Sari Agriculture Sceinces and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 15, No 46, Summer 2023 p: 73-83

"Research Paper"

# Evaluation of the Mean Performance and Stability of Chickpea Genotypes by Integration AMMI and BLUP Models and Selection Based on Multi-Trait Stability Index (MTSI)

**Payam Pezeshkpour[1] and Rahmatolah Karimizadeh[2]**

1- Assistant Professor Education and Extension Organization (AREEO), Dryland Agricultural Research Institute, lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Khoramabad, Iran (Corresponding author: papezeshkpour@yahoo.com)

2- Assistant Professor Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Dryland Agricultural Research Institute, Kohgiloyeh and Boyerahmad Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gachsaran, Iran

Received: 23 October, 2022 Accepted: 24 December, 2022

## Extended Abstract

**Introduction and objective:** Chickpea is one of the legumes due to its protein percentage and high nutritional value, and it can be cultivated in the fall in rainy conditions. Identification of high-yield genotypes with adaptation to a wide range of environments is one of the major goals in crop breeding programs. Combining features of the best linear unbiased predictions (BLUP) and additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) in multi- environment experiments and multi-trait stability selection (MTSI) to better evaluate plant genotypes and achieve more accurate results It helps to be more precise. Additive main effect and multiplicative interaction (AMMI) and best linear unbiased prediction (BLUP) are two methods for analyzing multi-environment trials (MET). This research was done to identify stable and high-yielding chickpea genotypes in autumn planting.

**Material and Methods:** In this study, seventeen advanced chickpea Genotypes were evaluated along with two check varieties (Adel and Azad) based on randomized complete block design with three replications at Sarab Changai agricultural and natural resources research station khoramabad lorestan for four crop years (2013-2017) were evaluated. To quantify the genotypic stability, the best linear unbiased predictions of the genotype by environment interactions (GEI) were estimated, and singular value decomposition (SVD), which is the basis of AMMI analysis, was performed on the resulting matrix.

**Results:** The heat map plot indicated the variation of seed yield of genotype and sum squares of genotype by environment interaction in total sum of squares were 15.45 % and 31.26 % respectively. The likelihood ratio test (LRT) showed that the effect of GEI was significant on grain yield, 100 grain weight, plant height, grain – filling rate and grain– filling period. Therefore, due to the significant interaction of genotype by environment, BLUP analysis can be performed on this data. The screet test showed that the first four principal components had a significant Contribution in the GEI matrix derived from BLUP, as the first and second principal components explained only 34.31% and 31.38% of the GEI variation respectively. Based on the multi- trait stability index (MTSI), G7 was also selected as the best genotype in terms of grain yield, evaluated traits and stability of each trait.

**Conclusion:** In general, based on the results of all methods and simultaneous selection based on seed yield stability and all measured traits (MTSI), genotypes No. 7 (FLIP07-201C), and 4 (FLIP06-43C) were stable and superior genotypes, They were compared to the average of the total traits of the genotypes. Genotype No. 4 in terms of seed filling period (32 days), seed yield (2536.9 kg/ha), hundred seed weight (34.3 gr.), plant height (65.3 cm) and Genotype No. 7, with The average seed filling ratio (10.63 mg per seed per day) and seed yield (2250 kg/ha) were more than the average of the total traits of genotypes and controls (Azad and Adel) in this research

**Keywords:** Mosaic plot**,** Multi- trait stability index(MTSI), Simultaneous selection, Single Value Decomposition (SVD).

[ Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10 ]

[ DOI: 10.61186/jcb.15.46.73 ]

"مقاله پژوهشی"

# ارزیابی میانگین عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌های نخود با تلفیق مدل‌های AMMI و BLUP و گزینش بر اساس شاخص پایداری چند صفتی (MTSI)

**پیام پزشکپور[۱] و رحمت الله کریمی‌زاده[۲]**

۱- استادیار پژوهش سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم آباد، ایران، (نویسنده مسوول: papezeshkpour@yahoo.com)

۲- استادیار پژوهش سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی کهگیلویه و بویر احمد، گچساران، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۸/۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۰/۳

صفحه: ۷۳ تا ۸۳

## چکیده مبسوط

**مقدمه و هدف:** نخود به واسطه درصد پروتئین و ارزش تغذیه‌ای زیاد، یکی از حبوبات سرما دوست محسوب میشود و قابلیت کشت پائیزه در شرایط دیم را دارد. شناسایی ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا و سازگاری به دامنه گسترده‌ای از محیط‌ها یکی از هدف‌های عمده در برنامه‌های به نژادی گیاهان زراعی می‌باشد. ترکیب دو روش ارزیابی پایداری بهترین پیش‌بینی ناااریب خطی (BLUP) و اثرات اصلی جمع پذیر و برهمکنش‌های ضرب پذیر (AMMI) در آزمایش‌های ناحیه‌ای و گزینش پایداری چند صفتی (MTSI) به ارزیابی بهتر ژنوتیپ‌های گیاهی و دستیابی به نتایج دقیق‌تر کمک می‌کند. مدل‌های اثرات اصلی جمع‌پذیر و برهمکنش ضرب‌پذیر(AMMI) و بهترین پیش‌بینی ناااریب خطی (BLUP)، از جمله روش‌های چند متغیره کاربردی در ارزیابی آزمایش‌های چند محیطی هستند. این پژوهش برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و پر محصول نخود در کشت پائیزه انجام شد.

**مواد و روش‌ها:** در این پژوهش، هفده ژنوتیپ پیشرفته نخود همراه با دو شاهد عادل و آزاد در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار، در ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی سراب چنگائی خرم آباد (لرستان) به‌مدت چهار سال زراعی (۱۳۹۲-۹۶)، مورد ارزیابی قرار گرفتند. برای کمی‌سازی پایداری ژنوتیپی، بهترین پیش‌بینی ناااریب خطی، از برهمکنش‌های ژنوتیپ در محیط (سال) برآورد شدند. و تجزیه مقادیر منفرد (SVD) که اساس تجزیه AMMI است، بر روی ماتریس حاصله انجام شد.

**یافته‌ها:** نمودار گرمایی مبین تنوع عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها در سال‌های مختلف بود. نمودار موزائیکی نشان داد که سهم مجموع مربعات ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط( سال) در مجموع مربعات کل به‌ترتیب ۱۵/۴۵ و ۳۱/۲۶ درصد بود. آزمون نسبت درست نمایی (LRT) نشان داد که برهمکنش ژنوتیپ در سال بر عملکرد دانه، وزن صد دانه، ارتفاع بوته، سرعت پرشدن دانه و دوره پرشدن دانه معنی‌دار بود، با توجه به معنی‌دار بودن برهمکنش ژنوتیپ در محیط (سال)، میتوان تجزیهBLUP را بر روی این داده‌ها انجام داد. آزمون اسکریت نشان داد چهار مؤلفه اصلی اولیه سهم قابل توجهی در توجیه برهمکنش ماتریس ژنوتیپ در محیط (سال) حاصل از BLUP داشتند، بطوری که مؤلفه اصلی اول و دوم به‌ترتیب فقط ۳۴/۳۱ و ۳۱/۳۸ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ در محیط (سال) را توجیه می‌کردند. رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص پایداری چند صفتی (MTSI) انجام شده است که، ژنوتیپ ۷ با ۱/۶ =MTSI به‌عنوان ژنوتیپ برگزیده، مشخص شد.

**نتیجه‌گیری:** در مجموع، بر اساس نتایج کل روش ها و انتخاب همزمان بر اساس پایداری عملکرد دانه و همه صفات اندازه‌گیری شده (MTSI)، ژنوتیپ‌های شماره ۷ (FLIP07-201C)، و ۴ (FLIP06-43C) ژنوتیپ‌های پایدار و برتر نسبت به میانگین کل صفات ژنوتیپ‌ها بودند . ژنوتیپ شماره ۴ از لحاظ دوره پر شدن دانه (۳۲ روز)، عملکرد دانه (۲۵۳۶/۹ کیلوگرم در هکتار)، وزن صد دانه (۳۴/۳ گرم)، ارتفاع بوته (۶۵/۳ سانتی متر) و ژنوتیپ شماره ۷، با میانگین سرعت پر شدن دانه (۱۰/۶۳ میلی گرم در دانه در روز ) و عملکرد دانه (۲۲۵۰ کیلوگرم در هکتار) بیشتر از میانگین کل صفات در ژنوتیپ‌ها و شاهدهای (آزاد و عادل) در این پژوهش برتر بودند.

**واژه‌های کلیدی:** پایداری چند صفتی، تجزیه مقادیر منفرد، گزینش همزمان، نمودار موزائیکی

## مقدمه

نخود یکی از بقولات یک ساله و یکی از قدیمی‌ترین محصولات خوراکی است. علاقه به حبوبات به جای غلات، که منبع اصلی جایگزین پروتئین بجای گوشت در آینده هستند، در حال حاضر در حال افزایش است (۲۵). نخود نقش به سزایی در تغذیه انسان و محیط زیست و کاهش اتکا به منابع تجدیدناپذیر و مواد شیمیایی و بهبود حاصلخیزی خاک دارد (۲۴). نخود به دلیل توانایی تثبیت بیولوژیکی نیتروژن، از نظر اکولوژیکی به‌عنوان یک سیستم تثبیت نیتروژن ($N_2$) شناخته می‌شود و بنابراین نقش آن در تناوب زراعی و حاصلخیزی خاک بسیار مؤثر است (۳۳). نخود زراعی در بیش از ۵۰ کشور دنیا و به طور عمده در کشورهای در حال توسعه کشت می‌گردد. در حال حاضر متوسط عملکرد جهانی نخود حدود ۰/۹ تن در هکتار است که در مقایسه با پتانسیل تخمینی ۶ تن در هکتار در شرایط رشد مطلوب، بسیار کم است (۲۰). سطح زیر کشت نخود در سال زراعی ۴۰۰-۱۳۹۹ در استان لرستان ۶۸۲۷۶ هکتار با میانگین تولید ۲۷۳۹۰ تن میباشد. استان لرستان با سهم ۱۶/۵ درصد از تولید نخود در کشور، رتبه دوم را دارد و از لحاظ سطح زیر کشت بخاطر اهمیت آن، رتبه سوم بعد از غلات گندم و جو را دارد (۱). نخود دارای یکی از متعادل‌ترین ترکیبات غذایی است زیرا حاوی ۲۹-۱۲/۶ درصد پروتئین قابل هضم در نوع کابلی و ۳۰/۶-۱۶/۷ درصد در نوع دسی بوده و فعالیت بیولوژیکی پروتئین آن در محدوده ۵۲ تا ۷۸ درصد می‌باشد. اسیدهای آمینه ضروری مانند لوسین، ایزولوسین، لیزین، والین و فنیل‌آلانین به میزان قابل توجهی در پروتئین قابل هضم دانه موجود هستند اما حاوی متیونین و سیستئین کمتری است، بنابراین، یک همراه ایده‌آل و تکمیل کننده تغذیه‌ای برای غلات که حاوی محتوای بیشتری از متیونین و سیستئین و لیزین

[ Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10 ]

[ DOI: 10.61186/jcb.15.46.73 ]

کمتری هستند، در نظر گرفته میشود (۱۲) و نقش مهمیدر غلبه بر سوء تغذیه ناشی از پروتئین در کشورهای در حال توسعه مانند ایران دارد (۱۳). یکی از دلایل اولیه کاهش کشت نخود عدم وجود ارقام اصلاح شده است (۱۳). عملکرد دانه صفت کمیپیچیده‌ای است که توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌گردد و شدیدا" تحت تأثیر محیط (سال یا مکان) قرار دارد و همچنین صفات بسیاری به تنهایی یا با هم بر آن اثر می‌گذارند. بنابر این انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب تنها بر اساس عملکرد سودمند نیست و چنانچه انتخاب بر اساس سایر صفات تأثیر گذار بر آن انجام شود، بسیار مفید خواهد بود (۲۹). یکی از مطالعات مهم در اصلاح‌نباتات و بررسی‌های به نژادی، شناخت اثر متقابل بین ژنوتیپ‌ها با محیط‌های گوناگون است. در تجزیه و تحلیل داده‌های مزرعه‌ای حاصل از آزمایش‌ها، محیط می‌تواند به‌عنوان هر گونه عملیات مدیریتی مانند تاریخ کاشت، تراکم کاشت، کاربرد کود، سیستم‌های خاک ورزی و ... که جهت تولید کنندگان توصیه میشود، تعریف گردد (۳). وجود برهمکنش ژنوتیپ در محیط در آزمایش‌های ناحیه‌ای بسیاری از گیاهان زراعی نشان می‌دهد که پایداری عملکرد همراه با میانگین عملکرد بالا باید به‌عنوان یک جنبه مهم آزمایش‌های مقایسه عملکرد در نظر گرفته شود، زیرا برهمکنش ژنوتیپ در محیط، می‌تواند هر گونه پیشرفت ناشی از گزینش را کاهش دهد (۳۱). پژوهشگران روش‌های زیادی برای تجزیه پایداری ارائه داده‌اند که به دو دسته کلی پارامتری (تک متغیره یا چند متغیره) و ناپارامتری تقسیم می‌شوند (۳۴). در بین روش‌های چند متغیره می‌توان روش‌های اثرات اصلی جمع‌پذیر و اثر متقابل ضرب‌پذیر (AMMI) (۶) و GGE بای پلات (۳۴) را نام برد. روش بهترین پیش‌بینی‌های نااریب خطی (BLUP) که میانگین‌ها را با دقت بالا، به ویژه در مدل‌های مختلط تخمین می‌زند، نیز برای ارزیابی داده‌های آزمایش‌های چند محیطی به کار گرفته شده است (۱۶). در روش ارائه شده توسط اولیوتو و همکاران (۱۵) برای بهره‌گیری از مزایای دو روش AMMI و BLUP، با مدل اثرهای مختلط خطی، یک ماتریس برهمکنش ژنوتیپ در محیط به دست می‌آید و از تجزیه این ماتریس با روش تجزیه مؤلفه‌های اصلی با تجزیه ارزش منفرد، یک معیار پایداری ژنوتیپی به نام شاخص پایداری میانگین وزنی نمرات مطلق بهترین پیش‌بینی‌های نااریب خطی معرفی شد که حاصل تلفیق دو روش AMMI و BLUP است (۱۵). پژوهشگران در به‌نژادی گیاهان زراعی به دنبال تلفیق پایداری با عملکرد دانه بالا برای دستیابی به ژنوتیپ‌های پایدار و دارای عملکرد بالا هستند که علاوه بر کاهش برهمکنش ژنوتیپ در محیط، ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا انتخاب شوند. یکی از دلایل محدودیت در گسترش نخود کشت بذر توده‌ها و ارقام محلی می‌باشد که دارای پایداری ضعیف در شرایط مختلف محیطی هستند (۹). برای دستیابی به ارقام دارای پایداری بالا در محیط‌های مختلف و جایگزینی آنها بجای توده‌های محلی، به توسعه تعداد زیادی از روش‌های آماری برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر مانند شاخص اسمیت–هیزل (۲۷)، شاخص فاصله ژنوتیپ–ایدئوتیپ چند صفتی (۱۷)،شاخص چند صفتی بر اساس طرح ایدئوتیپ (۲۱) نیاز میباشد. شاخص پایداری چند صفتی (MTSI) ( ۱۵) یک شاخص انتخاب است که علاوه بر عملکرد دانه، ویژگی‌های زیاد دیگری نیز در نظر گرفته می‌شوند که بیشتر آن‌ها با یکدیگر و با عملکرد دانه همبستگی بالایی دارند (۲). و برای استفاده از چنین ویژگی‌هایی، شاخص پایداری چند صفتی (MTSI) بر مبنای تجزیه عاملی معرفی کردند که در آن عملکرد دانه و همه صفات اندازه‌گیری شده و پایداری هر کدام از آنها به طور همزمان ارزیابی می‌شوند (۲). MTSI یک شاخص انتخاب است که از میانگین عملکرد و پایداری ژنوتیپ برای انتخاب چند صفت استفاده می‌کند. این شاخص مبتنی بر تحلیل عاملی میباشد که نمرات عامل‌های هر ایدئوتیپ با توجه به فاکتورهای مطلوب و نامطلوب طراحی شده است. بر اساس فاصله ژنوتیپ – ایدئوتیپ، یک احتمال فضایی[1] محاسبه می‌شود که رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها را ممکن می‌سازد. از این رو، ژنوتیپ دارای کمترین مقدار MTSI، به ایدئوتیپ نزدیک‌تر است و میانگین عملکرد و ثبات بیشتری را در همه متغیرهای تحلیل شده نشان می‌دهد (۱۵). هدف از پژوهش حاضر، تعیین ژنوتیپ یا ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا و مطلوب از نظر صفات حائز اهمیت در ژنوتیپ‌های نخود با بهره‌گیری از ترکیب دو روش AMMI و BLUP با شاخص MTSI بود.

## مواد و روش‌ها

این پژوهش برای دستیابی به ژنوتیپ‌های پرمحصول و سازگار با شرایط آب و هوایی خرم آباد به صورت کشت پائیزه انجام شد. ۱۷ ژنوتیپ پیشرفته نخود که از آزمایشات مقایسه عملکرد ژنوتیپ‌های پیشرفته نخود در سال ۹۲–۱۳۹۱ انتخاب شده بودند (جدول۱)، به‌همراه دو رقم شاهد عادل و آزاد در ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی سراب چنگائی خرم آباد (لرستان) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار و به‌مدت چهار سال زراعی (۱۳۹۲–۹۶)، مورد ارزیابی قرار گرفتند. تاریخ کاشت بسته به وضعیت بارنگی مؤثر در چهار سال زراعی از نیمه دوم آذر ماه انجام شد.

زمین مورد کشت تحت تناوب غلات– حبوبات دیم بود. برای تهیه زمین هر سال پیش از کشت، از گاوآهن چیزل مرکب برای شخم زدن استفاده شد و با دیسک و روتیواتور تسطیح و کلوخ شکنی انجام شد. کود شیمیایی به‌میزان ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار فسفات آمونیوم و ۳۵ کیلوگرم در هکتار اوره، به هنگام عملیات تهیه زمین، به طور یکنواخت با خاک مخلوط گردید. بذرهای ارقام و ژنوتیپ‌های آزمایش قبل از کاشت به منظور جلوگیری از بیماری‌های قارچی با قارچ‌کش کاربوکسین تیرام به نسبت دو در هزار ضد عفونی شدند. میزان بذر مصرفی ۵۰ دانه در متر مربع تعیین شد. کاشت بذرها در چهار خط به طول چهار متر و به فاصله ۳۰ سانتی متر بین خطوط (۴/۸ متر مربع) انجام شد.

قبل از برداشت دو خط کناری و نیم متر از ابتدا و انتهای دو خط وسط حذف و محصول از مابقی هر کرت (۱/۸ متر مربع) برداشت شد. مبارزه با علف‌های هرز به صورت وجین دستی و با استفاده از کولتیواتور دستی در دو مرحله در طول دوره رشد رویشی انجام شد. عملکرد دانه، وزن صد دانه (100SW)، ارتفاع بوته (PH)، تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی (DF)، تعداد روز تا

1- Spatial probability

[ Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10 ]
[ DOI: 10.61186/jcb.15.46.73 ]

رسیدگی (DM)، دوره پر شدن دانه (KFP) و سرعت پر شدن دانه (KFR) در سال‌های مختلف برای هر ژنوتیپ اندازه‌گیری شد. ارتفاع بوته از میانگین ۵ بوته در هر کرت اندازه‌گیری شده است. وزن ۱۰۰ دانه بر اساس رطوبت چهارده درصد اندازه‌گیری شد. تعداد روز تا رسیدگی، از تاریخ کاشت تا ۹۵٪ رسیدگی دانه محاسبه شد. فاصله زمانی بین ۵۰ درصد گلدهی تا رسیدن فیزیولوژیک به‌عنوان طول دوره پرشدن دانه در نظر گرفته شد. از حاصل تقسیم میانگین وزن تک دانه بر طول دوره پرشدن دانه، میانگین سرعت پرشدن دانه به میلی‌گرم دانه در روز به دست آمد. تمام تجزیه‌های آماری با استفاده از بسته تجزیه آزمایش‌های چند محیطی با نام Metan ( Multi environment trial analysis) (۱۴) و GGE (۳۴) در نرم افزار R انجام شد. برای تعیین کمیت پایداری ژنوتیپی، از تجزیه مقادیر منفرد (SVD)، بر روی ماتریس بهترین پیش‌بینی‌های نااریب خطی (BLUP) برهمکنش‌های ژنوتیپ در محیط (GEI) با یک مدل اثر مختلط خطی (LMM) استفاده شد. اجزای واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML, Restricted maximum likelihood) برآورد شدند و برای ارزیابی معنی‌داری اثرهای تصادفی، آزمون نسبت درست نمایی ((Likelihood Ratio Test (LRT) به کار گرفته شد. مدل آماری BLUP راهکاری برای توانایی پیش‌بینی بهتر است که در آن بهترین پیش‌بینی‌های نااریب خطی بر روی ماتریس برهمکنش ژنوتیپ در محیط تخمین زده می‌شود و تجزیه پایداری به روش AMMI بر روی این پیش‌بینی‌ها انجام می‌شود (۱۵). از مزیت‌های روش BLUP این است که میانگین‌ها را با دقت بالا به ویژه در مدل‌های مختلط تخمین می‌زند. در هنگام وجود اثر مختلط خطی، این روش پتانسیل پیش‌بینی دقیق اثرات تصادفی را فراهم میکند (۲۷).

انتخاب هم زمان برای میانگین عملکرد و پایداری بر اساس چند صفت با استفاده از نمرات به دست آمده از یک تجزیه عاملی اکتشافی انجام شد. تخمین شاخص پایداری چند صفتی (MTSI)، بر طبق معادله ۱ انجام شد (۱۵).

$$MST_i = \left[\sum_{j=1}^{f}\left(F_{ij} - F_j\right)\right]^{0.5}$$

که در آن MTSI، شاخص پایداری چند صفتی برای ژنوتیپ i ام، Fij، نمره j ام ژنوتیپ i ام، و Fj، نمره j ام ژنوتیپ ایده‌ال است. ژنوتیپ با کمترین مقدار MTSI، به ژنوتیپ ایده‌ال نزدیک‌تر است و بنابراین میانگین عملکرد و پایداری بالایی را برای همه متغیرهای بررسی شده ارائه می‌دهد. دیفرانسیل یا تفاوت انتخاب برای میانگین عملکرد برای هر صفت با شدت انتخاب ۱۵ محاسبه شد (۱۶).

جدول ۱- اسامی ارقام و ژنوتیپ‌های پیشرفته نخود مورد ارزیابی
Table 1- The names of the advanced chickpea cultivars and genotypes evaluated

| کد ژنوتیپ Genotype code | نام ژنوتیپ Genotype Name | کد ژنوتیپ Genotype code | نام ژنوتیپ Genotype Name |
|---|---|---|---|
| G1 | FLIP03-26C | G11 | FLIP05-44C |
| G2 | FLIP06-17C | G12 | FLIP05-46C |
| G3 | FLIP06-39C | G13 | FLIP07-11C |
| G4 | FLIP06-43C | G14 | FLIP07-33C |
| G5 | FLIP06-97C | G15 | FLIP08-14C |
| G6 | FLIP06-120C | G16 | FLIP08-58C |
| G7 | FLIP07-201C | G17 | FLIP03-31C |
| G8 | FLIP88-85C | G18 | عادل |
| G9 | FLIP06-59C | G19 | آزاد |
| G10 | FLIP03-141C | | |

## نتایج و بحث

واریانس‌های برآورد شده برای صفات اندازه‌گیری شده به سه جزء واریانس ژنوتیپی، برهمکنش ژنوتیپ در سال و باقیمانده تفکیک شد. بر اساس اطلاعات شکل ۱، ۳۰/۸۱ درصد از واریانس فنوتیپی وزن صد دانه توسط برهمکنش ژنوتیپ در سال توجیه شد، حال آنکه اثر ژنوتیپ، توجیه کننده ۳۶/۸۴ درصد از واریانس برآورد شده بود. ۳۲/۳۶ درصد از واریانس فنوتیپی توسط اثر باقیمانده توجیه گردید. اثر باقیمانده عمدتا به اثر سال مربوط میشود که با توجه به تفاوت‌های زیاد بین سال‌های آزمایشی از نظر ویژگی‌های خاک، مقدار و پراکنش بارندگی و سایر عوامل قابل توجیه است. واریانس‌های برآورد شده سایر صفات در شکل یک نشان داده شده است. نتایج تحقیقات برانکویک –رادوجسیک و همکاران (۲۰۱۸) در مورد گیاه ذرت و تکالگین و همکاران (۲۰۱۷) در مورد گیاه باقلا نیز نشان داده است که بخش عمده واریانس توسط اثر محیط توجیه می‌شود (۴،۲۳).

برای پی بردن به پراکنش عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها در سال‌های مختلف از نمودار گرمایی استفاده شد (شکل ۲ – ج). در این نمودار، ژنوتیپ دارای عملکرد یکنواخت در تمام سال‌ها می‌تواند پایدار باشد. براین اساس ژنوتیپ‌های ۲، ۳،۹،۵،۶،۱۵ و ۱۷ را می‌توان پایدار در نظر گرفت. در این نمودار، عملکرد ژنوتیپ‌ها در هر سال بیانگر تنوع درون آن سال است، به طوری که هر اندازه رنگ‌های مربوط به ژنوتیپ‌های درون یک سال متفاوت‌تر باشند، بیانگر گوناگونی بین ژنوتیپ‌های درون آن سال است (۱۰). در سال‌های سوم و چهارم ژنوتیپ‌ها از تنوع عملکردی بیشتری برخوردار بودند. از طرف دیگر، از تفاوت عملکرد هر ژنوتیپ در سال‌های مختلف برای بیان تنوع در بین سال‌ها می‌تواند استفاده شود. به طوری که ژنوتیپ‌های ۱۵،۱۴،۱۳ و ۱۱ دارای تنوع بیشتر در سال‌های مطالعه شده بودند (شکل ۲– ج). بررسی چشمپراکنش میانگین ژنوتیپ‌ها در سال‌های مطالعه شده نشان دهنده تفاوت ژنوتیپ‌های مختلف از نظر عملکرد دانه در یک محیط (سال) و همچنین تفاوت میانگین آن‌ها از محیطی (سالی) به محیط (سال) دیگر است که نشان می‌دهد گزینش ژنوتیپ‌ها فقط بر پایه عملکرد دانه در یک مکان (سال)، از اعتبار بالایی برخوردار نیست و باید برای به دست آورن یک نتیجه درست، ژنوتیپ‌ها در سال‌های

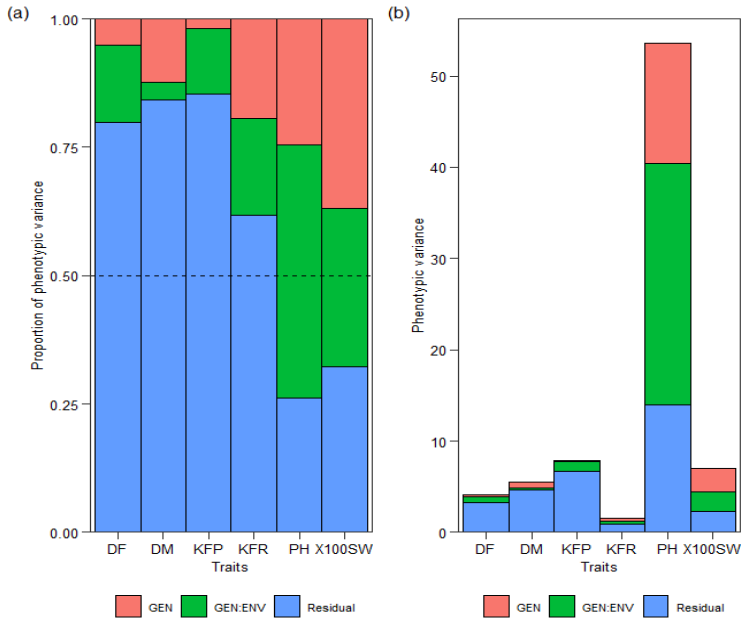
[ Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10 ]
[ DOI: 10.61186/jcb.15.46.73 ]

مختلف در یک مکان و یا مکان‌های مختلف در چند سال ارزیابی شوند تا پایداری آنها برآورد شود (۵). پژوهشگران دیگری نیز واکنش‌های متفاوت ژنوتیپ‌های نخود را در محیط‌های مختلف گزارش کرده‌اند (۸،۱۱،۲۶). پیش از تجزیه پایداری، با بهره‌گیری از نمودار موزائیکی، اجزای مجموع مربعات کل (TSS)، شامل مجموع مربعات ژنوتیپ (G) و برهمکنش ژنوتیپ در محیط (GE) از یکدیگر جدا شدند. در این نمودار که به وسیله لافونت و همکاران (۱۲) پیشنهاد شده است، مساحت مربع نمودار، ۱۰۰ درصد مجموع مربعات کل است، که نواحی تیره رنگ، تنوع برآمده از اثرات ژنوتیپی یا اختلاف بین میانگین ژنوتیپ‌ها را نشان میدهد که در این تحقیق ۱۵/۴۵ درصد تنوع کل است و ناحیه‌های با رنگ روشن، تنوع ناشی از برهمکنش ژنوتیپ در محیط(سال) را نشان میدهد که ۳۱/۲۶ درصد از تغییرات کل را در برمی‌گیرد (شکل ۲-الف). ستون‌های این نمودار بیانگر محورهای مؤلفه اصلی است، به گونه‌ای که ستون اول در برگیرنده ۳۴/۳۱ درصد از کل مساحت مربع است و اولین مؤلفه اصلی از مجموع مربعات کل را تشکیل میدهد. ستون (مؤلفه اصلی) دوم، ۳۱/۳۸ درصد از مجموع مربعات کل را در برگرفته است. این دو مؤلفه اصلی، با هم ۶۵/۶۹ درصد از مجموع مربعات کل را تشکیل می‌دهند. نقش مؤلفه های سوم تا چهارم در مجموع مربعات کل به‌ترتیب ۱۲/۷۷ درصد،۹/۷۱ درصد بود و نمی‌توان نقش این مؤلفه ها را در مجموع مربعات کل نادیده انگاشت. بنابراین با توجه به سهم قابل ملاحظه ستون‌های سوم تا چهارم (محورهای مؤلفه های اصلی سوم تا چهارم) در مجموع مربعات کل و همچنین سهم بالای برهمکنش ژنوتیپ در محیط(سال) در این دو مؤلفه اصلی، به نظر میرسد که تجزیه پایداری بر پایه دو مؤلفه اصلی اول و دوم خالی از اشکال نباشد و بهتر است برای تجزیه پایداری به مؤلفه‌های اصلی دیگر هم توجه شود (۱۰). آزمون اسکریت (Screet test) برای شناساندن بهترین شمار مؤلفه‌های توجیه کنند برهمکنش ژنوتیپ در محیط نیز به کار برده شد (۱۰) که نشان داد تا مؤلفه اصلی چهارم هر کدام از مؤلفه‌ها سهم قابل توجهی در توجیه برهمکنش ماتریس برهمکنش ژنوتیپ در محیط (سال) حاصل از BLUP داشتند (شکل ۲-ج و شکل ۳)، بطوری که مؤلفه اصلی اول و دوم به‌ترتیب فقط ۳۴/۳۱ و ۳۱/۳۸ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ در محیط را توجیه میکردند، بنابراین تفسیر نتایج تجزیه پایداری فقط بر اساس مؤلفه‌های اصلی اول و دوم ممکن است به نتایج اشتباهی بینجامد.

معنی‌دار بودن اثر مؤلفه های اصلی با آزمون Fانجام شد. از آنجا که در تجزیه داده‌های این آزمایش از مدل مختلط خطی (Mixed linear model) استفاده شده بود، آزمون نسبت درست نمایی (Likelihood ratio test, LRT) برای ارزیابی معنی‌داری فاکتورهای آزمایشی به کار برده شد و نشان داد که اثر ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط (سال) بر عملکرد دانه، وزن صد دانه، ارتفاع بوته، سرعت پرشدن دانه و دوره پرشدن دانه معنی‌دار بود (جدول ۲) . اثر معنی‌دار برهمکنش ژنوتیپ در محیط بیانگر این است که عملکرد دانه یک ژنوتیپ ممکن است از سالی به سال دیگر متفاوت باشد، بنابراین، تجزیه BLUP برای تجزیه چنین داده‌هایی مناسب است (۱۶)، از این رو بهترین پیش‌بینی‌های ناااریب خطی (BLUP ها) برآورد شد و تجزیه پایداری به روش AMMI بر روی این BLUPها انجام گردید. اثر معنی‌دار برهمکنش ژنوتیپ در محیط (GEI) نشان داد که بیان فنوتیپی یک ژنوتیپ ممکن است در یک محیط (سال) بیشتر و در سالی (محیطی) دیگر کمتر باشد، بنابر این، تجزیه BLUP برای چنین داده‌هایی مناسب است(۱۶). از این رو اقدام به برآورد بهترین پیش‌بینی‌های ناااریب خطی (BLUP ها) گردید و تجزیه پایداری به روش AMMI بر روی این BLUP ها انجام شد. پژوهشگران دیگری نیز برهمکنش معنی‌دار ژنوتیپ در محیط را بر عملکرد دانه و اجزای آن در نخود با تجزیه واریانس به روش کمترین مربعات گزارش کرده بودند (۸،۱۱،۳۷،۱۷،۱۸). در جدول ۲ برخی از پارامتری‌های ژنتیکی شامل واریانس ژنوتیپ، واریانس ژنوتیپ در محیط (سال)، واریانس باقی مانده و واریانس فنوتیپی به روش درست نمایی محدود شده ( Restricted Maximum Likelihood, REML) برآورد شده اند و نسبت آنها به واریانس فنوتیپی برای این سه جزء به‌ترتیب ۱۵/۴۵ درصد، ۳۱/۲۹ درصد و ۵۳/۲۹ درصد بود (جدول ۲). واریانس فنوتیپی که بوسیله واریانس باقیمانده توجیه می‌گردد، برای عملکرد دانه، سرعت پر شدن دانه، دوره پر شدن دانه، تعداد روز تا رسیدگی، تعداد روز تا گلدهی، ارتفاع بوته و وزن صد دانه به‌ترتیب ۸۶/۲۹،۵۳،۳۱/۶۱،۸۵/ ۲۹، ۸۴/۲۹، ۷۹/۹، ۲۶/۱۴، ۵۳/۲۹ می‌باشد، در حالی که واریانس برهمکنش ژنوتیپ در محیط (سال) برای صفات مذکور به‌ترتیب ۳۱/۲۹، ۱۸/۷۳، ۴/۸۲،۱۲/۰۴،۳، ۱۵/۲۳، ۴۹/۲۶، ۳۱ درصد از واریانس فنوتیپی را توجیه کرد (جدول ۲).

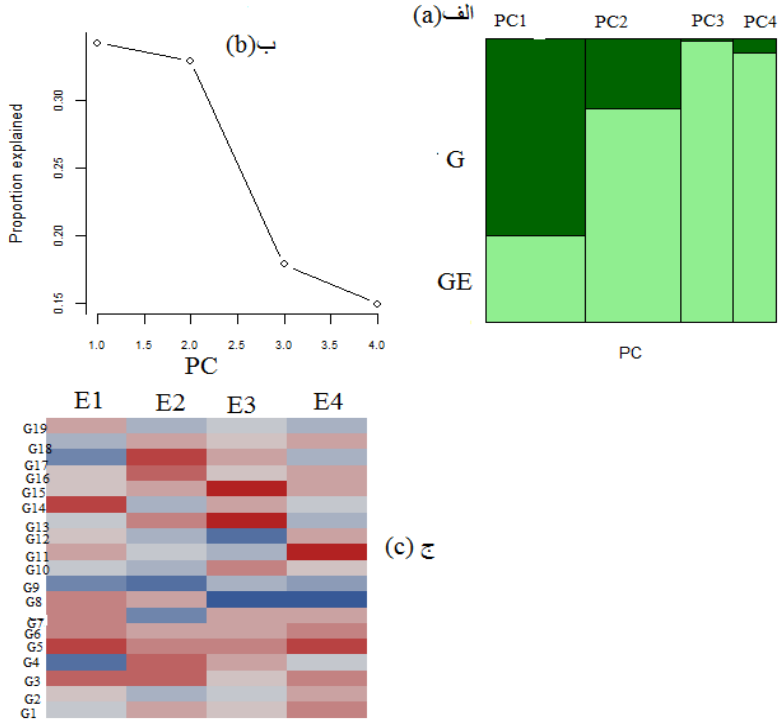
میانگین تعداد روز تا رسیدگی کل ژنوتیپ‌ها ۱۸۲/۷ روز بود. حداقل تعداد روز تا رسیدگی ۱۸۱ روز و حداکثر ۱۸۵ روز بود. ژنوتیپ‌های شماره ۵ و ۶، کمترین تعداد روز تا رسیدگی را داشتند و دارای کمترین عملکرد دانه به‌ترتیب ۱۹۵۲/۵ و ۲۱۰۹/۳ کیلوگرم در هکتار را داشتند . ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر اساس شاخص MTSI (شمار ۴ و ۷ ) دارای تعداد روز تا رسیدگی بیشتری از میانگین کل ژنوتیپ‌ها و از شاهدهای آزماش بودند. و بخاطر کاشت پائیزه نخود و افزایش طول دوره رشد، طول دوره پر شدن و سرعت پر شدن دانه بیشتر در ژنوتیپ‌های مذکور و طول دوره رسیدگی، عملکرد دانه بیشتری داشتند.

[ Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10 ]
[ DOI: 10.61186/jcb.15.46.73 ]




شکل ۱- اجزای تنوع در ژنوتیپ‌های نخود در آزمایش‌های چند محیطی (Gen، Env ، Residual ، DF ، DM ، KFP و KFR به‌ترتیب بیانگر ژنوتیپ، محیط، باقیمانده، تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی، دوره پر شدن دانه و سرعت پر شدن دانه )

Figure 1. Components of the diversity of chickpea genotype in multi – environment (Gen, Env, Residual, DF, DM, KFP and KFR representing indicate the genotype, environment, residue, number of days to flowering, number of days to maturity, kernel filling period and kernel filling rate, respectively.)

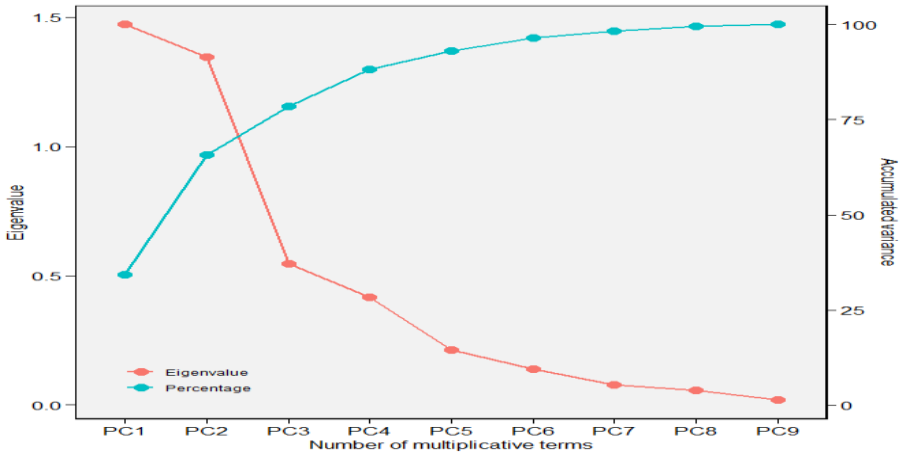



شکل ۲- برهمکنش ژنوتیپ در محیط (GEI)، الف. نمودار موزائیکی جهت نمایش سهم مؤلفه‌ها از واریانس G+GE (G، GE و PC به‌ترتیب ژنوتیپ، ژنوتیپ در محیط و مؤلفه اصلی) ب. ریشه مشخصه ماتریس GEI و ج. نمودار گرمایی پراکنش عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌ها (سال‌ها)

Figure 2. Genotype-environment interaction(GEI).; a. Mosaic plot for indication of PCs contribution in G+GE (G, GE and PC respectively genotype, genotype × environment and principle component); b. Eigenvalues of the BLUP_GEI matrix, Heatmap plot for yield of genotypes in environments (c)

[ Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10 ]

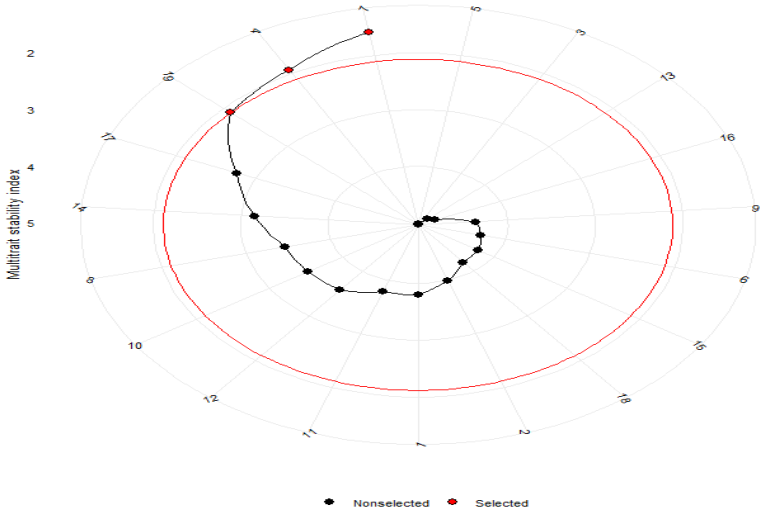
[ DOI: 10.61186/jcb.15.46.73 ]




شکل ۳- مقادیر ویژه ماتریس BLUP – GEI برای عملکرد دانه
Figure 3. Eigenvalues of the BLUP- GEI matrix for grain yield

بسیاری از تلاش ها در گام‌های نهایی برنامه‌های به‌نژادی بر آزمایش‌های چند محیطی استوار است، از این رو، دقت پیش بینی برای گزینش درست ژنوتیپ‌ها، توصیه ژنوتیپ‌ها و شناسایی محیط‌های کلان بسیار مهم است (۱۶). تجزیه واریانس جداگانه در هر کدام از سال‌ها نشان داد که در چهار سال یا محیط (۱۰۰ درصد)، اثر ژنوتیپ بر عملکرد دانه معنی‌دار بود (داده‌ها ارائه نشده). سه گزینه اصلی برای افزایش دقت پیش‌بینی در آزمایش‌های چند محیطی، بهبود تکنیک‌های آزمایشی (همچون بهره‌گیری از طرح هایی با اندازه و شکل ایده‌آل، پیاده کردن درست طرح ها در منطقه آزمایشی و کاربرد یکنواخت مدیریت زراعی )، افزایش تعداد تکرارها ( با استفاده از طرح های مناسب همچون طرح‌های چند عاملی) و استفاده از مدل‌های آماری با توانایی پیش‌بینی بهتر هستند (۷،۱۶). برخی از پارامترهای ژنتیکی برآورد شدند که نشان می‌داد میزان وراثت‌پذیری عمومیبرای عملکرد دانه نخود در این پژوهش به توجه به سهم بالای برهمکنش ژنوتیپ در محیط (سال) پایین و ۱۵/۴۵ درصد بود. ضریب تبیین برهمکنش ژنوتیپ در محیط و میزان وراثت پذیری بر میانگین به‌ترتیب برابر ۰/۳۱ و ۰/۸۱ درصد بود. دقت گزینش ژنوتیپ و همبستگی بین ارزش‌های ژنوتیپی در سراسر محیطها به‌ترتیب ۹۰/. و ۰/۳۶ بود. ضریب تغییرات ژنوتیپی، ضریب تغییرات باقیمانده و همچنین نسبت این دو ضریب تغییرات به‌ترتیب برابر با ۶/۲۶ درصد، ۱۱/۶۳ درصد و ۰/۵۳ درصد بود. برای افزایش دقت پیش بینی، یکی از گزینه های پیش روی به نژادگران، بهره‌گیری از مدل‌های آماری با توانایی پیش بینی بهتر همچون بهترین پیش‌بینی‌های ناریب خطی (BLUP) است که تجزیه پایداری به روش AMMIمیتواند بر روی این پیش بینی ها انجام شود (۱۵). میانگین‌های پیش‌بینی شده عملکرد دانه با روشBLUP بیانگر آن است که بالاترین عملکرد پیش‌بینی شده با روش BLUP از آن ژنوتیپ ۹ و در پی آن ژنوتیپ‌های ۴ و ۸ بود که دارای عملکرد پیش‌بینی شده‌ی بیشتر از میانگین کل بودند. ژنوتیپ‌های شماره ۸ و ۴ با توجه به عدم همپوشانی میله‌های خطاهای افقی آن‌ها با ژنوتیپ‌های ۱۲و ۱۷ اختلاف معنی‌داری با آن‌ها داشتند، اما با دیگر ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه اختلاف معنی‌داری نداشتند. تجزیه عاملی بر اساس صفات اندازه گیری شده در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه نشان داد که دو مولفه اصلی در مدل باقی ماندند که واریانس تراکمیاین دو مولفه ۶۱/۷ درصد بود. پس از چرخش واریماکس، میانگین میزان اشتراک (۰/۶۱۷) بود. مقادیر WAASBY هر یک از ۷ صفت در دو عامل یا فاکتور (FA) قرار گرفتند که عامل اول عملکرد دانه، ارتفاع بوته، تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی، سرعت تشکیل عملکرد دانه را در بر گرفت و صفات وزن صد دانه و دوره پر شدن دانه در عامل دوم قرار داشتند (جدول ۳). در شکل ۴، رتبه بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص پایداری چند صفتی (MTSI) انجام شده است که در آن، ژنوتیپ ۷ با MTSI= ۱/۶ به‌عنوان ژنوتیپ برگزیده، مشخص شده است. دایره قرمز (MTSI=۱/۶) نقطه برش را نشان می‌دهد (شکل ۴).

[ Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10 ]
[ DOI: 10.61186/jcb.15.46.73 ]




شکل ۴- رتبه بندی ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر پایه شاخص پایداری چند صفتی (MTSI)
Figure 4. Genotype ranking and selected genotypes based on multigrain stability index (MTSI)

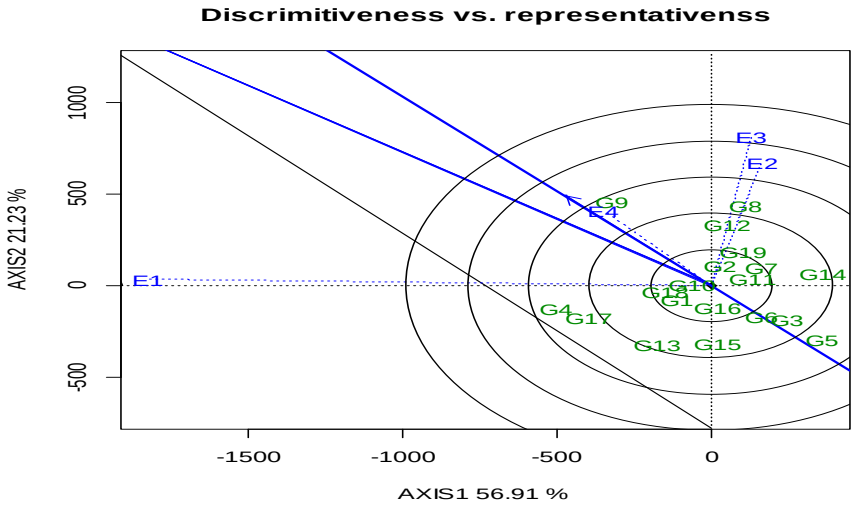



شکل ۵- رتبه بندی ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر پایه شاخص فاصله ژنوتیپ – ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI)
Figure 5. Genotype ranking for the Multi-trait genotype ideotype distance index (MGIDI)

ژنوتیپ شماره ۴ که به این حلقه (دایره قرمز شکل ۴) نزدیک بود، در تمام روش‌های ارزیابی بر اساس عملکرد و پایداری GGE BIPLOT و WAASBY) ژنوتیپی پایدار(شکل ۶) بود. ژنوتیپ شماره ۱۹ همان رقم شاهد آزاد است که پیش از این با پشت سر گذراندن مراحل مختلف گزینش و آزمایش‌های ارزیابی عملکرد به‌عنوان رقم آزاد شده بود و جای گیری چنین رقم شاهدی در بیشتر نمودارها گواهی بر اهمیت استفاده از این شاخص‌ها و نمودارهای مربوطه در گزینش و معرفی رقم است. انتخاب ژنوتیپ توسط MTSIبا توجه به ارزش صفات در ژنوتیپ‌ها، یعنی صفاتی که نمود خوبی دارند، مهم است (۱۵). پایه تجزیه عاملی برای محاسبه شاخص MTSI این است که در یک چارچوب چند صفتی، مقادیر WAASBY صفت‌ها ممکن است به نوعی با توجه به یک ساختار همبستگی که از قبل ناشناخته است، با یکدیگر وابستگی داشته باشند، بنابر این، تجزیه عاملی اکتشافی (EFA)، برای پاسخ به این ساختار همبستگی استفاده میشود (۱۵). با استفاده از EFA، شناسایی تعداد فاکتور، ارتباط بین عوامل و چگونگی ارتباط متغیرها با این عوامل امکان پذیر است (۳۲). سرانجام، برآورد نمرات فاکتور نهایی امکان جلوگیری از چند هم‌خطی، یک مسئله سیستمیک در تجزیه‌های چند متغیره (۱۷). را فراهم میآورد. شاخص فاصله ژنوتیپ _ ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI) یک شاخص چند صفتی دیگر و مبتنی بر تجزیه عاملی است که بر اساس فاصله هر کدام از ژنوتیپ‌ها از ژنوتیپ ایده‌ال برآورد می‌شود. ارزیابی ژنوتیپ‌های مطلوب بر اساس صفات زراعی (شکل ۵) نشان داده شده است. برای ارزیابی ژنوتیپ‌های مطلوب و سازگار با ژنوتیپ‌های نامطلوب به‌عنوان یک ابزار جدید برای تدوین استراتژی‌های مدیریت بهتر محصول عمل میکند. پذیرش شاخص‌های MTSI و MGIDI در مطالعات

[ Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10 ]
[ DOI: 10.61186/jcb.15.46.73 ]

ارزیابی پایداری آینده برای به حداقل رساندن محاسبات غیر ضروری شناخته شده است (۳۶). بنابراین، توصیه ارقام برتر در مطالعات اصلاح نباتات در مورد محصولات زراعی آسان خواهد بود. شکل ۵ کاربرد شاخص فاصله ژنوتیپ- ایدئوتیپ چند صفتی در گزینش ژنوتیپ‌های برتر نخود را نشان میدهد و ژنوتیپ شماره ۷ در عامل دوم (FA2) که به لبه شکل نزدیک تر میباشد، دارای بالاترین ظرفیت تولید و پایداری میباشد. سهم فاکتورها در MGIDI به دو عنوان عوامل کمک کننده کمتر و بیشتر طبقه بندی شدند. عواملی که سهم بیشتری دارند در نزدیکی مرکز ترسیم قرار دارند، در حالی که عوامل کمک کننده کمتر به سمت لبه ترسیم قرار داشتند (۱۷). شکل ۵ نشان میدهد که ژنوتیپ‌های انتخاب شده در FA2 دارای مطلوبیت بیشتری بودند و FA1، قدرت کمتری برای انتخاب ژنوتیپ‌ها نشان داد. به طور کلی نتایج نشان داد که برهمکنش ژنوتیپ در سال بر عملکرد دانه، وزن صد دانه، ارتفاع بوته و سرعت پر شدن دانه معنی‌دار بود. بر اساس نمودار گرمائی، ژنوتیپ‌های ۲، ۳و ۹ را می‌توان پایدار در نظر گرفت. بر اساس شاخص گزینش چند صفتی (MTSI) ژنوتیپ‌های ۷ و ۴ به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر انتخاب شدند. به نظر میرسد که برای یک نتیجه گیری با اطمینان بالا استفاده از نمودار گزینش ژنوتیپ برتر بر اساس شاخص MSTI بتواند به نتایج مطلوبی از تجزیه پایداری با بهره گیری از تجزیه‌هایی همچون تجزیه عاملی، BLUPو AMMI در شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب منجر شود. در مجموع بر اساس تمام تجزیه‌ها، ژنوتیپ‌های شماره ۷ و ۴ پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند که علاوه بر عملکرد دانه از نظر سایر صفات اندازه گیری شده مانند سرعت پر شدن دانه در ژنوتیپ شماره ۷ و دوره پر شدن دانه،وزن صد دانه و ارتفاع بوته در ژنوتیپ شماره ۴، نسبت به ژنوتیپ‌های دیگر برتری داشتند.




شکل ۶- نمای قدرت تمایز و نمایندگی محیط ها یا مقیاس بندی مبتنی بر محیط . PC1 و PC2، به‌ترتیب مولفه اصلی اول و دوم هستند
Fig. 6. View of the power of differentiation and representation of environments or scaling based on environment. PC1 and PC2 are the first and second principal components, respectively

جدول۲- ارزیابی معنی‌داری فاکتورها در مدل مختلط و برآورد اجزای واریانس با روش حداکثر درست نمایی محدود شده برای صفات مطالعه شده

Table 2. Evaluation significance of factors for random effects by LRT and estimation of variance components by REML for stuied traits

| آماره<br>statistics | آزمون نسبت درست نمایی برای وزن صد دانه<br>Likelihood ratio test for 100 seed weight | | آزمون نسبت درست نمایی برای ارتفاع بوته<br>Likelihood ratio test for plant height | | آزمون نسبت درست نمایی برای تعداد روز تا گلدهی<br>Likelihood ratio test for number of days to flowering | | آزمون نسبت درست نمایی برای تعداد روز تا رسیدگی<br>Likelihood ratio test for number of days to maturity | | آزمون نسبت درست نمایی برای دوره پر شدن دانه (KFP)<br>Likelihood ratio test for KFP | | سرعت پر شدن دانه (KFR)<br>Likelihood ratio test for KFR | | آزمون نسبت درست نمایی برای عملکرد دانه<br>Likelihood ratio test for seed yield | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | ژنوتیپ<br>Genotype | ژنوتیپ در محیط (سال)<br>Genotype × environment (year) | ژنوتیپ<br>Genotype | ژنوتیپ در محیط (سال)<br>Genotype × environment (year) | ژنوتیپ<br>Genotype | ژنوتیپ در محیط (سال)<br>Genotype × environment (year) | ژنوتیپ<br>Genotype | ژنوتیپ در محیط (سال)<br>Genotype × environment (year) | ژنوتیپ<br>Genotype | ژنوتیپ در محیط (سال)<br>Genotype × environment (year) | ژنوتیپ<br>Genotype | ژنوتیپ در محیط (سال)<br>Genotype × environment (year) | ژنوتیپ<br>Genotype | ژنوتیپ در محیط (سال)<br>Genotype × environment (year) |
| کای اسکویر $\chi^2$ | 18.4 ** | 41.17 ** | 7.62 ** | 82.23** | 1.12ns | 4.18* | 6.8** | 0.261 ns | 0.193ns | 2.86ns | 9.26** | 8.92** | 19.31** | 44.83** |
| P-Value | 1.768× 10-5 | 1.39× 10 -10 | .005769 | 2.2×10 -16 | 0.28922 | 0.407 * | 0.009114 ** | 0.609003 | 0.66038 | 0.9055 | 0.002340 | 0.002812 | 1.108× 10 -5 | 2.147× 10 -11 |

NS،* و ** غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

Ns, * and ** : Non- significant, significant at 5 % and 1 % probability levels, respectively

[ Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10 ]
[ DOI: 10.61186/jcb.15.46.73 ]

ادامه جدول ۲- پارامترهای برآورد شده به روش درست نمایی محدود شده + REML اجزای واریانس برآوردها (درصد)
continuation Table 2. parameters estimated by REML+, variance components of estimates (percentage)

| عملکرد دانه | سرعت پر شدن دانه | دوره پر شدن دانه | تعداد روز تا رسیدگی | تعداد روز تا گلدهی | ارتفاع بوته | وزن صد دانه | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Seed yield | KFR | KFP | number of days to maturity | Number of days to flowering | plant height | 100 seed weight | | |
| 28.03 (15.45) | 2943 (19.42) | 1477 (1.87) | 6774 (12.3) | 2029 (5.05) | 13.19 (24.63) | 2803 (15.45) | Genotypic variance | واریانس ژنوتیپی |
| 5671 (31.26 | 2839 (18.73) | 1011 (12.82) | 1876 (3.4) | 6235 (15.04) | 26.38 (49.23) | 5671 (31.26) | variance of Genotype × Environment | واریانس ژنوتیپ در محیط |
| 9669 (53.29) | 9376 (61.86) | 6727 (85.31) | 4642 (84.29) | 3312 (79.9)_ | 14 (26.14) | 9669 (53.29) | Variance of residual values | واریانس مقادیر باقیمانده |
| 0.1814 | 1.516 | 7.885 | 5.507 | 0.05055 | 53.57 | 6.995 | phenotypic variance | واریانس فنوتیپی |
| 0.1545 | 0.1942 | 0.01873 | 0.1230 | 0.1504 | 0.2463 | 0.3684 | General heritability | وراثت‌پذیری عمومی |
| 0.3126 | 0.1873 | 0.1282 | 0.03407 | 0.3267 | 0.4923 | 0.3081 | Detection coefficient of GEI effects | ضریب تشخیص اثرهای GEI |
| 0.8152 | 0.6637 | 0.1537 | 0.6096 | 0.5715 | 0.6296 | 0.7799 | Average genotypic heritability | وراثت‌پذیری میانگین ژنوتیپی |
| 0.9029 | 0.8147 | 0.3920 | 0.7808 | 0.1587 | 0.7935 | 0.8831 | Genotype selection accuracy | دقت‌انتخاب ژنوتیپ |
| 0.3697 | 0.2324 | 0.1306 | 0.03885 | 0.3014 | 0.6532 | 0.4878 | Correlation between genotypic values among environments | همبستگی‌بین مقادیرژنوتیپی در میان محیط‌ها |
| 6.26 | 5.268 | 1.245 | 0.4504 | 1.198 | 6.08 | 5.094 | Genotypic coefficient of variation(CVg) | ضریب تغییرات ژنوتیپی |
| 11.63 | 9.403 | 8.402 | 1.179 | 0.2515 | 6.265 | 4.774 | residual coefficient of variation(CVr) | ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده |
| 0.5384 | 8.9256 | 0.1482 | 0.3820 | 5.05 | 0.9706 | 1.067 | CVg/CVr ratio | نرخ ضریب تغییرات ژنوتیپی بر ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده |

جدول ۳- مقادیر هر یک از صفات اندازه‌گیری شده در دو عامل اول تحلیل عاملی
Table 3. Values of each of the traits measured in the first and two of factor analysis

| FA2 | FA1 | Traits | صفات (Traits) |
|---|---|---|---|
| -0.103 | 0.772 | GY | عملکرد دانه (Seed yield) |
| 0.809 | -0.293 | 100SW | وزن صد دانه (seed weight 100) |
| 0.108 | 0.837 | PH | ارتفاع بوته (plant height) |
| 0.009 | 0.972 | DF | تعداد روز تا گلدهی (Number of days to flowering) |
| -0.159 | 0.881 | DM | تعداد روز تا رسیدگی number of days to) (maturity |
| -0.338 | -0.616 | KFP | دوره پر شدن دانه ( kernel filling (period |
| 0.889 | 0.288 | KFR | سرعت پر شدن دانه ( kernel filling (rate |

## منابع

1. Ahmadi, K., H. Ebadzadeh, F. Hatami, H. Abdshah and H. Kazemian. 2020. Statistics of agricultural Products (Crops, 2018 -2019). Ministry of Ariculture Jihad. (In Persian).
2. Authrapun, J., U. Lertsuchatavanich and D. Kang.2021. Selection for Improving Field Resistance to Capsicum Chlorosis Virus and Yield-related Traits Using Selection Indices in Peanut Breeding. Acta Scientific Agriculture, 5: 22-31.
3. Balalić, I., M. Zorić, G. Branković, S. Terzić and J. Crnobarac. 2012. Interpretation of hybrid× sowing date interaction for oil content and oil yield in sunflower. Field Crops Research, 137: 70-77
4. Brankovic -Radojcic, D., V. Babic, Z. Girek, T. Ţivanovic, A. Radojcic, M. Filipovic and J. Srdic. 2018. Evaluation of maize grain yield and yield stability by AMMI analysis. Genetika, 50: 1067-1080.
5. Finlay, K. and G. Wilkinson. 1963. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. Australian journal of agricultural research, 14(6):742-754.
6. Gauch, H. and R. Zobel. 1997. Identifying mega-environments and targeting genotypes. Crop Science, 37(1): 311-326.
7. Gauch, H. and R. Zobel. 1988. Predictive and postdictive success of statistical analyses of yield trials. Theoretical and Applied Genetis, 76(1): 1-10.
8. Hasan, M. and A. Deb. 2017. Stability analysis of yield and yield components in chickpea (Cicer arietinum l.). Horticulture International Journal, 1(1): 4-14.

[ Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10 ]
[ DOI: 10.61186/jcb.15.46.73 ]

9. Jahanghiri, A., D. Sadeghzadeh-Ahari, M. Safikhani, P. Pezeshkpour, A. Saeid, R. Sarparast, and M. Mohammadi .2015. Adel, a New Rainfed Chickpea Cultivar for Autumn Planting under Moderate Cold and Semi-warm Regions of Iran. Research Achievements for Field and Horticulture Crops, 4(1): 1-13.
10. Karimizadeh, R., P. Pezeshkpour, M. Barzali, A. Mehraban and P. Sharifi. 2020. Evaluation the mean performance and stability of lentil genotypes by combining features of AMMI and BLUP techniques. Journal of Crop Breeding, 12(36): 160-170 (in Persian).
11. Karimizadeh, R., P. Pezeshkpour, M. Barzali, M. Armion and P. Sharifi. 2021. Stability of some of chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes by AMMI indices and biplots. Iranian Journal Pulses Research, 12(2): 214-228.
12. Laffont, J.L., M. Hanafi and K. Wright. 2007. Numerical and graphical measures to facilitate the interpretation of GGE biplots. Crop science, 47: 990-996.
13. Lusiba, S.G., S.T. Maseko, J.J.O. Odhiambo and R. Adeleke. 2022. Biological N2 fixation, C accumulation and water-use efficiency (δ13C) of chickpea grown in three different soil types: response to the addition of biochar from poultry litter and acacia. Acta Agriculturae Scandinavica, Section B—Soil & Plant Science, 72(1): 931-944.
14. Olivoto T. 2019. Metan: multi environment trials analysis. R package version 1.1.0. https://github.com/TiagoOlivoto/metan (accessed 24 June 2019)
15. Olivoto, T., A.D. Lúcio, J.A. da Silva, B.G. Sari and M.I. Diel. 2019a. Mean performance and stability in multi-environment trials II: Selection based on multiple traits. Agronomy Journal, 111(6): 2961-2969.
16. Olivoto, T., A.D. Lúcio, J.A. da Silva, V.S. Marchioro, V.Q. de Souza, and E. Jost. 2019b. Mean performance and stability in multi-environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. Agronomy Journal, 111(6): 2949-2960.
17. Olivoto, T., and M. Nardino. 2021. MGIDI: toward an effective multivariate selection in biological experiments. Bioinformatics, 37(10): 1383-1389.
18. Olivoto, T., Diel, M.I., Schmidt, D. and Lúcio, A.D.C., 2021. Multivariate analysis of strawberry experiments: where are we now and where can we go?. BioRxiv:2020-12.
19. Pezeshkpour, P., R. Karimizadeh, A. Mirzaei and M. Barzali, 2021. Analysis of yield stability of chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes using AMMI method. Journal of Crop Breeding, 13(38): 60-70 (in Persian).
20. Raina A, S. Khan, M.R. Wani, R. Laskar and W. Mushtaq. 2019. Chickpea (*Cicer arietinum* L.) cytogenetics, Genetic Diversity and Breeding. In: Al-Khayri JM, Jain SM, Johnson DV (eds.). Advances in Plant Breeding Strategies: Legumes. Volume 2. Springer Nature Switzerland AG.
21. Rocha, J.R., J.C. Machado and P.C. Carneiro. 2018. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. Gcb Bioenergy, 10(1): 52-60.
22. Tamang, S., P. Saha, S. Bhattacharya and A. Das. 2022. Unveiling genotype× environment interactions towards identification of stable sources of resistance in chickpea—collar rot pathosystem exploiting GGE biplot technique. Australasian Plant Pathology, 51(1): 47-58.
23. Tekalign, A., J. Sibiya, J. Derera and A. Fikre. 2017. Analysis of genotype × environment interaction and stabilitfor grain yield and chocolate spot (Botrytis fabae) disease resistance in faba bean (Vicia faba). Australian Journal of Crop Science, 11(10): 1228 -1235.
24. Sarker A. 2011. Lentils in production and food systems in West Asia and Africa. Grain Legumes, 57: 46-48.
25. Sellami, M.H., C. Pulvento and A. Lavini. 2020. Agronomic practices and performances of quinoa under field conditions: A systematic review. Plants, 10(1): 2-20.
26. Sellami, M.H., A. Lavini, and C. Pulvento. 2021. Phenotypic and quality traits of chickpea genotypes under rainfed conditions in south Italy. Agronomy, 11(5): 1-15.
27. Smith H.F. 1936. A discriminant function for plant selection. Annals of eugenics, 7(3): 240-250.
28. Shafi, A., G. Shabbir, Z. Akram, T. Mahmood, A. Bakhsh and I.R. Noorka. 2012. Stability analysis of yield and yield components in chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes across three rainfed locations of Pakistan. Pakistan Journal of Botany, 44(5): 1705-1709.
29. Sharifi, P., H. Aminpanah, R. Erfani, A. Mohaddesi and A. Abbasian. 2017. Evaluation of Genotype×Environment Interaction in Rice Based on AMMI model in Iran. Rice Science, 24(3):173-180.
30. Sharifi, P. 2020a. Application of Multivariate Analysis Methods in Agricultural Sciences. Rasht Branch, Islamic Azad University Press, IR., 288 pp (In Persian).
31. Sharifi, P. 2020b. Evolution, Domesicatin, Breeding Methods and the Latest Breeding Findings in Rice. Agricultural and Natural Resources Engineering Organization of IRAN, IR, 254 pp (In Persian).
32. Ullman J.B. 2006. Structural equation modeling: Reviewing the basics and moving forward. Journal of Personality Assessment, 87: 35-50
33. Varshney, R.K., M. Thudi, F.J. Muehlbauer. 2017. The Chickpea Genome. Springer International Publishing, 3(319): 66117-9.
34. Wright, K. and J.L. Laffont. 2018. Package 'gge'. https://github.com/kwstat/gge/issues
35. Yan, W., L.A. Hunt, Q. Sheng and Z. Szlavnics. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. Crop Science, 40: 597-605.
36. Yue, H., J. Wei, J. Xie, S. Chen, H.,Peng, H.Cao, J. Bu and X. Jiang. 2022. A Study on Genotype-by-Environment Interaction Analysis for Agronomic Traits of Maize Genotypes Across Huang-Huai-Hai Region in China. Phyton, 91(1): 57.
37. Zali, H., E. Farshadfar, S.H. Sabaghpour and R. Karimizadeh, 2012. Evaluation of genotype× environment interaction in chickpea using measures of stability from AMMI model. Annals of Biological Research, 3(7): 3126-3136.

[ Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10 ]

[ DOI: 10.61186/jcb.15.46.73 ]