

گروه‌بندی لاین‌های امیدبخش زمستانه کلزا (*Brassica napus* L.) بر اساس اثر متقابل  
ژنوتیپ × محیط

Grouping of Promising Winter Rapeseed (*Brassica napus* L.) Lines Based on  
Genotype × Environment Interaction

سیدسجاد سهرابی<sup>۱</sup>، حمید دهقانی<sup>۲</sup> و بهرام علیزاده<sup>۳</sup>

۱ و ۲- به ترتیب دانشجوی سابق کارشناسی ارشد و دانشیار، گروه اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران  
۳- استادیار، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج

تاریخ دریافت: ۱۳۹۲/۱۱/۳۰ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۳/۵/۱۶

چکیده

سهرابی، س. س.، دهقانی، ح. و علیزاده، ب. ۱۳۹۳. گروه‌بندی لاین‌های امیدبخش زمستانه کلزا (*Brassica napus* L.) بر اساس  
اثر متقابل ژنوتیپ × محیط. مجله به‌نژادی نهال و بذر ۱-۳۰: ۸۱۹-۸۰۷

بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با هدف انتخاب ژنوتیپ‌های برتر یکی از مهم‌ترین مراحل برنامه‌های  
به‌نژادی به‌شمار می‌رود. هدف از این پژوهش گروه‌بندی دوازده لاین امیدبخش زمستانه کلزا به همراه رقم  
شاهد اکاپی بر مبنای شباهت پاسخ آن‌ها به محیط‌های مختلف با استفاده از روش لین و باتلر بود. آزمایش‌ها در  
قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در دو سال زراعی ۱۳۸۹-۱۳۹۱ در ایستگاه‌های تحقیقاتی کرج،  
کرمانشاه، بجنورد، همدان، اصفهان و اراک انجام شد. تجزیه واریانس مرکب با فرض تصادفی بودن محیط‌ها و  
ثابت بودن ژنوتیپ‌ها و حذف دو ایستگاه بجنورد و اراک به دلیل ناهمگنی خطای آزمایش انجام شد. نتایج  
تجزیه مرکب نشان داد که اثر متقابل سال × مکان در سطح احتمال ۱ درصد و اثر متقابل سال × مکان × ژنوتیپ  
در سطح احتمال ۵ درصد معنی‌دار بود. نتایج گروه‌بندی لاین‌ها با استفاده از مدل اول لین و باتلر نشان داد که  
لاین‌های امیدبخش L137، L201 و L119 از پایداری بالایی برخوردار بودند. در مدل دوم، لاین‌ها به دو گروه  
تقسیم شدند. در گروه اول، همین لاین‌ها با داشتن بالاترین ضریب رگرسیونی به عنوان لاین‌های پایدار برای  
مناطق مساعد شناسایی شدند. در گروه دوم، لاین L63 با داشتن کمترین میزان ضریب رگرسیونی مناسب برای  
محیط‌های نامساعد تشخیص داده شد. با توجه به نتایج این تحقیق تجزیه خوشه‌ای می‌تواند در تعیین  
ژنوتیپ‌های پایدار، کارا و مفید واقع شود.

واژه‌های کلیدی: کلزا، اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، تجزیه مرکب، پایداری، رگرسیون.

## مقدمه

بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با هدف انتخاب ژنوتیپ برتر یکی از مهم‌ترین مراحل برنامه‌های به‌نژادی به‌شمار می‌رود (Kaiser et al., 2014؛ Ghaderi et al., 1980). در اکثر برنامه‌های به‌نژادی با وجود آزمایش‌های دقیق و انتخاب موثر، وجود اثر متقابل ژنوتیپ × محیط باعث ایجاد ناپایداری در میزان عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف شده و بهبود صفات کمی از جمله عملکرد دانه را با مشکل جدی مواجه می‌کند (Gauch, 1988؛ Yan et al., 2007). به‌منظور کاهش اثر متقابل ژنوتیپ × محیط جهت انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار، ارزیابی ژنوتیپ‌ها در آزمایش‌های چندمحیطه بخش مهمی از برنامه‌های به‌نژادی به‌شمار می‌رود (Freeman, 1985؛ Zang et al., 2013). (Allard and Bradshaw, 1964). روش‌هایی که برای تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط مورد استفاده قرار می‌گیرند در سه گروه، روش‌های تک‌متغیره پارامتریک، روش‌های ناپارامتریک و روش‌های چندمتغیره دسته‌بندی شده‌اند (Thennarasu, 1995؛ Nassar and Huehn, 1987؛ Lin et al., 1986). محدودیت‌های روش‌های تک‌متغیره در تفسیر ماهیت

چندبعدی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، باعث شده است که استفاده از روش‌های چندمتغیره توسط به‌نژادگران افزایش چشم‌گیری یابد (Yan, 2002, 2012؛ Moreno-González et al., 2004؛ Zobel et al., 1988).

یکی از روش‌های چندمتغیره روش تجزیه خوشه‌ای است. در این روش ژنوتیپ‌های با شباهت بیشتر در یک گروه قرار می‌گیرند به طوری که بین گروه‌ها حداکثر اختلاف وجود داشته باشد (Johnson and Wichern, 2002). از جمله کاربردهای تجزیه خوشه‌ای در اصلاح‌نباتات می‌توان به شناسایی ژنوتیپ‌های با پاسخ‌های مشابه به محیط‌های مختلف جهت تعیین ژنوتیپ‌هایی با پایداری مناسب و انتخاب دقیق‌تر ژنوتیپ‌هایی که با رقم شاهد در یک گروه قرار می‌گیرند، اشاره کرد (Shorter et al., 1977). با این توصیف و با توسعه روش تجزیه خوشه‌ای برخی از محققان از این روش برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر مبنای اثر متقابل ژنوتیپ × محیط استفاده کرده‌اند (Lin and Thompson, 1975؛ Ramey and Rosielle, 1983؛ Lin and Butler, 1990؛ Karimizadeh et al., 2012).

در تحقیقی در بررسی پایداری پنبه آپلند (*Gossypium hirsutum* L.) برای به حداقل رساندن اثر متقابل ژنوتیپ × محیط،

روش از نظر این که در آن‌ها از مدل رگرسیونی استفاده شده یا از تجزیه واریانس، به چهار گروه: مدل ۱) مبتنی بر رگرسیون و میزان تشابه شیب خط رگرسیون و عرض از مبدأ؛ مدل ۲) مبتنی بر رگرسیون و میزان مشابهت شیب خط رگرسیون؛ مدل ۳) مبتنی بر تجزیه واریانس و میزان تشابه ژنوتیپ‌ها و اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط و مدل ۴) مبتنی بر تجزیه واریانس و میزان تشابه اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط تقسیم می‌شود. همچنین در این روش‌ها هنگامی که F محاسبه شده معنی‌دار باشد فرآیند تجزیه خوشه‌ای متوقف می‌شود. با این توصیف لین و باتلر (Lin and Butler, 1990) در آزمایشی عملکرد چهار رقم جو شش ردیفه در ۱۷ منطقه از کانادا را با استفاده از این روش‌ها مورد بررسی قرار دادند. در نهایت با استفاده از مدل‌های یک و دو، پنج مکان به‌عنوان نماینده‌ای از ۱۷ منطقه مورد بررسی انتخاب شدند.

صباغ‌نیا و همکاران (Sabaghnia et al., 2012a) با بررسی اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط در ۱۸ ژنوتیپ گندم نان در پنج منطقه از ایران اظهار داشتند که استفاده از روش گروه‌بندی مبتنی بر اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط برای خوشه‌بندی ژنوتیپ‌های گندم بسیار مفید و کارا است. کریمی‌زاده و همکاران (Karimizadeh et al., 2006) با استفاده از چهار مدل تجزیه خوشه‌ای لین و باتلر (Lin and Butler, 1990)، ده هیبرید زودرس

ابوالفتوح و همکاران (Abou-el-Fittouh et al., 1969) مناطق ۳۹ گانه کمر بند پنبه خیز ایالات متحده را طی سال‌های ۱۹۶۰-۱۹۶۲ با استفاده از روش تجزیه خوشه‌ای، طبقه‌بندی کردند. آن‌ها شیب خط رگرسیونی فینلی و ویلکینسون (Finlay and Wilkinson, 1963) به‌عنوان معیار عدم تشابه در تجزیه خوشه‌ای لین و تامپسون (Lin and Thompson, 1975) برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها، در آزمون اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط مورد استفاده قرار دادند. لین و تامپسون (Lin and Thompson, 1975) گزارش کردند که پاسخ هر ژنوتیپ در هر محیط می‌تواند به‌وسیله تفاوت بین مقادیر شیب خط رگرسیون برآورد شود.

لین (Lin, 1982) داده‌های حاصل از آزمایش‌های یستس و کوکران (Yates and Cochran, 1938) را با استفاده از تجزیه خوشه‌ای مورد بررسی قرار داد. در هر سیکل از گروه‌بندی با محاسبه میانگین مربعات اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط درون هر خوشه جدید، و استفاده از آن به‌عنوان معیار عدم تشابه، ژنوتیپ‌ها را به گروه‌هایی که در آن‌ها اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط حداقل و غیرمعنی‌دار است دسته‌بندی کرد. چهار روش تجزیه خوشه‌ای برای برآورد اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط توسط لین و باتلر (Lin and Butler, 1990) ارائه شد. این چهار

دوازده لاین امیدبخش به همراه رقم اکاپی (شاهد)، در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در ایستگاه‌های تحقیقاتی شهرهای کرج، اصفهان، همدان، کرمانشاه، اراک و بجنورد در دو سال زراعی ۹۱-۱۳۸۹ کشت و مورد مقایسه قرار گرفتند. آزمایش‌ها در دو سال و شش مکان (۱۲ محیط) انجام شدند. مشخصات فنی و زراعی اجرای طرح در کلیه مناطق یکسان بود. ژنوتیپ‌ها فاکتور ثابت و سال و مکان فاکتور تصادفی در نظر گرفته شدند. هر کرت شامل چهار ردیف پنج متری به فواصل ۳۰ سانتی‌متر از یک دیگر در نظر گرفته شدند. کشت به صورت جوی و پشته و آبیاری به صورت نشتی انجام شد. عملکرد دانه هر لاین در تمام آزمایش‌ها اندازه‌گیری شد و پس از جمع‌آوری اطلاعات دو ساله ایستگاه‌ها ابتدا تجزیه واریانس ساده برای عملکرد دانه برای هر مکان در هر سال انجام شد و پس از آزمون یکنواختی واریانس خطاها توسط آزمون بارتلت تجزیه مرکب داده‌ها انجام شد. در نهایت تجزیه خوشه‌ای چهارگانه لاین و باتلر (Lin and Butler, 1990) روی داده‌ها انجام شد. ماتریس فاصله برای لاین‌ها بر اساس مدل‌های چهارگانه لاین و باتلر (۱۹۹۰) با استفاده از معیارهای فاصله زیر متناظر با مدل مربوطه محاسبه شد:

ذرت را در چهار محیط مورد ارزیابی عملکرد و پایداری قرار دادند. نتایج این مطالعه نشان داد که تجزیه خوشه‌ای مدل‌های اول و سوم و همچنین مدل‌های دو و چهارم تقریباً مشابه بودند. در مطالعه‌ای محب‌الدینی (Mohebdini, 2005) پایداری یازده رقم عدس بهاره را با استفاده از روش‌های خوشه‌ای لین و باتلر (۱۹۹۹) مورد بررسی قرار داد. نتایج این تحقیق نشان داد که گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس مدل‌های رگرسیونی اول و دوم لین و باتلر تطابق بیشتری با نتایج سایر روش‌های تجزیه پایداری دارد. با وجود کارآیی بالای روش‌های لین و باتلر (Lin and Butler, 1990) در آزمایش‌های چندمحیطه و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس اثر متقابل ژنوتیپ × محیط کمتر بین گروه‌ها گزارش‌های کمی در مورد استفاده این مدل‌ها برای پژوهش‌های اثر متقابل ژنوتیپ × محیط وجود دارد.

این مطالعه با هدف استفاده از چهار مدل مختلف گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر مبنای تجزیه واریانس و رگرسیون، لین و باتلر (Lin and Butler, 1990) برای گروه‌بندی سیزده لاین و رقم کلزای زمستانه در اقلیم سرد ایران انجام شد.

### مواد و روش‌ها

در این مطالعه به منظور بررسی سازگاری عملکرد لاین‌های کلزا در اقلیم سرد کشور،

$$\begin{aligned}
 \text{مدل ۱} \quad d_1(1,2,\dots,r) &= [\sum_{i=1}^r (1,2,\dots,r) - \sum SSD(i)]/[2(r-1)] \\
 \text{مدل ۲} \quad d_2(1,2,\dots,r) &= [\sum_{i=1}^r SSR(i) - \sum SSR(1,2,\dots,r)]/(r-1) \\
 \text{مدل ۳} \quad d_3(1,2,\dots,r) &= [SS(GE) + SS(G)]/[n(r-1)] \\
 \text{مدل ۴} \quad d_4(1,2,\dots,r) &= SS(GE)/[(n-1)(r-1)]
 \end{aligned}$$

SAS (Anonymous, 2011) انجام شد.

بر اساس نظر لین و باتلر (۱۹۹۰) نقطه

برش جایی تعیین می‌شود که F محاسبه

شده معنی‌دار باشد. گروه‌بندی، تعیین نقطه

برش و ترسیم دندروگرام با استفاده

از نتایج حاصل از نرم افزار S116 و

سایر محاسبات و تجزیه‌ها نیز با نرم‌افزار

### نتایج و بحث

مشخصات مکان‌های آزمایش و ارقام مورد استفاده در این تحقیق به ترتیب در جدول‌های ۱ و ۲ درج شده است.

جدول ۱- مشخصات جغرافیائی مناطق آزمایش

Table 1. Geographical characteristics of the experimental locations

Location	مناطق	ارتفاع از سطح دریا Altitude (m)	طول جغرافیایی Longitude	عرض جغرافیایی Latitude	بارندگی Rainfall (mm)
Karaj	کرج	1300	57.50	35.48	250
Isfahan	اصفهان	1612	51.26	36.32	125
Hamedan	همدان	1820	48.34	36.46	331
Kermanshah	کرمانشاه	1346	47.26	34.08	538
Arak	اراک	1708	46.49	34.06	300
Bojnurd	بجنورد	950	58.08	37.19	250

شد. با توجه به معنی‌دار بودن آزمون یکنواختی واریانس خطاها، دو سال آزمایش ایستگاه‌های اراک و بجنورد به علت داشتن واریانس خطای بسیار بالا که عامل غیریکنواختی در بین واریانس خطاهای آزمایشی تشخیص داده و حذف شدند، سپس تجزیه واریانس مرکب برای عملکرد دانه بر مبنای چهار مکان و دو سال با

پس از آزمون نرمال بودن اشتباهات آزمایشی، ابتدا تجزیه واریانس ساده عملکرد دانه، برای هر مکان در هر سال انجام شد. نتایج نشان داد که تنها در کرمانشاه سال اول و اصفهان سال دوم اختلاف معنی‌دار آماری بین ژنوتیپ‌ها وجود داشت. با استفاده از آزمون بارتلت یکنواختی خطاهای آزمایشی بررسی

جدول ۲- مشخصات لاین‌های کلزا ارزیابی شده در هشت محیط (دو سال در چهار مکان)

Table 2. Description of rapeseed lines assessed in eight environments (two years and four locations)

شماره لاین	نام لاین	شجره	میانگین مربعات رگرسیون	میانگین مربعات انحراف از رگرسیون	میانگین عملکرد لاین‌ها	شیب خط رگرسیون
Line No.	Line name	Pedigree	MSR	MSD	Average (kg <sup>h</sup> <sup>-1</sup> )	bi
1	L73	GA096×Zarfam	4558233	31570.67*	3456 <sup>ns</sup>	0.95 <sup>ns</sup>
2	R20	Modena×GAo96	3461268	15038.50 <sup>ns</sup>	3508 <sup>ns</sup>	0.83 <sup>ns</sup>
3	L201	Sunday×Geronimo	9401679	17971.50 <sup>ns</sup>	3518 <sup>ns</sup>	1.36*
4	L101	Modena×Okapi	5160106	27284.83*	3173 <sup>ns</sup>	1.01 <sup>ns</sup>
5	L63	Sunday×Geronimo	1797351	26709.33*	3682 <sup>ns</sup>	0.59 <sup>ns</sup>
6	L190	Okapi×GA096	6253673	6422.00 <sup>ns</sup>	3266 <sup>ns</sup>	1.11 <sup>ns</sup>
7	L137	Orient×Modena	6975377	9986.50 <sup>ns</sup>	3547 <sup>ns</sup>	1.17 <sup>ns</sup>
8	L119	Okapi×SW0756	8336377	11158.33 <sup>ns</sup>	3546 <sup>ns</sup>	1.28*
9	L118	Okapi×SW0756	5521144	13177.17 <sup>ns</sup>	3615 <sup>ns</sup>	1.04 <sup>ns</sup>
10	L5	Geronimo×Sunday	3412488	18689.00 <sup>ns</sup>	3257 <sup>ns</sup>	0.82 <sup>ns</sup>
11	L155	Sunday×Modena	4220500	23774.17*	3508 <sup>ns</sup>	0.92 <sup>ns</sup>
12	L193	Okapi×Modena	6016869	18501.67 <sup>ns</sup>	3448 <sup>ns</sup>	1.09 <sup>ns</sup>
13	Okapi	Okapi (Check)	3607841	12352.83 <sup>ns</sup>	3489 <sup>ns</sup>	0.84 <sup>ns</sup>

ns و \* : به ترتیب غیرمعنی دار و معنی دار در سطح احتمال ۵ درصد.

ns and \* : Not significant and significant at the 5% probability level, respectively.

عملکرد لاین‌ها از سالی به سال دیگر و از مکانی به مکان دیگر بود. لذا شرط لازم برای بررسی پایداری عملکرد لاین‌ها فراهم بود بنابراین برای گروه‌بندی لاین‌ها بر مبنای اثر متقابل ژنوتیپ × محیط از روش تجزیه خوشه‌ای لین و باتلر (Lin and Butler, 1990) بر چهار مدل (جدول ۳) استفاده شد.

فرض ثابت بودن اثر ژنوتیپ و تصادفی بودن اثر سال و مکان انجام شد (جدول ۳). نتایج حاصل از تجزیه واریانس مرکب برای عملکرد دانه نشان داد که اثر مکان و سال × مکان در سطح احتمال یک درصد و اثر متقابل سه‌جانبه ژنوتیپ × سال × مکان در سطح احتمال پنج درصد معنی‌دار بودند. معنی‌دار بودن اثر متقابل سه‌جانبه ژنوتیپ × سال × مکان بیانگر اختلاف متوسط

جدول ۳- تجزیه واریانس مرکب برای عملکرد دانه لاین‌های کلزا  
Table 3. Combined analysis of variance for seed yield of rapeseed lines

S.O.V.	منابع تغییرات	df.	MS	میانگین مربعات	درجه آزادی
Year	سال	1	13308099.3 <sup>ns</sup>		
Location	مکان	3	58754919.8*		
Year × Location	سال × مکان	3	3583924.1**		
Rep / Year × Location	تکرار / سال × مکان	16	663870.1		
Genotype	ژنوتیپ	12	579037.5 <sup>ns</sup>		
Genotype × Year	ژنوتیپ × سال	12	593080.7 <sup>ns</sup>		
Genotype × Location	ژنوتیپ × مکان	36	379039.5 <sup>ns</sup>		
Genotype × Year × Location	ژنوتیپ × سال × مکان	36	445019.7*		
Error	خطای مرکب	192	292104.9		
Coefficient of variation (%)	ضریب تغییرات	15.58			

ns و \* و \*\*: به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.  
ns, \* and \*\*: Not significant, significant at the 5% and 1% probability levels, respectively.

(جدول ۴). با توجه به نتایج لین و باتلر (Lin and Butler, 1990)، لین (Lin, 1982) و لین و همکاران (Lin et al., 1986) می‌توان اظهار داشت که شیب خطوط رگرسیونی لاین‌ها

بر اساس نظر لین و باتلر (۱۹۹۰) اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به دو بخش غیریکنواختی و باقی مانده تجزیه می‌شود، که اثر غیریکنواختی در سطح احتمال پنج درصد معنی‌دار شد

جدول ۴- تجزیه واریانس مرکب روش لین و باتلر  
Table 4. Lin and Butler combined analysis methods

S.O.V.	منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات
		df.	MS
Environment (E)	محیط	7	9438311.0 <sup>**</sup>
Genotype (G)	ژنوتیپ	12	172219.2 <sup>ns</sup>
G × E	ژنوتیپ × محیط	84	131304.7 <sup>ns</sup>
Heterogeneity Between Groups	غیریکنواختی بین گروهی	12	221228.0 <sup>*</sup>
Residual	باقی مانده	72	116317.5 <sup>ns</sup>
Error	خطای مرکب	192	292104.9

ns, \* و \*\*: به ترتیب غیرمعنی دار و معنی دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.

ns, \* and \*\*: Not significant, significant at the 5% and 1% probability levels, respectively.

باقی مانده معیار مناسب تری برای آزمون اثر متقابل ژنوتیپ × محیط نسبت به واریانس خطای آزمایشی کل به شمار می رود. در غیر این صورت استفاده از مدل های سوم و چهارم مناسب تر است. با توجه به این که ضرایب تبیین اکثر لاین ها بالاتر از ۸۰ درصد بود و نیز اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، جدول دو طرفه ژنوتیپ × محیط برای تعیین نقطه برش برای مدل های سوم و چهارم معنی دار نبود فقط نتایج مدل های اول و دوم آورده شده است. نتایج این مطالعه از نظر استفاده از مدل های اول و دوم، با نتایج به دست آمده از سایر مطالعات مشابه (Karimizadeh *et al.*, 2012؛ Sabaghnia *et al.*, 2012a,b) مطابقت کامل دارد.

مدل اول لاین ها را بر اساس شباهت عرض از مبدأ (میانگین لاین ها) و شیب خط رگرسیون (اثر متقابل ژنوتیپ بر محیط) گروه بندی کرد. بر

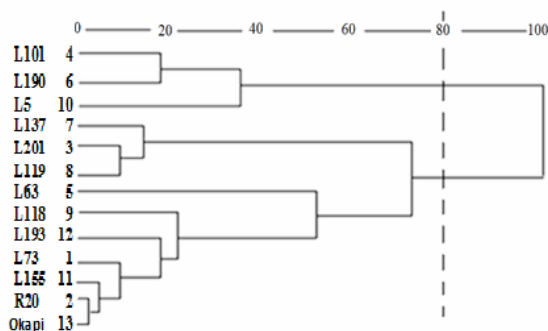
در محیط های مختلف با هم اختلاف معنی دار آماری داشتند. نتایج تجزیه رگرسیون به همراه مقادیر میانگین تمام لاین ها در جدول ۲ درج شده است.

به اعتقاد لین و باتلر (۱۹۹۰) چنانچه ضریب تبیین رگرسیون میانگین ارقام روی میانگین محیط ها بیشتر از ۷۰ درصد باشد، استفاده از روش رگرسیونی اول و دوم به دلیل این که مقایسه ژنوتیپ ها بر پایه پاسخ به محیط یا شیب خطوط رگرسیون است و با توجه به این که مقدار بالای ضریب تبیین معیار مناسب تری نسبت به روش تجزیه واریانس به شمار می رود، و همچنین به این دلیل که در مدل رگرسیونی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به دو بخش غیریکنواختی و باقی مانده تجزیه می شود در نتیجه با محاسبه اثر غیریکنواختی که بیانگر سهم اثر تصادفی همچون تغییرات دمایی و میزان بارندگی است (جدول ۴)، لذا مقدار واریانس



در زیر گروه اول لاین‌های شماره ۷، ۳ و ۸ قرار گرفتند که با داشتن عملکرد بالا و شیب رگرسیونی بالاتر از ۱ دارای پایداری بالا بودند (جدول ۲) و برای مناطق با عملکرد توصیه شدند چون با بهبود محیط عملکرد این لاین‌ها نیز افزایش می‌یابد. در دیگر زیر گروه سایر لاین‌ها قرار گرفتند، این لاین‌ها دارای پایداری پایین هستند و برای محیط‌های ضعیف توصیه شدند.

اساس نتایج این مدل نقطه برش در چرخه ۱۲ قرار گرفت (جدول ۵) و لاین‌ها به دو گروه مجزا تقسیم شدند (شکل ۱)، در گروه اول لاین‌های شماره ۴، ۶ و ۱۰ قرار گرفتند که شیب خط رگرسیونی نزدیک به یک و دارای عملکرد پایین بودند، این گروه دارای پایداری متوسط و عملکرد آن‌ها کمتر تحت تأثیر محیط بود. بقیه لاین‌ها در گروه دوم قرار گرفتند که این گروه خود نیز به دو زیر گروه تقسیم شد،



شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای مدل اول  
Fig. 1. Cluster analysis dendrogram of the first model

عملکرد بالا توصیه شدند. لاین‌های شماره ۴، ۹، ۷، ۶ و ۱۲ با شیب خط رگرسیونی نزدیک به ۱ دارای پایداری متوسط بودند. در گروه دوم لاین‌های شماره ۵، ۱، ۱۱، ۲، ۱۰ و ۱۳ قرار گرفتند در این گروه لاین شماره ۵ با شیب خط رگرسیونی ۰/۵۹ (جدول ۲) کمترین میزان پایداری را بود و برای مناطق بسیار ضعیف توصیه شد.

با توجه به این که که روش‌های تجزیه خوشه‌ای لین و باتلر (Lin and Butler, 1990) ژنوتیپ‌ها را براساس واکنش آن‌ها به محیط‌های

مدل دوم لاین‌ها را بر اساس شیب خط رگرسیون (اثر متقابل ژنوتیپ × محیط) گروه‌بندی کرد. بر اساس نتایج این مدل نقطه برش در چرخه ۱۲ تعیین شد که این خط برش لاین‌ها را به دو گروه تقسیم کرد (شکل ۲). در گروه اول لاین‌های شماره ۳، ۸، ۴، ۹، ۷، ۶ و ۱۲ قرار گرفتند که دارای شیب خط رگرسیونی بالاتر یا مساوی با ۱ بودند لاین‌های شماره ۳ و ۸ با داشتن شیب خط رگرسیونی به ترتیب ۱/۳۶ و ۱/۲۸ که اختلاف معنی‌داری با یک داشتند، دارای پایداری بالا بودند که برای محیط‌های با

جدول ۵- حداقل شاخص فاصله در هر سیکل از خوشه‌بندی و تعیین نقطه برش برای مدل‌های اول و دوم  
Table 6. The smallest dissimilarity index at each cluster cycle and the determination of the cutting point for first and second model

مدل Method	چرخه Cycle	گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها Genotypes grouped	شاخص فاصله حداقل Smallest dissimilarity index	F محاسبه شده Calculated F-ratio	درجه آزادی		F جدول Tabular F-value
					$\nu_1$	$\nu_2$	
1	1	(2 و 13)	1105	0.009	2	72	3.13 <sup>ns</sup>
	2	11 و (2 و 13)	5749	0.049	4	72	2.50 <sup>ns</sup>
	3	(3 و 8)	9553	0.080	2	72	3.13 <sup>ns</sup>
	4	1 و (11 و 2 و 13)	10730	0.092	6	72	2.23 <sup>ns</sup>
	5	7 و (3 و 8)	23859	0.205	4	72	2.50 <sup>ns</sup>
	6	(4 و 6)	30567	0.263	2	72	3.13 <sup>ns</sup>
	7	12 و (1 و 11 و 2 و 13)	31106	0.267	8	72	2.07 <sup>ns</sup>
	8	9 و (12 و 1 و 11 و 2 و 13)	42735	0.367	10	72	1.97 <sup>ns</sup>
	9	(4 و 6) و 10	65549	0.564	4	72	2.50 <sup>ns</sup>
	10	5 و (9 و 12 و 1 و 11 و 2 و 13)	97796	0.841	12	72	1.89 <sup>ns</sup>
	11	(7 و 3 و 5 و 9 و 12 و 1 و 11 و 2 و 13)	155167	1.334	18	72	1.75 <sup>ns</sup>
	12	(7 و (10 و 6 و 4 و 3 و 8 و 5 و 9 و 12 و 1 و 11 و 2 و 13)	196721	1.691	24	72	1.67*
2	1	(2 و 10)	87	0.001	1	72	3.98 <sup>ns</sup>
	2	(2 و 10) و 13	736	0.006	2	72	3.13 <sup>ns</sup>
	3	(6 و 12)	1142	0.010	1	72	3.98 <sup>ns</sup>
	4	(4 و 9)	3050	0.026	1	72	3.98 <sup>ns</sup>
	5	(1 و 11)	3249	0.028	1	72	3.98 <sup>ns</sup>
	6	7 و (6 و 12)	9567	0.082	2	72	3.13 <sup>ns</sup>
	7	(3 و 8)	16011	0.138	1	72	3.98 <sup>ns</sup>
	8	(1 و 11) و (2 و 10 و 13)	16454	0.141	3	72	2.74 <sup>ns</sup>
	9	(4 و 9) و (7 و 6 و 12)	20190	0.174	4	72	2.50 <sup>ns</sup>
	10	5 و (1 و 11 و 2 و 10 و 13)	76953	0.662	4	72	2.50 <sup>ns</sup>
	11	(3 و 8) و (4 و 9 و 7 و 6 و 12)	83904	0.721	6	72	2.23 <sup>ns</sup>
	12	(3 و 8 و 4 و 9 و 7 و 6 و 12) و (5 و 1 و 11 و 2 و 10 و 13)	221227	1.902	12	72	1.89*

ns و \* : غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد.

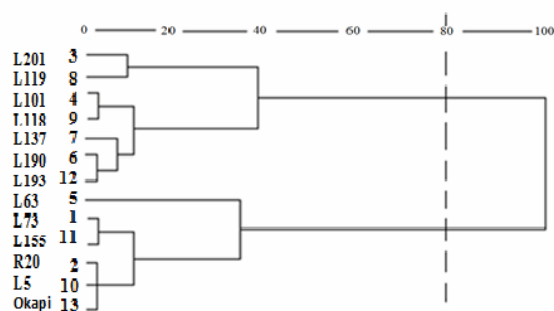
ns and \* : Not significant and significant at the 5% probability level.

در ستون گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها اعداد ۱ تا ۱۳ شماره لاین‌ها مشخص شده در جدول ۲ هستند.

Figures 1-13 in Genotype grouped column are No. of lines denoted in Table 2.

هر دور دسته‌بندی، کوچک‌ترین شاخص عدم تشابه به صورت یکنواخت افزایش می‌یابد، لذا توقف دسته‌بندی بر مبنای آزمون F سبب تضمین یکنواختی افراد داخل هر گروه می‌شود. این موضوع روش خوشه‌بندی لین و باتلر (۱۹۹۰) را از سایر روش‌های خوشه‌بندی متمایز می‌کند. در

مختلف دسته‌بندی می‌کند، بنابراین سبب تغییر درجه‌بندی پایداری ژنوتیپ‌ها توسط معیارهای کمی به زیر مجموعه‌های یکنواخت می‌شود. نقطه قوت استفاده از مدل‌های چهارگانه لین و باتلر (۱۹۹۰) تعیین نقطه برش به وسیله آزمون F است و با توجه به این که در



شکل ۲- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای مدل دوم

Fig. 2. Cluster analysis dendrogram of the second model

### سپاسگزاری

از همکاری مسئولین بخش تحقیقات دانه‌های روغنی موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج و کلیه محققین، کارشناسان مجری و تکنسین‌هایی که در اجرا و ثبت داده‌های اولیه در شهرستان‌های مختلف نقش داشته‌اند، تشکر و قدر دانی می‌شود.

این آزمایش با استفاده از مدل‌های تجزیه خوشه‌ای لین و باتلر (۱۹۹۰) لاین‌های شماره ۳، ۷ و ۸ به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند و لاین شماره ۵ نیز با کم‌ترین میزان پایداری برای محیط‌های نامساعد توصیه شد. لذا تجزیه خوشه‌ای را می‌توان به‌عنوان یک راه حل در تجزیه پایداری استفاده کرد.

### References

- Abou-el-Fittouh, H. A., Rawlings, J. O., and Miller, P. A. 1969.** Classification of environments to control genotype by environment interactions with an application to cotton. *Crop Science* 9: 135-140.
- Allard, R. W., and Bradshaw, A. D. 1964.** Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. *Crop Science* 4: 503-508.
- Anonymous 2011.** SAS/STAT User's Guide, Second Edition. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
- Finlay, K. W., and Wilkinson, G. N. 1963.** The analysis of adaptation in plant breeding program. *Australian Journal of Agriculture Research* 14: 742-754.
- Freeman, G. 1985.** The analysis and interpretation of interactions. *Journal of Applied*

- Statistics 12: 3-10.
- Gauch, H. G. 1988.** Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics* 44: 705-715.
- Ghaderi, A., Everson, E. H., and Cress, C. E. 1980.** Classification of environments and genotypes in wheat. *Crop Science* 20: 707-710.
- Johnson, R. A., and Wichern, D. W. 2002.** *Applied Multivariate Statistical Analysis*, 5th. ed., Texas: Prentice Hall, USA. 767 pp.
- Karimizadeh, R., Dehghani, H., and Dehghanpour, Z. 2006.** The application of cluster analysis for hybrid zea (*Zea mays* L.) stability determination. *Iranian Journal of Agricultural Sciences* 10 (3): 337-347 (in Persian).
- Karimizadeh, R., Mohammadi, M., Sabaghnia, N., Hosseinpour, T., and Shafazadeh, M.K. 2012.** Analysis of genotype and genotype  $\times$  environment interaction in durum wheat in warm rainfed areas of Iran. *Crop Breeding Journal* 2: 71-78.
- Kaiser, D. E., Wiersma, J. J., and Anderson, J. A. 2014.** Genotype and environment variation in elemental composition of spring wheat flag leaves. *Agronomy Journal* 106: 324-336.
- Lin, C. S. 1982.** Grouping genotypes by a cluster method directly related to genotype-environment interaction mean square. *Theoretical and Applied Genetics* 62: 277-280.
- Lin, C. S., Binns, M. R., and Lefkovich, L. P. 1986.** Stability analysis: Where do we stand? *Crop Science* 26: 894-900.
- Lin, C. S., and Butler, G. 1990.** Cluster analyses for analyzing two-way classification data. *Agronomy Journal* 82: 344-348.
- Lin, C. S., and Thompson, B. 1975.** An empirical method of grouping genotypes based on a linear function of the genotype-environment interaction. *Heredity* 34: 255-263.
- Mohebaldini, M. 2005.** Yield and stability analysis in some spring lentil (*Lens culinaris* L.) cultivars. Ph. D. Thesis, University of Tarbiat Modares, Tehran, Iran (in Persian).
- Moreno-González, J., Crossa, J., and Cornelius, P. 2004.** Genotype  $\times$  environment interaction in multi-environment trials using shrinkage factors for ammi models. *Euphytica* 137: 119-127.

- Nassar, R., and Huehn, M. 1987.** Studies on estimation of phenotypic stability: Tests of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. *Biometrics* 43: 45-53.
- Ramey, T. B., and Rosielle, A. A. 1983.** HASS cluster analysis: A new method of grouping genotypes or environments in plant breeding. *Theoretical and Applied Genetics* 66: 131-133.
- Sabaghnia, N., Mohammadi, M., and Karimizadeh, R. 2012a.** Intepretion of genotype  $\times$  environment interaction in multi-environment trials of bread wheat using cluster analysis. *Natura Montenegrina Podgorica* 11: 511-523.
- Sabaghnia, N., Mohammadi, M., and Karimizadeh, R. 2012b.** Grouping lentil genotypes by cluster methods related to linear regression model and genotypexenvironment interaction variance. *Yuzuncu Yil University Journal of Agriculture Science* 22: 134-145.
- Shorter, R., Byth, D. E., and Muntgomery, V. E. 1977.** Genotype  $\times$  environment interactions and environmental adaptation. II. Assessment of environmental contributions. *Australian Journal of Agriculture Research* 28: 233-235.
- Thennarasu, K. 1995.** On certain non-parametric procedures for studying genotype-environment interactions and yield stability. *Indian Journal OF Genetics* 60: 433-439.
- Yan, W. 2012.** Biplot analysis of incomplete two-way data. *Crop Science* 53: 48-57.
- Yan, W., Kang, M. S., Maa, B., Woods, S., and Cornelius, P. L. 2007.** GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Science* 47: 643-655.
- Yan, W. R. 2002.** Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science* 42: 11-20.
- Yates, F., and Cochran, W. 1938.** The analysis of groups of experiments. *Journal of Agricultural Science* 28: 269-288.
- Zhang, H., Berger, J. D., and Milroy, S. P. 2013.** Genotype  $\times$  environment interaction studies highlight the role of phenology in specific adaptation of canola (*Brassica napus*) to contrasting mediterranean climates. *Field Crops Research* 144: 77-88.
- Zobel, R., Wright, M., and Gauch, H. G. 1988.** Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal* 80: 388-393.