دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

"مقاله پژوهشی"

ارزیابی میانگین عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌های عدس با ترکیب ویژگی‌های روش‌های AMMI و BLUP

رحمت‌الله کریمی‌زاده[۱]، پیام پزشک‌پور[۲]، محمد برزعلی[۳]، اصغر مهربان[۴] و پیمان شریفی[۵]

۱- استادیار پژوهش، موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی کهگیلویه و بویراحمد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گچساران، ایران
۲- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران
۳- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران
۴- استادیار پژوهش، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی اردبیل، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی
۵- دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد رشت، دانشگاه آزاد اسلامی، رشت، ایران، (نویسنده مسوول: sharifi@iaurasht.ac.ir)

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۵/۲۳ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۶/۳۰
صفحه: ۱۶۰ تا ۱۷۰

چکیده

در این پژوهش، ۱۲ ژنوتیپ پیشرفته عدس به‌همراه ارقام شاهد کیمیا و گچساران به مدت سه سال زراعی (۹۲-۱۳۸۹) در مناطق گچساران، گنبد، خرم‌آباد و مغان در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار کشت شدند. آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT) نشان داد که برهمکنش ژنوتیپ در محیط بر عملکرد دانه معنی‌دار بود و از این‌رو تجزیه مقادیر منفرد (SVD) بر روی ماتریس بهترین پیش‌بینی‌های نااُریب خطی (BLUPها) از برهمکنش‌های ژنوتیپ در محیط، برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها انجام شد. نمودار گرمایی مبیّن تنوع عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف بود. همچنین نمودار موزائیکی نشان داد که سهم مجموع مربعات ژنوتیپ (G) و برهمکنش ژنوتیپ در محیط (GE) در مجموع مربعات کل (TSS) به‌ترتیب ۱۷/۵۳درصد و ۸۲/۴۷درصد بود. آزمون اسکریت نشان داد که پنج مؤلفه اصلی اول سهم قابل توجهی در توجیه ماتریس GEI حاصل از BLUP داشتند، به‌طوری‌که مؤلفه اصلی اول و دوم به‌ترتیب فقط ۳۲/۲۸درصد و ۲۶/۹۵درصد از تغییرات GEI را توجیه می‌کردند. بای‌پلات اولین مؤلفه اصلی محیط در برابر عملکرد اسمی نشان داد که ژنوتیپ‌های ۸، ٤، ۳، ١٤ و ۷ با توجه به کمترین نمره‌های مؤلفه اصلی اول، سهم ناچیزی در برهمکنش ژنوتیپ در محیط داشتند و از پایداری بیشتری برخوردار بودند. بای‌پلات عملکرد دانه در برابر میانگین وزنی نمرات مطلق (WAASB)، ژنوتیپ‌ها را در چهار ناحیه جای داد، به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های ٤، ٦، ۸، ۹، ۱۰ و ۱۲ در ناحیه چهارم به‌دلیل بزرگی متغیر پاسخ (داشتن عملکرد بالا) و پایداری بالا (مقادیر پایین WAASB)، بسیار پرمحصول و پایدار بودند. شناسایی ژنوتیپ‌ها با معیار WAASBY (میانگین وزنی پایداری WAASB و عملکرد دانه) نشان داد که ژنوتیپ‌های ٤، ٦، ۸ و ۹ پرمحصول و پایدار بودند و می‌توانند نامزد معرفی ارقام جدید باشند.

واژه‌های کلیدی: تجزیه مقادیر منفرد، گزینش همزمان، میانگین وزنی نمرات مطلق، نمودار گرمایی، نمودار موزائیکی

مقدمه

عدس (*Lens culinaris* Medik) یکی از گیاهان مهم است که نقش مهمی در تأمین پروتئین مردم در کشورهای در حال توسعه دارد (۲۶). توزیع نامناسب بارندگی و کاهش بارندگی از عوامل عمده کاهش عملکرد عدس در واحد سطح است (۲۲)، بنابراین به‌کارگیری ژنوتیپ‌های سازگار به شرایط نامساعد محیطی، می‌تواند نقش مهمی در افزایش عملکرد در چنین شرایطی داشته باشد (۱۳).

آگاهی از برهمکنش ژنوتیپ × محیط، به به‌نژادگران یاری می‌رساند تا در ارزیابی ژنوتیپ‌ها، با دقت بیشتری عمل کرده و بهترین ژنوتیپ‌ها را برگزینند (۸). پایداری عملکرد صفتی موروثی است (۱۶) که به روش‌های مختلفی شامل تک‌متغیره پارامتری و ناپارامتری و چندمتغیره ارزیابی می‌شود. در بین روش‌های چندمتغیره می‌توان روش اثرات اصلی جمع‌پذیر و برهمکنش ضرب‌پذیر (Additive Main effect and Multiplicative Interaction, AMMI) (۹) و GGE بای‌پلات (Genotype + Genotype × Environment) (۲۹) را نام برد. به‌تازگی، روش بهترین پیش‌بینی‌های خطی نااُریب (Best linear unbiased predictors, BLUPs) نیز برای ارزیابی داده‌های آزمایش‌های چندمحیطی (Multi-environment trials, MET) به‌کار گرفته شده است، که میانگین‌ها را با دقت بالا به‌ویژه در مدل‌های مختلط برآورد می‌کند (۲۰،۲۱) و در هنگام وجود اثر مختلط خطی (linear mixed-effects models, LMM)، پتانسیل پیش‌بینی دقیق اثرات تصادفی را فراهم می‌کند (۲۷). در این روش، برای بهره‌گیری از مزایای دو روش AMMI و BLUP، با مدل مختلط خطی مبتنی بر BLUP، یک ماتریس برهمکنش ژنوتیپ در محیط به‌دست می‌آید و از تجزیه این ماتریس با تجزیه ارزش منفرد (Singular value decomposition, SVD)، که پایه تجزیه AMMI است، یک معیار پایداری ژنوتیپی به‌نام شاخص پایداری میانگین وزنی نمرات مطلق (Weighted average of absolute scores, WAASB) معرفی شد که حاصل تلفیق دو روش AMMI و BLUP است (۲۰،۲۱). در این روش، برای تلفیق جنبه‌های پایداری و عملکرد ژنوتیپ‌ها، شاخص WAASBY نیز معرفی شده است که در آن گزینش ژنوتیپ‌ها برای میانگین عملکرد و پایداری، به‌طور همزمان انجام می‌شود و بسته به هدف به‌نژادگر می‌توان وزن‌های متفاوتی به هرکدام از دو شاخص

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-10-12]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1399.12.36.16.3]
[DOI: 10.52547/jcb.12.36.160]

میانگین عملکرد یا پایداری داد (۲۱). در پژوهش‌هایی مختلفی برهمکنش معنی‌دار ژنوتیپ در محیط در عدس گزارش شده است (۱،۲،۳،۴،۱۰،۱۱،۱۲،۱۳،۲۳،۲۴،۲۵) و در نتیجه با روش‌های گوناگون تک‌متغیره پارامتری و ناپارامتری و چندمتغیره، پایداری ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف ارزیابی شده است. پژوهش‌های اندکی درباره برآورد ارزش‌های ژنوتیپی در آزمایش‌های چندمحیطی با BLUP گزارش شده است (۳،۵،۶،۱۷)، اما مدل‌سازی الگوهای برهمکنش ژنوتیپ در محیط با روش‌های تجزیه GGE بای‌پلات و AMMI در عدس (۴،۱۰،۱۱،۱۲،۱۳) و دیگر گیاهان مانند گلرنگ (۱۷) بیشتر انجام شده است.

هدف از پژوهش حاضر، تعیین لاین یا لاین‌های پایدار با عملکرد بالا در لاین‌های امیدبخش عدس با بهره‌گیری از ترکیب دو روش AMMI و BLUP با شاخص‌های WAASB و WAASBY و نمودارهای مربوطه است.

مواد و روش‌ها

این پژوهش برای دستیابی به ارقام پرمحصول و سازگار با شرایط آب و هوایی مناطق دیم گرمسیری و نیمه‌گرمسیری کشور انجام شد. تعداد ۱۲ ژنوتیپ پیشرفته عدس به‌همراه ارقام شاهد کیمیا و گچساران (جدول ۱) که از آزمایش‌های پیشرفته مقایسه عملکرد سال زراعی ۸۹-۱۳۸۸ گزینش شده بودند، در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در ۳ تکرار و ۴ منطقه گچساران، گنبد، خرم‌آباد و مغان به‌مدت ۳ سال (۱۳۹۲-۱۳۸۹) و در کرت‌هایی به طول ۵ متر و عرض ۱ متر بر روی ۵ خط با فاصله ۲۵ سانتی‌متر و تراکم ۲۰۰ دانه در مترمربع کشت گردیدند. ویژگی‌های جغرافیایی مناطق اجرای آزمایش در جدول ۲ و میزان بارندگی سالانه مناطق اجرای آزمایش در طول فصل زراعی در سال‌های ۱۳۸۹ تا ۱۳۹۲ در جدول ۳ نشان داده شده است.

جدول ۱- نام و منشأ ژنوتیپ‌های عدس بررسی شده

Table 1. Name and origin of lentil studied genotypes

منشأ	نام	شماره ژنوتیپ
۱	FLIP 2005-4L	ایکاردا
۲	FLIP 2007-6L	ایکاردا
۳	FLIP 2006-3L	ایکاردا
۴	FLIP 2007-103L	ایکاردا
۵	Bilsen-365	ایکاردا
۶	FLIP 2005-32L	ایکاردا
۷	FLIP 2005-53L	ایکاردا
۸	FLIP 2005-3L	ایکاردا
۹	FLIP 2006-7L	ایکاردا
۱۰	FLIP 2007-12L	ایکاردا
۱۱	FLIP 2007-30L	ایکاردا
۱۲	FLIP 2007-34L	ایکاردا
۱۳	کیمیا	ایران
۱۴	گچساران	ایران

برای تهیه زمین هر سال پیش از کشت، زمینی که در سال گذشته آیش بود، با گاوآهن شخم زده و خاک با دیسک و روتیواتور نرم شد. کود شیمیایی بر مبنای ۱۰۰ کیلوگرم فسفات آمونیوم و ۳۵ کیلوگرم اوره، به هنگام عملیات تهیه زمین، به‌طور یکنواخت با خاک مخلوط گردید. پس از برداشت، عملکرد دانه توزین گردید.

جدول ۲- ویژگی‌های جغرافیایی مناطق اجرای آزمایش

Table 2. Geographic characteristics of trials area

مکان	متوسط بارندگی سالیانه (میلی‌متر)	عرض جغرافیایی	طول جغرافیایی	ارتفاع از سطح دریا (متر)
گچساران	۴۵۰	°۳۰، '۱۷ شمالی	°۵۰، '۵۰ شرقی	۷۱۰
گنبد	۵۵۰	°۳۷، '۱۶ شمالی	°۵۵، '۱۲ شرقی	۴۵
مغان	۳۱۲	°۴۷، '۸۸ شمالی	°۳۹، '۳۹ شرقی	۱۰۰
خرم‌آباد	۴۴۵	°۳۳، '۲۹ شمالی	°۴۸، '۱۸ شرقی	۱۱۴۷

جدول ۳- میزان بارندگی سالانه مناطق اجرای آزمایش در طول فصل زراعی در سال‌های ۱۳۸۹ تا ۱۳۹۲

Table 3. Annual rainfall of test areas during the cropping season in 2013-2016

مکان	فصل زراعی		
	۱۳۸۹-۹۰	۱۳۹۰-۹۱	۱۳۹۱-۹۲
گچساران	۴۱۷/۱	۴۲۰/۶	۴۰۸/۵
گنبد	۲۷۹/۷	۴۷۶/۱	۵۵۷/۲
مغان	۲۲۹/۷	۳۵۶/۱	۳۴۸/۴
خرم‌آباد	۳۶۴/۲	۲۹۴/۱	۲۹۴/۳

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-10-12]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1399.12.36.16.3]
[DOI: 10.52547/jcb.12.36.160]

تمام تجزیه‌های آماری با استفاده از بسته تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی با نام metan (Multi environment trial analysis) (۱۹) و gge (۲۸) در نرم‌افزار R انجام شد.

برای تعیین کمیت پایداری ژنوتیپی، از تجزیه مقادیر منفرد (SVD)، بر روی ماتریس بهترین پیش‌بینی‌های ناأریب خطی (BLUPها) 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 درست‌نمایی (Likelihood Ratio Tests (LRT)) به‌کار گرفته شد. از کمیت‌های پایداری WAASBi و WAASBYi برای کمی‌سازی پایداری با رابطه‌های ۱ و ۲ بهره گرفته شد (۲۰).

رابطه ۱

$$WAASB_i = \frac{\sum_{k=1}^{p} \left| IPCA_{ik} \times EP_k \right|}{\sum_{k=1}^{p} EP_k}$$

رابطه ۲

$$WAASBY_i = \frac{\left\{ W_Y \times \left[\left(\frac{GY_i}{GY_{\max}} \right) \times 100 \right] \right\} + \left[W_S \times \left(100 - \frac{WAASB_i}{WAASB_{\min}} \right) \right]}{W_Y + W_S}$$

که در آن، $WAASB_i$، میانگین وزنی نمرات مطلق ژنوتیپ iام؛ $IPCA_{ik}$، نمره ژنوتیپ iام در kاُمین محور مؤلفه اصلی برهمکنش (IPCA)؛ و EP_k، مقدار واریانس توجیه شده توسط kاُمین IPCA است. ژنوتیپ با کمترین مقدار WAASB، پایدار در نظر گرفته می‌شود (۲۱). انتخاب همزمان برای میانگین عملکرد و پایداری (Mean performance and stability, MPE) با شاخص WAASBY انجام شد که در آن به میانگین عملکرد (Y) و شاخص پایداری (WAASB) وزن داده می‌شود و $WAASBY_i$، میانگین وزنی WAASB و GY برای ژنوتیپ iاُم؛ WY، وزن داده شده به متغیر پاسخ (در این مورد، عملکرد دانه)؛ GY_i، میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ iاُم با توجه به تمام محیط‌ها؛ GY_{max}، بالاترین متوسط عملکرد دانه مشاهده شده؛ W_S، وزن نسبت داده شده به شاخص پایداری (در این مورد، شاخص WAASB)؛ $WAASB_i$، میانگین وزنی نمرات مطلق ژنوتیپ iام؛ و $WAASB_{min}$، کمترین مقدار WAASB مشاهده شده در بین ژنوتیپ‌ها است.

نتایج و بحث

تعیین سهم مؤلفه‌ها در برهمکنش ژنوتیپ در محیط و نمودارهای گرمایی و موزائیکی

تجزیه واریانس جداگانه در هر کدام از محیط‌ها نشان داد که اثر ژنوتیپ در ۹ محیط از ۱۴ محیط مطالعه شده معنی‌دار بود (نتایج ارائه نشده‌اند). بنابراین ژنوتیپ‌ها در محیط‌های آزمایشی دارای تنوع کافی بودند و برای ارزیابی برهمکنش ژنوتیپ در محیط نیاز به تجزیه پایداری بود. متوسط عملکرد دانه در ژنوتیپ‌ها با دامنه ۸۷۵ (ژنوتیپ ۵) و ۱۱۹۶ (ژنوتیپ ۴) برابر با ۱۰۳۵/۵ کیلوگرم در هکتار بود.

برای پی بردن به پراکنش عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف از نمودار گرمایی استفاده شد (شکل ۱-الف). در این نمودار، ژنوتیپ دارای عملکرد یکنواخت در تمام محیط‌ها می‌تواند پایدار باشد. بر این اساس ژنوتیپ‌های ۴، ۶، ۸ و ۱۰ را می‌توان پایدار در نظر گرفت. در این نمودار، عملکرد ژنوتیپ‌ها در هر محیط بیانگر تنوع درون آن محیط است، به‌طوری‌که هر اندازه رنگ‌های مربوط به ژنوتیپ‌های درون یک محیط متفاوت‌تر باشند، بیانگر گوناگونی بین ژنوتیپ‌های درون آن محیط است. در محیط‌های ۲، ۳، ۵ و ۹ ژنوتیپ‌ها از تنوع بیشتری برخوردار بودند. از طرفی دیگر، عملکرد هر ژنوتیپ در محیط‌های مختلف نیز برای بررسی تنوع در بین محیط‌ها می‌تواند استفاده شود، به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های ۱، ۲، ۳ و ۵ دارای تنوع بیشتر در محیط‌های مطالعه شده بودند (شکل ۱-الف). بررسی چشمی پراکنش میانگین ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مطالعه شده نشان‌دهنده تفاوت ژنوتیپ‌های مختلف از نظر عملکرد دانه در یک محیط و همچنین تفاوت میانگین آن‌ها از محیطی به محیط دیگر است که نشان می‌دهد گزینش ژنوتیپ‌ها فقط بر پایه عملکرد دانه در یک مکان، از اعتبار بالایی برخوردار نیست و باید برای به‌دست آوردن یک نتیجه درست، ژنوتیپ‌ها در سال‌ها و مکان‌های مختلف ارزیابی شوند تا پایداری آنها برآورد شود (۷). پژوهشگران دیگری نیز واکنش‌های متفاوت ژنوتیپ‌های عدس را در محیط‌های مختلف گزارش کرده‌اند (۱،۲،۱۰،۱۱،۱۲،۱۳،۱۴،۲۳،۲۴،۲۵).

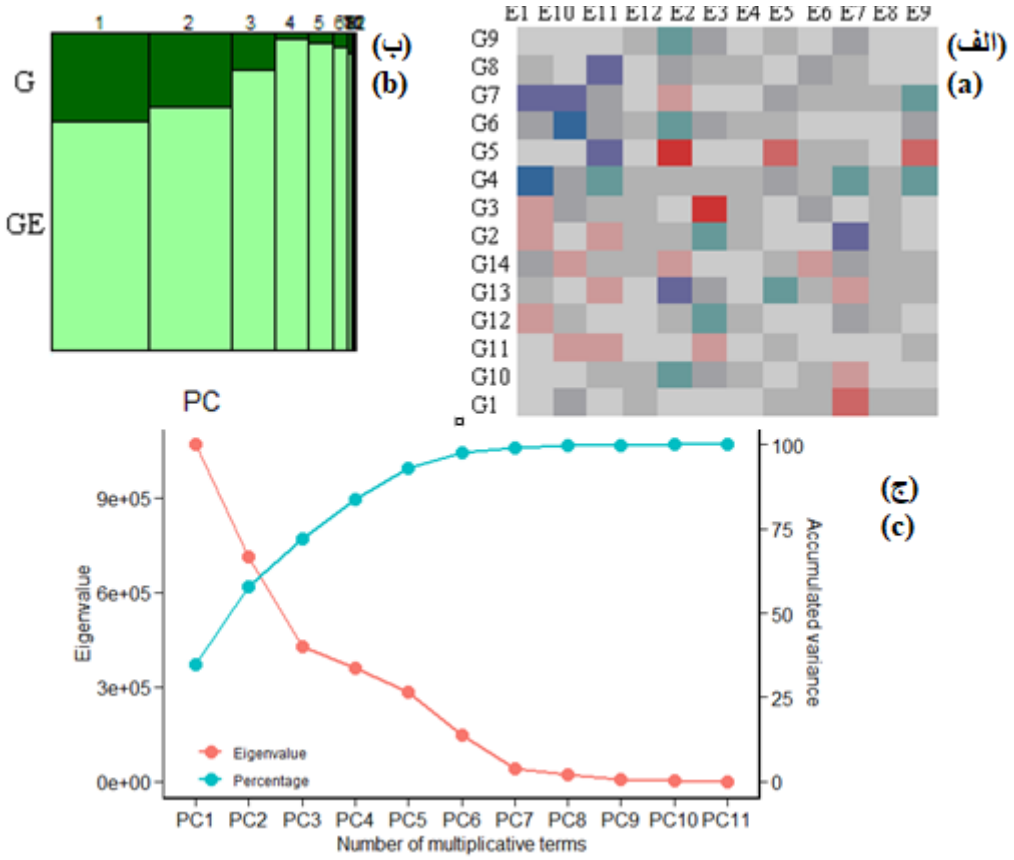
ارزیابی فاکتورهای تصادفی و ثابت، برآورد اجزای واریانس و تخمین میانگین‌های پیش‌بینی شده

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 به‌وسیله لافونت و همکاران (۱۵) پیشنهاد شده است، مساحت مربع نمودار، ۱۰۰درصد 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 ۱۷/۵۳درصد از تنوع کل است و ناحیه‌های با رنگ روشن، تنوع ناشی از برهمکنش ژنوتیپ در محیط را نشان می‌دهد که ۸۲/۴۷درصد از تغییرات کل را در برمی‌گیرد (شکل ۱-ب). سهم پایین ژنوتیپ در توجیه تنوع کل در این نمودار می‌تواند به‌دلیل گزینش ژنوتیپ‌های برتر از نظر

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-10-12]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1399.12.36.16.3]
[DOI: 10.52547/jcb.12.36.160]

عملکرد دانه در سال‌های پیش در برنامه اصلاحی عدس و همچنین واکنش‌های متفاوت ژنوتیپ‌ها در محیط‌های گوناگون باشد. ستون‌های این نمودار بیانگر محورهای مؤلفه اصلی است، به‌گونه‌ای که ستون اول دربرگیرنده ۳۲/۲۸ درصد از کل مساحت مربع است و اولین مؤلفه اصلی از مجموع مربعات کل را تشکیل می‌دهد. ستون (مؤلفه اصلی) دوم، ۲۶/۹۵ درصد از TSS را در بر گرفته است. این دو مؤلفه اصلی، با هم ۵۹/۲۵ درصد از TSS، ۸۶/۲۰ درصد (۳۵/۴۶ درصد + ۵۰/۷۳ درصد) از مجموع مربعات ژنوتیپ (SSG) و ۵۳/۴۸ درصد (۲۵/۱۴ درصد + ۲۸/۳۵ درصد) از مجموع مربعات برهمکنش ژنوتیپ در محیط (SSGE) را تشکیل می‌دهند. تقش مؤلفه‌های سوم تا پنجم در مجموع مربعات کل به‌ترتیب ۱۴/۴۵ درصد، ۱۰/۶۰ درصد و ۸/۸۷ درصد بود و نمی‌توان نقش این مؤلفه‌ها را در مجموع مربعات کل نادیده انگاشت. هر ستون نیز که نشان‌دهنده محور مؤلفه اصلی است، با ردیف‌های نمودار موزاییکی به دو بخش ناشی از مجموع مربعات ژنوتیپ و مجموع مربعات برهمکنش ژنوتیپ در محیط تقسیم می‌شود. در نخستین محور مؤلفه اصلی، سهم G و GE به‌ترتیب ۲۷/۵۶ درصد و ۷۲/۴۳ درصد بود. در مجموع مربعات محور مؤلفه اصلی دوم نیز سهم G و GE به‌ترتیب برابر با ۲۳/۰۷ درصد و ۷۶/۹۳ درصد بود. همچنین در مؤلفه‌های اصلی سوم تا پنجم نیز سهم برهمکنش ژنوتیپ در محیط با مقادیر ۸۸/۸۶ درصد، ۹۸/۱۰ درصد و ۹۶/۷۸ درصد در مقایسه با سهم ژنوتیپ با مقادیر ۱۱/۱۳ درصد، ۱/۹۰ درصد و ۳/۲۱ درصد بسیار بیشتر بود. بنابراین، با توجه به سهم قابل ملاحظه ستون‌های سوم تا پنجم (محورهای مؤلفه‌های اصلی سوم تا پنجم) در مجموع مربعات کل و همچنین سهم بالای برهمکنش ژنوتیپ در محیط در این سه 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.

آزمون اسکری (Scree test) برای شناساندن بهترین شمار مؤلفه‌های توجیه‌کننده برهمکنش ژنوتیپ در محیط نیز به‌کار برده شد که نشان داد تا مؤلفه اصلی پنجم هرکدام از مؤلفه‌ها سهم قابل توجهی در توجیه برهمکنش ماتریس GEI حاصل از BLUP داشتند (شکل ۱–ج)، به‌طوری‌که مؤلفه اصلی اول و دوم به‌ترتیب فقط ۳۲/۲۸ درصد و ۲۶/۹۵ درصد از تغییرات را توجیه می‌کردند، بنابراین تفسیر نتایج تجزیه پایداری فقط بر اساس مؤلفه‌های اصلی اول و دوم ممکن است به نتایج اشتباهی بینجامد.



شکل ۱– پیش‌تجزیه‌های برهمکنش ژنوتیپ در محیط (GEI). الف. نمودار گرمایی پراکنش عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌ها؛ ب. نمودار موزائیکی جهت نمایش سهم مؤلفه‌ها از واریانس G+GE؛ ج. ریشه مشخصه ماتریس GEI

Figure 1. Pre-analysis of GEI. a. Heatmap plot for yield of genotypes in environments; b. Mosaic plot for indication of PCs contribution in G+GE; c. Eigenvalues of the BLUP_GEI matrix

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-10-12]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1399.12.36.16.3]
[DOI: 10.52547/jcb.12.36.160]

از آنجا که در تجزیه داده‌های این آزمایش از مدل مختلط (Mixed linear model) استفاده شده بود، آزمون نسبت درست‌نمایی (likelihood ratio test, LRT) برای ارزیابی معنی‌داری فاکتورهای آزمایشی به‌کار برده شد و نشان داد که اثر ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط بر عملکرد دانه معنی‌دار بود. اثر معنی‌دار برهمکنش ژنوتیپ در محیط (GEI) بیانگر این است که عملکرد دانه یک ژنوتیپ ممکن است از محیطی به محیط دیگر متفاوت باشد، بنابراین، تجزیه BLUP برای تجزیه چنین داده‌هایی مناسب است (۲۰)، از این‌رو بهترین پیش‌بینی‌های نااُریب خطی (BLUPها) برآورد شد و تجزیه پایداری به روش AMMI بر روی این BLUPها انجام گردید. پژوهشگران دیگری نیز برهمکنش معنی‌دار ژنوتیپ در محیط را بر عملکرد دانه عدس با تجزیه واریانس به روش کمترین مربعات گزارش کرده‌اند (۱،۲،۴،۱۰،۱۱،۱۲،۱۳،۲۳،۲۴،۲۵).

در جدول ۵ برخی از پارامترهای ژنتیکی شامل واریانس ژنوتیپ، واریانس ژنوتیپ در محیط، واریانس مقادیر باقیمانده و واریانس فنوتیپی به روش درست‌نمایی محدود شده (Restricted Maximum Likelihood, REML) برآورد شده‌اند و نسبت آنها به واریانس فنوتیپی برای این سه جزء به‌ترتیب ۶/۸۴ درصد، ۴۵/۵۱ درصد و ۴۷/۶۳ درصد بود (جدول ۵). بسیاری از تلاش‌ها در گام‌های نهایی برنامه‌های به‌نژادی بر آزمایش‌های چندمحیطی استوار است، از این‌رو، دقت پیش‌بینی برای گزینش درست ژنوتیپ‌ها، توصیه ژنوتیپ‌ها و شاسایی محیط‌های کلان (Mega-environment) بسیار مهم است (۲۰). بنابراین برخی از پارامترهای ژنتیکی برآورد شدند که نشان می‌داد میزان وراثت‌پذیری عمومی برای عملکرد دانه عدس در این پژوهش با توجه به سهم بالای برهمکنش ژنوتیپ در محیط پایین و حدود ۷ درصد بود. ضریب تبیین برهمکنش ژنوتیپ در محیط و میزان وراثت‌پذیری بر میانگین به‌ترتیب برابر با ۰/۴۵ و ۰/۵۷ درصد بود. دقت گزینش ژنوتیپ و هبستگی بین ارزش‌های ژنوتیپی در سراسر محیط‌ها نیز به‌ترتیب ۰/۷۵ و ۰/۴۸ بود. ضریب تغییرات ژنوتیپی، ضریب تغییرات باقیمانده و همچنین نسبت این دو ضریب تغییرات به‌ترتیب برابر با ۶/۲۶ درصد، ۱۶/۵۱ درصد و ۰/۳۷ بود. نسبت برهمکنش ژنوتیپ در محیط بر اثر ژنوتیپی ۶/۶۵ بود. برای افزایش دقت پیش‌بینی، یکی از گزینه‌های پیش روی به‌نژادگران، بهره‌گیری از مدل‌های آماری با توانایی پیش‌بینی بهتر همچون بهترین پیش‌بینی‌های نااُریب خطی (BLUP) است که تجزیه پایداری به روش AMMI می‌تواند بر روی این پیش‌بینی‌ها انجام شود (۲۰).

جدول ۵- ارزیابی معنی‌داری فاکتورها در مدل مختلط و برآورد اجزای واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده برای عملکرد دانه

Table 5. Evaluation significance of factors by LRT ($\chi 2$) and estimation of variance components by REML for seed yield

آماره	آزمون نسبت درست‌نمایی	
	ژنوتیپ	ژنوتیپ در محیط
کای‌اسکوئر χ^2	۵/۴۵	۹۸/۸۸
p-value	$۱/۹۴ \times ۱۰^{-۲}$	$۲/۶۸ \times ۱۰^{-۲۲}$
پارامترهای برآورد شده به روش درست‌نمایی محدود شده REML‡		اجزای واریانس، برآوردها (درصد)
واریانس ژنوتیپی	σ^2_g	۴۲۰۴ (۶/۸۴)
واریانس ژنوتیپ در محیط	σ^2_i	۲۷۹۴۰ (۴۵/۵۲)
واریانس مقادیر باقیمانده	σ^2_e	۲۹۲۴۰ (۴۷/۶۳)
واریانس فنوتیپی	σ^2_P	۶۱۳۸۴
وراثت‌پذیری عمومی	h^2_g	۰/۰۶۸
ضریب تشخیص اثرهای GEI	R^2gei	۰/۴۵
وراثت‌پذیری میانگین ژنوتیپی	h^2_{mg}	۰/۵۷
دقت انتخاب ژنوتیپ	As	۰/۷۵
همبستگی بین مقادیر ژنوتیپی در میان محیط‌ها	rge	۰/۴۸
ضریب تغییرات ژنوتیپی	CVg (%)	۰/۲۶
ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده	CVe (%)	۱۶/۵۱
نرخ ضریب تغییرات ژنوتیپی بر ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده	CVg/CVe ratio	۰/۳۷
نرخ واریانس ژنوتیپ در محیط بر واریانس ژنوتیپی	σ^2_i/σ^2_g ratio	۶/۶۵

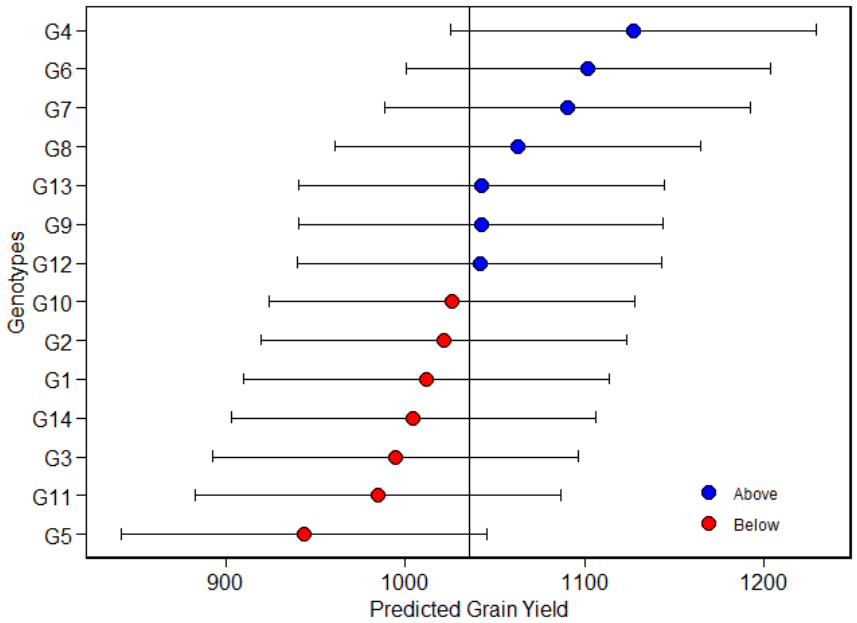
ns، * و **: به‌ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد.
مقادیر داخل پرانتز، درصد واریانس مشاهده شده نسبت به واریانس فنوتیپی است.

در شکل ۲، میانگین‌های پیش‌بینی شده عملکرد دانه با روش BLUP نشان داده شده است که بیانگر آن است که بالاترین عملکرد پیش‌بینی شده با روش BLUP از آن ژنوتیپ ۴ و در پی آن ژنوتیپ‌های ۶، ۷، ۸، ۱۳، ۹ و ۱۲ بود که دارای عملکرد پیش‌بینی شده‌ی بیشتر از میانگین کل بودند. در سوی دیگر، ژنوتیپ‌های ۱۰، ۲، ۱، ۱۴، ۳، ۱۱ و ۵ جای داشتند که عملکرد آنها پایین‌تر از میانگین کل ژنوتیپ‌ها بود.

برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها از چندین نمودار بهره گرفته شده است که نتایج آن در پی می‌آید. نمودار بای‌پلات اولین مؤلفه اصلی محیط در برابر عملکرد اسمی (Nominal Yield) که شکل دیگر بای‌پلات چندضلعی یا "کدام-برنده-کجا" (which-won-where) است (۲۱) یکی از این نمودارها است که در محور X آن، نمره اولین مؤلفه اصلی محیط و در محور Y آن، عملکرد اسمی ژنوتیپ‌ها گنجانده شده است (شکل ۳-الف). در این نمودار، برای هر کدام از ژنوتیپ‌ها یک خط با معادله y=a+bx نوشته می‌شود که در آن x، نمره محور مؤلفه اصلی اول (IPCA1) محیطی؛ a، میانگین کل هر ژنوتیپ و b، اولین مؤلفه اصلی (IPCA1) هر ژنوتیپ است (۲۱). این معادله‌های خط نشان می‌دهند که

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-10-12]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1399.12.36.16.3]
[DOI: 10.52547/jcb.12.36.160]

ژنوتیپ‌های ۸، ۴، ۳، ۱۴ و ۷ با توجه به کمترین ضرایب b یا شیب خط (نمره‌های مؤلفه اصلی اول)، سهم اندکی در برهمکنش ژنوتیپ در محیط داشته و دارای پایداری بیشتری بودند، حال آنکه ژنوتیپ‌های ۱۳، ۹، ۱۰، ۱۲، ۶، ۲، ۱۱، ۱ و ۵ دارای نمره‌های مؤلفه اصلی بالاتری بوده و در محیط‌های مختلف عملکرد متفاوتی داشتند و ناپایدار بودند. بر پایه این نمودار که برآمده از فقط نخستین محور مؤلفه اصلی است، از بین ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا (شکل ۲)، ژنوتیپ‌های ۴، ۷ و ۸ پایدار، اما ژنوتیپ ۶ به‌دلیل شیب خط بالا، ناپایدار بود. بررسی همزمان این نمودار با شکل ۲ (پیش‌بینی عملکرد با BLUP) نشان می‌دهد که ژنوتیپ‌های ۶ و ۷ با آنکه میانگین پیش‌بینی شده مشابه‌ای داشتند (شکل ۲)، اما الگوی خط آنها (شکل ۳-الف) کاملاً متفاوت بود، دلیل آن این است که قدرمطلق نمره IPCA1 ژنوتیپ ۶ نسبت به ژنوتیپ ۷ بسیار بیشتر بود (شکل ۳-الف) که نشان‌دهنده ناپایداری ژنوتیپ ۶ و پایداری ژنوتیپ ۷ است. در تفسیر این نمودار باید با دقت بیشتری عمل کرد، چون رسم این نمودار بر پایه نخستین مؤلفه اصلی است که فقط ۳۲/۲۸ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ در محیط را در بر می‌گیرد. بنابراین، تجزیه‌های تکمیلی بر اساس مؤلفه‌های دیگر می‌تواند نتایج مطمئن‌تری را در پی داشته باشد. پژوهشگران دیگری نیز از روش بای‌پلات "کدام-برنده-کجا" برای شناسایی ژنوتیپ‌های با پایداری عمومی و یا سازگار به محیط‌های ویژه در عدس استفاده کرده‌اند (۱۲،۱۱،۱۰،۴).



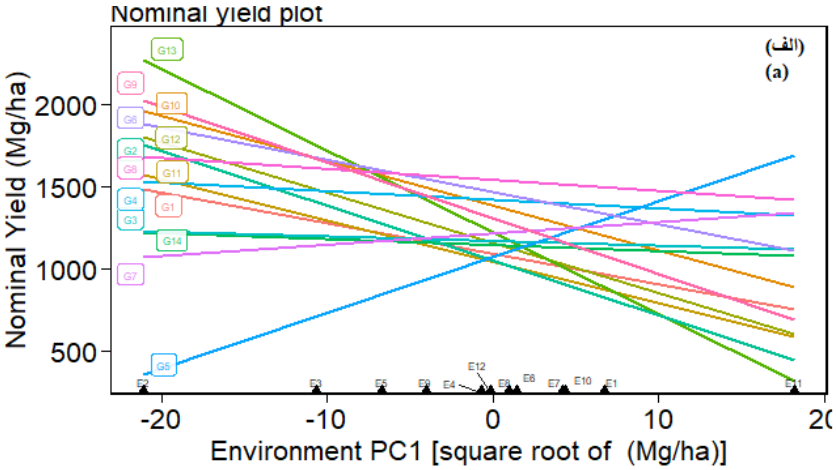
شکل ۲- عملکرد دانه پیش‌بینی شده (بهترین پیش‌بینی نااُریب خطی، BLUP) برای ۱۴ ژنوتیپ عدس. دایره‌های آبی و قرمز به‌ترتیب ژنوتیپ‌هایی را نشان می‌دهند که دارای BLUP بالاتر و پایین‌تر از میانگین BLUP بودند. میله‌های خطای افقی نشانگر فاصله اطمینان ۹۵درصد از پیش‌بینی با توجه به آزمون t دو طرفه است.

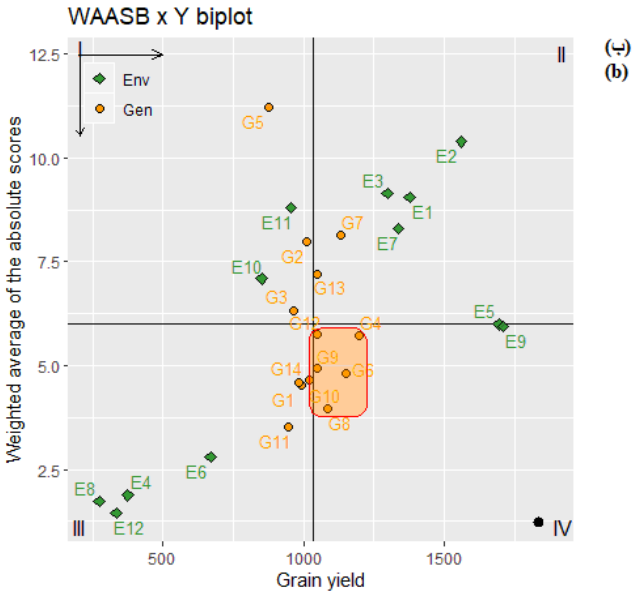
Figure 2. Predicted seed yield (best linear unbiased prediction, BLUP) for 14 lentil genotypes. Blue and red circles represent the genotypes that had BLUP above and below of BLUP means, respectively. Horizontal error bars represent the 95% confidence interval of prediction considering a two-tailed t test.

برای تفسیر بهتر پایداری از بای‌پلات نوع سوم استفاده شد که در آن عملکرد دانه در محور افقی و میانگین وزنی نمرات مطلق در محور عمودی جای داده شده است (شکل ۳-ب). در چارک اول (ربع I)، ژنوتیپ‌های ۵، ۲ و ۳ به‌همراه محیط‌های ۱۰ و ۱۱ جای گرفته‌اند که با توجه به سهم بالای آنها در برهمکنش ژنوتیپ در محیط، ژنوتیپ‌های ناپایدار و دارای عملکرد کمتر از متوسط کل هستند، که برای محیط‌های ۱۰ و ۱۱ مناسب می‌باشند (۲۱). در چارک دوم (ربع II)، ژنوتیپ‌های ۷ و ۱۳ جای دارند که با وجود داشتن عملکرد بالاتر از میانگین کل، به‌دلیل مقدار بالای WAASB، ناپایدار هستند. بر اساس نمودار شکل ۱-ب که فقط بر اساس نخستین محور مؤلفه اصلی ترسیم شده بود، این دو ژنوتیپ از الگوی متفاوتی پیروی می‌کردند و ژنوتیپ ۱۳ ناپایدار، اما ژنوتیپ ۷ پایدار بود که ناکارآمدی تفسیر فقط بر پایه نخستین محور مؤلفه اصلی را نشان می‌دهد. به محیط‌های واقع در این ناحیه (به‌ویژه محیط ۲)، به‌دلیل داشتن مقادیر بالای متغیر پاسخ و همچنین توانایی تشخیص خوب می‌توانند به‌صورت ویژه توجه شود. ژنوتیپ‌های ۱۱، ۱ و ۱۴ در چارک سوم (ربع III)، با داشتن عملکرد کمتر از میانگین کل، اما به‌دلیل مقادیر پایین WAASB (که هرچقدر این شاخص پایین‌تر باشد، ژنوتیپ پایدارتر خواهد بود)، پایدار بودند. این ژنوتیپ‌ها نیز در شکل ۳-ب از الگوهای متفاوتی برخوردار بودند، به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های ۱ و ۱۱ ناپایدار و ژنوتیپ ۱۴ پایدار بود. محیط‌های این ناحیه شامل محیط‌های ۴، ۶، ۸ و ۱۲

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-10-12]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1399.12.36.16.3]
[DOI: 10.52547/jcb.12.36.160]

محیط‌های با قابلیت تشخیص پایین و دارای عملکردی ضعیف هستند. ژنوتیپ‌های جای‌گرفته در چارک چهارم (ربع IV) شامل ژنوتیپ‌های ۴، ۶، ۸، ۹، ۱۰ و ۱۲ به‌دلیل بزرگی متغیر پاسخ (داشتن عملکرد بالا) و پایداری بالا (مقادیر پایین WAASB) بسیار پرمحصول و پایدار بودند. در شکل ۳-الف نیز ژنوتیپ‌های ۴ و ۸، در مقایسه با چهار ژنوتیپ دیگر، با دارا بودن شیب خط کمتر از پایداری بیشتری برخوردار بودند و چهار ژنوتیپ دیگر بر پایه شاخص WAASB ناپایدارتر بودند. از آنجا که در محاسبه شاخص WAASB، تمامی مؤلفه‌های اصلی به‌کار گرفته شده‌اند، پایداری را به شکل بهتری نشان می‌دهند و ژنوتیپ‌های برگزیده با این شاخص از پایداری مطمئن‌تری برخوردار هستند. از دیگر مزیت‌های این نمودار این است که در کشیدن آن، از رویکرد مدل مختلط استفاده شده است که با آن تخمین پارامترهای مهم در ژنتیک کمّی همچون واریانس‌های ژنوتیپی، برهمکنش ژنوتیپ در محیط، وراثت‌پذیری عمومی، وراثت‌پذیری بر اساس میانگین و همبستگی‌های ژنتیکی نیز فراهم می‌شود (۲۱). این روش در تعداد محدودی از پژوهش‌ها به‌کار گرفته شده هست و به نتایج معتبری در شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار انجامیده است (۳،۵،۶،۱۷).





شکل ۳- دیاگرام‌های ارزیابی عملکرد دانه ۱۴ ژنوتیپ عدس در ۱۲ محیط (ترکیب ۳ سال زراعی در ۴ مکان). الف. عملکرد اسمی دانه در برابر نمرات نخستین محور مؤلفه اصلی محیطی برهمکنش (IPCA1)؛ ب. بای‌پلات عملکرد دانه در مقابل میانگین وزنی نمرات مطلق برای بهترین پیش‌بینی‌های نااُریب خطی از برهمکنش ژنوتیپ‌ها با محیط (WAASB). یک ژنوتیپ فرضی بسیار پرمحصول و کاملاً پایدار با یک دایره سیاه نشان داده شده است. فلش‌های افقی و عمودی سیاه به ترتیب جهت افزایش عملکرد و پایداری را نشان می‌دهد.

Figure 3. Diagrams for analysis the seed yield of 14 lentil genotypes evaluated in 12 environments (combinations of 3 cultivation years in 4 locations). a, Nominal seed yield vs the first environmental interaction principal component axis (IPCA1); b, Biplot of the seed yield vs weighted average of absolute scores for the best linear unbiased predictions of the genotypevs-environment interaction (WAASB); a hypothetical highly productive and broadly adapted genotype is depicted by a black circle and horizontal and vertical black arrows indicate the direction of the increase in yielding and stability, respectively.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-10-12]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1399.12.36.16.3]
[DOI: 10.52547/jcb.12.36.160]

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-10-12]

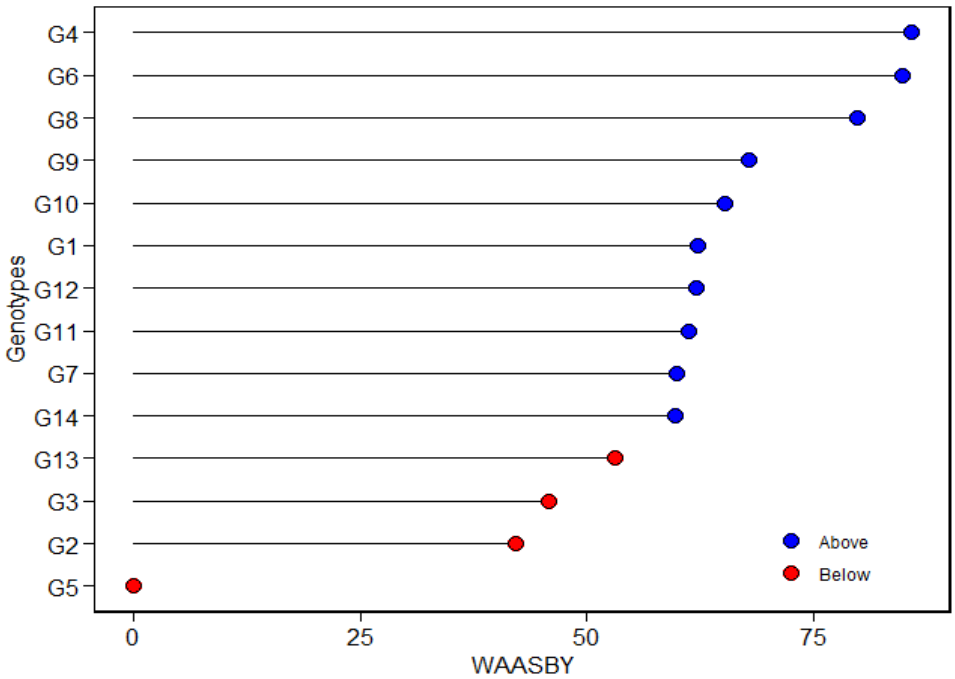
[DOR: 20.1001.1.22286128.1399.12.36.16.3]

[DOI: 10.52547/jcb.12.36.160]

رتبه‌بندی ژنوتیپ با توجه به وزن‌دهی شاخص پایداری و متغیر وابسته (عملکرد دانه)

در شکل ۴، شناسایی ژنوتیپ‌ها با مقادیر WAASBY انجام شده است که نوعی معیار گزینش همزمان مبتنی بر میانگین عملکرد دانه (Y) و شاخص پایداری (WAASB) است و در محاسبه آن وزن‌های متفاوتی به عملکرد دانه و شاخص WAASB داده شده است. در این نمودار از وزن‌دهی برابر ۵۰:۵۰ برای هر دو شاخص عملکرد دانه (Y) و شاخص پایداری (WAASB) استفاده شد که بیانگر یکسان نگریستن به پایداری و عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها و اهمیت یکسان هر دو شاخص در گزینش یک ژنوتیپ است. بر اساس وزن‌دهی ۵۰:۵۰، ژنوتیپ‌های ۴، ۶، ۸، ۹، ۱۰، ۱، ۱۲، ۱۱، ۷ و ۱۴ با داشتن بیشترین مقدار WAASBY ژنوتیپ‌های پایدار و دارای عملکرد دانه بالا بودند. در شکل ۳-ب، این ژنوتیپ‌ها در چارک‌های دوم (۷، با عملکرد بالا، اما ناپایدار)، سوم (۱، ۱۱ و ۱۴، با عملکرد کمتر از میانگین کل، اما پایدار) و چهارم (۴، ۶، ۸، ۹، ۱۰ و ۱۲، پرمحصول و پایدار) جای داشتند. بنابراین به‌نظر می‌رسد که بسته به وزن دو شاخص پایداری و میانگین عملکرد، می‌توان با مقایسه این دو نمودار به یک ارزیابی فراگیر از پایداری ژنوتیپ‌ها دست یافت.

با توجه به پایین بودن نمرات برخی از ژنوتیپ‌ها در دو IPCA اول، گزینش یا حذف این ژنوتیپ‌ها بر پایه آماره‌های مبتنی بر دو مؤلفه اصلی اول ممکن است نتایج اشتباهی را در پی داشته باشد، از این‌رو شاخص WAASB مبتنی بر ماتریس BLUP می‌تواند مفید باشد. بسیاری از پژوهشگران، ارزش پایداری AMMI (ASV) را برای گزینش/توصیه ژنوتیپ‌های پایدار عدس به‌کار برده‌اند (۱۲،۱۱،۱۰،۴)، اما اگر سهم این مؤلفه‌ها در برهمکنش ژنوتیپ در محیط پایین باشد، تفسیر نتایج باید با احتیاط انجام گردد، زیرا تنها بخش ساده GEI را می‌توان در مؤلفه‌های اصلی نخست مشاهده کرد و ممکن است بخش پیچیده GEI در این بای‌پلات‌ها حذف شده باشد (۲۱). در چنین مواقعی، بای‌پلات WAASB×GY (شکل ۳-ب) یا نمودار WAASBY (شکل ۴) برای شناسایی ژنوتیپ‌های پرمحصول و با پایداری گسترده می‌تواند بهتر باشد.

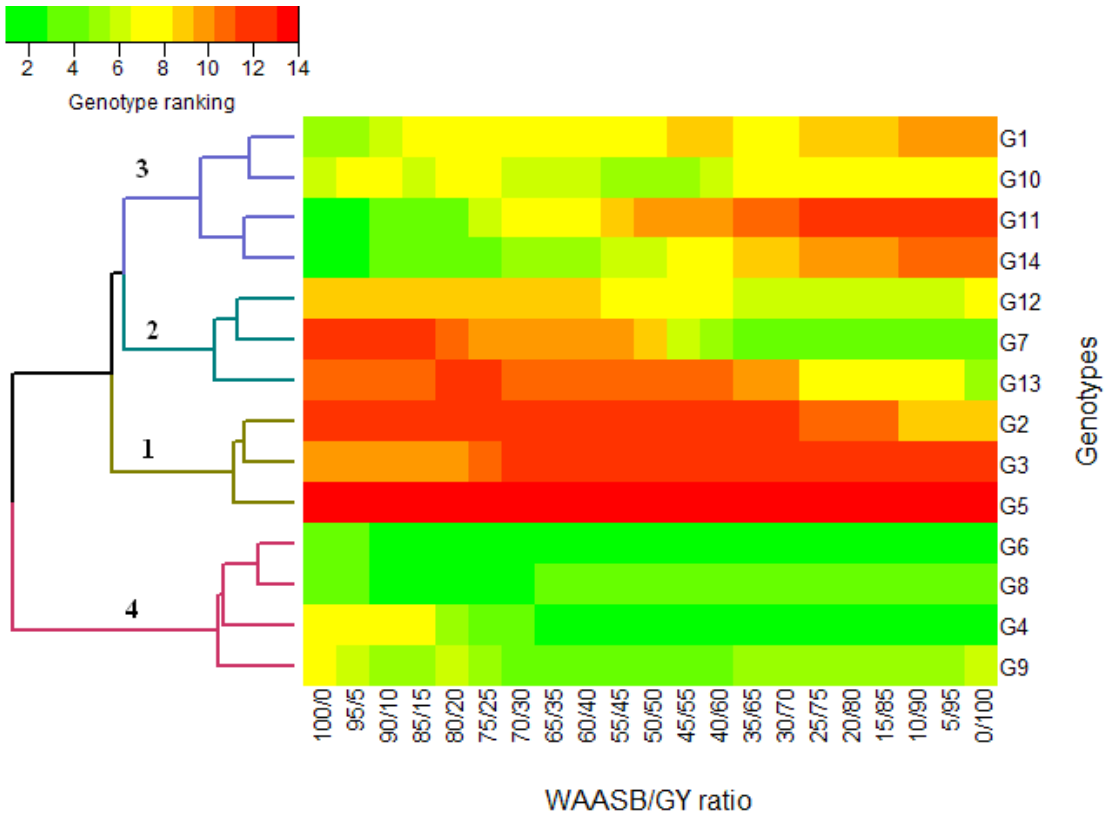


شکل ۴- مقادیر برآورد شده از میانگین وزنی پایداری (WAASB) و میانگین عملکرد (Y) (WAASBY) برای ۱۴ ژنوتیپ عدس با توجه به وزن در نظر گرفته شده ۵۰ و ۵۰ برای عملکرد و پایداری.

Figure 4. Estimated values of weighted average of the stability (WAASB) and mean performance (Y) (WAASBY) for 14 lentil genotypes considering the weights of 50 and 50 for yielding and stability, respectively.

در شکل ۵ به دو شاخص متغیر وابسته (GY) و پایداری (WAASB) وزن‌های متفاوتی داده شده است، به‌طوری‌که در نخستین ستون سمت چپ این نمودار، رتبه‌بندی فقط بر اساس شاخص پایداری WAASB انجام شده است و در محور X آن، وزن ۱۰۰ به شاخص پایداری (WAASB) و صفر به شاخص متغیر وابسته (GY) داده شده است. در این نمودار از چپ به راست، در هر ستون به وزن متغیر پاسخ (عملکرد دانه) ۵درصد افزوده و از وزن شاخص پایداری (WAASB)، ۵درصد کاسته شده است و در آخرین ستون سمت راست، رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها فقط بر اساس عملکرد دانه (با وزن ۱۰۰درصد) انجام شده است. نتیجه رتبه‌بندی ۵۰:۵۰ همچون شکل ۴ است که در آن به شاخص پایداری (WAASB) و شاخص متغیر وابسته (GY) هر دو وزن ۵۰ داده شده بود. در نخستین ستون سمت چپ، ژنوتیپ‌های ۶، ۸، ۱۴، ۱۱ و ۱ پایدارترین هستند و ژنوتیپ‌های ۵، ۲ و ۷ کمترین پایداری را دارند. البته از آنجا که در این رتبه‌بندی

هیچ‌گونه توجهی به عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها نشده است، چنین رتبه‌بندی نمی‌تواند از اعتبار بالایی برخوردار باشد. در آخرین ستون سمت راست هم که رتبه‌بندی فقط بر اساس عملکرد دانه و بدون توجه به پایداری انجام شده است، ژنوتیپ‌های ۴، ۶، ۷، ۱۳، ۸ و ۹ برترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه بودند و ژنوتیپ‌های ۵، ۳ و ۱۱ کمترین عملکرد دانه را داشتند. این نتایج همچون نتایج حاصل از شکل ۲ است. خوشه‌های سمت چپ این نمودار، برای شناسایی گروه‌های ژنوتیپی با نمود مشابه پایداری و عملکرد به‌کار برده می‌شود. خوشه نخست، شامل ژنوتیپ‌های ۲، ۳ و ۵؛ ژنوتیپ‌هایی کم‌محصول و ناپایدار هستند. ژنوتیپ‌های ۱۲، ۷ و ۱۳ در خوشه دوم، ژنوتیپ‌های پرمحصول، اما ناپایدار هستند. در خوشه سوم، ژنوتیپ‌های پایدار، اما کم‌محصول ۱، ۱۰، ۱۱ و ۱۴ جای دارند. در آخرین خوشه، ژنوتیپ‌های ۴، ۶، ۸ و ۹ جای دارند که پرمحصول و پایدار بودند که بر اساس شکل ۴ نیز به‌ترتیب در رتبه‌های اول تا چهارم گزینش همزمان با پایداری و عملکرد دانه (WAASBY) با وزن برابر برای دو شاخص قرار داشتند.



شکل ۵- رتبه‌های ۱۴ ژنوتیپ عدس با در نظر گرفتن وزن‌های مختلف برای پایداری و عملکرد. نخستین رتبه سمت چپ، فقط بر اساس پایداری بدست آمده است. آخرین رتبه سمت راست نیز با در نظر گرفتن عملکرد دانه بدست آمده است. بین این دو انتها، رتبه‌ها از وزن‌های مختلف پایداری و عملکرد بدست آمده است. چهار خوشه، چهار کلاس ژنوتیپی را نشان می‌دهد: (۱) ژنوتیپ‌های ضعیف از نظر عملکرد و ناپایدار؛ (۲) ژنوتیپ‌های پرمحصول اما ناپایدار؛ (۳) ژنوتیپ‌های پایدار اما کم‌محصول؛ و (۴) ژنوتیپ‌های بسیار پرمحصول و پایدار.

Figure 5. Ranks of 14 lentil genotypes considering different weights for stability and yielding. The most-left ranks were obtained considering the stability only. The most right-ranks were obtained considering the seed yield only. Between the extremes, the ranks were obtained different weights for stability and yielding. The four clusters represent four classes of genotypes: (1) Poorly productive and unstable genotypes; (2) productive but unstable genotypes; (3) stable but poorly productive genotypes; and (4), highly productive and stable genotypes.

نتیجه‌گیری کلی

با توجه به نتایج تجزیه واریانس جداگانه در تک‌تک محیط‌ها که گویای اثر معنی‌دار ژنوتیپ در ۹ محیط از ۱۴ محیط مطالعه شده بود، تجزیه پایداری به روش تجزیه مقادیر منفرد (SVD)، بر روی ماتریس بهترین پیش‌بینی‌های ناأریب خطی (BLUPها) برهمکنش‌های ژنوتیپ در محیط (GEI) با یک مدل اثر مختلط خطی (LMM) انجام شد. آزمون نسبت درست‌نمایی (likelihood ratio test, LRT) نشان داد که اثر ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط بر عملکرد دانه معنی‌دار بود. پیش از انجام این تجزیه‌ها با نمودار موزائیکی مشاهده شد که نخستین محور مؤلفه اصلی سهم بالایی از تنوع ژنوتیپی و محور مؤلفه اصلی دوم سهم بالایی از تنوع ژنوتیپ در محیط را داشتند. با توجه به سهم نسبتاً پایین دو مؤلفه اصلی اول در برهمکنش ژنوتیپ در محیط، از شاخص پایداری ژنوتیپی WAASBY برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها بهره گرفته شد که پتانسیل نمایاندن برآوردهای قابل اطمینان از پایداری را دارد و امکان تفسیر همزمان عملکرد و پایداری را در یک نمودار دوبعدی فراهم می‌آورد. بر اساس این شاخص ژنوتیپ‌های ۴، ۶، ۸ و ۹ پرمحصول و پایدار بودند و می‌توانند نامزد معرفی ارقام جدید باشند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-10-12]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1399.12.36.16.3]
[DOI: 10.52547/jcb.12.36.160]

منابع

1. Biçer, B.T., F. Kizilgeci, O. Albayrak, C. Akinci and M. Yildirim. 2018. Stability Parameters in Lentil Genotypes. El-Cezerî Journal of Science and Engineering, 5(2): 287-291.
2. Biçer, T. and D. Şarkar. 2006. Stability Parameters in Lentil. Journal of Central European Agriculture, 7(3): 439-444.
3. De Abreu, H.K.A., G. Ceccon, A.M. Correa, R. Fachinelli, E.L.M. Yamamoto and P.E. Teodoro. 2019. Adaptability and stability of cowpea genotypes via REML/BLUP and GGE Biplot. Bioscience Journal, 35(4): 1071-1082.
4. Dehghani, H., S.H. Sabaghpour and N. Sabaghnia. 2008. Genotype × environment interaction for grain yield of some lentil genotypes and relationship among univariate stability statistics. Spanish Journal of Agricultural Research, 6(3): 385-394.
5. Donoso-Ñanculao, G., M. Paredes, V. Becerra, C. Arrepol and M. Balzarini. 2016. GGE biplot analysis of multi-environment yield trials of rice produced in a temperate climate. Chilean Journal of Agricultural Research, 76(2): 152-157.
6. Dos Santos, P.R., T.R.A. de Oliveira, P. Skeen, M.R. Nascimento, K.D. da Silva Costa, E.R. Araújo, H.S. Pereira and A.F. da Costa. 2019. GGE Biplot and REML/BLUP based-analysis of yield stability and adaptability for common beans in multi-environment trials Revista Brasileira de Ciências Agrarias, 14(2): 1-6.
7. Eberhart, S.A. and W.A. Russel. 1966. Stability parameters for comparing varieties, Crop Science, 6: 36-40.
8. Finlay, K.W. and G.M. Wilkinson. 1963. The analysis of adaptaion in the plant breeding programs Australian Journal of Agricultural Research, 14: 742-745.
9. Gauch, H.G. and R.W. Zobel. 1997. Identifying mega-environments and targeting genotypes. Crop Science, 37(1): 311-326.
10. Karimizadeh, R. and M. Mohammadi. 2010. AMMI adjustment for rainfed lentil yield trials in Iran. Bulgarian Journal of Agricultural Science, 16: 66-73
11. Karimizadeh, R., M. Mohammadi and N. Sabaghnia. 2013a. Site Regression Biplot Analysis for Matching New Improved Lentil Genotypes into Target Environments. Journal of Plant Physiology and Breeding, 3(2): 51-65.
12. Karimizadeh, R., M. Mohammadi, N. Sabaghnia, A.A. Mahmoodi, B. Roustami, F. Seyyedi, F. Akbari. 2013b. GGE Biplot Analysis of Yield Stability in Multi-environment Trials of Lentil Genotypes under Rainfed Condition. Notulae Scientia Biologicae, 5(2): 256-262.
13. Karimizadeh, R., M. Safikhani, M. Mohammadi, F. Seyyedi, A. Mahmoodi and B. Rostami. 2008. Determining rank and stability of lentil in rainfed condition by nonparametric statistics. Journal of Science and Technology in Agriculture and Natural Resources, 43(1): 93-103.
14. Kumar, R., S.K. Sharma, O.P. Luthra and S. Sharma. 2005. Phenotypic stability of lentil genotypes under different environments. Annals of Biology, 21: 155-158.
15. 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.
16. Lin, C.S. and M.R. Binns.1988. Amethod of analysing cultivar x location x year expriments a new stability parameter. Theoretical and Applied Genetics, 76: 425-430.
17. Mohammadi, M., P. Sharifi and R. Karimizadeh. 2016. Stability analysis of seed yield of safflower genotypes (*Carthamus tinctorius* L.). Journal of Crop Breeding, 7(16): 104-114 (In Persian).
18. Nardino, M., D. Baretta, I.R. Carvalho, T. Olivoto, D.N. Follmann, J.S. Vincius, M. Ferrari, A.J. de Pelegrin, V.A. Konflanz and V.Q. de Souza. 2016. Restricted maximum likelihood/best linear unbiased prediction (REML/BLUP) for analyzing the agronomic performance of corn. African Journal of Agricultural Research, 11(48): 4864-4872.
19. Olivoto T .2019. Metan: multi environment trials analysis. R package version 1.1.0. https://github.com/TiagoOlivoto/metan (accessed 24 June 2019).
20. Olivoto, T., A.D.C. Lucio, J.A.G. 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.
21. Olivoto, T., A.D.C. Lucio, J.A.G. 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.
22. Pezeshkpour, P. and S. Afkar. 2019. Assessment of variability of lentil genotypes for agronomic traits using multivariate Analyses. Journal of Crop Breeding, 11(30): 142-151 (In Persian).
23. Sabaghnia, N., H. Dehghani and S.H. Sabaghpour. 2006. Non parametric methods for interpreting genotype × environment interaction of Lentil genotypes. Crop Science, 46: 1100-1106.
24. Sabaghnia, N., H. Dehghani and S.H. Sabaghpour. 2008. Graphic analysis of genotype by environment interaction for lentil yield in Iran. Agronomy Journal, 100: 760-764.
25. Sabaghpour, S.H. 2007. Stability analysis of grain yield for promising lentil lines in autumn planting under dryland conditions. Iranian Journal of Crop Sciences, 8 (4): 312-322 (In Persian).
26. Sarker, A., W. Erskine and M. Singh. 2003. Regression models for lentil seed and straw yields in Near East. Agrical and Forestry Meteorology, 116: 61-72.
27. Smith, A.B., B.R. Cullis and R. Thompson. 2005. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: An overview of current mixed model approaches. Journal of Agriculture Science, 143(1): 449-462.
28. Wright, K. and J.L. Laffont. 2018. Package ‘gge’. https://github.com/kwstat/gge/issues.
29. Yan, W., L.A. Hunt, Q. Sheny and Z. Szlavnics. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. Crop Science, 40: 597-605.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-10-12]

[DOR: 20.1001.1.22286128.1399.12.36.16.3]

[DOI: 10.52547/jcb.12.36.160]

Evaluation the Mean Performance and Stability of Lentil Genotypes by Combining Features of AMMI and BLUP Techniques

Rahmatollah Karimizadeh[1], Payam Pezeshkpour[2], Mohammad Barzali[3], Asghar Mehraban[4] and Peyman Sharifi[5]

1- Assistant Professor, Dryland Agricultural Research Institute, Kohgiloyeh and Boyerahmad Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gachsaran, Iran
2- Assistant Professor, Crop and Horticultural Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Khorramabad, Iran
3- Assistant Professor, Horticulture Crops Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran
4- Assistant Professor, Ardabil Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Moghan, Iran
5- Associate Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Rasht Branch, Islamic Azad University, Rasht, Iran
(Corresponding author: sharifi@iaurasht.ac.ir)
Received: 13 August, 2020 Accepted: 20 September, 2020

Abstract

In this research, 12 selective advanced genotypes of lentil with Kimia and Gachsaran checks were grown for three growing years (2010-2013) in four locations including Gachsaran, Gonbad, Khoramabad and Moghan using randomized complete block design with three replicates in each location. The heatmap plot indicated the variation of seed yield of genotypes in different environments. Mosaic plot showed that the portion of sum squares of genotype (G) and sum squares of genotype by environment interaction (GEI) in total sum of squares (TSS) were 17.53% and 82.47%, respectively. The likelihood ratio test (LRT) indicated that the effect of GEI was significant on seed yield and therefore for evaluation of stability of genotypes, singular value decomposition (SVD) was performed on the matrix of best linear unbiased prediction (BLUPs) of GEI. The screet test showed that the first five principal components had a significant contribution in the GEI matrix derived from BLUP, as the first and second principal components explained only 32.28% and 26.95% of the GEI variation, respectively. The bilot of first principle component (PC1) of the environment versus nominal yield showed that genotypes 8, 4, 3, 14 and 7, due to the lowest scores of the PC1, had a small share in the GEI and were more stable. Biplot of seed yield versus WAASB (weighted average of absolute scores) placed genotypes in four regions, so that the genotypes 4, 6, 8, 9, 10 and 12 in the fourth region were very productive and stabile due to the large value of response variable (high seed yield) and high stability (low values of WAASB). Identification of genotypes with WAASBY (weighted average of the stability (WAASB) and mean performance (Y)) showed genotypes 4, 6, 8 and 9 as high yielding and stable, and therefore can be candidate for cultivar introduction.

Keywords: Heatmap plot, Mosaic plot, Single Value Decomposition (SVD), Simultaneous Selection, Weighted average of absolute scores

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2024-10-12]
[DOR: 20.1001.1.22286128.1399.12.36.16.3]
[DOI: 10.52547/jcb.12.36.160]