



بررسی پایداری عملکرد ۲۸ ژنوتیپ گندم نان در مناطق گرمسیری ایران با استفاده از دو مدل AMMI و GGE

فصلنامه بوم‌شناسی گیاهان زراعی

جلد ۱۷، شماره ۲، صفحات ۲۹-۱۳

(تابستان ۱۴۰۰)

مهران خاکی^۱، مهدی چنگیزی^{۱*}، محسن اسماعیل زاده مقدم^۲، شهاب خاقانی^۱، مسعود گماریان^۱

۱- گروه اصلاح نباتات، واحد اراک، دانشگاه آزاد اسلامی، اراک، ایران.

۲- موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.

(نویسنده مسئول): mchangizi47@gmail.com

شناسه مقاله

نوع مقاله: پژوهشی

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۰۴/۱۵

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۱/۲۳

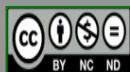
واژه‌های کلیدی

- ❖ اصلاح نباتات
- ❖ تجزیه گرافیکی
- ❖ تجزیه و تحلیل
- ❖ چند متغیره

چکیده

اثر متقابل ژنوتیپ و محیط یکی از مهم ترین مباحث و چالش‌های پژوهشگران اصلاح نباتات می‌باشد. این پژوهش برای بررسی پایداری عملکرد بیست و هشت ژنوتیپ گندم نان (*Triticum aestivum*)، در شش مکان مختلف و در دو سال متوالی (۹۴-۹۵ و ۹۵-۹۶)، انجام شد. این آزمایش به صورت طرح بلوک کامل تصادفی با چهار تکرار انجام شد. بر اساس نتایج تجزیه واریانس مرکب، اثرات متقابل دو جانبه ژنوتیپ × سال و سال × مکان و اثرات سه جانبه ژنوتیپ × سال × مکان در سطح یک درصد، معنی دار گردید. تجزیه پایداری عملکرد با استفاده از روش‌های پارامتری چند متغیره (AMMI و GGE biplot) انجام گردید. اثر اصلی ژنوتیپ و محیط در نتایج تجزیه AMMI در سطح یک درصد معنی دار شدند. از دو مولفه اصلی PC1 و PC2 برای رسم بای پلات استفاده گردید. بر اساس پارامترهای تجزیه پایداری مدل AMMI، ژنوتیپ‌های ۲۷، ۱۶، ۲۵ و ۶ به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار انتخاب شدند. بر اساس نتایج تجزیه گرافیکی، اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با استفاده از GGE biplot ژنوتیپ‌های ۱۸، ۱۷، ۱۴، ۱۵ و ۲۰ به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار معرفی شدند که مکان زابل متفاوت از مکان‌های دیگر نشان داده شده‌اند.

این مقاله با دسترسی آزاد تحت شرایط و قوانین The Creative Commons of BY-NC-ND انتشار یافته است.



10.22034/AEJ.2022.697203

مقدمه

گونه‌های گیاهی با تنوع آلی، ممکن است به محیط‌های مختلف، پاسخ‌های متفاوتی بدهند، زیرا عکس‌العمل ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف، متفاوت است. لذا تهیه ارقام خاص منطقه که سازگاری و عملکرد مطلوبی داشته باشد، ضروری است. بنابراین با شناسایی سازگاری و ثبات عملکرد و اجزای عملکرد در ژنوتیپ‌های گندم، می‌توان به تولید و شناسایی گونه‌های با عملکرد بالا و مناسب، اقدام نمود. تولید ارقام پرمحصول با سازگاری، هدف اصلی تولید گیاهان است. یکی از عواملی که باعث کندی در برنامه‌های اصلاحی و حتی عدم موفقیت در معرفی ژنوتیپ‌ها می‌شود و گاهی باعث می‌شود که اصلاح‌گر ارقام بیشتری برای مناطق معرفی نماید وجود اثر متقابل ژنوتیپ در محیط ($G \times E$) است (Gauch and Zobel, 1997).

روش‌های مختلفی برای تجزیه پایداری ارائه شده و در کل روش‌های تجزیه پایداری به دو روش پارامتریک و روش‌های ناپارامتریک تقسیم می‌شوند، روش‌های پارامتریک نیز به دو دسته روش‌های تک متغیره و روش‌های چند متغیره تقسیم می‌شوند تا ماهیت اثر متقابل ژن بر محیط و کنترل آنها را تخمین بزند (Kaya et al., 2006). دو تحلیل آماری که اغلب مورد استفاده قرار می‌گیرند، روش‌های چند متغیره به روش تجزیه اثر اصلی افزایشی و اثر متقابل ضریب‌پذیر (AMMI) و بایپلات (GGE) است (Gauch, 2006). پارامتر پایداری مدل AMMI، IPCA1 (اولین مولفه اصلی اثر متقابل)، IPCA2 (دومین مولفه اصلی اثر متقابل)، SIPCA (مجموع قدر مطلق مقادیر مولفه‌های اصلی معنی‌دار اثر متقابل ژنوتیپ در محیط)، ASV (ارزش پایداری AMMI)، Di (شاخص پایداری AMMI) و YSi (شاخص پایداری عملکرد) است. وجود اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط، نشان از بزرگ بودن قدر مطلق مقادیر معیاره‌های مربوطه و کوچک بودن، از عدم وجود اثر متقابل است (Purchase, 1997). با روش AMMI بهترین مدل برای تجزیه داده‌ها را می‌توان شناسایی نمود در ضمن برآورد عملکرد با دقت بیشتری صورت می‌گیرد. با کاهش تعداد تکرار می‌توان تیمارهای بیشتری را وارد آزمایش و بازده انتخاب را بیشتر نمود. از آنجایی که در آزمایش‌های تحقیقاتی معمولاً تیمارها بیشتر و تکرارهای کمتری را به کار می‌برند، اهمیت روش AMMI بیشتر می‌شود. این مزیت در اصلاح نباتات در دوره‌هایی از ذرت که در طرح‌های آنها از تعداد کمتری تکرار استفاده می‌شود، اهمیت دارد. مزیتی که روش AMMI دارد (Yan and Tinker, 2006). درک بیشتری از اثرات متقابل به‌وسیله مولفه‌های ضرب‌پذیر از طریق رسم بایپلات می‌تواند داشته باشند. روش GGE بایپلات چند متغیره که مبنای تجزیه به مولفه‌های اصلی می‌باشد، در سطح گسترده در اشکال گوناگون در بررسی اثر متقابل ژنوتیپ در محیط بکار می‌رود. GGE biplot به‌طور همزمان اثر ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ در محیط را همزمان بررسی می‌کند، محیط عامل غیر کنترل است بنابراین در روش GGE biplot از تغییرات ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ در محیط ($G \times E$) استفاده تا نتایج قابل قبولی بدست آورند. روش GGE biplot این امکان را می‌دهد که این دو اثر همزمان و به‌صورت ترسیمی بررسی شود. مفهوم GGE، ترکیبی از G و $G \times E$ می‌باشد که بایپلات نامیده می‌شود، در واقع بایپلات اثر اصلی ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ در محیط‌های مختلف را نشان می‌دهد، خصوصیات GGE biplot یک ابزار قوی و جامعی در ژنتیک کمی و اصلاح نباتات می‌باشد (Shukla, 1972). در کلیه آزمایشات یکساله و دو ساله، داده حاصل از چند محیط و یک سال (MET)، مقدار E نسبت به G و GE غالب است، لذا برای ارزیابی ارقام باید از محیط حذف شود، تنها G و GE در ارزیابی ارقام به‌طور همزمان در گزینش لحاظ شوند، تا نتیجه معنی‌داری در انتخاب صورت گیرد. تجزیه و تحلیل آماری داده‌ها بر بخش مفید داده‌های G و GE متمرکز می‌شود. در تجزیه و تحلیل پایداری، یک ارتباط معنی‌داری بین مقادیر پایداری ASV، شوکلا، وریک (Wi) و ابره‌ارت و راسل (S2d) و لین و بینز (Pi) دریافتند، اما فینلی و ویلکینسون (b) و لین و بینز (Pi) ارتباط کمتری را با هر یک از

این روش‌ها نشان دادند. استفاده از روش AMMI و GGE biplot برای مقایسات مربوط به سازگاری و پایداری امری مهم است، همچنین، مقایسه و معرفی برترین ژنوتیپ‌های گندم برای هر منطقه را تسهیل می‌کند (Yan and Kang, 2003). در آزمایشی که در نواحی شرقی کانادا به مدت سه سال روی یولاف انجام شد، نتایج GGE biplot بیانگر تعیین سه محیط کلان در این منطقه بود که به شش محیط کوچک تقسیم شد و ژنوتیپ‌های مربوط به هر محیط کوچک، مشخص و یک استراتژی بهینه‌سازی برای ارقام سازگار یولاف ارائه شد. هدف تحقیق در تعیین محیط‌های بزرگ، هم در AMMI و GGE مطلوب می‌باشد و تاکنون نتایج مقایسات، نتایج مشابه را نشان داده است. همانطور که انتظار می‌رفت برای تجزیه و تحلیل MET بسیار موثر است. در سال‌های اخیر، این روش اغلب توسط نمایش الگوی which-won-where داده‌هایی که ممکن است منجر به شناسایی ارقام با بازده و پایداری بالا در محیط‌های آزمایشی مفید هستند، می‌باشند. هدف از این پژوهش، بررسی اثر متقابل $G \times E$ با استفاده از تجزیه و تحلیل دو نمودار AMMI و GGE برای عملکرد دانه بوته گندم است که از پیوند (تلاقی) دو آلی به منظور شناسایی هیبریدهای پایدار در محیط‌های مختلف، بدست می‌آید.

مواد و روش‌ها

این آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در چهار تکرار، با استفاده از ۲۸ ژنوتیپ گندم، ۲۶ لاین با ۲ شاهد چمران ۱ و چمران ۲ (جدول ۱)، در طی سال‌های ۹۴-۹۵ و ۹۵-۹۶ در مزرعه تحقیقاتی اهواز، داراب، دزفول، ایرانشهر، زابل و خرم‌آباد انجام گردید. در ارزیابی صفات، عملکرد دانه (گرم در مترمربع) به‌طور تصادفی از کف هر کرت ۵ بوته برداشته و پس از جدا سازی، دانه‌ها توزین و به عنوان داده‌های آزمایشی برای تجزیه آماری مورد استفاده قرار گرفت. در عملکرد بیولوژیکی (گرم در مترمربع) وزن کل بوته برداشت شده در هر کرت را به عنوان عملکرد بیولوژیکی محاسبه می‌کنند. عملکرد کاه از کم کردن عملکرد بیولوژیکی از عملکرد دانه حاصل می‌شود. برای بدست آوردن وزن هزار دانه، به تعداد ۲۵۰ عدد بذر به‌طور تصادفی از داخل توده بذر مورد آزمایش برداشت و توزین می‌شود. در اندازه‌گیری ارتفاع، از هر کرت پنج بوته به‌طور تصادفی انتخاب، و ارتفاع هر بوته از کف زمین تا نوک سنبله، اندازه‌گیری می‌شود. تعداد دانه در سنبله در هر کرت در ردیف‌های برداشت شده از بوته‌های انتخابی شمارش می‌شود. برای اندازه‌گیری طول پدانکل از ۵ بوته انتخابی فاصله میان قاعده سنبله تا اولین میان‌گره، به عنوان طول پدانکل محاسبه می‌شود. پس از یادداشت برداری، محاسبات آماری مقدماتی شامل آزمون بارتلت به منظور بررسی یکنواختی واریانس اشتباهات آزمایشی و تجزیه واریانس مرکب برای تعیین اثرات اصلی (سال، مکان و ژنوتیپ) اثرات متقابل دو جانبه (سال \times مکان، ژنوتیپ \times مکان) و اثرات متقابل سه جانبه (ژنوتیپ \times سال \times مکان) روی داده‌ها انجام گرفت. عملکرد دانه و اجزای آن از جمله عملکرد کاه، دانه در سنبله، عملکرد بیولوژیکی، وزن هزار دانه، ارتفاع بوته، طول سنبله و طول ریشه مورد بررسی قرار گرفت. جهت بررسی سازگاری و پایداری از روش‌های تجزیه پایداری (چندمتغیره) استفاده گردید. تعیین پایداری ژنوتیپ‌ها بر اساس مدل AMMI و رسم گراف‌های مربوط به آن، انجام گرفت. از نرم افزارهای Excell به منظور انجام محاسبات ساده‌تر روی داده‌ها و نقل و انتقال داده‌ها، استفاده گردید. تجزیه و تحلیل داده‌ها نیز با نرم‌افزارهای SAS-9.1.3 و Genestat.8 انجام گردید.

مدل AMMI و GGE

روش AMMI در واقع ترکیبی از مدل تجزیه واریانس (ANOVA)، که یک مدل جمع پذیری می گویند، انحراف از ژنوتیپ مربوطه را در محیط برآورد می کند و تجزیه به مولفه های اصلی (PCA)، است که یک مدل ضرب پذیر می گویند، هر ژنوتیپ و محیط، یک نمره برآورد می شود و حاصل ضرب این عملکرد آن ژنوتیپ در آن محیط، برآورد می شود (Hayward *et al.*, 1993). برای محاسبه پایداری پارامتری چندمتغیره از روش AMMI و تجزیه GGE biplot استفاده گردید. تجزیه AMMI و GGE biplot در شش محیط در طول دو سال انجام گرفت (Gauch *et al.*, 2008). مدل جمع پذیر عبارتند از:

$$Y_{ger} = \mu + \delta_g + \beta_e + \theta_{ge} + \varepsilon_{ger}$$

که در آن μ میانگین آزمایش، δ_g ژنوتیپ، β_e محیط، θ_{ge} باقیمانده است. مدل ضرب پذیر عبارتند از:

$$Y_{ger} = \mu + \sum \lambda_n \xi_{gn} \eta_{en} + \rho_{ge} + \varepsilon_{ger}$$

که در آن λ_n میزان همبستگی بین مقادیر مولفه های ژنوتیپ و محیط ξ_{gn} بردار ویژه ژنوتیپ برای محور n ام، η_{en} بردار ویژه برای محیط است. استفاده از AMMI در آزمایشات ناحیه ای عملکرد در سال ۱۹۸۸ توسط زوبل و همکاران (Zobel *et al.*, 1988) و کوچ (Gauch and Zobel, 1988) ارائه گردید، مدل آن به این صورت است (Gauch, 1992):

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum \lambda_n \gamma_{gn} \delta_{en} + \varepsilon_{ger}$$

که در آن Y_{ger} عملکرد ژنوتیپ، α_g اثرات اصلی ژنوتیپ، λ_n مقدار برای مولفه اصلی n ام، μ میانگین آزمایش، β_e اثرات اصلی محیط، γ_{gn} بردار ژنوتیپ برای محور n ام، δ_{en} بردار محیط برای محور n ام، p_{ge} مقدار باقیمانده، ε_{ger} خطا.

پارامتر پایداری مدل AMMI، IPCA1 (اولین مولفه اصلی اثر متقابل)، IPCA2 (دومین مولفه اصلی اثر متقابل) مجموع قدر مطلق مقادیر مولفه های اصلی معنی دار اثر متقابل ژنوتیپ در محیط SIPCA، ارزش پایداری AMMI، ASV، وجود اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط نشان از بزرگ بودن قدر مطلق مقادیر معیاره های مربوطه و کوچک بودن از عدم وجود اثر متقابل است. پورچاز (1997)، فرمولی را برای محاسبه مقدار پایداری AMMI به صورت زیر ارائه داد (Purchase, 1997):

ارزش پایداری AMMI

$$ASV = \sqrt{\left[\frac{SSIPCA1}{SSIPCA2} IPCA1 \right]^2 + IPCA2}$$

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس مرکب، اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه نشان نداد، اما اثرات اصلی (سال، مکان و ژنوتیپ) اثرات متقابل دو جانبه (سال × مکان، ژنوتیپ × مکان) و اثرات متقابل سه جانبه (ژنوتیپ × سال × مکان) معنی‌دار بودند (جدول ۲). بنابراین برای کسب اطلاع بیشتر از وضعیت پایداری عملکرد ژنوتیپ‌ها تجزیه پایداری انجام گرفت، نتایج مشابهی مبنی بر معنی‌دار شدن اثر متقابل ژنوتیپ × سال، ژنوتیپ × مکان که در لاین‌های امید بخش گندم دروم گزارش گردیده است (Adugna and Labuschagne, 2002). نتایج تجزیه واریانس با مدل AMMI در جدول ۳، نشان از اختلاف معنی‌دار برای ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ در محیط را نشان می‌دهد، که ژنوتیپ ۱/۱، محیط ۹۲/۵۶ و اثر متقابل ژنوتیپ در محیط ۶/۳ درصد از مجموع مربعات کل را تشکیل می‌دهند. ۹۲ درصد مجموع مربعات کل مربوط به محیط است که نشان از تفاوت زیاد بین محیط است. نظر به اینکه این آزمایش در محیط‌های مختلف انجام گرفته، بنابراین تخصیص عمده تغییرات به واریانس محیط‌ها، قابل توجیه است. کم بودن سهم ژنوتیپ‌ها در توجیه تغییرات موجود، می‌تواند به این دلیل باشد که در برنامه‌های اصلاحی گندم، ژنوتیپ‌های پایدار و برتر از لحاظ عملکرد، انتخاب می‌شوند و بنابراین این اثر ژنوتیپ، نقش کمی در توجیه تغییرات دارد که با نتایج برخی از پژوهشگران، مطابقت داشت (Rose et al., 2008). روش‌های وجود دو مولفه اول معنی‌دار بهترین حالت برای بررسی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط است که به این منظور تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ و محیط، تجزیه به مولفه‌های اصلی روی ماتریس باقیمانده صورت گرفت که دو مولفه اول معنی‌دار شدند. اولین مولفه، ۳۴/۸۱۱ و دومین مولفه، ۲۶/۲۸ درصد از مجموع مربعات اثر متقابل را به خود اختصاص می‌دهند. در مجموع مدل AMMI، ۶۱/۱ درصد از تغییرات اثر متقابل را توجیه نمود که این نشان از برازش خوب مدل را نشان می‌دهد و نتایج قابل اطمینانی را ایجاد می‌نمایند. پایدارترین ژنوتیپ‌ها بر اساس پارامتر ASV که بر اساس دو مولفه اول در مدل AMMI و مجموع مربعات آنها محاسبه می‌شود، همبستگی معنی‌داری بین شوکلا، ریگ (Wi) و ابره‌ارت و راسل (S2d) دارد (Adugna and Labuschagne, 2002). بر این اساس، پایدارترین ژنوتیپ‌ها ۲۵ و ۲۷ و ژنوتیپ‌های ۳ و ۱۰ به‌عنوان ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها، انتخاب شدند.

نتایج تجزیه و تحلیل AMMI

بایپلات بر اساس مولفه‌های اول و دوم مدل AMMI

در شکل ۱، محیط‌ها در انتهای بردارها قرار دارند، اعداد ۱ الی ۲۸ معرف ژنوتیپ‌ها هستند. شکل ۱ بایپلات بر اساس دو مولفه اول و دوم مدل AMMI را نشان می‌دهد. ژنوتیپ‌هایی که دارای تصویر کوچک روی بردار محیطی می‌باشند، انحراف کمتر از میانگین را نشان می‌دهند (Yan et al., 2007). از مهم‌ترین کاربردهای روش AMMI می‌توان به سازگاری خصوصی ژنوتیپ‌ها و معرفی یک یا چند ژنوتیپ برای یک یا چند منطقه اشاره کرد. ژنوتیپ‌هایی که در مرکز بایپلات قرار گرفته‌اند، اثر متقابل کوچک و پایداری عمومی دارند (ژنوتیپ‌های ۱۹، ۱۴، ۲۷، ۱۵، ۱۶)، ژنوتیپ‌های ۲۵، ۲۶، ۲۰، سازگاری خصوصی با محیط دزفول دارند، ژنوتیپ‌های ۱۷ و ۱۵ سازگاری خصوصی با محیط ابرانشهر دارند، ژنوتیپ‌های ۷، ۱۰، ۲، ۲۲ سازگاری خصوصی با خرم‌آباد دارند. با استفاده از روش AMMI در مطالعات می‌توان ژنوتیپ‌های پایدار را تعیین و اظهار داشت که روش‌های فوق می‌تواند در تعیین ژنوتیپ‌های حائز سازگاری عمومی و خصوصی برای مکان‌های مختلف، مورد استفاده قرار گیرد.

بایپلات مدل AMMI بر اساس میانگین عملکرد

بایپلات رسم شده در شکل ۲، که ژنوتیپ و محیط‌ها روی آن ترسیم شده است، با استفاده از بایپلات می‌توان شکل مطلوبی از ژنوتیپ‌ها نسبت به محیط را ارزیابی نمود، روابط بین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها قابل مشاهده است، بر این اساس می‌توان ژنوتیپ‌ها را برای

مناطق خاصی معرفی نمود، بایپلات مدل AMMI برای ۲۸ ژنوتیپ گندم نان که در شکل ۲، نشان داده شده است حروف G به عنوان ژنوتیپ‌ها و محیط‌های خرم آباد، اهواز، داراب، دزفول، ابرانشهر، زابل نشان داده شده است، محور افقی میانگین عملکرد و محور عمودی اثرات متقابل برای ژنوتیپ‌ها و محیط است. ژنوتیپ‌های ۶، ۲۵، ۱۶، ۲۷ دارای مقادیر نزدیک به صفر (محور افقی) هستند. در واقع ژنوتیپ‌ها و محیط‌هایی که دارای مقادیر نزدیک باشند، پایداری عمومی بیشتری دارند. بنابراین با داشتن میانگین عملکرد بالاتر، به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار نشان داده می‌شود، ژنوتیپ‌های ۴، ۱۲ و ۱۹ با بیشترین اثر متقابل و کمترین میانگین عملکرد، ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها نشان داده شده‌اند.

مدل which-win where

در شکل ۳، ژنوتیپ‌هایی که بیشترین فاصله را با مرکز بایپلات دارند، به وسیله خطوطی به هم متصل شده‌اند و یک چند ضلعی را تشکیل داده‌اند. ژنوتیپ‌های ۲۴، ۲۰، ۱۸، ۱۳، ۱، ۲۸، ۲۲ بیشترین فاصله را از مرکز بایپلات داشته، بنابراین روی چند ضلعی قرار گرفته‌اند، در زمره واکنش پذیرترین ارقام قرار داشته و دارای بیشترین و یا کمترین عملکرد در یک یا چندین محیط هستند. ارقامی که در مرکز بایپلات هستند، واکنش پذیری کمتری دارند و در همه محیط‌ها، رتبه یکسانی دارند و بنابراین به محیط واکنش نشان نمی‌دهند (Gauch and Zobel, 1977; Yan, 2001). خطی از مرکز بایپلات در چند ضلعی عبور می‌کند که این چند ضلعی به بخش‌هایی تقسیم می‌شوند. در هر یک از این بخش‌ها، محیط‌هایی قرار می‌گیرد. محیط‌هایی که در یک قسمت قرار می‌گیرند، مشابه هستند. این محیط‌ها همبستگی زیادی با همدیگر دارند، در این بایپلات به یکدیگر نزدیکتر هستند بنابراین در یک محیط کلان قرار می‌گیرند. در اینجا مکان یک، محیط‌های ابرانشهر، داراب، اهواز در یک قسمت قرار دارند که نشان دهنده شرایط یکسانی هستند در مکان دوم دزفول، در مکان سوم زابل و در مکان چهارم خرم آباد قرار دارند. در هر محیط ژنوتیپ‌هایی که در رأس قرار دارند، ژنوتیپ‌هایی هستند که بیشترین و یا کمترین عملکرد در یک محیط را دارند. مکان یک، ژنوتیپ‌های شماره ۲۴ بیشترین عملکرد را دارد، در مکان دو، برترین ژنوتیپ شماره ۱۸ می‌باشد، ژنوتیپ شماره ۲۲ برای مکان سوم مناسب است و ژنوتیپ شماره ۲ برای مکان چهارم می‌باشد. ژنوتیپ‌های شماره ۵، ۲۳، ۱۱ اگرچه ژنوتیپ‌هایی در رأس و برتر مطرح هستند اما در هیچ یک از محیط‌ها، عملکرد خوبی ندارند. ژنوتیپ‌هایی که در مرکز بایپلات قرار می‌گیرند، واکنش پذیری کمتری داشته و پایدارترند.

در جنوب شرقی اتیوپی، پژوهشی روی ۱۸ ژنوتیپ جو در ۱۱ محیط با استفاده از روش بایپلات انجام گرفته که محیط‌ها به دو محیط بزرگ که هر کدام شامل چند زیر محیط بود، تقسیم شدند و برای هر محیط بزرگ، یک ژنوتیپ مناسب تعیین شد (Jalata et al., 2011). از روش بایپلات، برای تعیین پایداری محصولات دیگر مثل سویا (Zhang et al., 2005)، کلزا (Javidfar et al., 2011)، جو (Dehghani et al., 2006)، عدس (Sabaghnia et al., 2008) و گلرنک (Jamshidmoghaddam and Pourdad, 2013) استفاده شده است. استفاده از روش AMMI و GGE biplot برای مقایسات مربوط به سازگاری و پایداری امری مهم است (Hagos and Abay, 2013). استفاده از GGE biplot، مقایسه و معرفی برترین ژنوتیپ‌های گندم برای هر منطقه را تسهیل می‌کند. در آزمایشی که در نواحی شرقی کانادا به مدت سه سال روی یولاف انجام شد، نتایج GGE biplot بیانگر تعیین سه محیط کلان در این منطقه بود که به شش محیط کوچک تقسیم شد و ژنوتیپ‌های مربوط به هر محیط کوچک، مشخص و یک استراتژی به‌نژادی برای ارقام سازگار یولاف ارائه شد (Yan et al., 2010).

پایداری و عملکرد ژنوتیپ‌ها

با ترسیم مختصات محیط متوسط (AFC) در بایبلات، میانگین و پایداری ژنوتیپ‌ها را می‌توان نشان داد. یک محور متوسط با استفاده از PC_1 و PC_2 تعیین می‌شود. در شکل ۵ محیط متوسط با یک دایره کوچک بایبلات نشان داده شده است. هر کدام از محیط به وسیله خطی به مرکز بایبلات وصل می‌شود، طول هر کدام از خطوط تمایز محیط‌ها و نشان‌دهنده پایداری محیط‌ها است. محیطی که طول خط مربوطه آنها کوچکتر باشد، پایداری بیشتری است بنابراین محیط‌هایی که طول خط مربوطه آنها بزرگتر است، پایداری کمتری دارند (Yan, 2001). با توجه به شکل ۵، محیطی که طول محور آن نسبت به طول محور بقیه محیط‌ها در حد وسط باشد، محیط متوسط می‌گویند. در شکل ۴، خطی از محور متوسط عبور می‌کند که همان محور متوسط یا AEC گویند. در شکل ۴، خطی از وسط بایبلات عمود بر محور AFC عبور می‌کند که در واقع برآوردی از اثر متقابل ژنوتیپ و محیط است (GE). پیکانی که در انتهای محور AFC قرار دارد جهت افزایش عملکرد را نشان می‌دهد. در واقع اگر به سمت پیکان برویم پایداری کاهش می‌یابد، بنابراین محیط‌هایی که طول خط مربوطه آنها بزرگتر است، پایداری کمتری دارند. در شکل ۴، تصویر ژنوتیپ‌هایی که روی محور AFC کوتاه‌ترند، پایداری بیشتری دارند. بر اساس ژنوتیپ‌ها، ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۱۹، ۱۷، ۱۵، ۲۷، ۱۶، ۲۱، ۱۴، ۳، ۲۰ می‌باشند، اما ژنوتیپی مدنظر پژوهشگران است که همزمان پایداری بالا و عملکرد بالایی داشته باشند. در آزمایشی ۱۰ ژنوتیپ گندم نان در پنج منطقه Tigrar مورد ارزیابی قرار گرفت، عملکرد این ارقام با استفاده از روش GGE biplot مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت (Hagos and Abay, 2013). در آزمایشی اثر متقابل ژنوتیپ در محیط برای عملکرد ۲۵ ژنوتیپ گندم دوروم در ۱۹ محیط با استفاده از GGE biplot مورد ارزیابی قرار گرفت (Mohammadi et al., 2012).

در شکل ۶، بررسی هم‌زمان پایداری و عملکرد امکان‌پذیر است. ژنوتیپ‌های ایده‌آل بر اساس فاصله از ژنوتیپ‌ها، قابل رتبه‌بندی است. ژنوتیپی ایده‌آل است که پایداری و عملکرد بالایی داشته باشد. در این مدل، ژنوتیپ ایده‌آل روی محور AEC و در مرکز دوایر متحدالمرکز قرار دارد. رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها در جدول ۶ آمده که بیشترین رتبه مربوط به ژنوتیپ‌های ۲۰، ۱۵، ۱۷، ۱۴، ۱۸ می‌باشد.

رتبه محیط‌ها بر اساس تمایز و نماینده محیط‌ها

توانایی تمایز محیط‌ها یکی از ارزیابی محیط‌های ایده‌آل است، تمایز اگر در دو محیط نباشد، هیچ‌گونه اطلاعاتی درباره ارقام در اختیار محقق قرار نمی‌دهد. از ویژگی بایبلات، برآورد انحراف استاندارد درون هر محیط با طول برداری محیطی است. این معیار برای توانایی و تمایز محیط می‌باشد و هرچه طول بردارها بیشتر باشد، قدرت تمایز آن محیط بیشتر خواهد بود (Yan and Tinker, 2006). به عبارت دیگر، طول بردارهای محیطی متناسب با انحراف استاندارد ژنوتیپ‌ها در محیط‌ها است (Yan et al., 2007). هرچه طول بردارهای محیطی بیشتر باشد، محیط مربوطه از تغییر پذیری بیشتری برای عملکرد دانه برخوردار می‌باشد. بر اساس شکل ۷ محیط‌های داراب، دزفول، خرم‌آباد و ایرانشهر قدرت تمایز بیشتری نسبت به دو محیط دیگر نشان می‌دهند. از معیارهای مهم در ارزیابی محیط‌ها، آزمون نماینده بودن آنهاست، که نماینده‌ای یا نمونه‌ای از محیط اصلی باشد، اگر یک محیط نماینده محیط نباشد، بی‌فایده و اطلاعات گمراه‌کننده‌ای در مورد ارقام در اختیار محقق قرار می‌دهد. در بایبلات یک محیط، به عنوان معیار متوسط در نظر گرفته و هرچه محیط‌ها به این محیط نزدیک نشان دهند، نماینده بودن آن بیشتر خواهد بود. خط AEC که از مرکز بایبلات و محیط متوسط می‌گذرد و زاویه هر بردار با محور AEC معیاری برای شناسایی محیط نمونه است. محیط‌های خرم‌آباد، داراب، دزفول و ایرانشهر کمترین زاویه با محور AEC داشته و در نتیجه بیشتر نماینده محیط متوسط است. اما محیطی مناسب است که دو معیار متمایز کننده و نمایانگر محیط هدف بودن را همزمان داشته باشد. تفکیک و تمایز یک محیط در نشان دادن حداکثر تنوع بین ژنوتیپ‌ها است ولی نماینده بودن این

موضوع را بیان می‌کند که آن محیط به عنوان نماینده محیط‌های دیگر می‌تواند باشد. در شکل ۷، چون ژنوتیپ‌ها مطرح نیستند، با نقاط توخالی نشان داده شده‌اند. نوک پیکان که مرکز دوائر متحدالمرکز است، محیط ایده‌آل را نشان می‌دهد به عنوان متمایز کننده‌ترین و نمایانگرترین محیط در بین همه محیط‌ها تعریف می‌شود. بنابراین، مطلوبیت محیط‌ها به ترتیب، داراب، دزفول، خرم آباد، ایرانشهر، زابل و اهواز خواهد بود که در بین محیط‌ها، داراب متمایز کننده‌ترین و نمایانگرترین محیط می‌باشد.

نتیجه‌گیری کلی

نتایج تجزیه واریانس نشان داد که اختلاف معنی‌داری میان ژنوتیپ‌ها، محیط و اثر متقابل وجود دارد. که نشان‌دهنده عکس‌العمل متفاوت ژنوتیپ‌ها در مکان و سال‌های مختلف است. بر اساس پارامترهای تجزیه پایداری مدل AMMI، ژنوتیپ‌های ۱۶، ۲۵، ۶، ۲۷ به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار، انتخاب شدند. بر اساس نتایج GGE biplot ژنوتیپ‌های ۱۸، ۱۷، ۱۴، ۱۵، ۲۰ به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار، معرفی شدند. روش AMMI و GGE بایپلات به سادگی قابل تفسیر است و اطلاعات بیشتری می‌توان بدست آورد، که با افزایش تعداد مکان‌ها، دقت آزمایشات بیشتر می‌شود. پیشنهاد می‌گردد در مورد بعضی از ژنوتیپ‌هایی که عملکرد و پایداری خوبی در محیط‌های متفاوت دارند، مطالعات ژنتیکی گسترده‌ای انجام گیرد و از آنها در برنامه اصلاحی استفاده گردد.

References

- Adugna W, Labuschagne M.T. Genotype×environment interactions and phenotypic stability analyses of linseed in Ethiopia. *Plant Breeding*. **2002**, 121: 66-71.
- Aghaee Sarbarze M, Dastfal M, Farzadi H, Andarzian B, Shahbazpour Shahbazi A, Bahari M, Rostami H. Evaluation of durum wheat genotype for yield and yield stability in warm and dry area of Iran. *Seed and Plant Improvement Journal*. **2012**, 28-1 (2): 315-325.
- Dehghani H, Ebadi A, Yousefi A. Biplot analysis of genotype environment interaction for barley yield in Iran. *Agronomy Journal*. **2006**, 98: 388-393.
- Gauch H.G. and Zobel R.W. Predictive and postdictive success of statistical analyses of yield trials. *Theor. Appl. Genet*. **1988**, 76: 1-10.
- Gauch H.G. Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs. *Elsevier, Amsterdam, Netherlands*. **1992**.
- Gauch H.G. and Zobel R.W. AMMI analysis of yield trials. In Genotype-by-environment interaction. *CRC Press, Boca Raton, Florida*. **1996**, 85-122.
- Gauch H.G. and Zobel R.W. Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop. Sci*. **1997**, 37: 311-326.
- Gauch H.G. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop. Sci*. **2006**, 46: 1488-1500.
- Gauch H.G, Piepho H.P, Annicchiarico P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: Further considerations. *Crop. Sci*. **2008**, 48:866-889.
- Hayward M, Bosemard D, Romagosa L. Plant breeding. *London: Chapman and Hall. UK*. **1993**.
- Hagos H, Abay F. AMMI and GGE biplot analysis of bread wheat genotypes in the northern part of Ethiopia. *Journal Plant Breed. Genetics*. **2013**, 01: 12-18.
- Jamshidmoghaddam M, Pourdad S.S. Evaluation of seed yield adaptability of spring safflower genotypes using nonparametric parameters and GGE biplot method in rainfed conditions. *Seed and Plant Improvement Journal*. **2013**, 29-1 (1): 45-64.
- Javidfar F, Alizadeh B, Amirioghan H, Sabbagnia N. A study of genotype by environment interaction in oilseed rape genotypes, using GGE biplot method. *Iranian Journal of Field Crop Science*. **2011**, 41: 771-779.
- Jalata Z. GGE-biplot analysis of multi-environment yield trials of barley (*Hordeum vulgare*) genotypes in Southeastern Ethiopia highlands. *International Journal of Plant Breeding and Genetics*. **2011**, 5:59-75.
- Kaya Y, Aksura M, Taner S. CGE-biplot analysis of multienvironment yield trials in bread wheat. Bahari Dağdaş *International Agricultural Research Institute, Turk. J. Agric. For*. **2006**, 30: 325-337.
- Mohammadi R, Armion M, Zadhanan E, Ahmadi M, Sadeghzadeh Ahari D. Genotype × environment interaction for grain yield of rainfed durum wheat using the GGE biplot model. *Seed and Plant Improvement Journal*. **2012**, 28-1 (3): 503-518.
- Purchase J.L. Parametric analysis to described G x E interaction and yield stability in winter yield. *Ph.D Thesis. Department of Agronomy, Faculty of Agriculture, University of Orange Free State, Bloemfontein, South Africa*. **1997**, 4-83.
- Purchase J.L, Hatting H, Van Deventer C.S. Genotype × environment interaction of winter wheat (*T.aestivum*) in South Africa: Stability analysis of yield performance. *S. Afr. J. Plant. Soil*. **2000**, 17(3):101-107.
- Rose I.V.L.W, Das M.K, Taliaferro C.M. A comparison of dry matter yields stability assessment methods for small numbers of genotypes of Bermuda grass. *Euphytica*. **2008**, 164:19-25.
- Shukla G.K. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity*. **1972**, 29: 237-245.
- Sabaghnia N, Dehghani H, Sabaghpour S.H. Graphic analysis of genotype × environment interaction for lentil (*Lens culinaris* Medik) yield in Iran. *Agronomy Journal*. **2008**, 100: 760-764
- Yan W. GGE Biplot- A windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. *Agron. J*. **2001**, 93:1111-1118.
- Yan W. and Kang M.S. GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. *CRC Press, Boca Raton, Florida*. **2003**.
- Yan W. and Tinker N.A. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*. **2006**, 86: 623-645.

- Yan W, Kang M.S, Ma B, Woods S, Cornelius P.L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Science*. **2007**, 47:641-653.
- Yan W, Fregeau-Reid J.A, Pageau D, Martin R.A, Mitchell Fetch J.W, Etienne M, Rowsell J, Scott P, Price M, De Haan B, Cumiskey A, Lajeunesse J, Durand J, Sparry E. Identifying essential test locations for oat breeding in Eastern Canada. *Crop Science*. **2010**, 50: 504-515.
- Zhang M, Kang M.S, Reese J.R.P.F, Bhardwaj H.L. Soybean cultivar evaluation via GGE. Subplot analysis. *Journal of New Seeds*. **2005**, 7 (4): 37-50.
- Zobel R.W, Wright M.J, Gauch H.G. Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*. **1988**, 80: 388-393.

Evaluation of yield stability of 28 bread wheat genotypes in tropical regions of Iran by using two models, AMMI and GGE



Agroecology Journal

Vol. 17, No. 2 (13-29)
(Summer 2021)

Mehran Khaki¹, Mahdi Changizi^{✉1}, Mohsen Esmailzadeh Mogadam², Shahab Khaghani¹, Masoud Gomariyan¹

1- Department of Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Islamic Azad University, Arak Branch, Iran.

2- Agriculture and Natural Resources Research and Education Center, Karaj, Iran.

✉ mchangizi47@gmail.com (Corresponding author)

Received date: 05.07.2020

Accepted date: 12.04.2021

Abstract

Interaction of genotype and environment is one of the most important topics and challenges of plant breeding for researchers. This research was performed on twenty-eight bread wheat (*Triticum aestivum*) genotypes in six different environments in two consecutive years for investigation of performance stability in 2015-2016 and 2016-2017. The experiment was conducted as a randomized complete block design with four replications. Performance and stability analysis has performed by using multivariate parametric methods (AMMI and GGE biplot). The main effect of genotype and environment on the results of AMMI analysis was significant at the 1% level. The main components of PC1 and PC2 have used for biplot. Based on parameters of AMMI model stability analysis, genotypes 25, 16, 6 and 27 were selected as stable genotypes. Based on the results of graphical analysis of genotype interactions \times environment using GGE-biplot, genotypes 18, 17, 14, 15 and 20 was selected as stable genotypes, where the location of Zabul has been shown to be different from the other sites.

Keywords

- ❖ Analyze
- ❖ Graphic analysis
- ❖ Multivariate
- ❖ Plant breeding

This open-access article is distributed under the terms of the Creative Commons-BY-NC-ND which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.



10.22034/AEJ.2022.697203



جدول ۱- فهرست ژنوتیپ های مورد مطالعه

Table 1. List of studied genotypes

Genotype no	Times New Roman (Headings Cs)
1	Chamran 1
2	Pishtaz/7/T.Aest/5/Ti/4/La/3/Fr/Kad//Gb/6/F13471/Crow"
3	Pishtaz/7/T.Aest/5/Ti/4/La/3/Fr/Kad//Gb/6/F13471/Crow"
4	Pishtaz/7/T.Aest/5/Ti/4/La/3/Fr/Kad//Gb/6/F13471/Crow"
5	Pishtaz/7/T.Aest/5/Ti/4/La/3/Fr/Kad//Gb/6/F13471/Crow"
6	Pishtaz/7/T.Aest/5/Ti/4/La/3/Fr/Kad//Gb/6/F13471/Crow"
7	Ti/4/La/3/Fr/Kad//Gb/6/F13471/Crow"Spn/Mcd//Cama/3/Nzr/4/Passarinho/5/Yaco/2*Parus/7/ T.Aest/5/
8	ATTILA/3/Vee/Nac//1-66-22/4/Flt/Tjn//Kavkaz
9	Hahn"S"/Mjl/Lira/3/2*Rsh/4/Yaco/2*Parus/5/Hahn"S"/ /Mjl/Lira/3/2*Rsh
10	KAUZ/LUCO-M//PVN/STAR/3/Yaco/2*Parus/4/Pishtaz
11	KAUZ/LUCO-M//PVN/STAR/3/Yaco/2*Parus/4/Pishtaz
12	IRENA/BABAX//PASTOR/4/Lfn/I158.57//Pr/3/Hahn/?
13	KA/NAC/4/STAR Bow"s"/Vee"s"/1-60-3/5/F60314.76/MRL//CNO79/3/
14	QUAIU/5/FRET2*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ
15	QUAIU
16	KACHU//WBLL1*2/BRAMBLING
17	BECARD #1/4/KIRITATI/3/2*SERI.1B*2//KAUZ*3/BOW
18	BECARD/FRNCLN
19	PFAU/SERI.1B//AMAD/3/WAXWING*2/4/TECUE #1
20	FRET2*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ*2/5/BOW/ URES//2*WEAVER/3/CROC

ادامه جدول ۱-۱

21	WBLL1*2/CHAPIO*2//MURGA
22	SAUAL/WHEAR//SAUAL
23	MUNAL #1/FRANCOLIN #1
24	FRNCLN/ROLF07
25	WBLL1*2/BRAMBLING/5/BABAX/LR42//BABAX*2/4/ SNI/TRAP#1/3/ KAUZ*2/TRAP//KAUZ
26	ATTILA*2/PBW65*2/4/BOW/NKT//CBRD/3/CBRD
27	BECARD/AKURI
28	Chamran2

جدول ۲- تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه در شش محیط در دو سال

Table 2. Analysis of combined variance of grain yield in six environments under two years

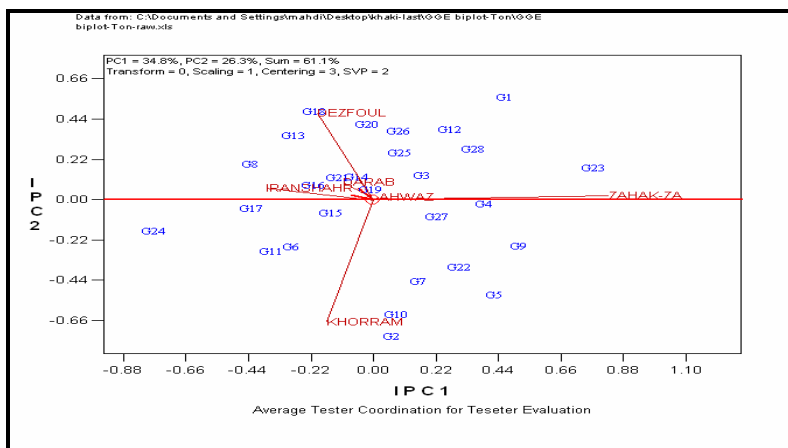
S.O.V	d.f	M.S
Year (Y)	1	14802903.6 **
Location (L)	5	195748717.6 **
Y×L	5	23839192.4 **
R (LY)	36	1733766.8
Genotype	37	428800.4 ns
G×L	135	496852 *
G×Y	27	351082.5 *
Y×L×G	135	513849.4 **
Error	972	191573

جدول ۳- تجزیه واریانس AMMI برای ۲۸ ژنوتیپ مورد مطالعه در گندم نان در شش محیط در دو سال

Table 3. Analysis of variance of AMMI for twenty-eight studied genotypes in bread wheat in six environments in two years

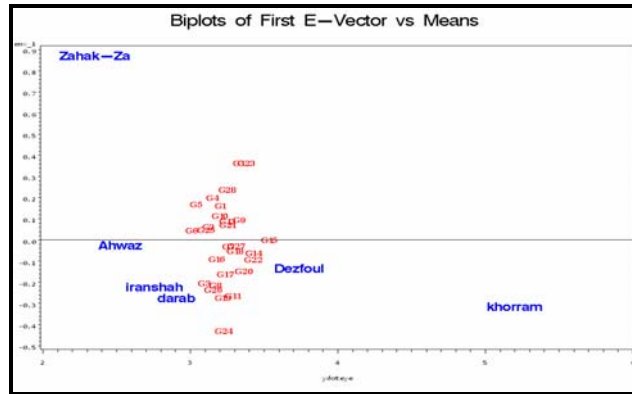
S.O.V	d.f	SS	MS	TSS
Treatment	167	69.528**	3.165	
Genotype	27	778.578**	2143.21	11
Environment	5	489371**	97874	92.56
Block	3	1.987	0.6623	
G×E	135	3353 **	24.84	63
IPCA1	31	11765	376.6	34.8119
IPCA2	29	881.45 **	30.39	26.2826
IPCA3	27	725.9 **	26.88	21.6466
IPCA4	25	342.7 **	13.70	10.2195
IPCA5	23	236**	10.26	7.0395
Residual	20	0	0	
Error	501	57.14	57.14	

ns، ** و * به ترتیب غیر معنی دار، معنی دار در سطح ۱ و ۵ درصد

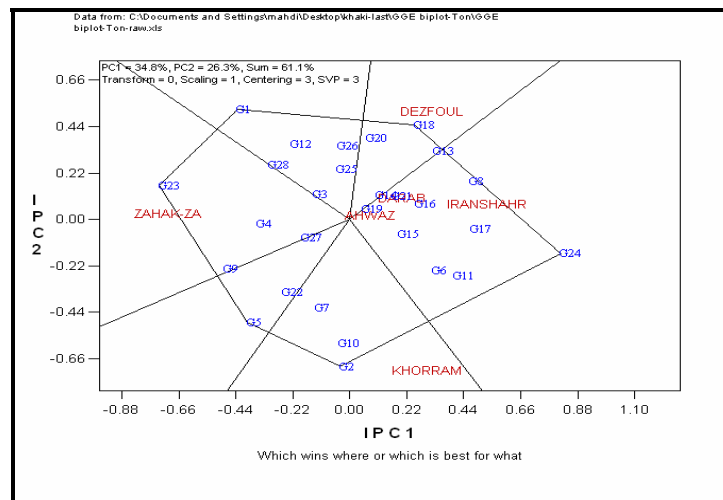


شکل ۱- بایلات بر اساس مقادیر مولفه‌های اصلی اول و دوم ژنوتیپ و محیط (AMMI)

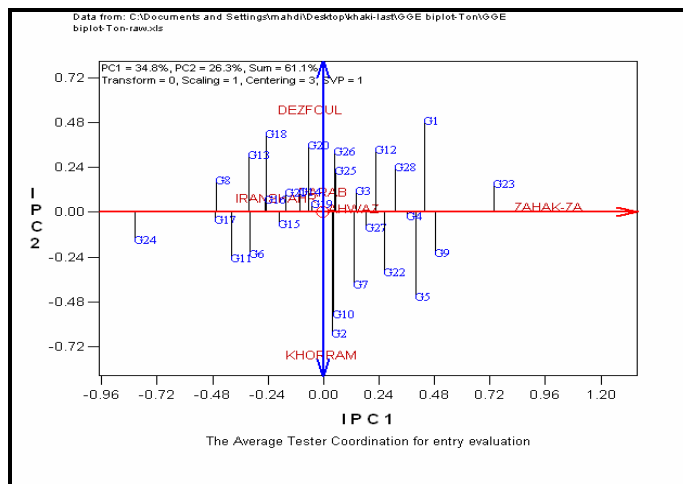
Figure 1. Biplot based on the values of the first and second major components of genotype and environment (AMMI)



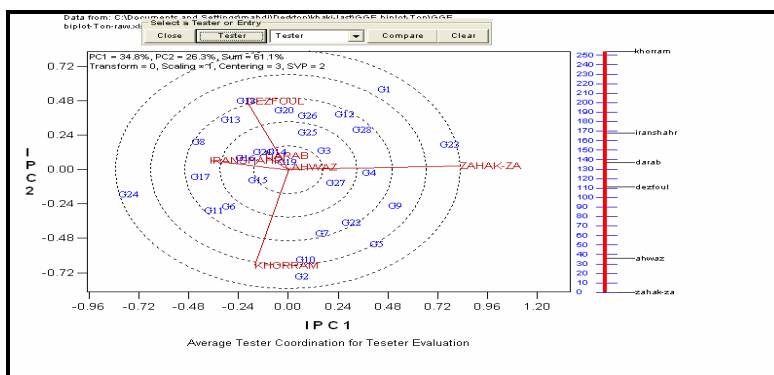
شکل ۲- نمودار بای پلات مدل AMMI میانگین عملکرد و محیط در ۲۸ ژنوتیپ گندم نان
 Figure 2. AMMI model biplot diagram of average yield and environment in 28 bread wheat genotypes



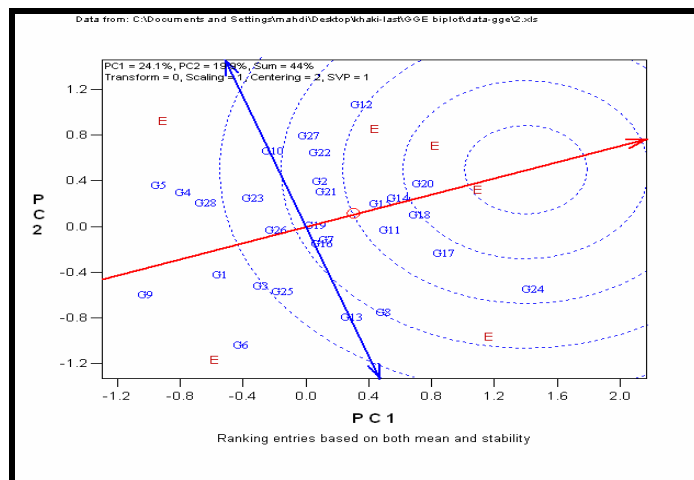
شکل ۳- مدل "کدام ژنوتیپ برای کجا" برای ۲۸ ژنوتیپ مورد مطالعه در گندم نان
 Figure 3. "Which genotype for where" model for the 28 genotypes studied in bread wheat



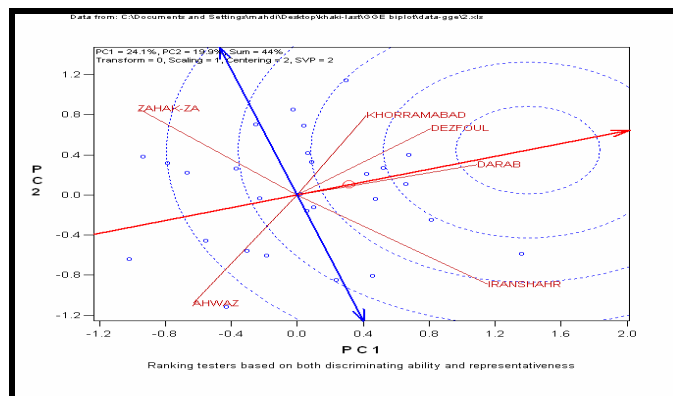
شکل ۴- مدل بررسی پایداری و عملکرد ژنوتیپ‌ها
Figure 4. Model stability and performance of genotypes



شکل ۵- روابط بین شش محیط (خرم‌آباد، ایرانشهر، زابل، اهواز، داراب، دزفول)
Figure 5. Relationships between six environments (Khorramabad, Iranshahr, Zabol, Ahvaz, Darab, Dezful)



شکل ۶- رتبه بندی ۲۸ ژنوتیپ گندم نان بر اساس رقم ایده آل
 Figure 6. Ranking of 28 bread wheat genotypes based on ideal cultivar



شکل ۷- رتبه بندی محیطها از لحاظ قدرت تمایز و نمایندگی بر اساس محیط ایده آل

Figure 7. Ranking environments in terms of power of differentiation and representation based on the ideal environment