



بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و پایداری عملکرد برگ خشک ژنوتیپ‌های توتون ویرجینیا با استفاده از رگرسیون تای (Tai) و AMMI

س. شادپور^۱، س.ع. پیغمبری^۲، ع. محمدی^۳، م. شعاعی دیلمی^۴، م.ح.م. جهرمی^۵ و ع.ر. مهدوی^۶

۱- کارشناس ارشد اصلاح نباتات مرکز تحقیقات توتون رشت (نویسنده مسوول) ۲- دانشیار پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران
۳- استادیار دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج ۴- کارشناس ارشد اصلاح نباتات، مرکز تحقیقات توتون رشت
۵- کارشناس ارشد اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج ۶- کارشناس ارشد زراعت، مرکز تحقیقات توتون تیرتاش

تاریخ دریافت: ۹۰/۴/۸ تاریخ پذیرش: ۹۰/۸/۱۴

چکیده

در این تحقیق به منظور تعیین سازگاری و پایداری ژنوتیپ‌های توتون، پنج ژنوتیپ توتون ویرجینیا در دو منطقه رشت و تیرتاش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی، در سه تکرار و دو سال زراعی متوالی (۸۹-۱۳۸۷) کشت و مورد مطالعه قرار گرفتند. اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در روش AMMI و Tai در سطح احتمال ۱٪ معنی دار بودند. در روش رگرسیون Tai ژنوتیپ‌های ۱، ۳ و ۵ در ناحیه پایداری قرار گرفتند، اما از بین آنها ژنوتیپ شماره ۳ (Caspian z1) به علت دارا بودن مقدار λ نزدیک به ۱ و مقدار α نزدیک به صفر و همچنین میانگین عملکرد بالاتر از میانگین کل، از پایداری بسیار بالایی نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برخوردار بود. در مدل AMMI₁ ژنوتیپ ۳ به عنوان ژنوتیپ پایدار معرفی گردید و همچنین در مدل AMMI₂ نیز دو مولفه اصلی اول در سطح ۱٪ معنی دار شدند، مولفه اصلی اول ۸۷٪ و مولفه اصلی دوم ۱۲٪ و در مجموع این دو مولفه ۹۹٪ از تغییرات اثر متقابل ژنوتیپ × محیط را توجیه نمودند. لذا در این مدل دو مولفه اصلی اثر متقابل در مدل نگه داشته شد (AMMI₂) و بقیه مولفه‌ها به عنوان نویز در نظر گرفته شدند. براساس نمودار بای پلات مدل AMMI₂ ژنوتیپ ۳ (Caspian z1) به عنوان بهترین ژنوتیپ برای مکان تیرتاش (S2) و رشت (S1) شناخته شد. به طور کلی در این تحقیق ژنوتیپ ۳ بر اساس روش Tai و AMMI به عنوان برترین ژنوتیپ شناخته شد.

واژه‌های کلیدی: سازگاری، پایداری، AMMI، رگرسیون Tai، توتون

مقدمه

عملکرد بستگی به ظرفیت رقم از نظر عکس العمل در شرایط محیطی متفاوت دارد. پایداری موضوع اثر متقابل ژنوتیپ و عوامل محیطی است و برآیند این عکس العمل بستگی به

سازگاری یک رقم ظرفیت ژنتیکی آن واریته برای ظهور عملکرد بالا و پایدار در محیط‌های متفاوت می‌باشد. اما پایداری



λ محاسبه می‌شود (۱۱). برای محاسبه این دو آماره از فرمول‌های زیر استفاده می‌شود:

$$\alpha_i = \frac{\sum_j \varepsilon_i (ge)_{ij} / (q-1)}{(msl) - (msb) / (pr)}$$

$$\lambda_i = \frac{(\sum_j ge_{ij}^2 / (q-1)) - \alpha_i (\sum_j \varepsilon_j ge_{ij}) / (q-1)}{(p-1)MSE / pr}$$

در فرمول‌های فوق:

$$g_i = \bar{X}_{i.} - \bar{X}_{..}$$

$$\varepsilon_i = \bar{X}_{.j} - \bar{X}_{..}$$

$$(ge)_{ij} = \bar{X}_{ij} - \bar{X}_{i.} - \bar{X}_{.j} + \bar{X}_{..}$$

همچنین msl = واریانس اثرات محیطی،
 msb = واریانس تکرار درون محیط‌ها و
 mse = واریانس اشتباه می‌باشد.

پارامتر α بیانگر ضریب رگرسیون می‌باشد و مقدار بهینه این پارامتر برای بررسی اثر متقابل بایستی ۱- و متوسط آن صفر باشد و پارامتر λ که بیانگر انحراف از خط رگرسیون می‌باشد، مقدار بهینه آن بایستی ۱ باشد. چنانچه ژنوتیپی دارای ضریب رگرسیون ۱- و انحراف از رگرسیون ۱ باشد پایدار است. همچنین اگر ژنوتیپی ضریب رگرسیون صفر و انحراف ۱ داشته باشد پایداری متوسطی از خود نشان خواهد داد. با استفاده از روش رگرسیون Tai یک نمودار هذلولی شکل ترسیم می‌گردد که قابلیت تفکیک ژنوتیپ‌های با پایداری بالا و پایین را دارد (۱۵).

ساختمان ژنتیکی وارسته و شدت عوامل محیطی دارد.

در روش، Tai از دو آماره پایداری α و λ که بسیار مشابه ضریب رگرسیون و انحراف از رگرسیون هستند استفاده می‌شود. به عبارت دیگر روش رگرسیون Tai همان روش رگرسیونی ابرهات و راسل می‌باشد با این تفاوت که از یک وزنی که بر مبنای امید ریاضی داده‌هاست پارامترهای ابرهات و راسل تصحیح گردیده و پارامترهای Tai بدست می‌آیند. در روش Tai بررسی عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف از طریق اثرات ژنوتیپی انجام می‌گیرد ولی در روش رگرسیون ابرهات و راسل اثرات فنوتیپی استفاده گردیده است (۱۴). در این روش تفکیک اثر متقابل ژنوتیپ و محیط به مجموع مربعات رگرسیون و انحراف از رگرسیون در صورتی عملی است که اثرات محیطی بدون اشتباه برآورد شوند. با توجه به این مورد تای اظهار داشت که نمی‌توان اثرات محیطی را بدون اشتباه برآورد کرد. براساس این فرضیه‌ها که اثرات محیطی (e_j) و اثرات متقابل ژنوتیپ و محیط (ge_{ij}) توزیع نرمال دارند، Tai از روش رابطه ساختاری برای یافتن آماره‌های α و λ با حداکثر درست‌نمایی استفاده کرد. بر اساس روش تجزیه رابطه ساختاری، اثر متقابل ژنوتیپ و محیط یک وارسته از دو جز تشکیل شده است: ۱- پاسخ خطی به اثرات محیطی که با استفاده از آماره α محاسبه می‌شود و ۲- انحراف از پاسخ خطی که به وسیله آماره



مقادیر اثرات متقابل ژنوتیپ و محیط صورت می‌گیرد، اما در مولفه‌های اصلی محاسبات روی تفاضل داده‌های اصلی از میانگین کل انجام می‌شود (۵). نویز (ρ_{ge}) باقیمانده از اثرات متقابل است، در صورتی که از تمام مولفه‌ها استفاده نشود. لی و همکاران در تجزیه پایداری و صفات اقتصادی مهم ۷ رقم توتون در ۱۲ منطقه در ۳ سال گزارش کردند ۴ رقم کا ۳۲۶، کا ۳۴۶، یون یان ۸۷ و آر جی ۱۷ از نظر خصوصیات اقتصادی بهتر از بقیه بودند. اما دو رقم ۳۱۵ و کا ۳۵۸ در عملکرد و متوسط قیمت در مناطق مورد بررسی پایداری داشتند (۱۲). حاجی و همکاران (۷) در بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و پایداری عملکرد ژنوتیپ‌های امید بخش گندم دوروم از روش Tai و AMMI استفاده کردند و در نهایت یک ژنوتیپ را به عنوان پایدارترین ژنوتیپ معرفی نمودند. هدف از این تحقیق بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و تعیین پایداری عملکرد پنج ژنوتیپ توتون در مناطق رشت و تیرتاش می‌باشد. حسین زاده و همکاران (۹) به منظور بررسی سازگاری و پایداری عملکرد ارقام نر عقیم توتون تیپ بارلی در دو منطقه توتونکاری مازندران و گلستان با مقایسه ۲ رقم نر عقیم HB4105P، 03FZ13 به همراه شاهد بارلی ۲۱ اجرا نموده و در نهایت رقم HB4105P را به عنوان رقم سازگار و پایدار از نظر صفات مورد بررسی معرفی نمودند. صلواتی و همکاران (۱۳) به منظور بررسی سازگاری و پایداری عملکرد لاین‌های اصلاح شده توتون در استان‌های

در مدل AMMI ابتدا با استفاده از تجزیه واریانس معمولی آثار اصلی ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها برآورد می‌شود که به آنها اثرات اصلی جمع‌پذیر یا افزایشی گفته می‌شود. سپس با استفاده از تجزیه به مولفه‌های اصلی اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط که به اثرات متقابل ضرب‌پذیر معروف است مورد تجزیه و تحلیل قرار می‌گیرد (۶). روش AMMI در واقع ترکیبی از مدل تجزیه واریانس (ANOVA) و تجزیه به مولفه‌های اصلی (P.C.A) است و مدل آن به صورت زیر است:

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

در این فرمول X_{ger} عملکرد ژنوتیپ g ام در محیط e ام در تکرار r ام است. μ میانگین کل آزمایش، α_g و β_e به ترتیب اثرات اصلی ژنوتیپ و محیط، λ_n مقدار منفرد برای محور مولفه اصلی n ام، γ_{gn} بردار ویژه ژنوتیپ برای محور n ام، δ_{en} بردار ویژه محیط برای محور n ام و ρ_{ge} مقدار نویز و ε_{ger} عبارت مربوط به خطا است. بخش اول مدل AMMI یعنی بخش جمع‌پذیر از تجزیه واریانس معمولی استفاده می‌کند. میانگین کل با اثر ژنوتیپی (α_g) بصورت انحراف ژنوتیپ از میانگین کل و اثر محیطی (β_e) به صورت انحراف محیطی برآورد می‌شود (۶). بخش دوم، قسمت ضرب‌پذیر مدل AMMI است که از روش تجزیه به مولفه‌های اصلی به منظور تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ و محیط به یک تا N مولفه اصلی استفاده می‌کند، اما باید توجه داشت که در روش AMMI محاسبات روی



دیسک بود و علف کش ارادیکان به میزان ۴ لیتر در هکتار و قبل از کاشت مصرف و توسط دیسک با خاک مخلوط گردید. پس از آماده سازی زمین اصلی و قبل از انتقال نشاء مقدار کود لازم براساس آزمون خاک و توصیه‌های بخش تحقیقات خاک و آب هر منطقه به زمین داده شد. پس از انتقال نشاء ها از خزانه به زمین اصلی و پس از آبیاری فاروها، نشاء کاری به فاصله ۵۰ سانتیمتر روی ردیف انجام و بعد از استقرار نشاءها مجدداً آبیاری انجام شد. عملیات داشت از قبیل آبیاری، مبارزه با علف‌های هرز، مبارزه با آفات و بیماری‌ها طبق عرف منطقه و اصول علمی انجام گردید. در هر سال عملکرد برگ خشک هر چین مشخص گردید و در نهایت مجموع عملکرد برگ خشک چین‌های مختلف به عنوان عملکرد برگ خشک هر کرت (kg/plot) تعیین گردید. پس از انجام تجزیه واریانس ساده در هر سال و هر مکان، آزمون بارتلت برای بررسی یکنواختی واریانس خطاها انجام شد. سپس با فرض ثابت بودن اثر ژنوتیپ‌ها و تصادفی بودن اثر سال و مکان، تجزیه واریانس مرکب انجام شد. برای بررسی پایداری ژنوتیپ‌ها و تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، روش رگرسیون Tai و روش AMMI مورد استفاده قرار گرفت. برای ارتباط دادن ژنوتیپ‌های مختلف به محیط‌های متفاوت، از نمودار بای‌پلات استفاده شد. در این تحقیق برای تجزیه Tai, AMMI و نرم افزار SAS مورد استفاده قرار گرفت.

مازندران و گلستان با مقایسه چهار لاین به نژادی شده به نامهای توتم ۳۲۱، توتم ۳۲۲، توتم ۳۲۳، توتم ۳۴۱ و رقم K326 را به عنوان شاهد در ۶ منطقه توتونکاری مورد ارزیابی قرار دادند. و در نهایت رقم های توتم ۳۲۲ و توتم ۳۲۳ را از نظر صفات مورد بررسی عملکرد و تست ذائقه ای به عنوان ارقام برتر معرفی نمودند.

حسین زاده و همکاران (۸) به منظور بررسی سازگاری و پایداری عملکرد ارقام نر عقیم توتون تیپ ویرجینیا در دو منطقه توتونکاری مازندران و گلستان با مقایسه ۳ رقم نر عقیم ULT103، NC100، PVH03 به همراه شاهد K326 اجرا نموده و در نهایت رقم NC100 را به عنوان رقم سازگار و پایدار از نظر صفات مورد بررسی معرفی نمودند.

مواد و روشها

در این تحقیق پنج ژنوتیپ توتون (Caspian p1) و (Caspian p2) و (Caspian z1) و (Caspian z2) و (Coker 347) که به ترتیب ژنوتیپ های ۱ تا ۵ نامبرده می شوند در مناطق رشت و تیرتاش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی، در سه تکرار و دو سال زراعی متوالی (۸۹-۱۳۸۷) مورد مطالعه قرار گرفتند. مشخصات فنی و زراعی اجرای طرح در کلیه مناطق یکسان و مشابه بود. ابتدا خزانه های نشاء توتون آماده سازی شدند و بذور ارقام مورد نظر به میزان ۰/۱۸-۰/۱۱ گرم در هر متر مربع خزانه پاشیده شد. عملیات تهیه زمین شامل شخم و



نتایج و بحث

از آن می‌باشد برآورد گردید. نتایج برآورد شده این پارامترها برای هر ژنوتیپ در جدول ۱ نشان داده شده است.

در روش رگرسیون Tai دو پارامتر α و λ که نشان‌دهنده ضریب رگرسیون و انحراف

جدول ۱- نتایج روش رگرسیون تای و مقادیر میانگین، آلفا و لامبدا

شماره ژنوتیپ	میانگین	لامبدا (λ)	آلفا (α)
۱	۱۲/۹۴۰	۳/۳۲۱ ^{ns}	-۰/۱۰۱۸ ^{ns}
۲	۱۶/۶۹۹	۰/۳۸۱ ^{ns}	۰/۰۸۲۹*
۳	۱۹/۷۷۶	۰/۸۹۱ ^{ns}	-۰/۰۲۷۷ ^{ns}
۴	۱۲/۹۶۵	۰/۳۵۲ ^{ns}	-۰/۱۱۶۷*
۵	۱۳/۸۳۷	۰/۸۹۵ ^{ns}	-۰/۰۵۱۹ ^{ns}

*: معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۵ و ns غیر معنی‌دار.

صفر باشد پایداری ژنوتیپ متوسط است. در این نمودار ژنوتیپ‌های ۱، ۳ و ۵ داخل هذلولی قرار گرفتند، اما ژنوتیپ‌های ۳ و ۵ در وضعیت مناسب‌تری قرار گرفته‌اند که در بین آنها ژنوتیپ ۵ با اینکه در ناحیه بسیار مناسبی از نظر پایدار عمومی قرار گرفته‌است، اما میانگین عملکرد این ژنوتیپ کمتر از میانگین عملکرد کل می‌باشد. بنابراین، ژنوتیپ ۳ به علت دارا بودن میانگین عملکرد بالاتر از متوسط و ضریب رگرسیون نزدیک به صفر و انحراف از رگرسیون ۱، از پایداری بسیار بالایی نسبت به ژنوتیپ‌ها برخوردار می‌باشد. تجزیه واریانس مدل AMMI اثر معنی‌داری را برای محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط نشان داد (جدول ۲). ژنوتیپ و محیط و اثر متقابل به ترتیب ۹/۱۳۷، ۸۹/۱۲۶، ۱/۷۳۷ از کل مجموع مربعات را توجیه نمودند. به منظور تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، تجزیه به مولفه‌های اصلی روی ماتریس باقی مانده

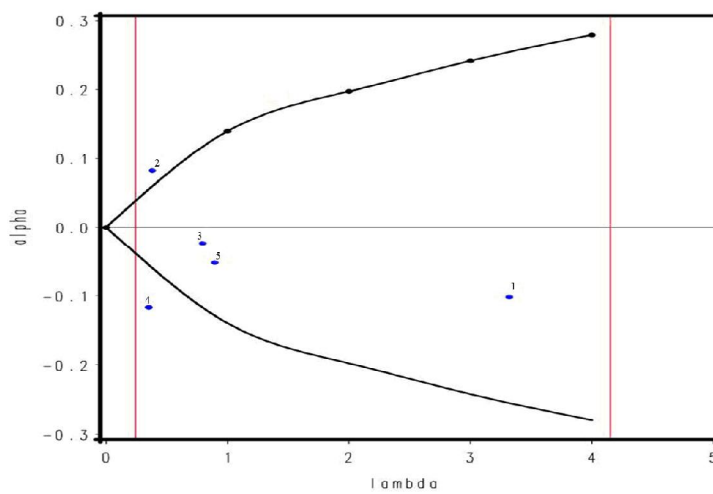
از نظر پارامتر α به غیر از ژنوتیپ ۴ و ۲ که اختلاف معنی‌دار (با $\alpha=0$) در سطح احتمال ۰/۰۵ نشان دادند، سایر ژنوتیپ‌ها به دلیل داشتن مقدار α غیر معنی‌دار، دارای پایداری متوسطی بودند. از نظر پارامتر λ تمامی ژنوتیپ‌ها به علت نداشتن انحراف از خط رگرسیون، غیر معنی‌دار و در وضعیت مناسبی قرار گرفتند.

در تجزیه واریانس با روش رگرسیون Tai اثر معنی‌داری را برای اثر متقابل ژنوتیپ × محیط نشان داد. در روش Tai (شکل ۱) ژنوتیپ‌هایی که در درون نمودار هذلولی قرار گرفته‌اند پایداری متوسطی دارند اما هرچه از مرکز نمودار به طرف مثبت محور λ پیش برویم، از قابلیت اطمینان پایداری این ژنوتیپ‌ها کاسته می‌شود، همچنین اگر ژنوتیپی دارای ضریب رگرسیون (α) -۱ و انحراف از رگرسیون (λ) ۱ باشد پایداری آن ژنوتیپ کامل است، اما اگر ضریب رگرسیون



۲ مولفه اصلی ($AMMI_2$) که ۹۹/۹۵۱٪ از تغییرات اثر متقابل را توجیه کرد در نظر قرار گرفت (جدول ۲). همچنین برای ارزیابی پایداری ارقام از آماره جدید ارزش پایداری AMMI (ASV) استفاده شد که نتایج آن در جدول ۳ ارائه شده است.

صورت گرفت که ۲ مولفه اصلی در سطح ۱٪ ($p < 0.01$) معنی دار شدند. اولین مولفه اصلی ۸۷/۱۱۷٪ از مجموع مربعات اثر متقابل را به خود اختصاص داد و این مقدار برای $IPCA_2$ برابر ۱۲/۸۳۴٪ بود. مولفه اصلی باقی مانده در مدل تنها ۰/۰۴۹٪ از مجموع مربعات اثر متقابل را توجیه کرد. بنابراین مدل AMMI با



شکل ۱- پارامترهای برآورد شده با استفاده از رگرسیون تالی.

جدول ۲- تجزیه واریانس مدل AMMI برای عملکرد برگ خشک ژنوتیپ های توتون در محیط‌های مختلف در سال‌های زراعی (۱۳۸۸-۱۳۸۶)

منابع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات (SS)	SS (%)	میانگین مربعات (MS)
کل	۵۹	۴۶۷۸/۲۶۰۹۶		
نیماز	۲۱	۴۶۲۲/۱۰۲۷۷		۲۲۰/۱۰۰۱**
ژنوتیپ	۴	۴۲۱/۷۰۶۹۶	۹/۱۳۷	۱۰۵/۴۲۶۷**
محیط	۳	۴۱۱۳/۴۵۲۶۲	۸۹/۱۲۶	۱۳۷۱/۱۵۰۹**
اثر متقابل ژنوتیپ × محیط	۱۲	۸۰/۱۸۲۲۳	۱/۷۳۷	۶/۶۸۱۹**
$IPCA_1$	۶	۶۹/۸۵۱۹	۸۷/۱۱۷	۱۱/۶۴۲۰**
$IPCA_2$	۴	۱۰/۲۹۰۵	۱۲/۸۳۴	۲/۵۷۲۶**
باقیمانده (نویز)	۲	۰/۰۳۹۸	۰/۰۴۹	۰/۰۱۹۹ ^{ns}
خطای ادغام شده	۳۸	۵۶/۱۵۸۱۹		۱/۴۷۷۸۴

** و ns: به ترتیب معنی داری در سطح ۱ درصد و غیر معنی دار.



جدول ۳- ارزش پایداری AMMI (ASV) و مقادیر مولفه‌های اصلی اول و دوم ژنوتیپ‌ها

ASV	IPCA ₂	IPCA ₁	میانگین	شماره ژنوتیپ
۲/۹۰۷	-۰/۹۲۰۵۰	۱/۰۵۸۵۲	۱۲/۹۴۰	۱
۱/۶۶۵	-۱/۵۲۷۲۶	-۰/۲۵۴۵۱	۱۶/۶۹۹	۲
۱/۱۳۲	۰/۹۰۷۴۱	۰/۲۵۹۸۴	۱۹/۷۷۶	۳
۲/۳۸۲	۰/۳۳۴۷۸	۰/۹۰۵۳۹	۱۲/۹۶۵	۴
۰/۷۱۸	-۰/۶۹۶۴۹	-۰/۰۶۷۱۸	۸۳۷/۱۳	۵

پایداری شوکلا همبستگی مثبت و بالایی را با یکدیگر نشان دادند (۱).

به منظور ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها و مکان‌ها و نیز ارتباط دادن ژنوتیپ‌های مختلف به مناطق گوناگون از تجزیه واکنش ژنوتیپی یا نمودار بای‌پلات استفاده شد. در نمودار بای‌پلات محور افقی نمایانگر اثرات اصلی جمع‌پذیر یا میانگین و محور قائم اثرات متقابل ضربی یا مقادیر اولین مولفه‌های اصلی می‌باشد. در بای پلات مذکور دو جفت از داده‌ها روی محور نمایش داده شده‌اند.

اولین جفت مربوط به میانگین عملکرد هر رقم (محور افقی) و مقادیر اولین مولفه اصلی هر ژنوتیپ (محور عمودی) و دومین جفت مربوط به میانگین عملکرد هر محیط (محور افقی) و مقادیر اولین مولفه اصلی هر محیط (محور عمودی) می‌باشد. عملکرد برگ خشک توتون و مقادیر مولفه‌های اصلی اول و دوم ژنوتیپ‌ها و محیط‌های مورد مطالعه در جداول (۴ و ۵) ارائه شده است.

در بای پلات (شکل ۲) مشاهده می‌شود که ژنوتیپ‌های ۱ و ۴ و همچنین محیط S₂ دارای IPCA₁ بالا و به عبارتی بیشترین تاثیر را در ایجاد اثر متقابل دارند. خط عمود در

در روش ارزش پایداری AMMI ژنوتیپی پایدار است که دارای ASV کمتری باشد. در این روش ژنوتیپ ۵ کمترین ASV را به خود اختصاص داد، اما عملکرد این ژنوتیپ کمتر از میانگین کل می‌باشد، بنابراین در این روش ژنوتیپ‌های ۳ و ۲ با داشتن ASV پایین (به ترتیب) و عملکرد بالاتر از میانگین کل، به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا شناخته شدند. همچنین ژنوتیپ ۱ و ۵ با داشتن بالاترین ASV، ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند. کریمی زاده و همکاران برای بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با استفاده از روش AMMI برای ۱۰ ژنوتیپ ذرت، از چهار پارامتر SIPC₄، AMGE₄، ASV و EV₄ استفاده کردند، آنها از بین پارامترهای مدل AMMI، پارامتر ASV را به علت صحت نتایج مربوط به آن به عنوان بهترین پارامتر معرفی کردند. همچنین آنها اظهار داشتند به نظر می‌رسد پارامتر ASV مدل AMMI دارای مفهوم زراعی پایداری می‌باشد. در مطالعات آنها پارامتر ASV همبستگی مثبت و معنی‌داری با اکووالانس ریک و همچنین آماره ناپارامتری S₂ وجود داشت (۱۰). در تحقیق دیگری روی کتان، پارامتر ASV و واریانس



عملکرد بالاتر از متوسط را به خود اختصاص دادند و در سمت راست خط عمود در میانه بای پلات قرار گرفتند. ژنوتیپ ۱ کمترین میزان عملکرد را داشت که در بای پلات مذکور مشاهده می شود.

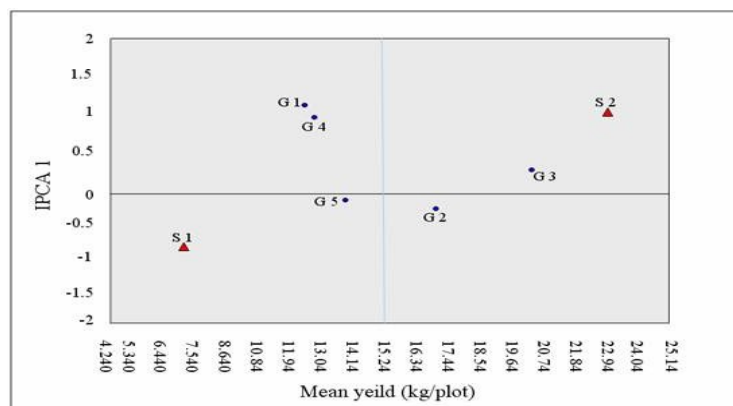
میانه بای پلات (شکل ۲) از میانگین کل دو سال آزمایش می گذرد. ژنوتیپها و مکانهای سمت راست این خط دارای عملکرد بالاتر از میانگین کل می باشند، بنابراین ژنوتیپهای ۳ و ۲ به ترتیب بیشترین تا کمترین میانگین

جدول ۴- عملکرد برگ خشک و مقادیر مولفه های اصلی اول و دوم ژنوتیپ های توتون

شماره ژنوتیپ	میانگین	IPCA ₁	IPCA ₂
۱	۱۲/۹۴۰	۱/۰۵۸۵۲	-۰/۹۲۰۵۰
۲	۱۶/۶۹۹	-۰/۲۵۴۵۱	-۱/۵۲۷۲۶
۳	۱۹/۷۷۶	۰/۲۵۹۸۴	۰/۹۰۷۴۱
۴	۱۲/۹۶۵	۰/۹۰۵۳۹	۰/۳۳۴۷۸
۵	۱۳/۸۳۷	-۰/۰۶۷۱۸۰	-۰/۶۹۶۴۹

جدول ۵- عملکرد برگ خشک و مقادیر مولفه های اصلی اول و دوم برای محیط های ۱ و ۲

کد محیط	میانگین	IPCA ₁	PCA ₂
S ₁	۷/۱۳۳	-۰/۸۶۰۱	-۰/۲۶۴۳
S ₂	۲۳/۳۵	۰/۸۶۶۵	۰/۲۶۸۸



شکل ۲- بای پلات میانگین ژنوتیپها، محیطها و مقادیر اولین مولفه اصلی آنها (مدل AMMI₁)
S₁ و S₂ به ترتیب رشت و تیرتاش می باشند) و G₁ تا G₂ ژنوتیپها از شماره ۱ تا ۵ می باشند).



میانگین عملکرد بیشتر از میانگین کل، ژنوتیپ‌هایی با سازگاری عمومی خوب شناخته شدند. در بررسی سازگاری خصوصی و تعیین مناسبترین ژنوتیپ‌ها برای مکان‌های مورد آزمایش با توجه به بای‌پلات شکل ۳، ژنوتیپ‌های ۲، ۳، ۴ و ۵ ژنوتیپ‌هایی هستند که در رئوس چند ضلعی تشکیل شده در این بای پلات قرار دارند. این ژنوتیپ‌ها دارای بیشترین پاسخ‌دهی در مکان‌های مناسب خود هستند (به عبارتی بیشترین سازگاری اختصاصی با مکان‌های مناسب خود را دارند) بخش‌هایی توسط خطوط عمود بر این اضلاع به وجود آمده که ژنوتیپ‌ها و مکان‌های مناسب آنها درون هر بخش قرار گرفته است. ژنوتیپ‌هایی که در راس قرار گرفته‌اند، ژنوتیپ‌های برتر و مناسب برای مکان یا مکان‌هایی می‌باشند که در آن بخش قرار دارند. در این بای‌پلات مکان S_2 در داخل بخش اول قرار گرفته‌اند و ژنوتیپ برتر در این دو مکان ژنوتیپ‌های ۳ و ۲ می‌باشند و به عبارتی از واکنش اثر متقابل مشابه با این دو مکان برخوردارند. از میان این دو ژنوتیپ، ژنوتیپ ۳ با میانگین عملکرد بیشتر از ژنوتیپ ۲ برای مکان S_2 مناسب‌تر می‌باشند.

در بخش دوم این بای پلات ژنوتیپ‌های برتر و مناسب ژنوتیپ ۴ قرار دارد که ژنوتیپ برتر برای مکان S_1 می‌باشد. البته به علت همبستگی نزدیکی که مکان S_2 با مکان S_1 دارد، ژنوتیپ ۲ برای این دو مکان مناسب شناخته شد.

همچنین در مکان‌ها، تیرتاش (S_2) عملکرد بالایی نشان داد. مکان رشت (S_1) پایین‌ترین عملکرد را داشت. همچنین محور افقی در میانه نمودار نشان‌دهنده $IPCA1=0$ ($AMMI=0$) می‌باشد، که نشان می‌دهد هیچ گونه اثر متقابلی وجود ندارد. از اینرو ژنوتیپ‌هایی که در مرکز بای پلات قرار گیرند اثر متقابل نزدیک به صفر دارند و دارای پایداری عمومی بیشتری هستند، بنابراین ژنوتیپ‌های ۵ دارای اثر متقابل پایینی می‌باشد، ولی ژنوتیپ‌های ۳ و ۲ به علت داشتن میانگین عملکرد بالاتر از میانگین کل می‌توانند به عنوان ژنوتیپ‌هایی با پایداری مطلوب مورد توجه قرار بگیرند. شکل ۳ بای‌پلات مولفه‌های اصلی اول و دوم اثر متقابل را برای ژنوتیپ‌ها نشان می‌دهد. ژنوتیپ‌ها و مکان‌ها براساس مقادیر مولفه‌های اصلی اول و دوم مشخص شده‌اند. ژنوتیپ‌ها به صورت شماره و دایره و محیط‌ها به صورت S نشان داده شده‌اند.

این بای‌پلات جمعا ۹۹/۹۴٪ تغییرات موجود در داده‌ها را توجیه می‌کند و سهم مولفه اصلی اول (۸۷/۱۱) در تفکیک ژنوتیپ‌ها و مکان‌ها بیشتر و سهم مولفه اصلی دوم (۱۲/۸۳) کمتر است (جدول ۲).

در بای پلات شکل ۲ ژنوتیپ شماره ۱ دارای اثر متقابل بزرگ و ناپایداری بود. ژنوتیپ شماره ۴ نیز دارای اثر متقابل مثبت، بزرگ و ناپایداری بوده و ژنوتیپ‌های ۲، ۳ و ۵ از کمترین اثر متقابل برخوردار بودند که از بین آنها ژنوتیپ‌های ۳، ۲ و ۳ نیز به علت داشتن

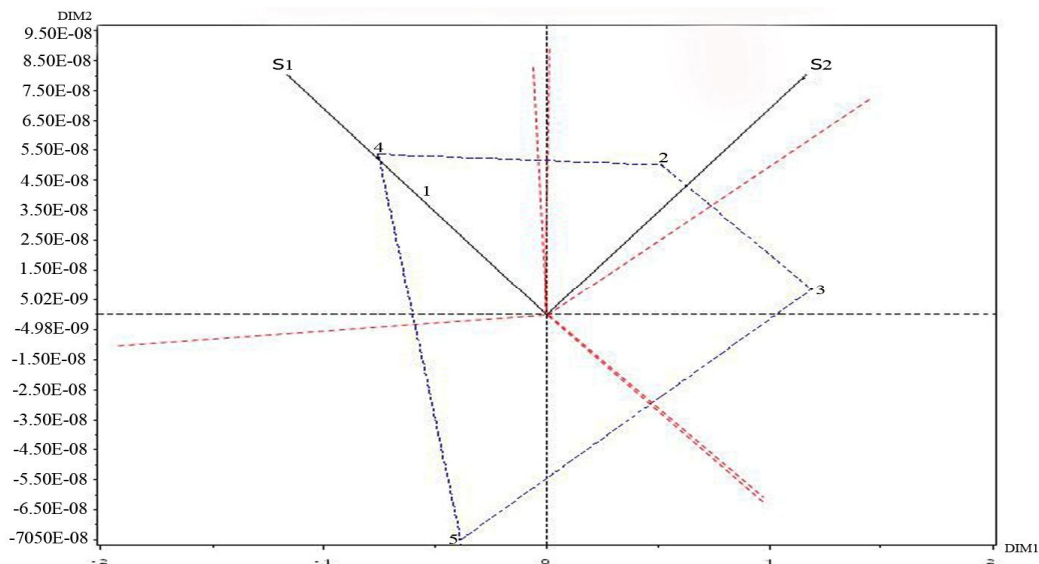


مدل $AMMI_1$ ژنوتیپ‌های ۳ و ۲ به عنوان ژنوتیپ‌هایی با پایداری مطلوب و عملکرد بالا شناخته شدند و در مدل $AMMI_2$ ژنوتیپ‌های ۳ و ۲، به عنوان ژنوتیپ‌هایی با سازگاری عمومی خوب و با عملکرد بالا شناخته شدند، همچنین بر اساس پارامتر ارزش پایداری $AMMI$ (ASV) ژنوتیپ‌های ۳ و ۲ به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا شناخته شدند و همچنین در روش تجزیه رگرسیون Tai ژنوتیپ ۳ به عنوان ژنوتیپ برتر معرفی گردید، به طور کل می‌توان ژنوتیپ ۳ را به عنوان بهترین ژنوتیپ معرفی کرد.

البرت، در بررسی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در هیبریدهای ذرت روش‌های مختلف تجزیه پایداری را با هم مقایسه نمود، ولی در نهایت مدل $AMMI$ را مناسب‌ترین روش برای تجزیه پایداری معرفی کرد (۲).

در تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی بر مبنای دو مولفه اصلی اول توجه به زاویه بین بردارهای محیطی در تفسیر مشابهت‌های محیطی سودمند است. زاویه حاده بین دو بردار محیطی مشخص کننده همبستگی بالای دو محیط است. زاویه قائم بین دو بردار محیطی نشان دهنده عدم وجود همبستگی در ایجاد اثر متقابل می‌باشد و زاویه منفرجه بین دو بردار محیطی بیانگر همبستگی منفی دو محیط از لحاظ ایجاد اثر متقابل می‌باشد (۴). در این بای پلات مکان‌های S_1 و S_2 به علت داشتن بردارهایی با زاویه حاده دارای همبستگی بالا و مثبتی می‌باشند.

روش $AMMI$ با قابلیت تفسیر گرافیکی براساس یک و دو مولفه اصلی اول و قابلیت تفسیر توسط پارامترهای آن یک روش کارآمد محسوب می‌شود. از آنجایی که در



شکل ۳- بای پلات براساس مدل $AMMI_2$ (S_1 و S_2 به ترتیب رشت و تیرتاش می‌باشند).



به عنوان ژنو تیبی با سازگاری عمومی خوب و با عملکرد بالا شناخته شد.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله از مرکز تحقیقات توتون رشت و مرکز تحقیقات و آموزش توتون تیرتاش که در اجرای مراحل مختلف این طرح پژوهشی نهایت همکاری را داشتند تقدیر و تشکر بعمل می‌آید.

بورجنو و همکاران در تجزیه گرافیکی بای پلات $AMMI_2$ ، به منظور تفسیر بای پلات و معرفی ژنوتیپ‌های برتر برای هر مکان، ژنوتیپ‌هایی را که در هر بخش در رئوس چند ضلعی قرار داشتند، به عنوان ژنوتیپ برنده معرفی کردند (۳).

روش $AMMI$ با قابلیت تفسیر گرافیکی براساس یک و دو مولفه اصلی اول و قابلیت تفسیر توسط پارامترهای آن یک روش کارآمد محسوب می‌شود. در مدل $AMMI_2$ ژنوتیپ ۳

منابع:

1. Adugna, W. and M.T. Lebuschagne. 2002. Genotype-environment interactions and phenotypic stability analysis of linseed in Ethiopia. *Plant Breeding*. 121: 66-71.
2. Albert, M.J.A. 2004. A comparison of statistical methods to describe genotype × environment interaction and yield stability in multi-location maize trials. M. Sc. Thesis. Department of Plant Sci., The University of the Free State, Bloemfontein. 96 p.
3. Burgueño, J., J. Crossa and M. Vargas. 2000. SAS programs for graphing GE and GGE biplots. *CIMMYT, Int. México*. 21 p.
4. Chapman, S.C., J. Crossa and G.O. Edmeodes. 1997. Genotype by environment effects and selection for drought tolerance in tropical maize .I. Two mode pattern analysis of yield. *Euphytica* 95:1-9.
5. Gauch, H.G. 1988. Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics* 44: 705-715.
6. Gauch, H.G. 1992. *Statistical Analysis of Regional Trials. AMMI Analysis of Factorial Designs*. Elsevier Pub. Amsterdam, Netherlands. 278 p.
7. Haji, M.A., M. jahromi, M. Khodarahmi, A.R. Mohammadi and A. Mohammadi. 2010. Study of genotype × environment interaction and yield stability of durum wheat genotype using AMMI and Tai analysis. *Abstracts proceeding of the 11th Iranian crop production and breeding congress*. 2: 75
8. Hosseinzadeh Fashalami, N., A.R. Mahdavi and A.Gh. Gholizadeh. 1386. Investigation of adaptability and yield stability of Virginia tobacco male-sterile cultivars in mazandaran and golestan provinces. *Annual Report of Tirtash Research and Education Center*. 1-13.
9. Hosseinzadeh Fashalami, N., A.R. Mahdavi and A.Gh. Gholizadeh. 2007. Investigation of adaptability and yield stability of burley tobacco male-sterile cultivars in mazandaran and golestan provinces. *Annual Report of Tirtash Research and Education Center*. 13-24.



10. Karimizadeh, R., H. Dehghani and Z. Dehghanpour. 2007. Use of AMMI method for estimating genotype -environment interaction in early maturing corn hybrids. *Seed and Plant Production Journal*. 23(4): 531-546
11. Kendall, M. and A. Stuart. 1979. *The advanced theory of statistics*, vol. 2., Charles Griffin, London. 484 pp.
12. Li, G., H. Xiao and H. Fang. 2001. Analysis on stability of the main economic characters of flue-cured tobacco cultivars. *Acta Tabacaria Sinica*, 2001, 7-1, pp: 13-8.
13. Salavati, M.R., N. Hosseinzadeh Fashalami, H. Abbasi Rostami and M.T. Shamel Rostami. 2010. Study of yield stability and adaptability of breeding flue-cured tobacco lines in golestan and mazandaran provinces. *Annual Report of Tirtash Research and Education Center*: 89-104.
14. Tai, G.C.C. 1971. Genotypic stability analysis and application to potato regional triats. *Crop Science*, 11: 184-190.
15. Thillainathan, M. and G.C.J. Fernandez. 2001. SAS application for Tai's stability analysis and AMMI model in genotype \times environmental interaction (GEI) effects. *Journal of Heredity* 92(4): 367-371.



Study of Genotype × Environment Interaction and Yield Stability of Tobacco Genotypes Using AMMI and Tai analysis

S. Shadpour¹, S.A. Peyghambari², A. Mohammadi³, M. Shoaie deylami⁴, M.H.M. Jahromi⁵ and R. Mahdavi⁶

1- M.Sc. of Plant Breeding, Tobacco Research Center, Rasht (Corresponding author)

2- Associate Professor, Agriculture and Natural Resources University of Tehran

3- Assistant Professor, Islamic Azad University, Karadj Branch

4- M.Sc. of Plant Breeding, Tobacco Researcher Center, Rasht

5- M.Sc. of Plant Breeding, Islamic Azad University, Karadj Branch

6- M.Sc. of Agronomy, Tobacco Researcher Center, Tirtash

Abstract

To determine the yield stability and adaptability of the genotype of tobacco, 5 genotypes of flue-cured tobacco were evaluated in experiment using a randomized completely block design (RCBD) with three replications at two locations including Rasht and Tirtash tobacco Research Centers (IRAN), during the growing season of 2008-2010 (four environment). The interaction of genotype × environment in AMMI and Tai analysis method was significant ($p \leq 0.01$). In Tai regression analysis method of genotype 1, 3, 5 were in part stability. But genotype (G3) had a high stability comparing the others because of having λ near to 1 and α near to zero and also because of a higher average yield than the total average yield. In AMMI₁ model, genotype 3 was introduced as a stable genotype, and also in AMMI₂ model, the first two principle component axes (PCA 1 and 2) were significant ($p \leq 0.01$) and the first Interaction Principal Component Axis (IPCA1) of the interaction captured 87% of the interaction sum of squares. The Second Interaction Principal Component Axis (IPCA2) explained a further 12% of GEI sum of squares. And cumulatively contributed 99% of the total GEI. Thus, in this model AMMI₂, the first two principle components were considered. And the other PCA were considered as noise. The biplot technique was used to identify appropriate genotype for special locations. Result show that genotype 3 (Caspian z₁) with the highest interaction were the most stable genotype. Furthermore, genotype 3 was known as more suitable for Tirtash (S2) and Rasht (S1) locations. In general, in this study, genotype 3 was known as the most suitable genotype on the base of Tai regression analysis and AMMI method.

Keywords: Adaptability, Stability, AMMI, Tai regression, Tobacco