانه) و پایداری عملکرد است (اولیوتو و لوسیو ۲۰۲۰). علاوه بر این شاخص، شاخص دیگری به نام WAASBY نیز معرفی شده است که در آن، هر دو معیار عملکرد و پایداری عملکرد همزمان در نظر گرفته می شوند تا علاوه بر کاهش برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط، گزینش‌ها دقیق‌تر و قابل ارزیابی باشند (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹). در این شاخص به نژادگر بسته به هدف اصلاحی خود، وزن‌های متفاوتی به هر کدام از دو معیار میانگین عملکرد یا پایداری عملکرد داده و ارزیابی ژنوتیپ‌ها را بر اساس آن انجام می دهد.

هدف از پژوهش حاضر، ارزیابی کارایی مدل‌های استفاده شده در تجزیه پایداری برای شناسایی ژنوتیپ‌های پر محصول عدس سازگار با شرایط آب و هوایی مناطق دیم کشور با بهره‌گیری از شاخص‌های مختلف AMMI و ترکیب دو روش AMMI و BLUP با شاخص‌های WAASB و WAASBY و همچنین ترسیم نمودارهای مختلف برای درک بهتر اثر متقابل ژنوتیپ در محیط بوده‌است.

مواد و روش‌ها

این پژوهش برای دستیابی به ارقام پرمحصول و سازگار با شرایط آب و هوایی مناطق دیم کشور انجام شد. ۱۹ ژنوتیپ پیشرفته عدس که از آزمایشات مقایسه عملکرد ژنوتیپ‌های پیشرفته عدس در سال ۹۷-۱۳۹۶ انتخاب شده بودند (جدول ۱)، به همراه سه رقم شاهد کیمیا، بیله سوار و توده محلی در ایستگاه‌های تحقیقات کشاورزی خرم آباد (لرستان)، زنجیره (ایلام) و سرارود (کرمانشاه) به مدت دو سال زراعی (۱۳۹۷-۹۹) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند. زمین مورد کشت تحت تناوب غلات-حبوبات دیم بود. برای تهیه زمین هر سال پیش از کشت، با گاوآهن چپزل مرکب شخم زده و خاک با دیسک و روتیواتور نرم شد. کود شیمیایی بر مبنای ۱۰۰ کیلوگرم فسفات آمونیوم و ۳۵ کیلوگرم اوره، به هنگام عملیات تهیه زمین، به طور یکنواخت با خاک مخلوط گردید. بذره‌های ارقام و ژنوتیپ‌های آزمایش قبل

توانایی پیش بینی بهتر همچون بهترین پیش بینی‌های نااریب خطی (BLUP) است که تجزیه پایداری به روش AMMI می تواند بر روی این پیش بینی‌ها انجام شود (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹).

در این روش، برای تلفیق جنبه‌های پایداری و عملکرد ژنوتیپ‌های شاخص WAASBY نیز معرفی شده است که در آن گزینش ژنوتیپ‌ها برای میانگین عملکرد و پایداری، به طور همزمان انجام می‌شود و بسته به هدف به نژادگر می توان وزن‌های متفاوتی به هر کدام از دو شاخص میانگین عملکرد یا پایداری داد (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹). در پژوهش‌های مختلفی برهمکنش معنی دار ژنوتیپ $\times$ محیط در عدس گزارش شده است (تدسه و همکاران ۲۰۲۱، عباس و همکاران ۲۰۱۹، شبیری و همکاران ۲۰۲۱ و سلامی و همکاران ۲۰۲۱). روش‌های گوناگون تک متغیره پارامتری و ناپارامتری و چند متغیره، پایداری ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف بر روی عدس ارزیابی شده است، ولی پژوهش‌های اندکی درباره برآورد ارزش‌های ژنوتیپی در آزمایش‌های چند محیطی با BLUP گزارش شده است (برمه جو و همکاران ۲۰۲۰، کریمزاده و همکران ۲۰۲۰، کریمزاده و همکاران ۲۰۲۱ و سلامی و همکاران ۲۰۲۱). مدل سازی الگوهای برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط با روش‌های تجزیه GGE بای پلات و AMMI (جبرسون و همکاران ۲۰۱۹، کریمزاده و همکاران ۲۰۱۰، پژشکپور و همکاران ۲۰۲۱، کریمزاده و همکاران ۲۰۲۰، سلامی و همکران ۲۰۲۱ و تدسه و همکاران ۲۰۲۱، آزام و همکاران ۲۰۲۰) انجام شده است.

در سال‌های اخیر از مزایای دو روش AMMI و BLUP به صورت همزمان و تلفیقی استفاده شده است که در آن، یک ماتریس برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط با مدل مخلوط خطی مبتنی بر BLUP بدست می‌آید و از تجزیه این ماتریس با یک روش شبه AMMI- با تجزیه ارزش منفرد (SVD)، یک معیار پایداری ژنوتیپی به نام شاخص پایداری میانگین وزنی نمرات مطلق (WAASB) محاسبه می شود که در حقیقت حاصل تلفیق دو روش

متر به فاصله ۲۵ سانتی متر بین خطوط (۴ متر مربع) و به فاصله نیم متر بین هر کدام از کرت ها ، انجام شد.

از کاشت به منظور جلوگیری از بیماری‌های قارچی با قارچ کش کاربوکسین تیرام به نسبت دو در هزار ضد عفونی شدند. میزان بذر مصرفی ۲۰۰ دانه در متر مربع تعیین شد. کاشت بذرها در چهار خط به طول چهار

جدول ۱- اسامی ارقام و ژنوتیپ‌های امید بخش عدس مورد استفاده در آزمایش

نام ژنوتیپ	کد ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	کد ژنوتیپ
8068	G12	09S83251-04	G1
X2009S146K3	G13	FLIP2007-45L	G2
X2009S160K3	G14	FLIP2007-95L	G3
X2009S210K1	G15	FLIP97-6L	G4
X2009S212K2	G16	FLIP2011-42L	G5
X2009S230K4	G17	FLIP2011-45L	G6
X2009S237K1	G18	FLIP2003-2L	G7
FLIP2007-56L	G19	FLIP2002-7L	G8
KIMIA	G20	08S40116-11	G9
BILESAVAR	G21	08S40124-08	G10
Local check	G22	FLIP97-10L	G11

کمی سازی پایداری با رابطه های ۱ و ۲ بهره گرفته شد.

$$WAASB_i = \frac{\sum_{k=1}^p |IPCA_{ik} \times EP_k|}{\sum_{k=1}^p EP_k} \quad \text{رابطه ۱}$$

$$\text{رابطه ۲}$$

$$WAASBY_i = \frac{\{W_Y \times [(\frac{GY_i}{GY_{max}}) \times 100]\} + [W_S \times (100 - \frac{WAASB_i}{WAASB_{min}})]}{W_Y + W_S}$$

که در آن، $WAASB_i$ ، میانگین وزنی نمرات مطلق ژنوتیپ i ام، $IPCA_{ik}$ ، نمره ژنوتیپ i ام در K امین محور مؤلفه اصلی برهمکنش ($IPCA$)، و EP_k ، مقدار واریانس توجیه شده توسط K امین $IPCA$ است. ژنوتیپ با کمترین مقدار $WAASB$ پایدار در نظر گرفته می شود (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹). انتخاب همزمان برای میانگین عملکرد و پایداری (MPE)^{۱۰} با شاخص $WAASBY$ انجام شد که در آن به میانگین عملکرد (Y) و شاخص پایداری ($WAASB$) وزن داده می شود و $WAASBY_i$ ، میانگین وزنی $WAASB$ و عملکرد دانه (GY) برای ژنوتیپ i ام، W_Y ، وزن داده شده به

قبل از برداشت دو خط کناری و نیم متر از ابتدا و انتهای دو خط وسطی حذف و محصول از مابقی هر کرت (۱/۵ متر مربع) برداشت شد. ترکیب کودی بر اساس نتایج تجزیه خاک هر منطقه مورد استفاده قرار گرفت. مبارزه با علف‌های هرز به صورت وجین دستی و با استفاده از کولتیواتور دستی در دو مرحله در طول دوره رشد رویشی انجام شد. عملکرد دانه در محیط‌های مختلف برای هر ژنوتیپ اندازه گیری شد. تمام تجزیه‌های آماری با استفاده از بسته تجزیه آزمایش‌های چند محیطی با نام $Metan^8$ (اولیوتو و لوسیو ۲۰۲۰) و GGE (رایت و لافون ۲۰۱۸) در نرم افزار R انجام شد. برای تعیین کمیت پایداری ژنوتیپی، از تجزیه مقادیر منفرد (SVD)، بر روی ماتریس بهترین پیش بینی های نااریب خطی ($BLUP$) ها) بر همکنش های ژنوتیپ در محیط (GEI) با یک مدل اثر مخلوط خطی (LMM) استفاده شد. اجزای واریانس با روش حداکثر درست نمایی محدود شده ($REML$)^۸ برآورد شدند و برای ارزیابی معنی‌داری اثرهای تصادفی، آزمون نسبت درست نمایی (LRT)^۹ به کار گرفته شد. از کمیت های پایداری $WAASB_i$ و $WAASBY_i$ برای

⁸ - Restricted maximum likelihood, REML

⁹ - Likelihood Ratio Test, LRT

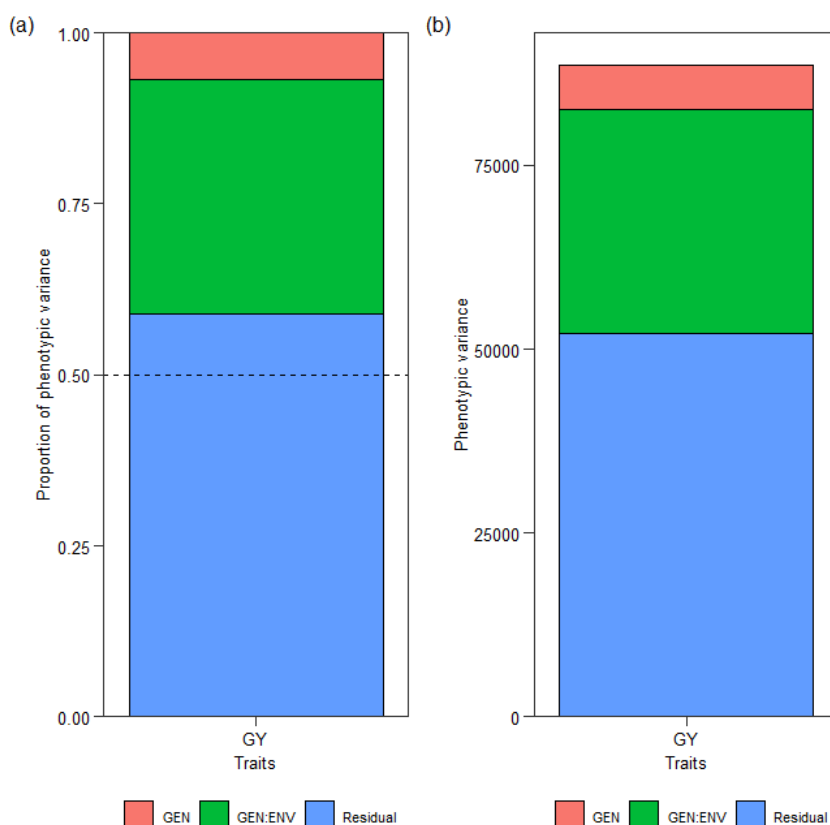
¹⁰ - Mean performance and stability, MPE

می شود. اثر باقیمانده عمدتاً به اثر محیط مربوط می شود که با توجه به تفاوت های زیاد بین محیط های آزمایشی از نظر ویژگی های خاک، مقدار و پراکنش بارندگی و سایر عوامل قابل توجهی است. نتایج تحقیقات سایر محققان روی سایر گیاهان نیز نشان داده است که بخش عمده واریانس توسط اثر محیط توجیه می شود (برانکویک - رادوجکیک ۲۰۱۸ و تکالیگن و همکاران ۲۰۱۷). تجزیه واریانس جداگانه در هر کدام از محیط ها نشان داد که اثر ژنوتیپ در ۵ محیط از ۶ محیط مطالعه شده معنی دار بود (نتایج ارائه نشده اند). بنابراین این ژنوتیپ ها در محیط های آزمایشی دارای تنوع کافی بودند و برای ارزیابی برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط نیاز به تجزیه های پایدار بود. متوسط عملکرد دانه در ژنوتیپ ها با دامنه ۶۱۶ (ژنوتیپ ۲۲) و ۱۱۵۳ (ژنوتیپ ۱۲) برابر با ۱۰۴۷/۴ کیلوگرم در هکتار بود.

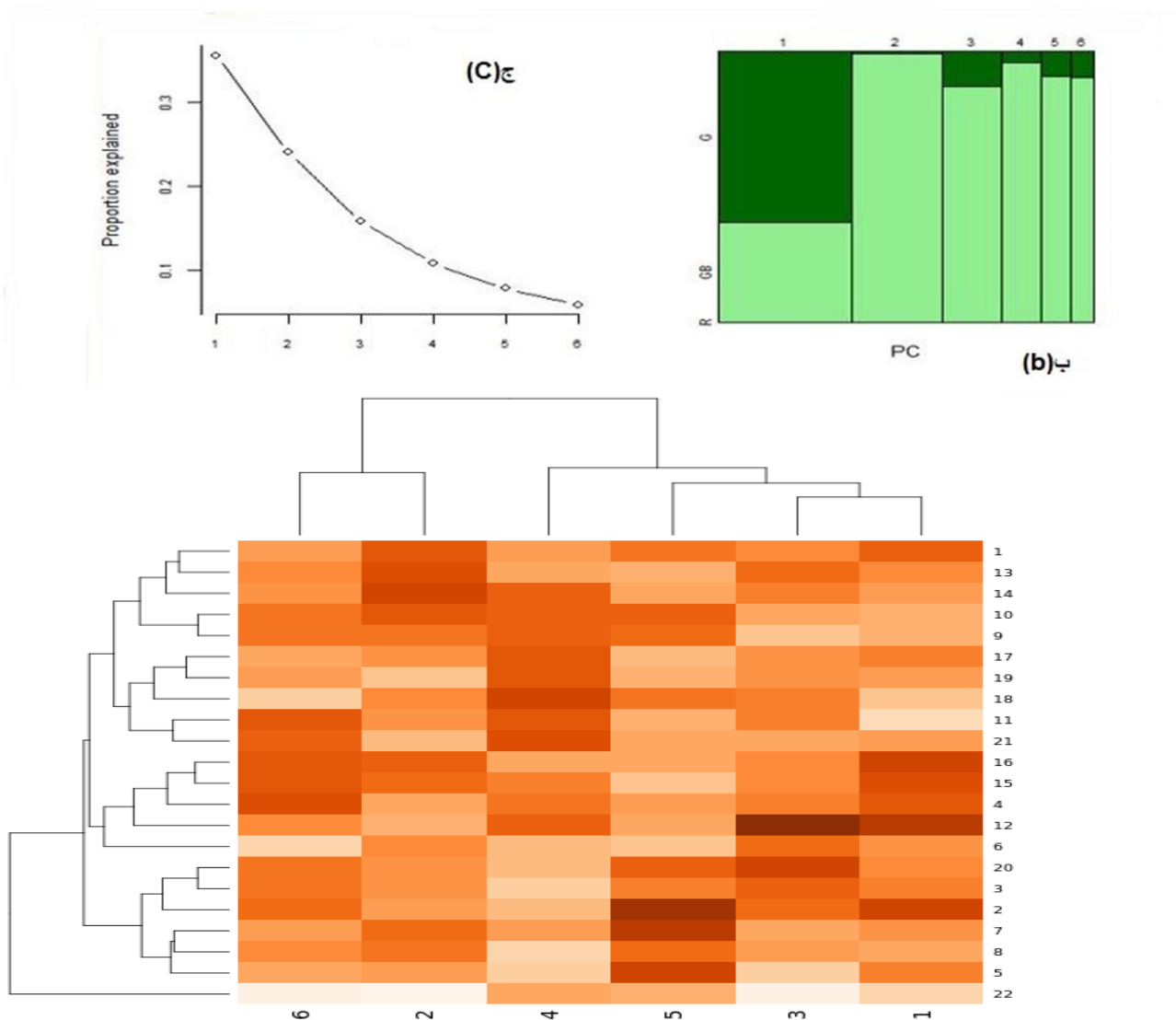
متغیر پاسخ (در این مورد، عملکرد دانه)، GY_i ، میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ i ام با توجه به تمام محیط ها، GY_{max} ، بالاترین متوسط عملکرد دانه مشاهده شده، W_s ، وزن نسبت داده شده به شاخص پایداری (در این مورد، شاخص $WAASB$): $WAASB_i$ ، میانگین وزنی نمرات مطلق ژنوتیپ i ام، و $WAASB_{min}$ ، کمترین مقدار $WAASB$ مشاهده شده در بین ژنوتیپ ها است.

نتایج و بحث

واریانس برآورد شده به سه جزء واریانس ژنوتیپی، برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط و باقیمانده تفکیک شد. بر اساس اطلاعات شکل ۱، ۳۸/۹ درصد از واریانس فنوتیپی توسط برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط توجیه می شود، حال آنکه اثر ژنوتیپ، تنها توجیه کننده ۶/۸ درصد از واریانس برآورد شده است. عمده واریانس فنوتیپی (۵۴/۳ درصد) نیز توسط اثر باقیمانده توجیه



شکل ۱- اجزای تنوع در ژنوتیپ های عدس در آزمایش های چند محیطی



ج

شکل ۲- پیش تجزیه های برهمکنش ژنوتیپ در محیط (GEI). الف. نمودار گرمایی پراکنش عملکرد ژنوتیپ ها در محیط ها، ب. نمودار موزائیکی جهت نمایش سهم مؤلفه ها از واریانس $G+GE$ ، ج. ریشه مشخصه ماتریس GEI

هر اندازه رنگ‌های مربوط به ژنوتیپ های درون یک محیط متفاوت تر باشند، بیانگر گوناگونی بین ژنوتیپ های درون آن محیط است. در محیط‌های ۲، ۳ و ۶ ژنوتیپ‌ها از تنوع بیشتری برخوردار بودند. از طرفی دیگر، عملکرد هر ژنوتیپ در محیط‌های مختلف نیز برای بررسی تنوع در بین محیط‌ها می تواند استفاده شود. به طوری که ژنوتیپ‌های ۲۰، ۱۸، ۱۱ و ۲ دارای تنوع

برای پی بردن به پراکنش عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف از نمودار گرمایی استفاده شد (شکل ۲ ج). در این نمودار، ژنوتیپ دارای عملکرد یکنواخت در تمام محیط‌ها می تواند پایدار باشد. براین اساس ژنوتیپ های ۲، ۱۶، ۱۲، ۱ و ۱۳ را می توان پایدار در نظر گرفت. در این نمودار، عملکرد ژنوتیپ ها در هر محیط بیانگر تنوع درون آن محیط است، به طوری که

بیشتر در محیط‌های مطالعه شده بودند (شکل ۲ ج). بررسی چشمی پراکنش میانگین ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مطالعه شده نشان دهنده تفاوت ژنوتیپ‌های مختلف از نظر عملکرد دانه در یک محیط و همچنین تفاوت میانگین آن‌ها از محیطی به محیط دیگر است که نشان می‌دهد گزینش ژنوتیپ‌ها فقط بر پایه عملکرد دانه در یک مکان، از اعتبار بالایی برخوردار نیست و باید برای به دست آوردن یک نتیجه درست، ژنوتیپ‌ها در سال‌ها و مکان‌های مختلف ارزیابی شوند تا پایداری آنها برآورد شود (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹). پژوهشگران دیگری نیز واکنش‌های متفاوت ژنوتیپ‌های عدس را در محیط‌های مختلف گزارش کرده‌اند (تدسه و همکاران ۲۰۲۱، سلامی و همکاران ۲۰۲۱ سوبدی و همکاران ۲۰۲۱ و چن و همکاران ۲۰۲۲). پیش از تجزیه پایداری، با بهره‌گیری از نمودار موزاییکی، اجزای مجموع مربعات کل (TSS) شامل مجموع مربعات ژنوتیپ (G) و برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط (GE) از یکدیگر جدا شدند. در این نمودار که به وسیله لافونت و همکاران (۲۰۰۷) پیشنهاد شده است، مساحت مربع نمودار، ۱۰۰ درصد مجموع مربعات کل است، که نواحی تیره رنگ، تنوع برآمده از اثرات ژنوتیپی یا اختلاف بین میانگین ژنوتیپ‌ها را نشان می‌دهد که در این تحقیق ۶/۷۵ درصد تنوع کل است و ناحیه‌های با رنگ روشن، تنوع ناشی از برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط را نشان می‌دهد که ۹۳/۹ درصد از تغییرات کل را در برمی‌گیرد (شکل ۲ ب). سهم پایین ژنوتیپ در توجیه تنوع کل در این نمودار می‌تواند به دلیل گزینش ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه در سال‌های پیش در برنامه اصلاحی عدس و همچنین واکنش‌های متفاوت ژنوتیپ‌ها در محیط‌های گوناگون باشد. ستون‌های این نمودار بیانگر محورهای مؤلفه اصلی است، به گونه‌ای که ستون اول در برگیرنده ۳۲/۸۴ درصد از کل مساحت مربع است و اولین مؤلفه اصلی از مجموع مربعات کل را تشکیل می‌دهد. ستون (مؤلفه اصلی) دوم، ۲۷/۱۱ درصد از مجموع مربعات کل را در بر گرفته است. این دو مؤلفه اصلی، با هم ۵۹/۹۵ درصد از مجموع مربعات کل و ۵۹/۲ درصد

(۳۴/۶۷ درصد + ۲۴/۴۹ درصد) از مجموع مربعات ژنوتیپ در محیط (SSGE) را تشکیل می‌دهند. نقش مؤلفه‌های سوم تا پنجم در مجموع مربعات کل به ترتیب ۱۹/۹ درصد، ۱۴/۴ درصد و ۶/۶ درصد بود و نمی‌توان نقش این مؤلفه‌ها را در مجموع مربعات کل نادیده انگاشت. هر ستون نیز که نشان دهنده محور مؤلفه اصلی است، با ردیف‌های نمودار موزاییکی به دو بخش ناشی از مجموع مربعات ژنوتیپ و مجموع مربعات برهمکنش ژنوتیپ در محیط تقسیم می‌شود. در نخستین محور مؤلفه اصلی، سهم ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط به ترتیب ۳۴/۶۷ و ۶۵/۳۳ درصد بود. با توجه به اینکه سهم ژنوتیپ در نخستین محور مؤلفه اصلی حدود یک سوم اثر ژنوتیپ در محیط است، نمی‌توان این محور را محور ژنوتیپ نامید و بر اساس آن تفاوت میانگین ژنوتیپ‌ها را از نظر عملکرد دانه با یکدیگر سنجید. بنابر این توجه به سایر مؤلفه‌ها نیز در بررسی اثر اصلی ژنوتیپ ضروری است. در مجموع مربعات محور مؤلفه اصلی دوم نیز سهم ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط به ترتیب برابر با ۲۴/۴۹ و ۷۵/۵۱ درصد بود. مجموع مربعات محور مؤلفه اصلی دوم، سهم بسیار بیشتری از اثرهای ژنوتیپ در محیط را نسبت به اثرهای ژنوتیپ دارد، بنابر این می‌توان این ستون را به عنوان محور برهمکنش ژنوتیپ در محیط نام نهاد، هر چند نقش مؤلفه‌های سوم، چهارم و پنجم را نمیتوان در این برهمکنش نادیده گرفت و باید از آنها برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف بهره گرفت، بنابر این ارزیابی ژنوتیپ‌ها در رابطه با عملکرد و پایداری باید بر اساس مجموعه مؤلفه‌ها باشد. همچنین در مؤلفه‌های اصلی سوم تا پنجم نیز سهم برهمکنش ژنوتیپ در محیط با مقادیر ۱۹/۸۶ درصد، ۱۴/۳۶ درصد و ۶/۵۹ درصد در مقایسه با سهم ژنوتیپ با مقادیر ۱۲/۸ درصد، ۹/۷ درصد و ۵ درصد بسیار بیشتر بود. بنابراین با توجه به سهم قابل ملاحظه ستون‌های سوم تا پنجم (محورهای مؤلفه‌های اصلی سوم تا پنجم) در مجموع مربعات کل و همچنین سهم بالای برهمکنش ژنوتیپ در محیط در این سه مؤلفه

فنوتیپی برای این سه جزء به ترتیب ۶/۷۵ درصد، ۳۴/۳۶ درصد و ۵۷/۸۸ درصد بود (جدول ۵). بسیاری از تلاش‌ها در گام‌های نهایی برنامه‌های به نژادی بر آزمایش‌های چند محیطی استوار است، از این رو، دقت پیش‌بینی برای گزینش درست ژنوتیپ‌ها، توصیه ژنوتیپ‌ها و شناسایی محیط‌های کلان بسیار مهم است (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹).

بنابر این برخی از پارامترهای ژنتیکی برآورد شدند که نشان می‌داد میزان وراثت پذیری عمومی برای عملکرد دانه عدس در این پژوهش به توجه به سهم بالای برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط پایین و حدود ۶/۸ درصد بود. ضریب تبیین برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط و میزان وراثت پذیری بر میانگین به ترتیب برابر ۰/۳۴ و ۰/۴۳ درصد بود. دقت گزینش ژنوتیپ و همبستگی بین ارزش‌های ژنوتیپی در سراسر محیط‌ها نیز به ترتیب ۰/۶۵ و ۰/۳۷ بود. ضریب تغییرات ژنوتیپی، ضریب تغییرات باقیمانده و همچنین نسبت این دو ضریب تغییرات به ترتیب برابر با ۷/۳۸ درصد، ۲۱/۸۱ درصد و ۰/۳۴ درصد بود. نسبت برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط بر اثر ژنوتیپی ۵/۰۸ بود. نسبت برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط بر اثر ژنوتیپی پنج برابر بود. در شکل ۳، میانگین‌های پیش‌بینی شده عملکرد دانه با روش BLUP نشان داده شده است که بیانگر آن است که بالاترین عملکرد پیش‌بینی شده با روش BLUP از آن ژنوتیپ ۱۲ و در پی آن ژنوتیپ‌های ۲، ۱۶، ۱۵، ۱۰، ۴، ۱، ۱۴، ۲۰، ۷، ۹ و ۱۳ بود که دارای عملکرد پیش‌بینی شده‌ی بیشتر از میانگین کل بودند.

اصلی، به نظر می‌رسد که تجزیه پایداری بر پایه دو مؤلفه اصلی اول و دوم خالی از اشکال نباشد و بهتر است برای تجزیه پایداری به مؤلفه‌های اصلی دیگر هم توجه شود. آزمون اسکری^{۱۱} برای شناساندن بهترین شمار مؤلفه‌های توجیه‌کننده برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط نیز به کار برده شد که نشان داد تا مؤلفه اصلی پنجم هر کدام از مؤلفه‌ها سهم قابل توجهی در توجیه برهمکنش ماتریس برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط حاصل از BLUP داشتند (شکل ۲ ج)، بطوری که مؤلفه اصلی اول و دوم به ترتیب فقط ۳۲/۸۴ و ۲۷/۱۱ درصد از تغییرات را توجیه می‌کردند، بنابراین تفسیر نتایج تجزیه پایداری فقط بر اساس مؤلفه‌های اصلی اول و دوم ممکن است به نتایج اشتباهی بینجامد. از آنجا که در تجزیه داده‌های این آزمایش از مدل مخلوط (آمیخته)^{۱۲} استفاده شده بود، آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT) برای ارزیابی معنی‌داری فاکتورهای آزمایشی به کار برده شد و نشان داد که اثر ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط بر عملکرد دانه معنی‌دار بود. بر اساس نتایج تجزیه واریانس AMMI، اثر محیط، ژنوتیپ، و برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط معنی‌دار بود (نتایج ارائه نشده‌اند). با توجه به معنی‌دار بودن برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی انجام شد. نتایج نشان داد که چهار مؤلفه اصلی اول معنی‌دار بوده و نقش مهمی در توجیه برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط داشتند. این مؤلفه‌های اصلی در مجموع ۹۳/۶ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط را توجیه می‌کردند. اثر معنی‌دار محیط، ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط و چهار مؤلفه اصلی اول (IPCA) نشان‌دهنده پیش‌زمینه ژنتیکی گسترده مواد آزمایشی و تنوع مکان‌های آزمایشی و سال‌های زراعی است. در جدول ۵ برخی از پارامتری‌های ژنتیکی شامل واریانس ژنوتیپ، واریانس ژنوتیپ در محیط، واریانس باقیمانده و واریانس فنوتیپی به روش درست‌نمایی محدود شده (REML) برآورد شده‌اند و نسبت آنها به واریانس

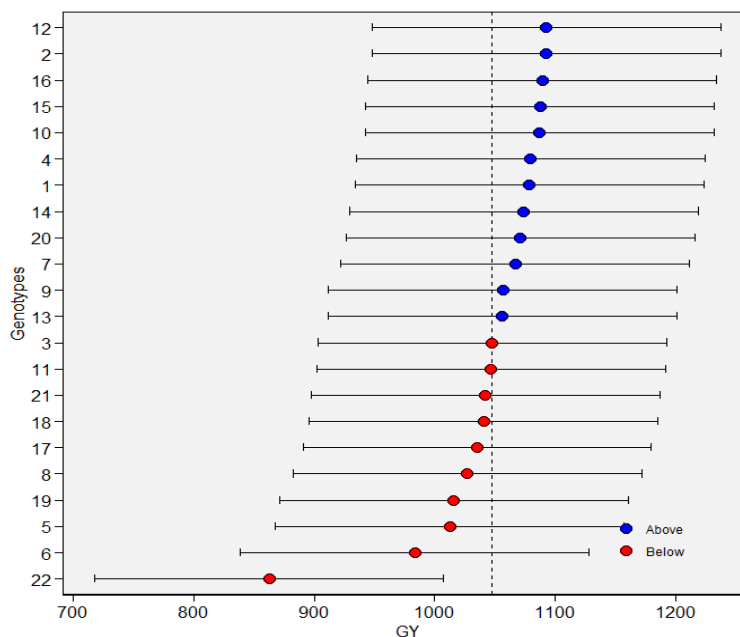
11 - Screenshot

12 - Mixed linear model

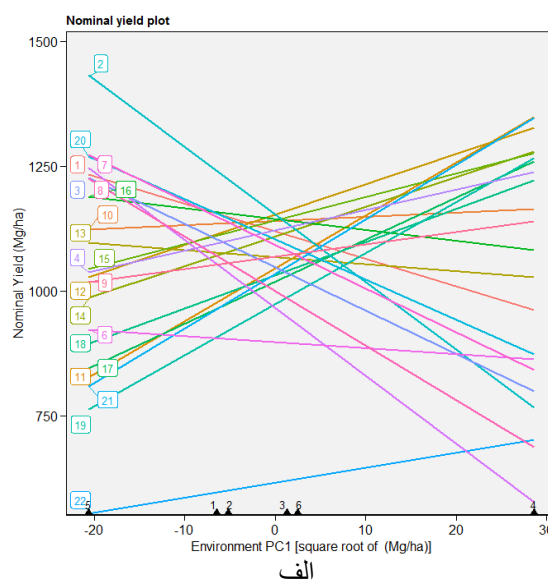
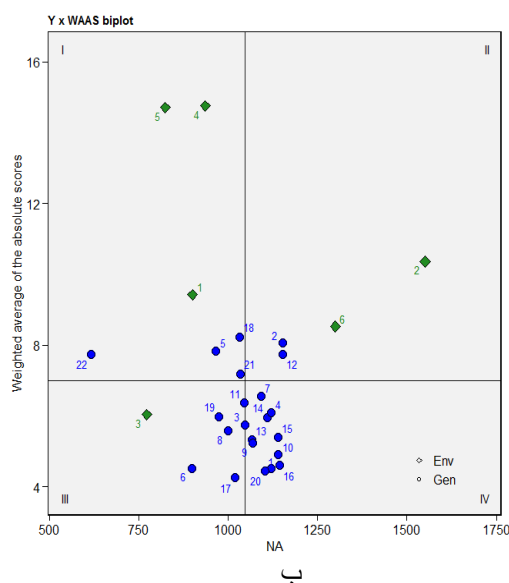
جدول ۲- ارزیابی معنی داری فاکتورها در مدل مخلوط و برآورد اجزای واریانس با روش حداکثر درست نمایی محدود شده برای عملکرد دانه

اماره	آزمون درست نمایی (LRT)	ژنوتیپ در محیط
χ^2 کای اسکوتر	۱۹/۳۱	۴۴/۸۳
P- value	$1/108 \times 10^{-5}$	$2/147 \times 10^{-11}$
	پارامترهای برآورد شده به روش درست نمایی محدود شده REML	اجزای واریانس، برآوردها (%)
واریانس ژنوتیپی	GEN σ^2 g	(۶/۷۵) ۵۹۸۵
واریانس ژنوتیپ در محیط	σ^2 i GEN:ENV	(۳۴/۳۶) ۳۰۴۲۸
واریانس باقیمانده	σ^2 e Residual	(۵۸/۸۸) ۵۲۱۶۲
واریانس فنوتیپی	Phenotypic variance σ^2 P	۸۸۵۸۵
وراثت پذیری عمومی	h^2 g Heritability	۶/۸
ضریب تشخیص اثرهای GEI	GEI r^2 R 2 gei	۰/۳۴۳۶
وراثت پذیری میانگین ژنوتیپی	h^2 mg	۰/۴۲۸۹
دقت انتخاب ژنوتیپ	As	۰/۶۵۴۹
همبستگی بین مقادیر ژنوتیپی در میان محیط ها	rge	۰/۳۶۸۵
ضریب تغییرات ژنوتیپی	CVg (%)	۷/۳۸۶
ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده	CVe (%)	۲۱/۸۱
نرخ ضریب تغییرات ژنوتیپی بر ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده	CVg/CVe ratio	۰/۳۳۸۷
نرخ واریانس ژنوتیپ در محیط بر واریانس ژنوتیپی	σ^2 i/ σ^2 g ratio	۵/۰۸۵

ns، *، **: به ترتیب غیر معنی دار و معنی دار در سطح احتمال پنج و یک درصد
مقادیر داخل پرانتز، درصد واریانس مشاهده شده نسبت به واریانس فنوتیپی است.



شکل ۳- عملکرد دانه پیش بینی شده (بهترین پیش بینی نااریب خطی، BLUP) برای ۲۲ ژنوتیپ عدس. دایره های آبی و قرمز به ترتیب ژنوتیپ هایی را نشان می دهند که دارای BLUP بالاتر و پایین تر از میانگین BLUP بودند. میله های خطی افقی نشانگر فاصله اطمینان ۹۵ درصد از پیش بینی با توجه به آزمون t دو طرفه است.



شکل ۴- دیاگرام های ارزیابی عملکرد دانه ۲۲ ژنوتیپ عدس در ۶ محیط (ترکیب ۲ سال زراعی در ۳ مکان). الف. عملکرد اسمی دانه در برابر نمرات نخستین محور مؤلفه اصلی محیطی برهمکنش (IPCA1)، ب. بای پلات عملکرد دانه در مقابل میانگین وزنی نمرات مطلق

شیب خط (نمره های مؤلفه اصلی اول)، سهم اندکی در برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط داشته و دارای پایداری بیشتری بودند، حال آنکه ژنوتیپ‌های ۲، ۷، ۳، ۸، ۲۰، ۱ و ۲۲ دارای نمره‌های مؤلفه اصلی بالاتری بوده و در محیط‌های مختلف عملکرد متفاوتی داشتند و ناپایدار بودند. بر پایه این نمودار که برآمده از فقط نخستین محور مؤلفه اصلی است، از بین ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا (شکل ۳)، ژنوتیپ‌های ۱۰، ۱۵، و ۱۶ پایدار، اما ژنوتیپ‌های ۲، ۷، ۴، ۱، ۱۴، ۲۰ و ۹ به دلیل شیب خط بالا، ناپایدار بود. بررسی همزمان این نمودار با شکل ۳ (پیش بینی عملکرد با BLUP) نشان می‌دهد که ژنوتیپ‌های ۱۲، ۲، ۱۶، ۱۵، ۱۰، ۴، ۱، ۱۴، ۲۰، ۷، ۲، ۹ و ۱۳ با آنکه میانگین پیش بینی شده مشابه ای داشتند (شکل ۳)، اما الگوی خط آن‌ها (شکل ۴ الف) کاملاً متفاوت بود، دلیل آن این است که قدرمطلق نمره IPCA1 ژنوتیپ‌های مختلف متفاوت بوده، و ژنوتیپ‌هایی که قدر مطلق نمره IPCA1 آنها بیشتر بوده، نشان دهنده ناپایداری آنها بوده است. در تفسیر این نمودار باید با دقت بیشتری عمل کرد، چون

از سوی دیگر، ژنوتیپ‌های ۳، ۱۱، ۲۱، ۱۸، ۱۷، ۸، ۱۹، ۵، ۶ و ۲۲ جای داشتند که عملکرد دانه آنها پایین‌تر از میانگین کل ژنوتیپ‌ها بود. برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها از چندین نمودار بهره گرفته شده است که نتایج آن در پی می‌آید. نمودار اولین مؤلفه اصلی محیط در برابر عملکرد اسمی^۱ که شکل دیگر بای پلات چند ضلعی یا "کدام - برنده - کجا"^۲ است (اولیوتو و همکاران، ۲۰۱۹). یکی از این نمودارها است که در محور X آن، نمره اولین مؤلفه اصلی محیط و در محور Y آن، عملکرد اسمی ژنوتیپ‌ها گنجانده شده است (شکل ۴ الف). در این نمودار، برای هر کدام از ژنوتیپ‌ها یک خط با معادله $Y=a+bx$ نوشته می‌شود که در آن x ، نمره محور مؤلفه اصلی اول (IPCA1) محیطی، a ، میانگین کل هر ژنوتیپ و b ، اولین مؤلفه اصلی (IPCA1) هر ژنوتیپ است (اولیوتو و همکاران، ۲۰۱۹). این معادله‌های خط نشان می‌دهند که ژنوتیپ‌های ۱۳، ۹، ۱۶، ۱۰، ۱۶، ۱۵ و ۶ با توجه به کمترین ضرایب b یا

1 - Nominal Yield
2 - Which-won-where

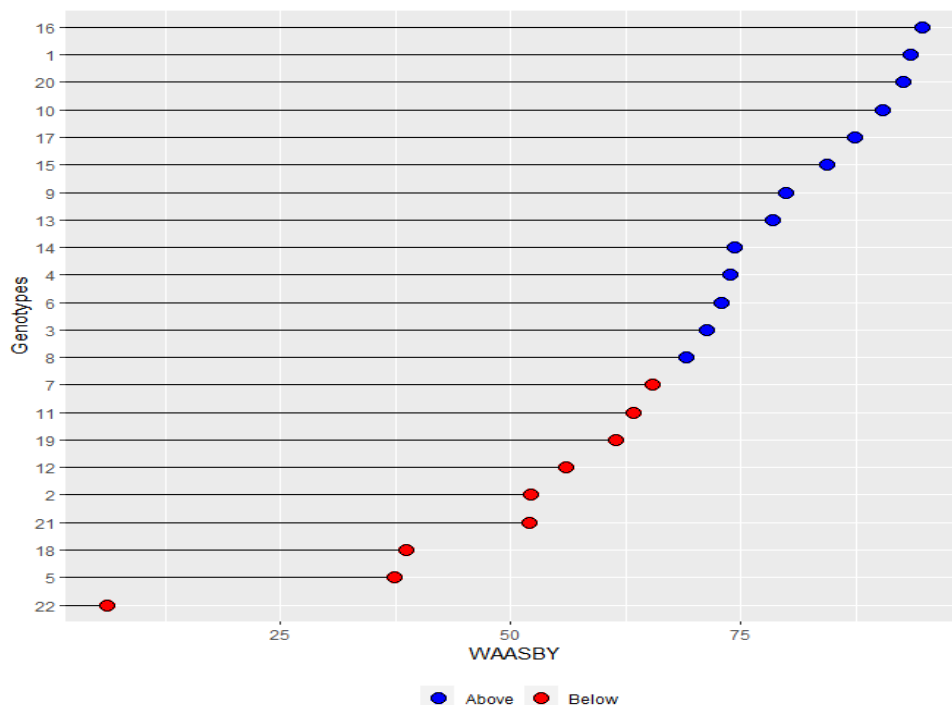
رسم این نمودار بر پایه نخستین مؤلفه اصلی است که فقط ۳۲/۸۴ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ × محیط را در بر می‌گیرد. بنابراین، تجزیه‌های تکمیلی بر اساس مؤلفه‌های دیگر می‌تواند نتایج مطمئن‌تری را در پی داشته باشد. پژوهشگران دیگری نیز از روش بای پلات "کدام - برنده - کجا" برای شناسایی ژنوتیپ‌های با پایداری عمومی و یا سازگار به محیط‌های ویژه در عدس استفاده کرده‌اند (چن و همکاران ۲۰۲۲). برای تفسیر بهتر پایداری از بای پلات نوع سوم استفاده شد که در آن عملکرد دانه در محور افقی و میانگین وزنی نمرات مطلق در محور عمودی جای داده شده است (شکل ۴ ب).

برای بهترین پیش بینی های ناریب خطی از برهمکنش ژنوتیپ ها با محیط (WAASB) یک ژنوتیپ فرضی بسیار پر محصول و کاملاً پایدار با یک دایره سیاه نشان داده شده است. فلش های افقی و عمودی سیاه به ترتیب جهت افزایش عملکرد و پایداری را نشان می دهد (شکل ۴ ب). در چارک اول (ربع I)، ژنوتیپ های ۱۸، ۲۱، ۲۲ به همراه محیط های ۱، ۴ و ۵ جای گرفته اند که با توجه به سهم بالای آن ها در برهمکنش ژنوتیپ × محیط، ژنوتیپ های ناپایدار و دارای عملکرد کمتر از متوسط کل هستند، که برای محیط های ۱، ۴ و ۵ مناسب می باشند (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹). در چارک دوم (ربع II)، ژنوتیپ های ۲ و ۱۲ جای دارند که با وجود داشتن عملکرد بالاتر از میانگین کل، به دلیل مقدار بالای WAASB، ناپایدار هستند. بر اساس نمودار (شکل ۴ الف) که فقط بر اساس نخستین محور مؤلفه اصلی ترسیم شده بود، این دو ژنوتیپ از الگوی متفاوتی پیروی می کردند و ژنوتیپ ۲ ناپایدار، اما ژنوتیپ ۱۲ پایدار بود که ناکارآمدی تفسیر فقط بر پایه نخستین محور مؤلفه اصلی را نشان می دهد. به محیط های واقع در این ناحیه (به ویژه محیط ۲)، به دلیل داشتن مقادیر بالای متغیر پاسخ و همچنین توانایی تشخیص خوب می توانند به صورت ویژه توجه شود. ژنوتیپ های ۳، ۶، ۸، ۱۱، ۱۷ و ۱۹ در چارک سوم (ربع III)، با داشتن عملکرد کمتر از میانگین کل، اما به دلیل مقادیر پایین WAASB (که هرچقدر این شاخص

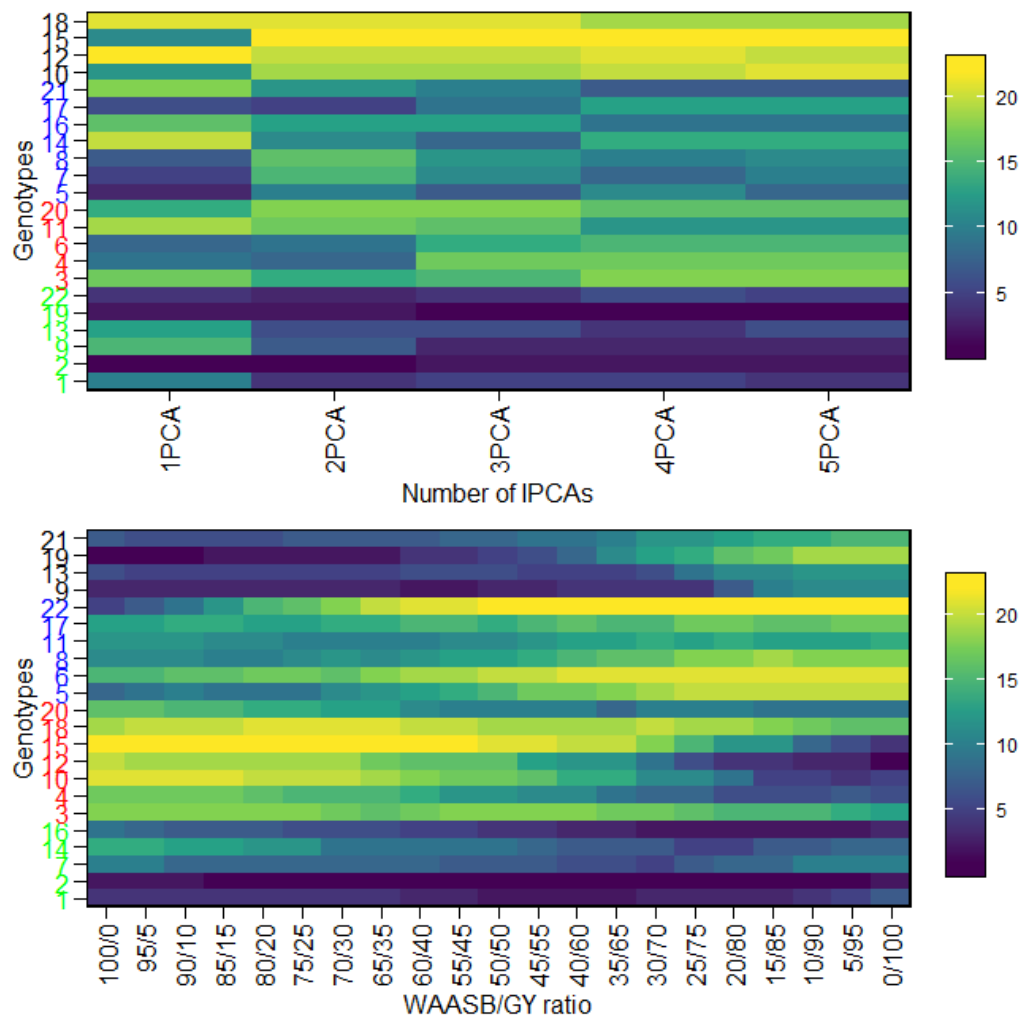
پایین تر باشد، ژنوتیپ پایدار تر خواهد بود)، پایدار بودند. این ژنوتیپ ها نیز در شکل ۴ ب از الگوی متفاوتی برخوردار بودند، به طوری که ژنوتیپ های ۳، ۸، ۱۱، ۱۷ و ۱۹ ناپایدار و ژنوتیپ ۶ پایدار بود. محیط های این ناحیه شامل محیط ۳ با قابلیت تشخیص پایین و دارای عملکردی ضعیف هستند. ژنوتیپ های جای گرفته در چارک چهارم (ربع IV) شامل ژنوتیپ های ۱، ۴، ۷، ۹، ۱۰، ۱۳، ۱۴، ۱۵، ۱۶ و ۲۰ به دلیل بزرگی متغیر پاسخ (داشتن عملکرد بالا) و پایداری بالا (مقادیر پایین WAASB) بسیار پر محصول و پایدار بودند. در شکل ۴ الف نیز ژنوتیپ های ۱۶، ۱۵، ۱۰، ۹ و ۱۳ در مقایسه با ژنوتیپ های دیگر، با دارا بودن شیب خط کمتر از پایداری بیشتری برخوردار بودند و پنج ژنوتیپ دیگر بر پایه شاخص WAASB پایدار بودند. از آنجا که در محاسبه شاخص WAASB، تمامی مؤلفه های اصلی به کار گرفته شده اند، پایداری را به شکل بهتری نشان می دهند و ژنوتیپ های برگزیده با این شاخص از پایداری مطمئن تری برخوردار هستند. از دیگر مزیت های این نمودار این است که با آن تخمین پارامترهای مهم در ژنتیک کمی همچون واریانس های عمومی، برهمکنش ژنوتیپ × محیط، وراثت پذیری عمومی، وراثت پذیری بر اساس میانگین ژنوتیپی و همبستگی های ژنتیکی نیز فراهم می شود (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹). این روش در تعداد محدودی از پژوهش ها به کار گرفته شده است و به نتایج معتبری در شناسایی ژنوتیپ های پایدار انجامیده است (نتاراج و همکاران ۲۰۲۱، یان و همکاران ۲۰۲۲ و سلامی و همکاران ۲۰۲۱). در شکل ۵ شناسایی ژنوتیپ ها با مقادیر WAASBY انجام شده است که نوعی معیار گزینش همزمان مبتنی بر میانگین عملکرد دانه (Y) و شاخص پایداری (WAASB) است و در محاسبه آن وزن های متفاوتی به عملکرد دانه و شاخص WAASB داده شده است. در این نمودار از وزن دهی برابر ۵۰:۵۰ برای هر دو شاخص عملکرد دانه و شاخص پایداری (WAASB) استفاده شد که بیانگر یکسان نگریستن به پایداری و عملکرد دانه ژنوتیپ ها و اهمیت یکسان هر دو شاخص در گزینش یک ژنوتیپ است. بر

پایداری AMMI (ASV) را برای گزینش و توصیه ژنوتیپ‌های پایدار عدس بکار برده اند (برانکوویک - رادوچکیک و همکاران ۲۰۱۸، کریمزاده و همکاران ۲۰۰۸، کریمزاده و همکاران ۲۰۱۰ و کریمزاده و همکاران ۲۰۱۳)، اما اگر سهم این مؤلفه‌ها در برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط پایین باشد، تفسیر نتایج باید با احتیاط انجام گردد، زیرا تنها بخش ساده برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط (GEI) را می‌توان در مؤلفه‌های اصلی نخست مشاهده کرد و ممکن است بخش پیچیده ژنوتیپ در محیط (GEI) در این بای پلات‌ها حذف شده باشد (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹). در چنین مواقعی، بای پلات $WAASB \times GY$ (شکل ۴ ب) یا نمودار $WAASBY$ (شکل ۵) برای شناسایی ژنوتیپ‌های پر محصول و با پایداری گسترده می‌تواند بهتر باشد.

اساس وزن دهی ۵۰:۵۰ ژنوتیپ‌های ۱۶، ۲۰، ۱، ۱۰، ۱۷، ۱۵، ۹، ۱۳، ۱۴، ۴، ۶، ۳ و ۸ با داشتن بیشترین مقدار $WAASBY$ ژنوتیپ‌های پایدار و دارای عملکرد دانه بالا بودند. در شکل ۴ ب، این ژنوتیپ‌ها در چارک‌های سوم (۱۷، ۹، ۶، ۳ و ۸) با عملکرد کمتر از میانگین کل، اما پایدار و چهارم (۱۶، ۱، ۲۰، ۱۰، ۱۵، ۱۳، ۱۴ و ۴ پر محصول و پایدار) جای داشتند. بنابراین به نظر می‌رسد که بسته به وزن دو شاخص پایداری و میانگین عملکرد، می‌توان با مقایسه این دو نمودار به یک ارزیابی فراگیر از پایداری ژنوتیپ‌ها دست یافت. با توجه به پایین بودن نمرات برخی از ژنوتیپ‌ها در دو محور اصلی IPCA اولیه، گزینش یا حذف این ژنوتیپ‌ها بر پایه آماره‌های مبتنی بر دو مؤلفه اصلی اول ممکن است نتایج اشتباهی را در پی داشته باشد، از این رو شاخص $WAASB$ مبتنی بر ماتریس $BLUP$ می‌تواند مفید باشد. بسیاری از پژوهشگران، ارزش



شکل ۵- مقادیر برآورد شده از میانگین وزنی پایداری ($WAASB$) و میانگین عملکرد (Y) ($WAASBY$) برای ۲۲ ژنوتیپ عدس با توجه به وزن در نظر گرفته شده ۵۰ و ۵۰ برای عملکرد دانه و پایداری.



شکل ۶- رتبه های ۲۲ ژنوتیپ عدس با در نظر گرفتن وزن های مختلف برای پایداری و عملکرد

نتیجه رتبه بندی ۵۰:۵۰ همچون شکل ۵ است که در آن به شاخص پایداری (WAASB) و شاخص متغیر وابسته (GY) هر دو وزن ۵۰ داده شده بود. در نخستین ستون سمت چپ، ژنوتیپ های ۲، ۹، ۱۶، ۱۹ و ۱ پایداری هستند و ژنوتیپ های ۱۵، ۱۰، ۳ و ۱۸ کمترین پایداری را دارند. البته از آنجا که در این رتبه بندی هیچ گونه توجهی به عملکرد دانه ژنوتیپ ها نشده است، چنین رتبه بندی نمی تواند از اعتبار بالایی برخوردار باشد. در آخرین ستون سمت چپ هم که رتبه بندی فقط بر اساس عملکرد دانه و بدون توجه به پایداری انجام شده است. ژنوتیپ های ۲، ۱۶ و ۱۲ برترین ژنوتیپ ها از نظر عملکرد دانه بودند و

در شکل ۶ به دو شاخص متغیر وابسته (GY) و پایداری (WAASB) وزن های متفاوتی داده شده است. به طوری که در نخستین ستون سمت چپ این نمودار، رتبه بندی فقط بر اساس شاخص پایداری WAASB انجام شده است و در محور X آن، وزن ۱۰۰ به شاخص پایداری (WAASB) و صفر به شاخص متغیر وابسته (GY) داده شده است. در این نمودار از چپ به راست، در هر ستون به وزن متغیر پاسخ (عملکرد دانه) ۵ درصد افزوده و از وزن شاخص پایداری (WAASB)، ۵ درصد کاسته شده است و در آخرین ستون سمت راست، رتبه بندی ژنوتیپ ها فقط بر اساس عملکرد دانه (با وزن ۱۰۰ درصد) انجام شده است.

ژنوتیپ‌های ۲۲، ۶ و ۵ کمترین عملکرد دانه را داشتند. این نتایج همچون نتایج حاصل از شکل ۳ است. خوشه های سمت چپ این نمودار، برای شناسایی گروه‌های ژنوتیپی با نمود مشابه پایداری و عملکرد به کار برده می شود. خوشه نخست شامل ژنوتیپ های ۲۱، ۱۹، ۱۳ و ۹ کم محصول و پایدار، خوشه دوم، شامل ژنوتیپ های ۱۷، ۱۱، ۸، ۶ و ۵ ژنوتیپ هایی کم محصول و ناپایدار هستند. خوشه سوم شامل ژنوتیپ‌های ۳، ۴، ۱۰، ۱۲، ۱۵، ۱۸ و ۲۰ ژنوتیپ های پر محصول و ناپایدار و خوشه چهار شامل ژنوتیپ های ۱، ۲، ۷، ۱۴ و ۱۶ ژنوتیپ های پر محصول و پایدار بودند که بر اساس شکل ۶ نیز به ترتیب در رتبه های اول تا چهارم گزینش همزمان با پایداری و عملکرد دانه (WAASBY) با وزن برابر برای دو شاخص قرار داشتند.

در این تحقیق پس از بدست آوردن اطمینان از اثر معنی دار برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط با روش های مختلف، تجزیه پایداری عملکرد انجام شد و نتایج آنها با یکدیگر سنجیده شد. پیش از تجزیه های پایداری با نمودار موزاییکی مشاهده شد که نخستین محور مؤلفه اصلی سهم بالایی از تنوع ژنتیکی و محور مؤلفه اصلی دوم سهم بالایی از تنوع ژنوتیپ در محیط را داشتند. کارایی نمودار موزاییکی در این است که سهم هر یک از اجزای ژنوتیپ و ژنوتیپ در محیط را در هر کدام از مؤلفه ها به صورت چشمی نشان می دهد.

تجزیه پایداری به روش تجزیه مقادیر منفرد (SVD)، بر روی ماتریس بهترین پیش بینی های نااریب خطی (BLUP ها) برهمکنش های ژنوتیپ $\times$ محیط (GEI) با یک مدل اثر مخلوط (آمیخته) خطی (LMM) انجام شد. آزمون نسبت درست نمایی (LRT) نشان داد

منابع مورد استفاده

- Abbas G, Asghar MJ, Shahid M, Hussain J, Akram M and Ahmad F. 2019. Yield performance of some lentil genotypes over different environments. *Agrosystems, Geosciences & Environment*, 2(1): 1-3. DOI:10.2134/age2018.10.0051
- Ahmadi K, Ebadzadeh H, Hatami F, Abdshah H and Kazemian H. 2021. Statistics of Agricultural Products (Crops, 2018 -2019). Ministry of Ariculture Jihad. 97 P. (In Persian).

که اثر ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط بر عملکرد دانه معنی دار بود. با توجه به سهم نسبتاً پایین دو مؤلفه اصلی اول در برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط، از شاخص پایداری ژنوتیپی (WAASBY) برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ ها بهره گرفته شد که پتانسیل نمایاندن برآوردهای قابل اطمینان از پایداری را دارد و امکان تفسیر همزمان عملکرد و پایداری را در یک نمودار دو بعدی فراهم می آورد. در مجموع به نظر می رسد که برای یک نتیجه گیری با اطمینان بالا، استفاده از نمودار WAASBY با وزن دهی متغیر از صفر تا ۱۰۰ برای شاخص WAASB و میانگین عملکرد دانه می تواند به نتایج مطمئن تری از تجزیه پایداری با بهره گیری از تجزیه هایی مانند تجزیه عاملی، BLUP و AMMI در شناسایی ژنوتیپ‌های برگزیده بینجامد. با توجه به اینکه از مدل مخلوط (آمیخته) و همچنین تمام مؤلفه ها در محاسبه شاخص WAASBY استفاده شد، به نظر می رسد که این شاخص برتر از سایر شاخص ها باشد. بر اساس این شاخص ژنوتیپ‌های ۱۶، ۱ و ۱۰ پر محصول و پایدار بودند و می توانند نامزد معرفی ارقام جدید باشند.

سپاسگزاری

این مقاله، برگرفته از نتایج پروژه پژوهشی به شماره مصوب ۹۷۱۱۷۵-۹۸-۱۵-۵۹-۰ و با عنوان "بررسی سازگاری و پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های عدس پاییزه در آزمایش‌های یکنواخت سراسر مناطق دیم معتدل" در موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور می باشد.

- Azam MG, Iqba MS, Hossain MA, Hossain MF. 2020. Stability investigation and genotype× environment association in chickpea genotypes utilizing AMMI and GGE biplot model. *Genetics and Molecular Research*, 19(3):1-5.
- Baggar, A., Safi, A., Gaboun, F., Taghouti, M. and Benbrahim, N., 2023. Identification of stable lentil genotypes through genotype by environment interactions on yield potential in Morocco. *Plant Science Today*, 10(1), pp.57-66. doi.org/10.14719/pst.1814
- Branković-Radojčić D, Babić V, Girek Z, Živanović T, Radojčić A, Filipović M, Srdić J. 2018. Evaluation of maize grain yield and yield stability by AMMI analysis. *Genetika*, 50(3):1067-80. doi.org/10.2298/GENSR1803067
- Bermejo C, Cazzola F, Maglia F, Cointry E. 2020. Selection of parents and estimation of genetic parameters using BLUP and molecular methods for lentil (*Lens culinaris Medik.*) breeding program in Argentina. *Experimental Agriculture*, 56(1):12-25. doi.org/10.1017/S0014479719000061
- Chen C, Etemadi F, Franck W, Franck S, Abdelhamid MT, Ahmadi J, Mohammed YA, Lamb P, Miller J, Carr PM, McPhee K. 2022. Evaluation of environment and cultivar impact on lentil protein, starch, mineral nutrients, and yield. *Crop Science*, 62(2):893-905. <https://doi.org/10.1002/csc2.20675>.
- Ersline, W., Muehlbauer, F.J., Sarker, A. and Sharma, B. 2009. Introduction: The lentil Botany, Production and Uses. In *The lentil Botany, Production and Uses* (pp. 1-3). CABI International.
- Gauch HG and Zobel RW. 1997. Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Science*, 37(2): 311-326. doi:10.2135/cropsci1997.0011183X003700020002x
- Jeberson MS, Shashidhar KS, Wani SH, Singh AK and Dar SA. 2019. Identification of stable lentil (*Lens culinaris Medik*) genotypes through GGE biplot and AMMI analysis for North Hill Zone of India. *Environment*, 2(22.7432):11-3716. doi: 10.18805/LR-3901
- Karimizadeh R, Safikhani M, Mohammadi M, Seyyedi F, Mahmoodi A and Rostami B. 2008. Determining rank and stability of lentil in rainfed condition by nonparametric statistics. *Journal of Science and Technology in Agriculture and Natural Resources*, 43(1): 93 -103 (In Persian).
- Karimizadeh R and Mohammadi M. 2010. AMMI adjustment for rainfed lentil yield trials in Iran. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 16(1):66-73.
- Karimizadeh R, Mohammadi M, Sabaghni N, Mahmoodi AA, Roustami B, Seyyedi F, Akbari F. 2013. GGE biplot analysis of yield stability in multi-environment trials of lentil genotypes under rainfed condition. *Notulae Scientia Biologicae*, 5 (2): 256. doi: <https://doi.org/10.15835/nsb529067>
- Karimizadeh R, Pezeshkpour P, Barzali M, Mehraban A and Sharifi P. 2020. Evaluation the mean performance and stability of lentil genotypes by combining features of AMMI and BLUP techniques. *Journal of Crop Breeding*, 12(36):160-170 .(In Persian).
- Karimizadeh R, Pezeshkpour P, Mehraban A, Sharifi P and Barzali M. 2021. Grain yield stability analysis of lentil genotypes by AMMI method indices. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 52(4):197-209.(In Persian). doi:10.22059/ijfcs.2020.310524.654752
- Lin CS and Binns MR. 1988. A method of analyzing cultivar x location x year experiments: a new stability parameter. *Theoretical and Applied Genetics*, 76(3):425-430. doi: 10.1007/BF00265344
- Migliozzi M, Thavarajah D, Thavarajah P. and Smith P. 2015. Lentil and kale: Complementary nutrient-rich whole food sources to combat micronutrient and calorie malnutrition. *Nutrients*, 7(11):9285-9298. doi: 10.3390/nu7115471
- Nataraj V, Bhartiya A, Singh CP, Devi HN, Deshmukh MP, Verghese P, Singh K, Mehtre SP, Kumari V, Maranna S and Kumawat G. 2021. WAASB-based stability analysis and simultaneous selection for grain yield and early maturity in soybean. *Agronomy Journal*, 113(4):3089-3099. doi:10.1002/agj2.20750.

- Olivoto T. 2019. Metan: multi environment trials analysis. R package version 1.1.0. <https://github.com/TiagoOlivoto/metan> (accessed 24 June 2019).
- Olivoto T, Lucio ADC, da Silva JAG, Sari BG and Diel MI. 2019 a. Mean performance and stability in multi -environment trials II: selection based on multiple traits. *Agronomy Journal*, 111(6): 2961 -2969. doi:10.2134/agronj2019.03.0220
- Olivoto T, Lucio ADC, da Silva JAG, Marchioro VS, de Souza VQ and Jost E. 2019 b. Mean performance and stability in multi -environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*, 111(6): 2949 -2960. doi:10.2134/agronj2019.03.0220.
- Olivoto T and Lúcio ADC. 2020. metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution*, 11(6):783-789.
- Pezeshkpour P, Karimizadeh R, Mirzaei A, Barzali M. 2021. Analysis of Yield Stability of lentil Genotypes using AMMI Method. *Journal of Crop Breeding*, 10; 13(37):132-45. (In Persian)
- Sarker A, Erskine W, Singh M. 2003. Regression models for lentil seed and straw yields in Near East. *Agricultural and forest meteorology*, 116(1-2):61-72. doi:10.1016/S0168-1923(02)00247-2
- Sellami MH, Pulvento C, Lavini A. 2021. Selection of suitable genotypes of lentil (*Lens culinaris* Medik.) under rainfed conditions in south Italy using multi-trait stability index (MTSI). *Agronomy*, 11(9):1807. doi.org/10.3390/agronomy11091807
- Smith AB, Cullis BR, Thompson R. 2005. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. *The Journal of Agricultural Science*, 143(6):449-62.
- Sharifi P. 2020. Application of Multivariate Analysis Methods in Agricultural Sciences. Rasht branch, Islamic Azad University Press. 288 P. (In Persian).
- Sellami MH, Pulvento C, Lavini A. 2021. Selection of suitable genotypes of lentil (*Lens culinaris* Medik.) under rainfed conditions in south Italy using multi-trait stability index (MTSI). *Agronomy*, 11(9):1807. doi.org/10.3390/agronomy11091807.
- Smith AB, Cullis BR, Thompson R. 2005. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. *The Journal of Agricultural Science*, 143(6):449-62.
- Shobeiri S, Sadeghzadeh Ahari D, Pezeshkpour P, Azimi M. Stability analysis of Lentil genotypes by GGE biplot. *Journal of Crop Breeding*, 13(40):1-10. (In persian).
- Subedi M, Khazaei H, Arganosa G, Etukudo E, Vandenberg A. 2021. Genetic stability and genotype× environment interaction analysis for seed protein content and protein yield of lentil. *Crop Science*, 61(1):342-56.
- Tadesse T, Tekalign A, Asmare B. 2021. Identification of Stable Lentil Genotypes Using AMMI Analysis for the Highlands of Bale, Southeastern Ethiopia. *Chemical and Biomolecular Engineering*, 19;6(4):74. doi: 10.11648/j.cbe.20210604.12.
- Tekalign A, Sibiya J, Derera J, Fikre A. 2017. Analysis of genotype× environment interaction and stability for grain yield and chocolate spot (*'Botrytis fabae'*) disease resistance in faba bean (*'Vicia faba'*). *Australian journal of crop science*, 11(10): 1228 -1235. doi: 10.21475/ajcs.17.11.10.pne413.
- Tinker NA, Yan W. 2006. Information systems for crop performance data. *Canadian journal of plant science*, 86(3):647-62. doi:10.4141/P05-171
- Vineeth TV, Prasad I, Chinchmalatpure AR, Lokeshkumar BM, Kumar S, Ravikiran KT, Sharma PC. 2022. Weighted average absolute scores of BLUPs (WAASB) based selection of stable Asiatic cotton genotypes for the salt affected Vertisols of India. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 82(01):104-8. doi: 10.31742/IJGPB.82.1.15
- Wright, K. and J.L. Laffont. 2018. Package 'gge'. <https://github.com/kwstat/gge/issues>

- Yan W, Hunt LA, Sheng Q, Szlavics Z.2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science* 40(3):597-605. doi.org/10.2135/cropsci2000.403597x.
- Yan W, Tinker NA.2006. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian journal of Plant Science*, 86(3):623-45. doi.org/10.4141/P05-169.
- Yue H, Gauch HG, Wei J, Xie J, Chen S, Peng H, Bu J, Jiang X.2022. Genotype by Environment Interaction Analysis for Grain Yield and Yield Components of Summer Maize Hybrids across the Huanghuaihai Region in China. *Agriculture*, 12(5):602. doi.org/10.3390/agriculture12050602.
- Zaccardelli, M.; Sonnante, G.; Lupo, F.; Branca, F.; de Falco, E. 2010. Leguminose minori (cece, lenticchia, cicerchia, fava); Consiglio per Ricerca Sperimentazione Agricoltura: Rome, Italy, 73 P.