

مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در ژنوتیپ‌های کلزا به روش GGE بای پلات

فرزاد جاویدفر^۱، بهرام علیزاده^{۲*}، حسن امیری اوغان^۳ و ناصر صباغ‌نیا^۴
۱، ۲، ۳، محققان موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج
۴، دانشجوی دکتری اصلاح نباتات، دانشگاه تربیت مدرس تهران
(تاریخ دریافت: ۸۷/۷/۲۷ - تاریخ تصویب: ۸۹/۴/۳۰)

چکیده

ارزیابی ژنوتیپ‌ها و شناسایی محیط‌های بزرگ از اهداف مهم آزمایشات ناحیه‌ای عملکرد می‌باشند. اگرچه عملکرد اندازه‌گیری شده ترکیب اثرات ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط است، ولی فقط اثر ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در ارزیابی ژنوتیپ‌ها و شناسایی محیط‌های بزرگ دخالت دارند. روش GGE بای پلات با بررسی توام اثر ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در آزمایشات ناحیه‌ای عملکرد، شناسایی محیط‌های بزرگ را تسهیل می‌کند. در این مطالعه، از روش GGE بای پلات برای تجزیه آزمایشات ناحیه‌ای کلزای زمستانه (*Brassica napus* L.) استفاده شد. دو مولفه اصلی اول مدل رگرسیون مکانی، ۶۵ درصد از کل تغییرات مشاهده شده را توجیه نمودند. نمودار چندضلعی بای پلات نشان داد که شش ژنوتیپ برتر و سه محیط بزرگ بر اساس مدل رگرسیون مکانی وجود دارد. بر اساس بای پلات ژنوتیپ ایده‌آل، ژنوتیپ DP.94.8 بر اساس هر دو مقوله پایداری و میانگین عملکرد، بهتر از سایر ژنوتیپ‌ها در تمامی محیط‌های مورد مطالعه بود و سازگاری عمومی بالایی داشت. بررسی عملکرد نسبی ژنوتیپ‌ها در محیط کرج نشان داد که ژنوتیپ SLM046 بیشترین عملکرد را در این محیط دارا می‌باشد. بر اساس منابع تغییر ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، ژنوتیپ‌های Olara، Consul، و SLM046 ژنوتیپ‌های مناسب و برتر با سازگاری خصوصی برای هر کدام از محیط‌های بزرگ تحت کشت کلزا در ایران بودند. بر اساس نتایج این تحقیق، ژنوتیپ‌های Olara و Consul به ترتیب برای مناطق اراک و شهرکرد و ژنوتیپ SLM046 برای مناطق اصفهان، اسلام‌آباد، سنندج، زرقان، زنجان، کرج و همدان پیشنهاد می‌شوند.

واژه‌های کلیدی: آزمایشات ناحیه‌ای عملکرد، سازگاری عمومی، کلزای زمستانه، عملکرد.

مقدمه

نخل روغنی مکان سوم را در جهان دارا می‌باشد. تولید ارقام دو صفر کلزا که مقدار اسید اروسیک آن در روغن کمتر از دو درصد و میزان گلوکوزینولات آن در کنجاله کمتر از ۳۰ میکرومول در هر گرم ماده خشک کنجاله

کلزا (*Brassica napus* L.) یکی از مهمترین گیاهان خانواده براسیکاسه می‌باشد. دانه کلزا حاوی بیش از ۴۰ درصد روغن است و در بین گیاهان روغنی بعد از سویا و

با استفاده از ویژگی‌های نمودار بای پلات (Gabriel, 1971) و روش چند متغیره تجزیه به مولفه‌های اصلی، روش نوین GGE بای پلات معرفی شد (Yan et al., 2000). این روش برخلاف مرسوم‌ترین روش چند متغیره تجزیه پایداری که تنها اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط را مدنظر قرار می‌دهد، از اثرات اصلی ژنوتیپ نیز استفاده می‌کند. پژوهش‌های متعدد نشان داده است که در بیشتر آزمایش‌های تجزیه پایداری اثر اصلی محیط زیاد است، در حالی که تغییرات توجیه‌شده به وسیله اثر اصلی ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط که قابل توصیه و تفسیر می‌باشند، کم است. از آنجائی که محیط عاملی نیست که بتوان آن را کنترل کرد، از این رو در روش GGE بای پلات از منابع تغییرات ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط استفاده می‌شود تا بتوان نتایج قابل اعتمادی را به دست آورد (Yan et al., 2000; Yan et al., 2007).

مدل رگرسیون مکانی (SREG) براساس اثر متقابل ژنوتیپ و محیط و همچنین اثر اصلی ژنوتیپ استوار است با توجه به اینکه در آزمایشات ناحیه‌ای عملکرد محیط بیشترین منبع ایجاد تغییرات بوده و از طرفی غیرقابل کنترل می‌باشد (Yan et al., 2000) و از طرفی مدل AMMI فقط از اثر متقابل ژنوتیپ و محیط برای تفسیر پایداری استفاده می‌کند بنظر می‌رسد که استفاده از دو منبع اثر ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ و محیط نتایج بهتر و موثری در بر داشته باشد. روش رگرسیون مکانی با توجه به کاربرد اثر ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و وجود نرم‌افزار GGEbiplot، که استفاده از آن را آسان نموده است، تاکنون توسط محققین زیادی استفاده شده است (Samonte et al., 2005; Dehghani et al., 2006; Kaya et al., 2006; Sabaghnia et al., 2008). این محققین تأکید کرده‌اند که مدل رگرسیون مکانی در آزمایشات ناحیه‌ای عملکرد محیط بیشترین کارایی را در توجیه تغییرات داشته و استفاده از آن نتایج بهتر و موثری در برداشته است.

از کاربردهای مهم روش GGE بای پلات، تعیین محیط‌های بزرگ^۱ برای محصولات مختلف زراعی است

بود، موجب شد که سطح زیر کشت و تولید کلزا در دنیا به طور چشم گیری افزایش یابد (Rajcan et al., 1999). ویژگی های خاص گیاه کلزا و سازگاری آن با شرایط آب و هوایی اکثر نقاط کشور سبب شده است که توسعه کشت این گیاه به عنوان نقطه امیدی جهت تامین روغن خام مورد نیاز کشور و رهایی از وابستگی به شمار رود.

اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای پژوهشگران علوم اصلاح نباتات دارای اهمیت ویژه‌ای بوده و یکی از مسایل پیچیده برنامه‌های به‌نژادی برای تهیه ژنوتیپ پرمحصول و پایدار به شمار می‌رود (Cornelius & Crossa, 1999; Gauch, 2006; Yan et al., 2007). وجود اثر متقابل ژنوتیپ × محیط باعث کاهش بازده روش‌های اصلاحی شده و از سودمندی وسعت کشت ژنوتیپ‌های اصلاح شده را کاهش می‌دهد به طوری که محققین را وادار می‌سازد تا برای مکان‌های مختلف، ژنوتیپ‌های متفاوتی را اصلاح نمایند (Becker & Leon, 1988; Crossa et al., 1990). آگاهی از ماهیت اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به به‌نژادگران کمک می‌نماید تا بتوانند ژنوتیپ‌ها را با دقت بیشتری ارزیابی کرده و ژنوتیپ‌های برتر از نظر پایداری و عملکرد بالا را انتخاب نمایند (Lin et al., 1986; Gauch, 1988; Cornelius & Crossa, 1999; Roy, 2000).

روش‌های گوناگونی برای بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و تعیین ژنوتیپ‌های پایدار ارائه شده است (Becker & Leon, 1988; Flores et al., 1998) که شامل روش‌های تک متغیره، چند متغیره و ناپارامتری می‌باشند (Karimizadeh et al., 2006; Dehghanpour et al., 2007). اگر چه محاسبه و استفاده از روش‌های تک متغیره پارامتری و ناپارامتری آسان است ولی این روش‌ها نمی‌توانند ماهیت پیچیده و چند بعدی اثر متقابل را به خوبی تفسیر نمایند. از این رو استفاده از روش‌های چند متغیره برای رفع این مشکل پیشنهاد شده است (Gauch, 1988; Zobel, 1988; Moreno-Gonzalez et al., 2004). معیار استفاده از انواع روش‌های تجزیه پایداری به نوع طرح آزمایشی، گیاه، نظر محقق، محیط آزمایش و سایر شرایط بستگی دارد (Fattahi & Yossefi, 2006).

برای مولفه اصلی PC_1 , $l=1,2$ و برای بای‌پلات دوبعدی، η_{ij} بردار ویژه محیط Z برای PC_1 و ε_{ij} باقیمانده مدل است. به عبارت دیگر این روش نوعی تجزیه به مولفه‌های اصلی برای مجموع اثر اصلی ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ و محیط است که در آن از راهبرد تجزیه به مقادیر منفرد استفاده می‌شود. داده‌های منتج از ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها به صورت یک ماتریس دوطرفه مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفته، مقادیر ویژه و بردارهای ویژه ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها استخراج می‌شوند.

برای مقیاس‌بندی متقارن^۲ بردارهای ویژه ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها از روابط زیر استفاده شد:

$$\xi_{il}^* = \lambda_l^{1/2} \xi_{il} = (\lambda_l \xi_{ik}) \lambda_l^{1/2}$$

$$\eta_{jl}^* = \lambda_l^{1/2} \eta_{jl} = \eta_{jl} \lambda_l^{1/2}$$

مقدار منفرد برای یک مولفه اصلی برابر ریشه دوم مجموع مربعات توجیه شده توسط آن مولفه اصلی است. بنابراین ریشه دوم مقادیر منفرد برای مولفه اصلی k ام بر اساس رابطه زیر به دست آمد:

$$\lambda_l^{1/2} = (x_l n)^{1/4}$$

در این رابطه، x_l مقدار منفرد برای مولفه اصلی l ام و n تعداد ژنوتیپ است.

پس از مقیاس‌بندی متقارن بردارهای ویژه ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها، مقادیر مورد نیاز برای رسم نمودارهای بای‌پلات حاصل می‌شود (Yan & Kang, 2003). نرم‌افزار GGE بای‌پلات (Samonte et al., 2005) بطور خودکار تمامی این مراحل را انجام داده و نمودارهای مورد نیاز را تولید می‌کند. به عبارت دیگر میانگین ژنوتیپ‌ها در محیط‌های آزمایش به صورت یک ماتریس دوطرفه به نرم‌افزار معرفی شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس مرکب (جدول ۳) نشان داد که اثر اصلی مکان در سطح احتمال ۵ درصد و اثر اصلی ژنوتیپ در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار بود، در حالی که اثر اصلی سال معنی‌دار نبود.

که در آزمایش‌های تجزیه پایداری، با گروه‌بندی محیط‌های نسبتاً مشابه، محیط‌های بزرگتری برای هر محصول تعیین می‌شود که در سال‌های بعد می‌توان با توجه به این محیط‌های بزرگ، به تعیین ژنوتیپ‌های برتر (پایدار و پرمحصول) اقدام نمود.

از روش GGE بای‌پلات، برای تعیین پایداری محصولات مختلف مثل برنج (Samonte et al., 2005)، جو (Dehghani et al., 2006)، گندم (Kaya et al., 2006)، عدس (Sabaghnia et al., 2008) استفاده شده است. همچنین از این روش در ایران، برای تعیین محیط‌های بزرگ در محصولات جو (Dehghani et al., 2006) و عدس (Sabaghnia et al., 2008) استفاده شده است ولی تاکنون گزارشی در مورد گیاه دانه روغنی کلزا در داخل و خارج کشور ارائه نشده است. هدف از پژوهش حاضر، تعیین اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط در ژنوتیپ‌های کلزا، تعیین محیط‌های بزرگ برای مناطق کلزا کاری ایران و معرفی پایدارترین ژنوتیپ کلزا با استفاده از روش GGE بای‌پلات می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش، ۲۴ ژنوتیپ مختلف کلزا در ۹ ایستگاه تحقیقاتی مختلف به مدت دو سال زراعی مورد ارزیابی قرار گرفتند. مشخصات ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در جدول ۱ آورده شده است. برخی از ویژگی‌های اقلیمی ایستگاه‌های تحقیقاتی نیز در جدول ۲ آورده شده است. در هر محیط (ترکیب سال و مکان)، ژنوتیپ‌های کلزا در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۴ تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند. هر تکرار شامل چهار ردیف به طول ۵ متر، فاصله بین ردیف‌ها ۳۰ سانتیمتر و فاصله بین بوته‌ها پنج سانتیمتر بود.

رابطه مورد استفاده برای روش GGE بای‌پلات بر اساس تجزیه به مقادیر منفرد^۱ به صورت زیر بود:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = \sum \lambda_l \xi_{il} \eta_{lj} + \varepsilon_{ij}$$

در این رابطه، Y_{ij} میانگین ژنوتیپ i در محیط j ، μ میانگین کل، β_j اثر اصلی محیط j ، λ_l مقادیر منفرد

2. Symmetrical scaling

1. Singular value decomposition

جدول ۱- نام، منشأ، کد و میانگین عملکرد ژنوتیپ‌های کلزای مورد مطالعه

| ژنوتیپ | منشاء | کد | عملکرد (t. ha ⁻¹) | ژنوتیپ | منشاء | کد | عملکرد (t. ha ⁻¹) |
|-----------|---------|-----|-------------------------------|------------|----------|-----|-------------------------------|
| DP. 94. 8 | ایتالیا | G1 | ۳/۱۶ | Licord | آلمان | G13 | ۲/۸۸ |
| Symbol | ایتالیا | G2 | ۲/۶۶ | Alice | فرانسه | G14 | ۳/۲۱ |
| Euro1 | فرانسه | G3 | ۲/۸۲ | Parade | هلند | G15 | ۳/۳۴ |
| Orient | آلمان | G4 | ۲/۹ | S1 | ایران | G16 | ۲/۸ |
| Hansen | ایتالیا | G5 | ۲/۸ | VDH8003-98 | هلند | G17 | ۳/۰۴ |
| Colvert | فرانسه | G6 | ۲/۴۳ | Akamar | هلند | G18 | ۲/۹۵ |
| Mohican | آلمان | G7 | ۳/۲۳ | Consul | هلند | G19 | ۳/۰۸ |
| Cocktail | ایتالیا | G8 | ۳/۲ | Okapi | فرانسه | G20 | ۲/۹۸ |
| Orkan | آلمان | G9 | ۳/۱۱ | L-1 | یوگسلاوی | G21 | ۲/۸۱ |
| Sarigol | آلمان | G10 | ۲/۵۱ | SLM046 | آلمان | G22 | ۳/۴۲ |
| GWC | آلمان | G11 | ۳/۱۲ | Zarfam | ایران | G23 | ۳/۰۷ |
| Fornax | آلمان | G12 | ۲/۹۵ | Olara | فرانسه | G24 | ۲/۹۷ |

جدول ۲- مشخصات اقلیمی ایستگاه‌های تحقیقاتی و میانگین عملکرد

| مکان | طول جغرافیایی | عرض جغرافیایی | ارتفاع (متر) | عملکرد (t. ha ⁻¹) |
|------------|---------------|---------------|--------------|-------------------------------|
| اراک | ۴۹/۴۶ | ۳۴/۰۶ | ۱۷۰۸ | ۳/۴۲ |
| اصفهان | ۵۱/۶۷ | ۳۲/۶۶ | ۱۵۷۰ | ۳/۰۱ |
| اسلام‌آباد | ۴۶/۲۸ | ۳۰/۰۷ | ۱۳۴۸/۸ | ۴/۰۹ |
| سنندج | ۴۷/۰۰ | ۴۷/۲۰ | ۱۳۷۳/۴ | ۲/۲۳ |
| شهرکرد | ۵۰/۵۱ | ۳۲/۱۷ | ۲۰۴۸/۹ | ۲/۷۵ |
| زرقان | ۵۲/۴۳ | ۲۹/۴۷ | ۱۵۹۶ | ۳/۵۳ |
| زنجان | ۴۸/۲۹ | ۳۶/۴۱ | ۱۶۶۳ | ۲/۵۵ |
| کرج | ۵۱/۱۰ | ۳۵/۹۷ | ۱۳۲۱ | ۳/۱۴ |
| همدان | ۴۸/۴۱ | ۳۵/۱۲ | ۱۶۷۹/۷ | ۲/۰۶ |

برای پی‌بردن به سهم هر یک از منابع مکان، ژنوتیپ و اثر متقابل دوجانبه ژنوتیپ × مکان در توجیه واریانس داده‌های هر سال آزمایشی، تجزیه واریانس جداگانه برای هر سال انجام و نتایج آن در جدول ۴ ارائه شد. بر این اساس، مکان ۶۳ درصد از تغییرات سال اول و ۶۱ درصد از تغییرات سال دوم را توجیه نمود. بنابراین داده‌های دو سال آزمایش ترکیب شده و برای تجزیه با روش GGE بای‌پلات، از میانگین دو سال استفاده گردید. چنین رویه‌ای توسط سایر محققین نیز استفاده شده است (Yan et al., 2000; Dehghani et al., 2006; Sabaghnia et al., 2008).

نتایج حاصل از روش GGE بای‌پلات نشان داد که مولفه اصلی اول و دوم به ترتیب ۴۷ و ۱۸ درصد و در مجموع ۶۵ درصد از تغییرات موجود در داده‌ها را توجیه می‌نمایند (شکل ۱).

اگرچه اثرات متقابل دوجانبه سال × مکان، ژنوتیپ × مکان و ژنوتیپ × سال معنی‌دار نبودند ولی اثر متقابل سه‌جانبه ژنوتیپ × سال × مکان در سطح احتمال ۱٪ معنی‌دار بود که نشانگر وجود اثر متقابل ژنوتیپ × محیط بود.

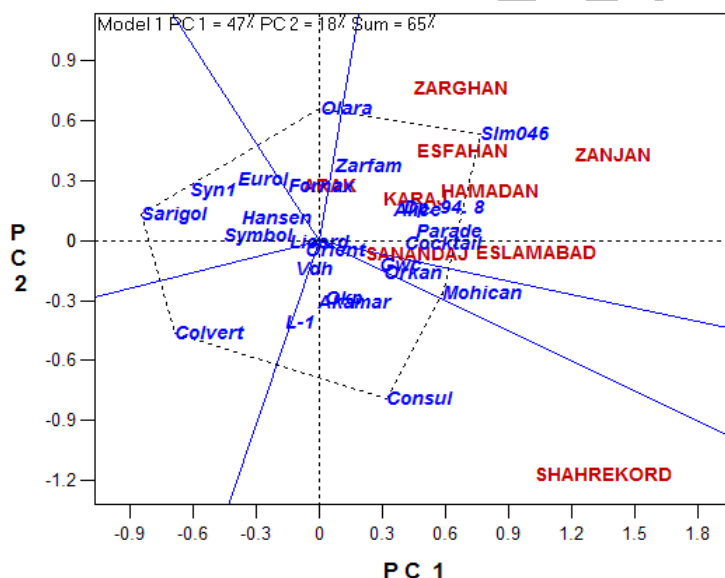
جدول ۳- تجزیه واریانس مرکب ۲۴ ژنوتیپ کلزا در ۹ مکان و در طول ۲ سال

| منابع تغییر | درجه آزادی | میانگین مربعات |
|-----------------------|------------|----------------------|
| سال | ۱ | ۰/۲۱۵۳ ^{ns} |
| مکان | ۸ | ۱/۳۸۴۲* |
| سال × مکان | ۸ | ۰/۳۶۷۷ ^{ns} |
| تکرار داخل سال × مکان | ۵۴ | ۰/۳۸۱۱ |
| ژنوتیپ | ۲۳ | ۰/۰۸۳۱** |
| ژنوتیپ × سال | ۲۳ | ۰/۰۱۸۲ ^{ns} |
| ژنوتیپ × مکان | ۱۸۴ | ۰/۰۱۸۳ ^{ns} |
| ژنوتیپ × سال × مکان | ۱۸۴ | ۰/۰۱۶۴** |
| خطا آزمایشی | ۱۲۴۲ | ۰/۰۰۰۲۸ |

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد. ns: غیر معنی‌دار.

جدول ۴- تجزیه واریانس جداگانه داده‌های مربوط به هر سال برای تعیین سهم منابع مکان، ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × مکان در توجیه واریانس کل داده‌های هر سال

| سال | منبع | درجه آزادی | مجموع مربعات | درصد توجیه از مجموع |
|-----|-----------------|------------|--------------|---------------------|
| اول | مکان | ۸ | ۶/۳۴۸ | ۶۳ |
| | تکرار درون مکان | ۲۷ | ۲/۲۰۲ | |
| | ژنوتیپ | ۲۳ | ۱/۰۴۸ | ۱۰ |
| | ژنوتیپ × مکان | ۱۸۴ | ۲/۷۲ | ۲۶ |
| | خطای آزمایشی | ۶۲۱ | ۰/۲۸۶ | |
| دوم | مکان | ۸ | ۷/۶۱۹ | ۶۱ |
| | تکرار درون مکان | ۲۷ | ۲/۰۶۵ | |
| | ژنوتیپ | ۲۳ | ۱/۲۸ | ۱۰ |
| | ژنوتیپ × مکان | ۱۸۴ | ۳/۶۸ | ۲۹ |
| | خطای آزمایشی | ۶۲۱ | ۰/۲۷۷ | |



شکل ۱- نمودار چندضلعی بای پلات برای شناسایی محیط‌های بزرگ و ژنوتیپ‌های برتر

چندضلعی رسم شده و محیط‌های بزرگ مشخص می‌شوند (Yan et al., 2007). بر این اساس، در این مطالعه شش ژنوتیپ برتر شامل Olara, SLM046, Sarigol, Consul, Colvert, و Mochican شناسایی شدند (شکل ۱).

در محیط‌های مورد آزمایش، ۳ محیط بزرگ و مجزا به ترتیب با ژنوتیپ‌های برتر Consul, Olara, و SLM046 مشخص گردیدند. اولین محیط بزرگ واقعی شامل محیط اراک با ژنوتیپ برتر Olara, دومین محیط بزرگ واقعی شامل محیط شهرکرد با ژنوتیپ برتر Consul و سومین محیط بزرگ واقعی شامل بقیه محیط‌ها با ژنوتیپ برتر SLM046 بودند. به عبارت دیگر

با توجه به اینکه مجموع دو مؤلفه اول نتوانست اکثر تغییرات مشاهده شده را توجیه نماید، لذا ماهیت اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در این تحقیق پیچیده بوده و بهترین راهبرد مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، استفاده از روش‌های چند متغیره می‌باشد (Zobel et al., 1988; Crossa et al., 1990; Moreno-Gonzalez et al., 2004; Yan et al., 2007).

برای شناسایی محیط‌های بزرگ و ژنوتیپ‌های برتر، نمودار چندضلعی GGE بای پلات رسم شد. در این نمودار ژنوتیپ‌هایی که حداکثر فاصله را از مبدا دارند به یکدیگر وصل شده و یک چندضلعی حاصل می‌شود. سپس از مبدا مختصات خطوط عمود بر اضلاع این

بر اساس محور افقی، ژنوتیپ Licord با کمترین فاصله از این محور پایدارترین ژنوتیپ است در حالی که ژنوتیپ Consul با بیشترین فاصله از این محور ناپایدارترین ژنوتیپ است. استفاده از نمودار مختصات تستر متوسط در روش GGE بای پلات از روش‌های مفید و موثر تجزیه پایداری به شمار می‌رود و اطلاعات خوبی از نحوه تظاهر ژنوتیپ‌های مورد بررسی ارائه می‌دهد (Kaya, 2006; Samonte et al., 2005). با توجه به اینکه بایستی در آزمایشات تجزیه پایداری، هر دو مقوله عملکرد و پایداری را در نظر گرفت بنابراین ژنوتیپ DP94.8 دارای پایداری خوب و عملکرد بالاتر از میانگین بود.

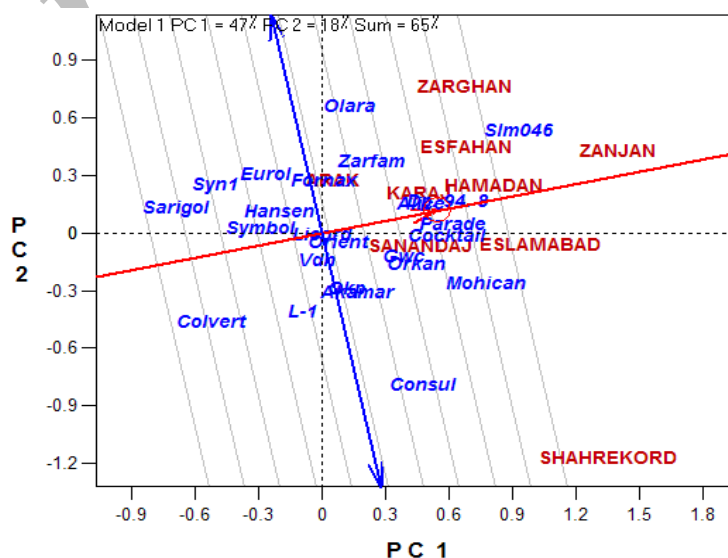
نمودار ژنوتیپ ایده‌آل براساس تعیین فاصله ژنوتیپ‌ها از ژنوتیپ ایده‌آل فرضی است. این ژنوتیپ ایده‌آل فرضی بر اساس پایدارترین ژنوتیپ و پرمحصول‌ترین ژنوتیپ تعریف می‌شود و هر ژنوتیپی که نزدیک‌ترین فاصله را از این ژنوتیپ فرضی داشته باشد به عنوان یک ژنوتیپ برتر محسوب می‌گردد (Yan & Kang, 2003). در شکل ۳، ژنوتیپ DP.94.8 کمترین فاصله را از ژنوتیپ ایده‌آل فرضی دارد پس برترین ژنوتیپ است. در عین حال ژنوتیپ‌های Colvert, Sarigol بیشترین فاصله را از این ژنوتیپ فرضی داشته و جز ژنوتیپ‌های نامطلوب محسوب می‌شوند.

محیط اراک و شهرکرد هیچ مشابهتی با سایر محیط‌های این آزمایش نداشتند. در مطالعه‌ای برای تعیین محیط‌های بزرگ برای مناطق عدس‌خیز ایران نیز سه محیط بزرگ از بین ۷ مکان مورد بررسی شناسایی گردید (Sabaghnia et al., 2008).

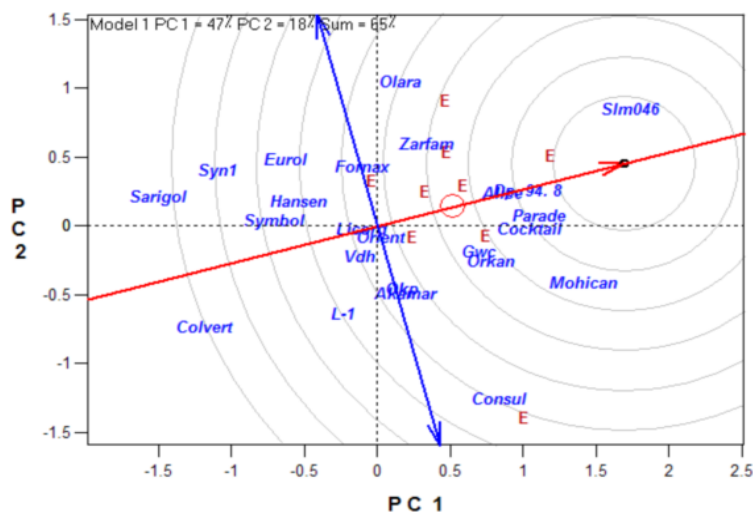
علاوه بر موارد فوق، ژنوتیپ‌های موجود در هر بخش دارای شباهت زیادی با یکدیگر بودند. به عنوان مثال ژنوتیپ‌های زرفام، Parade, Cochtail, DP.9408 و Alice مشابه ژنوتیپ برتر SLM046 بوده و سازگاری خوبی با محیط بزرگ مذکور داشتند هر چند که به اندازه SLM046 برتر نبودند. اگر در آزمایش‌های مشابهی نیز وجود این محیط‌های بزرگ مورد تأیید قرارگیرد، می‌توان از آنها برای اجرای آزمایش‌های سازگاری آینده استفاده نمود (Yan et al., 2000; Yan & Hunt, 2001).

از نمودار دو بعدی مختصات تستر متوسط^۱ برای بررسی پایداری و عملکرد ژنوتیپ‌ها استفاده می‌شود. خط افقی با دایره و فلش نشان‌دهنده پایداری است و هر ژنوتیپی که به این محور نزدیک باشد پایدارتر است (Yan et al., 2000). در عین حال خط عمودی نشان‌دهنده متوسط عملکرد ژنوتیپ‌ها است و ژنوتیپ‌های موجود در سمت چپ این خط، دارای عملکرد پایین‌تر از متوسط کل می‌باشند.

1. Average tester coordinate



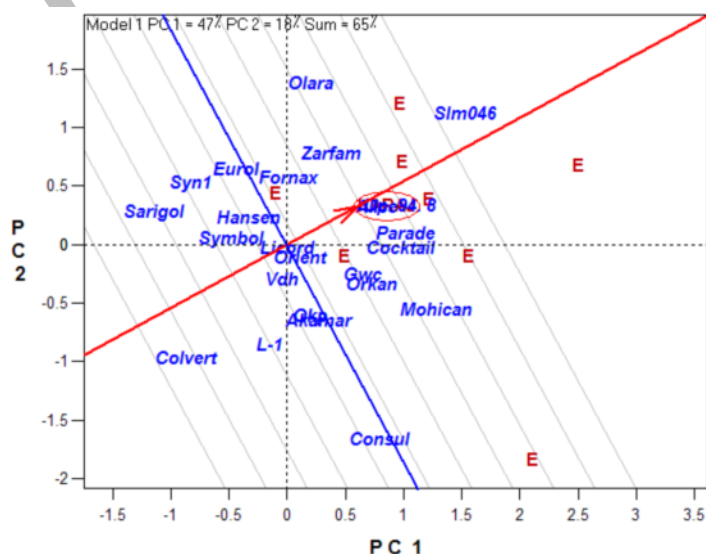
شکل ۲- نمودار مختصه تستر متوسط بای پلات برای بررسی پایداری



شکل ۳- نمودار ژنوتیپ ایده‌آل بای‌پلات برای مقایسه ژنوتیپ‌ها براساس پایداری و عملکرد

بررسی همبستگی بین محیط‌های آزمایش می‌تواند روابط بین محیط‌ها را آشکار کرده و برای آزمایش‌های آینده راهگشا باشد. اگر دو یا چند محیط با یکدیگر همبستگی داشته باشند می‌توان آزمایش‌ها را فقط در یک محیط اجرا نموده و به بقیه تعمیم داد (Yan & Kang, 2003; Yan et al., 2007). در نمودار بای‌پلات مربوطه کسینوس زاویه بین بردارهای محیط‌ها بیانگر نوع همبستگی و طول بردار بیانگر شدت همبستگی است. اگر کسینوس زاویه بین دوبردار صفر باشد همبستگی +۱ را داریم، در حالی که کسینوس زاویه ۹۰ درجه بیانگر همبستگی صفر و کسینوس زاویه ۱۸۰

با توجه به اینکه ایستگاه کرج نقش هدایت‌کننده در تمامی آزمایشات کشاورزی بر عهده دارد، از این رو تظاهر ژنوتیپ‌ها در این محیط بررسی گردید. ژنوتیپ‌های موجود در سمت راست فلش مربوط به کرج، به عنوان ژنوتیپ‌های مطلوب و ژنوتیپ‌های موجود در سمت چپ به عنوان ژنوتیپ‌های نامطلوب می‌باشند. بنابراین ژنوتیپ SLM046 به عنوان ژنوتیپ مطلوب در محیط کرج و ژنوتیپ Colvert به عنوان نامطلوب‌ترین ژنوتیپ در این محیط بود. خط عمودی بر خط فلش‌دار، ژنوتیپ‌ها را بر اساس میانگین کل به دو گروه بالاتر از میانگین و پایین‌تر از میانگین تقسیم می‌نماید (شکل ۴).



شکل ۴- نمودار بای‌پلات مقایسه ژنوتیپ‌ها در محیط کرج

تک‌متغیره، ناپارامتری و چند متغیره استفاده نمود و در نهایت به یک نتیجه جامع رسید. در مقابل برخی از محققین (Gauch, 1988; 2006; Yan et al., 2000; 2007) تأکید به استفاده از روش‌های چند متغیره دارند زیرا معتقدند که نمی‌توان جنبه‌های چندبعدی اثرات متقابل را در قالب یک پارامتر خلاصه نمود. همچنین در مطالعات اخیر (Dehghani et al., 2006; Sabaghnia et al., 2008) این نکته اثبات شده است که بهره‌گیری از روش‌های چند متغیره پایداری نتایج معتبر و قابل قبولی تولید می‌نماید. لذا با توجه به موارد فوق، بنظر می‌رسد استفاده از روش نوین GGE بای‌پلات در این تحقیق موجب کسب نتایج معتبر و قابل قبولی شده است.

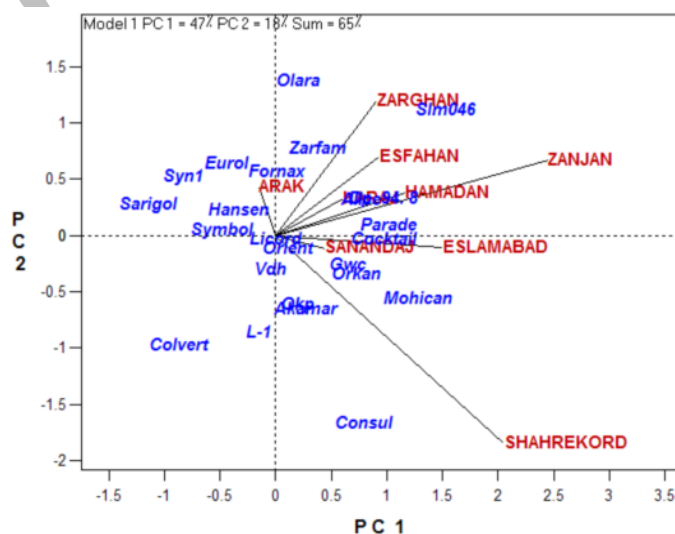
نتیجه‌گیری کلی

استفاده از روش‌های چندمتغیره برای مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ×محیط، یک راهبرد قوی و سودمند است زیرا ماهیت چندبعدی و پیچیده اثر متقابل ژنوتیپ × محیط را به خوبی تحلیل می‌نماید. روش GGE بای‌پلات با بهره‌گیری از روش‌های چندمتغیره و رسم نمودارهای دو بعدی، علاوه بر تجزیه و تحلیل مناسب داده‌ها، کار تفسیر نتایج را تسهیل می‌نماید و از این رو یک روش مناسب برای تجزیه پایداری است. براساس نتایج این تحقیق، ژنوتیپ Olara برای اراک، ژنوتیپ Consul برای شهرکرد و ژنوتیپ SLM046 برای سایر مناطق مورد مطالعه شامل اصفهان، اسلام‌آباد، سنندج، زرقان، زنجان، کرج و همدان به عنوان ارقام مناسب بودند.

درجه نشانگر همبستگی ۱- است. بر این اساس بردارهای کرج، همدان و زنجان دارای زاویه کم و همبستگی نزدیک به +۱ بودند در حالی که این همبستگی برای محیط‌های اصفهان و زرقان کمتر بود. چنین رابطه‌ای بین محیط‌های سنندج و اسلام‌آباد نیز برقرار بود (شکل ۵).

همبستگی بین محیط‌های سنندج و اسلام‌آباد با اراک و زرقان نزدیک صفر بود. این وضعیت برای همبستگی بین شهرکرد با اصفهان نیز صادق بود. همبستگی اراک با شهرکرد منفی بود، هر چند که -۱ نبود ولی زاویه بین بردارهای این دو محیط یک زاویه باز بود (شکل ۵).

در بررسی پایداری عملکرد ۱۴ رقم و لاین کلزا در ۵ منطقه از ایران (کرج، کرمانشاه، ارومیه، مغان و همدان) از روش‌های تک‌متغیره پایداری مثل واریانس محیطی و روش‌های رگرسیونی استفاده گردیده و در نهایت ارقام جنتوف، کوینتا و یانوش برای کشت در همدان و ارقام گلوبال، کرج ۱۴ و کرج ۱۶ برای کشت در کرج مناسب تشخیص داده شد و برای آزادسازی پیشنهاد گردید (Khoshnazar-Pourshokohi et al., 2000). البته بنظر می‌رسد نمی‌توان استراتژی واحدی را برای ارزیابی پایداری و سازگاری تمام گیاهان و تمامی مناطق توصیه نمود. برخی محققین (Flores et al., 1998; Kaya et al., 2006) بر این عقیده‌اند که بایستی از تمامی روش‌های موجود تجزیه پایداری از قبیل روش‌های



شکل ۵- نمودار بای‌پلات مقایسه همبستگی محیط‌ها

REFERENCES

1. Becker, H. B. & Leon, J. (1988). Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding*, 101, 1-23.
2. Cornelius, P. L. & Crossa, J. (1999). Prediction assessment of shrinkage estimators of multiplicative models for multi-environment cultivar trials. *Crop Science*, 39, 998-1009.
3. Crossa, J., Gauch, H. G. & Zobel, R. W. (1990). Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Science*, 30, 493-500.
4. Dehghani, H., Ebadi, A. & Yousefi, A. (2006). Biplot analysis of genotype by environment interaction for barley yield in Iran. *Agronomy Journal*, 98, 388-393.
5. Dehghanpour, Z., Karimizadeh, R., Dehghani, H. & Sabaghnia, N. (2007). Determination of adaptability and stability of seed yield of foreign earl maturity corn hybrids. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, 38, 249-257. (In Farsi).
6. Fattahi, F. & Yossefi, A. (2006). Evaluation of yield stability of barley genotypes (*Hordeum vulgare* L.) using repeatable stability parameters and pattern analysis of AMMI model. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, 37, 317-326. (In Farsi).
7. Flores, F., Moreno, M. T. & Cubero, J. I. (1998). A Comparison of univariate and multivariate methods to analyze G×E interaction. *Field Crop Research*, 56, 271-286.
8. Gabriel, K. R. (1971). The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika*, 58, 453-467.
9. Gauch, G. H. (1988). Model selection and validation for yield trial s with interaction. *Biometrics*, 44, 705-715.
10. Gauch, H. G. (2006). Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Science*, 46, 1488-1500.
11. Karimizadeh, R., Dehghani, H. & Dehghanpour, Z. (2006). Determination of genotypic ranks and stability of corn hybrids (*Zea mays* L.) by nonparametric statistics. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, 37, 381-388. (In Farsi).
12. Kaya, Y., Akcura, M. & Taner, S. (2006). GGE-biplot analysis of multi-environment yield trials in bread wheat. *Turkish Journal Agriculture Forestry*, 30, 325-337.
13. Khoshnazar-Porshokoei, R., Mimadi, M. R. & Ghannadha, M. R. (2000). A study of adaptation and yield capacity of Rapeseed (*Brassica napus* L.) cultivars and lines. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, 31, 341-352. (In Farsi).
14. Lin, C. S., Binns, M. R. & Lefcovitch, L. P. (1986). Stability analysis: where do we stand? *Crop Science*, 26, 894-900.
15. Moreno-Gonzalez, J., Crossa, J. & Cornelius, P. L. (2004). Genotype × environment interaction in multi-environment trials using shrinkage factors for AMMI models. *Euphytica*, 137, 119-127.
16. Rajcan, I., Kasha, K. J., Kott, L. S. & Beversdorf, W. D. (1999). Detection of molecular markers associated with linolenic and erucic acid levels in spring rapeseed (*Brassica napus* L.). *Euphytica*, 105, 173-181.
17. Roy, D. (2000). Plant breeding analysis and exploitation of variation. Alpha Science International Ltd. U.K.
18. Sabaghnia, N., Dehghani, H. & Sabaghpour, S. H. (2008). Graphic analysis of genotype × environment interaction for lentil (*Lens culinaris* Medik) yield in Iran. *Agronomy Journal*, 100, 760-764.
19. Samonte, S. O. P. B., Wilson, L. T., McClung, A. M. & Medley, J. C. (2005). Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses. *Crop Science*, 45, 2414-2424.
20. Yan, W. (2001). GGEBiplot—A Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. *Agronomy Journal*, 93, 1111-1118.
21. Yan, W. & Hunt, L. A. (2001). Interpretation of genotype×environment interaction for winter wheat yield in Ontario. *Crop Science*, 41, 19-25.
22. Yan, W. & Kang, M. S. (2003). *GGE Biplot Analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. CRC Press. Boca Raton, FL.
23. Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q. & Szlavnics, Z. (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGEbiplot. *Crop Sci*, 40, 597-605.
24. Yan, W., Kang, M. S., Ma, B., Woods, S. & Cornelius, P. L. (2007). GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Science*, 47, 643-655.
25. Zobel, R., Wright, W. M. J. & Gauch, H. G. (1988). Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*, 80, 388-393.