



"مقاله پژوهشی"

بررسی سازگاری و پایداری عملکرد دانه ژنتیک‌های سویا (Glycine max L.) از طریق تجزیه امی (AMMI) و GGE با پلات

حمیدرضا بابائی^۱, نسرین رزمی^۲, ابراهیم هزارجریبی^۳ و مجتبی هاشمی جزی^۴

۱- استادیار پژوهش بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، شهر، ایران، (نویسنده مسؤول: ۰۳۰۲۴۱۱hrbabaei@gmail.com)

۲- استادیار پژوهش بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی اردبیل (پارس آباد مغان)، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، پارس آباد مغان، ایران

۳- مریم پژوهش بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی چهار محال و بختیاری، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران

۴- کارشناس مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، شهرکرد ایران

تاریخ پذیرش: ۹۷/۷/۲۸

صفحه: ۲۳۸ تا ۲۵۰

چکیده

گزینش ژنتیک‌های مطلوب با عملکرد و پایداری بالا هدف نهایی اغلب برنامه‌های اصلاحی سویا است. این تحقیق با هدف بررسی سازگاری و پایداری عملکرد دانه ۱۹ لاین خالص سویا همراه با رقم شاهد ویلیامز (۲۰ ژنتیک) طی دو سال زراعی (۱۳۹۳-۱۳۹۴) در چهار منطقه کرج، گرگان، مغان و شهرکرد انجام گردید. در کلیه مناطق آزمایشی از طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار استفاده گردید. جهت تعیین سازگاری و پایداری عملکرد از دو روش تجزیه امی (AMMI) و GGE با پلات استفاده شد. تجزیه واریانس مرکب بیانگر اثرات معنی دار محیط، ژنتیک، اثر متقابل ژنتیک × محیط و مولفه‌های IPCA1 و IPCA2 (تجزیه امی) در سطح ۱٪ بود. واریانس اثر متقابل ژنتیک × محیط ۴۲٪ از واریانس کل و دو مولفه IPCA1 و IPCA2 در مجموع ۸۱٪ از واریانس اثر متقابل را به خود اختصاص دادند. براساس معیارهای امی (IPCA1 و IPCA2 و ASV) ژنتیک G17 (Williams x Steel/L3) با عملکرد ۲۴۴۹ کیلوگرم در هکتار به عنوان پایدارترین ژنتیک تعیین گردید در حالیکه بر اساس معیار بای‌پلات ژنتیک‌های G18 (Williams x Steel/L4) و G20 (Williams x Steel/L4) (شاهد/G20) به ترتیب با عملکرد ۲۸۶۵ و ۲۹۲۷ کیلوگرم در هکتار به عنوان مطلوب‌ترین ژنتیک‌ها شناخته شدند. همچنین براساس هر دو روش بای‌پلات و امی محیط‌های E7 و E8 (شهرکرد سال اول و دوم) به عنوان مطلوب‌ترین محیط‌ها انتخاب شدند و دو ژنتیک G18 و G20 در دو محیط E8 و E9 و E10 در چهار ژنتیک برتر بودند. در تجزیه بای‌پلات دو محیط کلان شناسایی شد که اولین محیط کلان شامل محیط‌های E3 (گرگان سال اول)، E5 (مغان سال اول) و E6 (مغان سال دوم) و دومین محیط کلان شامل محیط‌های E1 (کرج سال اول) و E2 (کرج سال دوم) و E4 (گرگان سال دوم) بود.

واژه‌های کلیدی: اثر متقابل ژنتیک × محیط، ژنتیک ایده‌آل، محیط مطلوب، محیط کلان

داشته باشد (۱۶). روش‌های آماری بسیاری نظریه تجزیه واریانس و رگرسیون و روش‌های ناپارامتری برای برآورد اثرهای اصلی ژنتیک، محیط، اثر متقابل ژنتیک × محیط و تعیین سازگاری ارقام توسط پتس و کوکران (۳۶)، فینی و ویلکینسون (۱۲) و ابرهارت و راسل (۱۱) معروفی و مورد استفاده قرار گرفته است. در بسیاری از این روش‌ها برخی از فرضیات اساسی تجزیه پایداری صادق نیست که از این بین می‌توان به واکنش غیرخطی ژنتیک × محیط و ایستگی متغیر مستقل یا شاخص محیطی به متغیرتابع (میانگین ژنتیک‌ها) اشاره نمود (۵). با استفاده از روش‌های چندمتغیره از جمله مولفه‌های اصلی و روش AMMI می‌توان اثر متقابل ژنتیک × محیط را تجزیه و مقادیر اجزاء آن را برآورد نمود (۲۵). سیلویرا و همکاران (۲۵) در بررسی سازگاری و پایداری فنوتیپی ۱۰ ژنتیک سویا در ۱۲ محیط در ایالت پرانا برزیل با استفاده از روش امی گزارش نمودند که اثرات غیرافزایشی ۶۶٪ از واریانس کل را تشکیل داده که از این میزان ۴۳٪ مربوطه به مولفه اول (IPCA1) و ۲۳٪ مربوط

مقدمه

سویا (Glycine max) به عنوان یکی از گیاهان روغنی مهم با دامنه وسیع سازگاری در مناطق مختلف جهان از جمله ایران مورد کشت و کار قرار می‌گیرد. در اغلب مزارعی که در ایران به زیر کشت سویا می‌روند از ارقام تجاری استفاده می‌شود که محصول برنامه‌های بهمنزادی داخل کشور است. در این برنامه‌ها پس از اینکه تعداد زیادی ژنتیک مطلوب بر اساس عملکرد و خصوصیات مهم زراعی طی نسل‌های در حال تفرق خالص سازی و مورد گزینش قرار گرفتند لاین‌های امیدبخش در قالب یک آزمایش مقدماتی از نظر عملکرد و دوره رشد ارزیابی و برترین لاین‌ها انتخاب می‌شوند. در مرحله بعد لاین‌های انتخابی جهت تعیین سازگاری در چند منطقه و چند سال مورد ارزیابی قرار می‌گیرند تا بهترین لاین خالص از نظر عملکرد و پایداری بالا به عنوان رقم جدید زراعی جهت کشت در مناطق هدف معرفی شود. وجود اثر متقابل ژنتیک × محیط برای صفات کمی نظیر عملکرد دانه باعث می‌شود که ژنتیک‌ها نتوانند در محیط‌های مختلف عملکرد یکسانی

از طرف دیگر طول بردار برآورده از انحراف معیار درون هر محیط و شاخصی برای قابلیت تمایز^۲ محیطها است. بهطوری که بردارهای بلندتر دارای انحراف معیار بیشتر و در نتیجه قابلیت تمایز بیشتری هستند (۳۳). بر اساس دو معیار فوق محیط ایدهآل محیطی است فرضی که دارای حداکثر قابلیت تمایز و نمایندگی باشد و از نظر مکانی در مرکز دوایر هم مرکز با پلاس قرار دارد. میزان مطلوبیت محیطها به وسیله فاصله آنها از محیط ایدهآل سنجیده می‌شود. در آزمایشات تعیین سازگاری و پایداری ارقام که در چندین سال و مکان اجرا می‌شود در روش با پلاس با تعیین همبستگی بین محیطها می‌توان اقدام به حذف محیط‌های مشابه نمود و هزینه اجرای آزمایشات را از این طریق کاهش داد. در همین زمینه یان و رچکان (۳۲) با بررسی سازگاری ژنتیک‌های سویا طی چند سال در چهار منطقه در کشور کانادا گزارش نموده‌اند که یکی از مناطق همبستگی بالایی با سایر مناطق داشته و لذا این منطقه را از آزمایشات سازگاری حذف نمودند. ویژگی مهم دیگر در با پلاس همبستگی بین محیط‌ها، طول بردار محیطی است که تقریبی از انحراف معیار درون هر محیط و نیز شاخصی برای "قابلیت تمایز" محیط‌ها محسوب می‌شود. بهطوری که بردارهای بلندتر دارای انحراف معیار بیشتر و در نتیجه دارای قابلیت تمایز بیشتری هستند. محیط‌های با قابلیت تمایز بالا توانایی بیشتری در تفکیک و شناسایی ژنتیک‌های مهم "میزان بیانگری"^۳ یا نمایندگی محیط آزمایشی از منطقه هدف است. در روش با پلاس زاویه بین بردار محیطی و محور مختصات محیط متوسط (AEC) معیاری از میزان بیانگری بیشتر بود و محیط مورد نظر کوچکتر باشد میزان بیانگری بیشتر بود و برعکس. بنابراین نماینده بهتری از منطقه هدف خواهد بود و محیط مورد نظر میانه ایدهآل محیطی است (فرضی) که دارای حداکثر قابلیت تمایز و نمایندگی بوده و از نظر مکانی در مرکز دوایر هم مرکز با پلاس قرار دارد. میزان مطلوبیت محیط‌ها به وسیله فاصله آنها از محیط ایدهآل سنجیده می‌شود. آتف و همکاران (۴) در پژوهشی بهمنظور ارزیابی کمی و کیفی اثرات متقابل ژنتیک × محیط روی عملکرد دانه ۳۲ ژنتیک سویا طی دو سال متواتی (۲۰۰۷ - ۲۰۰۸) در چهار مکان گزارش نمودند که سهم واریانس محیطی ۲۵/۶٪ / واریانس ژنتیکی ۱۴/۹٪ و واریانس اثر متقابل ژنتیک × محیط ۵۵/۶٪ از واریانس کل بوده است. در این بررسی اثر متقابل معنی دار ژنتیک × محیط از نوع متقاطع بود و دو مولفه اول (PC1) و دوم (PC2) به ترتیب ۴۱/۶٪ و ۲۱/۸٪ از میانگین مربعات GGE را به خود اختصاص دادند. همچنین ژنتیک‌های TGX-1889-29F، TGX-1998-29F، TGX-849-313D و TGX-1889 با توجه به عملکرد و پایداری به عنوان ژنتیک‌های برتر مشخص شدند. بی‌هارتیا و همکاران (۶) در بررسی سازگاری ۳۶ ژنتیک سویا در سه مکان با عرض‌های جغرافیایی مختلف توسط تجزیه AMMI و روش نموداری GGE با پلاس اثرات محیط، ژنتیک و ژنتیک × محیط را معنی دار و سهم هر یک از اثرات را به ترتیب ۹/۸٪، ۲۹٪ و ۴۷/۶٪ از

به مولفه دوم (IPCA2) امی بوده است. در این بررسی ژنتیک‌های SYN1059 و SYN1163 از VMAX عملکرد و سازگاری عمومی بالایی برخوردار بودند. چاده‌های و وه (۸) در بررسی سازگاری ۱۵ ژنتیک سویا در شش مکان از نواحی شرقی ایالت داکوتای جنوبی از طریق تجزیه امی (AMMI) گزارش نموده است که اثرات ژنتیک و اثر متقابل ژنتیک × محیط برای سه صفت عملکرد دانه، روغن و پروتئین معنی دار بوده و ژنتیک‌ها رتبه‌های متفاوتی به لحاظ صفات مورد مطالعه در شش مکان داشتند. بر اساس نتایج حاصله ژنتیک‌های H19Y12 و Hefty H12Y12 عملکرد دانه، ژنتیک‌های SD 2172، Hefty H12Y12 از نظر Hefty 1726NR2 و Northstar 1325R2 محظوظ پروتئین دانه و ژنتیک‌های H12Y12 Nutech 6145 به لحاظ محتوى روغن دانه از سازگاری عمومی بالایی در مناطق مورد بررسی برخوردار بودند. به اعتقاد بسیاری از بهتردادگران گزینش ژنتیک‌ها بر اساس عملکرد ژنتیک (G) یا اثر متقابل ژنتیک × محیط (GE) به تنها یکی کافی نبوده و بهتر است بررسی این دو اثر به صورت توانا صورت پذیرد (۱ و ۱۷). گاج و زوبل (۱۵) گزارش نموده‌اند که در گزینش ژنتیک‌های پایدار توجه به هر دو اثر "ژنتیک" و "ژنتیک × محیط" حائز اهمیت بوده و هر چند در برخی روش‌ها مانند روش AMMI این دو اثر به صورت مجزا مورد بررسی قرار می‌گیرند ولی بهتر است مجموع دو اثر در گزینش ژنتیک‌ها مورد استفاده قرار گیرند. در روش GGE با پلاس اثر اصلی ژنتیک (G) و اثر متقابل ژنتیک در محیط (GE) از هم تفکیک نشده و این امکان فراهم می‌شود که این دو اثر همزمان و به شکل نموداری مورد بررسی قرار گیرند (۳۳). یان و همکاران (۳۴) معتقدند که روش GGE با پلاس از حیث تجزیه اثر "ژنتیک × محیط" از روش AMMI موفق‌تر و کارآمدتر بوده و اطلاعات مفیدی در خصوص ژنتیک‌ها و محیط‌های تحت بررسی در اختیار بهزادگر قرار می‌دهد. اثر محیط در اکثر موارد بسیار بزرگ بوده اما قابل بهره‌برداری نیست لذا حذف اثر محیط از داده‌ها و تمرکز بر اثر ژنتیک (G) و اثر متقابل ژنتیک × محیط (GE) مفید خواهد بود. یکی از معیارهای مهم در روش با پلاس مفهوم ژنتیک ایدهآل است. ژنتیک ایدهآل ژنتیکی فرضی است که دارای بیشترین عملکرد و پایداری بوده و از نظر مکانی در مرکز دوایر همکاران مطلوبیت ژنتیک‌ها به فاصله آنها از ژنتیک ایدهآل بستگی دارد. هر چقدر فاصله یک ژنتیک از ژنتیک ایدهآل کمتر باشد، مطلوبیت آن بیشتر و هرچقدر این فاصله بیشتر باشد مطلوبیت آن کمتر خواهد بود. ویژگی مهم دیگر در روش با پلاس تعیین همبستگی بین محیط‌ها است. کسینوس زاویه بین بردارهای محیطی تقریبی از همبستگی بین محیط‌ها است. زمانی که زاویه بین دو بردار محیطی ۹۰ درجه باشد همبستگی آنها صفر و اگر صفر درجه باشد همبستگی بین محیط‌ها +۱ و اگر ۱۸۰ درجه باشد همبستگی -۱ خواهد بود. همچنین زاویه هر بردار محیطی با محور مختصات محیط متوسط، معیاری برای تعیین میزان بیانگری^۴ آن محیط است.

منطقه انجام گردید و سپس نقشه آزمایش براساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی ۲۰ تیماری با ۴ تکرار پیاده شد به‌گونه‌ای که هر بلوک شامل ۲۰ کرت و هر کرت شامل ۴ ردیف ۴ متری با فواصل بین ردیف ۶۰ سانتی‌متر بود. پس از پیاده نمودن نقشه آزمایش اقدام به کشت بذور مورد نظر در کرت‌های مربوطه گردید. عملیات داشت و مراقبت‌های زراعی لازم شامل تنک‌کردن بر اساس فاصله بین بوتهای ۵ تا ۸ سانتی‌متر، و جین علف‌های هرز، اضافه نمودن کود سرک به خاک به‌میزان ۵۰ کیلوگرم در هکتار قبل از گلدهی، مبارزه با آفت تریپس (در صورت لزوم) و آبیاری در طول دوره رشد گیاه انجام شد. پس از رسیدن محصول جهت برآورد عملکرد دانه نیم‌متر از ابتدا و انتهای هر کرت به‌اضافه دو ردیف حاشیه‌ای حذف و بقیه کرت معادل $(\frac{1}{2} \times 3)$ متر مربع برداشت و پس از توزیع به عنوان عملکرد هر کرت ثبت گردید. پس از جمع‌آوری داده‌های آزمایشی، تجزیه واریانس ساده و مرکب بر روی عملکرد دانه توسط نرم‌افزار آماری MSTATC انجام و جهت تعیین سازگاری و پایداری عملکرد دانه لاین‌های مورد بررسی از روش‌های تجزیه AMMI و GGE با پلات توسط نرم‌افزار Genstat 12 (۲۱) استفاده شد.

واریانس کل گزارش کرد. نمودار دوبعدی GGBP این مطالعه به خوبی نحوه ارتباط محیط‌ها با یکدیگر و با ژنتیپ‌ها را نشان داد و ژنتیپ PS1539 بهترین ژنتیپ به لحاظ عملکرد بالا و حداقل اثر مقابل بود.

در بررسی حاضر ۱۹ لاین خالص سویا که حاصل برنامه‌های مختلف بهترادی مختلف در دهه ۸۰ بود پس از ارزیابی مقدماتی عملکرد دانه به عنوان لاین‌های خالص امیدبخش انتخاب شدند که به همراه رقم ویلیامز (شاهد) جهت تعیین سازگاری و پایداری عملکرد و انتخاب بهترین ژنتیپ به عنوان رقم جدید در این پژوهش طی دو سال زراعی ۱۳۹۳–۱۳۹۴ در مناطق کرج، مغان، شهرکرد و گرگان مورد بررسی قرار گرفتند.

مواد و روش‌ها

این تحقیق با هدف بررسی سازگاری و پایداری عملکرد دانه ۱۹ لاین خالص سویا به همراه رقم شاهد ویلیامز در چهار منطقه کرج، گرگان، مغان و شهرکرد (جدول ۱) طی دو سال زراعی (۱۳۹۳–۱۳۹۴) اجرا شد. به همین منظور عملیات زراعی در کشت بهاره در اوایل خرداد شامل شخم، دیسک، اولر و کودهای به میزان ۵۰ کیلوگرم اوره ۱۵۰ کیلوگرم فسفات آمونیوم و ۱۰۰ کیلوگرم سولفات پتاسیم در هر

جدول ۱- آماره‌های اقلیمی مناطق آزمایشی

Table 1. Climate parameters of the experimental locations

آماره	امانه	مغان	کرج	گرگان	شهرکرد
ارتفاع (متر)					
عرض جغرافیایی					
طول جغرافیایی					
میانگین بارندگی سالیانه (میلی‌متر)					
میانگین حداقل دما					
میانگین حداقل دما					

مولفه PC1 و PC2 روش با پلات به ترتیب ۸۸٪ و ۷۵٪ گزارش شده است. معنی دار بودن اثر ضرب‌پذیر ژنتیپ × محیط (سال × مکان) نشان داد که انجام تجزیه پایداری با تفکیک اجزاء واریانس اثر مقابل می‌تواند به تشخیص ژنتیپ‌های پایدار کمک نماید. لذا در این بررسی جهت شناسایی ژنتیپ‌های پایدار و محیط‌های مطلوب از تجزیه AMMI (AMMI) و GGE با پلات استفاده گردید. سامونته و همکاران (۲۲) در مقاله خود در خصوص بررسی پایداری ارقام برجسته از دو روش امی (AMMI) و با پلات اشاره می‌کند که تجزیه واریانس یک مدل افزایشی است که به خوبی اثرات اصلی ژنتیپ و محیط را تفکیک و مشخص می‌کند که اثر مقابل معنی دار است یا نه، اما تصویری روشن از اجزاء تشکیل‌دهنده اثر مقابل ارائه نمی‌دهد، در حالیکه روش‌های امی و با پلات اجزاء ضرب‌پذیر اثر مقابل را تفکیک و سهم هر یک از اجزاء را به شکل کمی بیان می‌کنند. میانگین عملکرد دانه هر ژنتیپ در هر محیط و در کل محیط‌ها، میانگین عملکرد دانه در هر محیط و در کل مجموعه‌های IPCA1 و IPCA2 به ترتیب ۷۱٪ و ۷۶٪ و در مجموع ۸۳٪ از واریانس اثر مقابل را به خود اختصاص دادند (جدول ۴). بی‌هارتیا و همکاران (۶) گزارش کردند که جفت مولفه‌های IPCA1 و IPCA2 به ترتیب ۴۵٪ و ۳۸٪ را درصد از واریانس مجموع اثرات ژنتیپ و ژنتیپ × محیط را توجیه کردند. در بررسی‌های دادرس و همکاران (۱۰)، روشندل و همکاران (۲۳) و سیلوپیرا و همکاران (۲۵) مجموع واریانس دو

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس ساده یکسانه بیانگر تفاوت بین ژنتیپ‌های مورد بررسی از نظر عملکرد دانه در مناطق و سال‌های آزمایشی بجزء آزمایش سال اول گرگان (۱۳۹۳) و سال دوم مغان (۱۳۹۴) در سطح معنی دار ۱٪ بود (جدول ۲). تجزیه واریانس مرکب دو ساله هر منطقه نشان داد که اثرات سال و ژنتیپ در کلیه مناطق کرج، گرگان، مغان و شهرکرد در سطح ۱٪ معنی دار و اثر مقابل ژنتیپ × سال بجز آزمایش مغان در سایر مناطق در سطح ۱٪ معنی دار است (جدول ۳). تجزیه واریانس مرکب چهار منطقه طی دو سال نیز نشان داد که کلیه متابع تغییر شامل محیط، ژنتیپ، اثر مقابل ژنتیپ × محیط، مولفه‌های IPCA1 و IPCA2 (تجزیه امی) در سطح ۱٪ معنی دار می‌باشند (جدول ۴). واریانس اثر مقابل ژنتیپ × محیط ۴٪ از واریانس کل و مولفه‌های IPCA1 و IPCA2 به ترتیب ۷۱٪ و ۷۶٪ و در مجموع ۸۳٪ از واریانس اثر مقابل را به خود اختصاص دادند (جدول ۴). بی‌هارتیا و همکاران (۶) گزارش کردند که جفت مولفه‌های PC1 و PC2 به ترتیب ۴۵٪ و ۳۸٪ را درصد از واریانس مجموع اثرات ژنتیپ و ژنتیپ × محیط را توجیه کردند. در بررسی‌های دادرس و همکاران (۱۰)، روشندل و همکاران (۲۳) و سیلوپیرا و همکاران (۲۵) مجموع واریانس دو

G12 در محیط E2، ژنوتیپ G15 در محیط E8، ژنوتیپ G18 در محیط E7، ژنوتیپ G9 در محیط E6 و ژنوتیپ G10 در محیط E5 به عنوان بهترین ژنوتیپ‌ها محسوب می‌شوند. نتایج نمودار ۱ گرچه قابل انتظار با عملکرد ژنوتیپ‌ها در جدول ۶ می‌باشد، اما نتایج کاملاً یکسان نبودند. دلیل این امر این است که نمودار چندضلعی بر اساس دو مولفه PC1 و PC2 ترسیم شده است که هر مولفه بر مبنای مقادیر عملکرد ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط (GE+G) به دست آمدۀ‌اند و واضح است که با مقادیر خام عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف متفاوت خواهد بود. سلطان محمدی (۲۶) و بی‌هارتیا (۶) در بررسی‌های جداگانه‌ای پراکندگی ژنوتیپ‌های سویا در نمودار بای‌پلات را در قالب یک هفت ضلعی، ادوگبو (۱۳) در قالب یک چهار ضلعی و روشندل (۲۳) در قالب یک شش ضلعی گزارش کردند. برخی ژنوتیپ‌ها گرچه در رؤوس چندضلعی قرار نگرفته‌اند ولی چون در مجاورت یکی از اصلاح‌یاب رؤوس چندضلعی قرار گرفته‌اند از عملکرد بالایی در یکی از محیط‌های بخش مربوطه برخوردارند از این جمله می‌توان به ژنوتیپ‌های G20، G13 و G8 اشاره نمود که بهترتب در محیط‌های E8 و E6 و E3 اعمکرد بالایی داشتند. ژنوتیپ‌های G7 و G4 که در رؤوس دیگر چندضلعی واقع شده‌اند از آنجا که هیچ محیطی در بخش‌های مربوطه قرار نگرفته‌اند بنابراین در هیچ‌یک از محیط‌ها عملکرد بالایی نداشتند (شکل ۱) و بالاخره ژنوتیپ‌های G19، G17، G11، G3، G2 و G16 که در داخل چندضلعی واقع شده‌اند با داشتن عملکرد متوسط در اغلب محیط‌ها واکنش تقریباً یکسانی به کلیه محیط‌ها نشان دادند و از این حیث در زمرة ارقام واکنش‌ناپذیر به محیط یا پایدار به حساب می‌آیند (شکل ۱).

نمودار بای‌پلات شکل ۲ امکان بررسی همزمان عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌ها را فراهم می‌سازد. در این نمودار محور افقی فاش‌دار که از میانگین محیطی (دایره کوچک) و مبداء مختصات می‌گذرد محور مختصات محیط متوسط (AEC) نامیده می‌شود و تصویر ژنوتیپ‌ها روی این محور تقریبی از عملکرد ژنوتیپ (G) است. از طرف دیگر محور عمودی بیانگر اثر متقابل ژنوتیپ × محیط (GEI) بوده و پایداری رقم را نشان می‌دهد. بنابراین هر اندازه تصویر ژنوتیپ روی این محور طوبیل تر باشد ناپایداری آن بیشتر و هر اندازه کوتاه‌تر باشد پایداری آن بیشتر خواهد بود. یان (۳۶) در بررسی ۳۳ ژنوتیپ گندم زمستانه در هشت محیط گزارش کرد که تصویر ژنوتیپ‌ها روی محور مختصات محیط متوسط (AEC) برآورد مطلوبی از عملکرد ژنوتیپ‌ها را به دست می‌دهد. وی همبستگی بین عملکرد واقعی و برآورد آن از طریق بای‌پلات را ۰/۹۸ اعلام نموده است. بیشترین عملکرد دانه بهترتب مربوط به ژنوتیپ‌های G20، G18 و G15 بود که در بین این سه ژنوتیپ، G18 و G20 با داشتن طول تصویر کوتاه‌تر از پایداری بیشتری برخوردار بودند و G15 در رتبه بعدی قرار گرفت (شکل ۲).

ژنوتیپ‌های G2، G17 و G19 پایداری خوبی از خود نشان دادند اما عملکردی در حد میانگین کل داشتند. لازم

G19 بهترتب با داشتن کمترین مقادیر ۱/۶، ۰/۵، IPCA1 و ۳/۸ پایدارترین ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های G9، G8 و G7 با داشتن بالاترین مقادیر (مطلق) ۲۸/۴، ۲۹/۸، IPCA1 و ۲۶/۷ ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند (جدول ۶). بر اساس شاخص IPCA2 ژنوتیپ‌های G11، G2 و G17 بهترتب با کمترین مقادیر IPCA2: ۰/۵، ۱/۳ و ۱/۷ به عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. همچنین بر اساس ارزش پایداری امی (ASV) ژنوتیپ‌های G19 و G2 بهترتب با داشتن کمترین مقادیر ASV: ۵، ۱۱/۴ و ۱۱/۸ ژنوتیپ‌های G9، G8 و G7 با داشتن بیشترین مقادیر ASV ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. از آنجا که عملکرد ۲۶۱۵ سه ژنوتیپ G17، G19 و G2 بازتر از میانگین کل (۲۴۱۰) کیلوگرم در هکتار (بیشتر از سازگاری عمومی معرفی نمود (جدول ۶). در پرمحصول و با سازگاری عمومی AMMI برای توجیه اغلب بررسی‌های سازگاری که از روش ASV و تفسیر اثرات متقابل ضرب‌پذیر استفاده شده است دو مولفه معنی‌دار اول و دوم به طور متوسط ۶۱-۸۸ درصد از مجموع مربیات اثر متقابل را توجیه می‌نمایند (۱۸، ۲۸، ۳۱). یکی از کابردی‌های مهم روش امی (AMMI) تعیین سازگاری خصوصی ژنوتیپ‌های مورد بررسی است. در بین محیط‌های آزمایشی E8 (شهرکرد سال دوم) با متوسط عملکرد ۲۸۲۲ کیلوگرم در هکتار و بالاترین مقدار (۶۴/۸) IPCA1 سهم عمده‌ای از واریانس اثر متقابل را به خود اختصاص داد و از نظر توانائی تفکیک ژنوتیپ‌ها و تشخیص ژنوتیپ برتر مطلوب‌ترین محیط بود و G12، G18، G20 و G15 چهار ژنوتیپ برتر این محیط بودند (جدول ۵). پس از آن محیط E7 با متوسط عملکرد ۲۷۷۲ کیلوگرم در هکتار و مقدار IPCA1 (۲۸/۴۷) از نظر توان تشخیص ژنوتیپ‌های برتر در جایگاه دوم قرار گرفت و بهترتب ۲۷۷۲، G18، E15، G20، G13 و چهار ژنوتیپ برتر این محیط بودند (جدول ۵). همچنین محیط E2 (کرج سال دوم) با کمترین مقدار (۳/۲۷) IPCA1 که سهم ناچیزی از واریانس اثر متقابل را به خود اختصاص می‌داد به عنوان پایدارترین و به عبارتی ضعیفترین محیط از حیث تشخیص ژنوتیپ‌های برتر بود (جدول ۵). شکل ۱ نمای چند ضلعی پراکندگی ژنوتیپ‌ها را بر اساس دو محور مختصات محیطی و عملکردی نشان می‌دهد. در این چند ضلعی ۹ ژنوتیپ، G1، G12، G14، G18، G20، G4، G15، G1، G14، G12، G18، G7 در رؤوس چندضلعی قرار گرفته‌اند که بیشترین فاصله را از مرکز چندضلعی دارند و دارای بلندترین بردارها در بین ژنوتیپ‌های موردنمود بررسی می‌باشند و از این حیث در ژنوتیپ‌های واکنش‌ناپذیر به محیط قرار می‌گیرند (شکل ۱). در این نمودار بر هر ضلع چند ضلعی یک خط عمود کشیده شده که آنرا به ۹ بخش تقسیم می‌کند و هر بخش با نام ژنوتیپ راس مربوطه مشخص می‌شود. بر این اساس ژنوتیپ G1 واقع در راس بخش G1 بهترین ژنوتیپ در محیط E4، ژنوتیپ می‌باشد. به همین ترتیب ژنوتیپ G14 در محیط E1، ژنوتیپ

آماره پایداری عملکرد کنگ (Ysi) دارد (۱۷). در بررسی‌های مختلف سازگاری که در محیط‌های چندگانه بر روی عملکرد ژنوتیپ‌های سویا انجام شده است ژنوتیپ‌های پایدار و نایپایدار متفاوتی گزارش شده است (۲۲ و ۲۷). با مراجعه به نمودار ۱ می‌توان دو محیط کلان را مشاهده نمود که اولین محیط کلان شامل محیط‌های E3 (گرگان سال اول)، E5 (مغان سال اول) و E6 (مغان سال دوم) و دومین محیط کلان شامل محیط‌های E1 (کرج سال اول) و E2 (کرج سال دوم) و E4 (گرگان سال دوم) بودند (شکل ۱). به طور کلی دو معیار برای تشکیل محیط‌های کلان پیشنهاد شده است. اول اینکه در محیط‌های مختلف آزمایشی ارقام برتر متفاوتی شناسایی شود و دوم اینکه تنوع بین گروهی باید به طور معنی‌داری بیش از تنوع درون‌گروهی باشد. در واقع این دو شرط معیارهای عمومی برای خوشبندی محیط‌ها خواهند بود (۱۵). در روش نموداری GGE با پلاس محیط‌های کلان باید شامل گروه‌هایی از محیط آزمون باشند که در یک با پلاس از هم جدا شده‌اند. این دو معیار چنانکه در شکل ۱ مشهود است در بررسی حاضر تحقق پیدا کرد.

شکل ۴ نمودار با پلاس همبستگی محیطی را نشان می‌دهد. زاویه بین بردارهای محیطی تقریبی از همبستگی بین محیط‌ها است و طول بردار برآورده از انحراف معیار درون هر محیط و شاخصی برای قابلیت تمایز محیط‌ها است. از طرف دیگر زاویه هر بردار محیطی با محور مختصات محیط متوسط، معیاری برای تعیین میزان بیانگری آن محیط است. بر اساس نمودار شکل ۴ محیط‌های E1 (کرج سال اول)، E2 (کرج سال دوم) و E8 (شهرکرد سال دوم) با یکدیگر و سه محیط E3 (گرگان سال اول)، E5 (مغان سال اول)، E6 (مغان سال دوم) با یکدیگر همبستگی مثبت و بالایی داشتند. همچنین دو محیط E7 (شهرکرد سال اول)، E8 (شهرکرد سال دوم) با یکدیگر از همبستگی مثبت برخوردار بودند. همانطور که در نمودار محیط‌های کلان شکل ۱ نیز مشاهده گردید دو محیط E1 و E2 (کرج سال اول و دوم) در یک محیط کلان و دو محیط E5 و E6 (مغان سال اول و دوم) در محیط کلان دیگر قرار گرفته بودند. شباهت نتایج سال اول و دوم این دو منطقه می‌تواند به دلیل عدم نوسان عوامل اقلیمی نظیر میانگین، حداقل و حداقل دما و نیز تشابه تشنهای رطوبتی وغیره هم باشد. در چنین شرایطی می‌توان به انجام آزمایش یکساله اکتفا نموده و هزینه اجرای آزمایش را کاهش داد. یان و رچکان (۳۲) در بررسی سازگاری ژنوتیپ‌های سویا اظهار نموده‌اند در آزمایشاتی که نتایج عملکردی ژنوتیپ‌ها در برخی محیط‌ها طی دو سال مشابه باشد می‌توان اطلاعات عملکردی را با استفاده از محیط‌های آزمون کمتر به دست آورد و با کاهش هزینه اجرای آزمایش کارایی اصلاحی افزایش داد. در این تحقیق همبستگی محیط (گرگان سال دوم) با E1 (کرج سال اول) و E2 (کرج سال دوم) مثبت اما کوچک بود. همچنین همبستگی E4 (گرگان سال دوم) با E8 (شهرکرد سال دوم) و همبستگی محیط E7 (شهرکرد سال اول) با سه محیط E3 (گرگان سال اول)، E5 (مغان سال اول) و E6 (مغان سال دوم) در حد صفر (زاویه ۹۰ درجه) بود و

به ذکر است که این ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص ارزش پایداری امی (ASV) نیز دارای بالاترین پایداری بودند (جدول ۴). ژنوتیپ‌های G9، G10، G14 و G1 با عملکردی در حد میانگین یا کمتر جزء نایپایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند و در نهایت ژنوتیپ‌های G5، G6 و G5 با وجود پایداری بالا از عملکرد پایینی برخوردار بودند (شکل ۲).

شکل ۳ نمودار با پلاس ژنوتیپ ایده‌آل را نشان می‌دهد. ژنوتیپ ایده‌آل ژنوتیپی است فرضی که دارای بیشترین عملکرد و پایداری بوده و از نظر مکانی در مرکز دوایر هم مرکز قرار می‌گیرد. میزان مطلوبیت ژنوتیپ‌ها به فاصله آنها از ژنوتیپ ایده‌آل بستگی دارد. هر چقدر فاصله یک ژنوتیپ از ژنوتیپ ایده‌آل کمتر باشد مطلوبیت آن بیشتر و هر چقدر این فاصله بیشتر باشد مطلوبیت آن کمتر خواهد بود. مقایسه ژنوتیپ‌های مورد بررسی با ژنوتیپ ایده‌آل نشان داد که ژنوتیپ G18 با عملکرد ۲۸۶۵ کیلوگرم در هکتار و پس از آن G20 با عملکرد ۲۹۳۷ کیلوگرم در هکتار در کوتاه‌ترین فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل قرار گرفته و بنابراین دارای بیشترین مطلوبیت بودند. کنگ (۱۷) و یان (۲۹) در خصوص ارزش پایداری بیان می‌کنند که پایداری به تنهایی قادر ارزش و اعتبار بوده و فقط به عنوان یک عامل تعديل‌کننده عملکرد حائز اهمیت است. یک نتیجه منطقی از مفهوم GGE آن است که معیار تعیین شده به وسیله GEI فقط هنگامی مفید است که همراه با میانگین عملکرد ژنوتیپ (G) در نظر گرفته شود. پایداری یک ضرب بدون بعد است که رقم پرمحصول را بهتر نمایان می‌سازد ولی رقم با عملکرد پایین را بدتر نشان می‌دهد (۳۳). برخی گزارشات حاکی از آنست که پایداری از وراثت‌پذیری کمتری نسبت به عملکرد برخوردار است (۱۴). در این نمودار ژنوتیپ‌های G15 و G12 از حیث مطلوبیت در جایگاه سوم و چهارم قرار گرفتند و سایر ژنوتیپ‌ها به ترتیب G19، G2، G13، G16، ... و G19 از مطلوبیت کمتری برخوردار بودند (شکل ۳).

بر اساس ارزش پایداری امی (ASV) ژنوتیپ‌های G17، G19 و G2 به عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند و بر اساس دو مولفه IPCA1 و IPCA2 ASV ژنوتیپ G17 ژنوتیپ بهترین ژنوتیپ بود. در حالیکه در روش با پلاس ژنوتیپ G18 و G20 مطلوب‌ترین ژنوتیپ‌ها بودند. دلیل این تفاوت در معیارهای گزینش دو روش است. در روش امی (AMMI) مولفه‌های IPCA بیانگر اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط می‌باشند. در حالیکه در روش GGE با پلاس MOLFEHای IPC1 و IPC2 بیانگر عملکرد ژنوتیپ + اثر متقابل ژنوتیپ × محیط (GE+G) می‌باشند. به عبارت دیگر در روش امی ابتدا ژنوتیپ پایدار بر اساس اثر متقابل کمتر انتخاب می‌شود و در مرحله بعد در بین ژنوتیپ‌های پایدار پرمحصول ترین ژنوتیپ به عنوان ژنوتیپ مطلوب انتخاب می‌شود. ولی در روش با پلاس همزمان تأکید بر روی هر دو عملکرد و اثر متقابل کمتر است. گزارش شده است که رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس عملکرد و پایداری که به وسیله GGE تعیین می‌شود همبستگی بالایی (۹۷٪) با رتبه‌بندی حاصل از

نامطلوب E5 (مغان سال اول) و E6 (مغان سال دوم) بودند. کوکاترک (۱۶) در بررسی سازگاری ۱۴ ژنتیپ سویا در چهار منطقه و سه سال گزارش کرده است که ژنتیپ‌های BDSA 04، BDUS 05، KAMA 04 در محیط‌های ایده‌آل و ژنتیپ BATEM 223 در محیط‌های فقیر دارای عملکرد مطلوبی بودند. همچنین چیلو (۹) رقم TGX 1988-22F سویا را به عنوان ژنتیپ برتر و ایده‌آل با قابلیت سازگاری عمومی بالا گزارش کرده است. سایر محیط‌ها به ترتیب E2 (کرج سال دوم)، E1 (کرج سال اول)، E4 (گرگان سال دوم)، E3 (گرگان سال اول) از حیث مطلوبیت در رتبه‌های بعدی قرار گرفتند. در همین ارتباط می‌توان گفت محیط E2 گرچه از نظر مطلوبیت در جایگاهی بعد از دو محیط E8 و E9 قرار می‌گیرد ولی می‌تواند برای گرینش منفی برخی ژنتیپ‌های ناپایدار از جمله G9 و G10 مورد استفاده قرار گیرد. مقایسه محیط‌های مطلوب در دو روش امی (AMMI) و GGE (بای‌پلات نشان داد که در هر دو روش محیط‌های E8 و E7 به عنوان مطلوب‌ترین محیط‌ها انتخاب شدند. در حالیکه ضعیفترین محیط در روش امی محیط E2 و در روش بای‌پلات محیط‌های E5 و E6 بودند. دلیل آن این است که در روش امی مولفه‌های IPCA بطور جداگانه و در روش بای‌پلات همزمان هر دو مولفه IPC در گزینش محیط مطلوب مورد استفاده قرار می‌گیرند.

براساس دو مولفه اول و دوم (PCA1, PCA2) و (Williams x G17) شاخص ASV روش امی ژنتیپ Steel/L3 (Steel/L3) به عنوان پایدارترین ژنتیپ پر محصول تعیین گردید. در حالیکه بر مبنای معیار بای‌پلات ژنتیپ‌های G18 (Williams x G20) (شاهد/Steel/L4) و (Williams x Steel/L4) به ترتیب با عملکرد ۲۸۶۵ و ۲۹۲۷ کیلوگرم در هکتار به عنوان مطلوب‌ترین ژنتیپ‌ها شناخته شدند. همچنین براساس هر دو روش GGE بای‌پلات و امی محیط‌های E7 و E8 (شهرکرد سال اول و دوم) به عنوان مطلوب‌ترین محیط‌ها انتخاب شدند و G18 و G20 که در تجزیه بای‌پلات مطلوب‌ترین ژنتیپ‌ها بودند در این دو محیط نیز جزو چهار ژنتیپ برتر بودند.

Table 2. Annual mean of squares of seed yield in experimental locations

منابع تغییر	درجه آزادی	بلوک	ژنتیپ	خطا	ضریب تغییرات (درصد)
شهرکرد ۱۳۹۴	۱۳۹۳	شهرکرد ۱۳۹۳	مغان ۱۳۹۴	مغان ۱۳۹۳	گرگان ۱۳۹۴
۴۵۳۲۵۴/۶**	۳۰۵۷۶۶/۳**	۴۵۸۵۶/۳**	۵۶۶۱۰.۶۵**	۹۸۶۰.۰**	۴۶۷۳۱۴/۴**
۷۶۴۴۲۲۳۹/۰**	۲۹۹۴۹۷/۴**	۴۸۶۴۶۱/۷**	۶۱۱۱۴۶/۶**	۳۰۵۶۹۳/۲**	۶۴۳۲۶۶/۹**
۱۷۲۶۴۰/۹	۲۱۳۱۷۲/۴	۴۵۴۲۷۵/۹	۲۳۶۳۷۴/۵	۳۶۹۲۵/۳	۴۱۳۹۱۶/۲
۱۴/۷	۲۶/۱	۲۲	۲۰/۴	۱۴	۲۱/۷

** و *** به ترتیب معنی دار در سطح ۰.۱% و غیرمعنی دار

جدول ۳- تجزیه واریانس دو ساله (۱۳۹۳-۱۳۹۴) عملکرد دانه ژنتیپ‌های سویا

Table 3. Two year analysis of variance (2014-2015) for seed yield of soybean genotypes

منابع تغییر	درجه آزادی	بلوک (سال)	ژنتیپ	خطای آزمایشی	ضریب تغییرات
سال	۱	بلوک (سال)	ژنتیپ	خطای آزمایشی	ضریب تغییرات
شهرکرد ۳۳۰۷۶۰.۰/۰**	۱۱۱۹۹۵۳۰/۰**	۷۵۴۰۶۲۸۰/۰**	۱۷۷۰۵۴۳۶**	۴۴۱۴۴۳/۵	۷۶
۳۷۹۵۱۰/۴	۳۰۵۸۲۳/۳	۲۸۱۹۵۷/۲	۹۶۹۴۹۳/۰**	۱۹	-
۹۲۸۳۹۳۹/۱**	۷۶۲۹۹۶/۶**	۴۷۲۴۵۷/۳**	۳۹۸۶۱۰/۳**	۱۹	-
۱۲۵۶۷۸۲/۳**	۳۳۴۶۱۱/۸**	۴۸۰۵۰۲/۸**	۱۱۵۳۴۴/۸	۷۶	-
۱۹۲۹۰.۶/۶	۳۴۵۲۲۵/۲	۲۲۵۴۲۰/۷			
۱۹/۱	۲۱/۸	۲۱/۹			

** و *** به ترتیب معنی دار در سطح ۰.۱% و غیرمعنی دار

همبستگی دو محیط E6 (مغان سال دوم) و E4 (گرگان سال دوم) با یکدیگر در حد ۱- بود (شکل ۴). از طرف دیگر در این E7 بررسی مشخص گردید که طول بردار محیط‌های شهرکرد سال اول) و E8 (شهرکرد سال دوم) بلندتر از سایر محیط‌ها بوده و لذا از قابلیت تمایز بیشتری برخوردار بودند و بیشترین توانایی را در شناسایی ژنتیپ‌های برتر داشتند. در حالیکه محیط‌های E5 (مغان سال اول)، E6 (مغان سال دوم)، E4 (گرگان سال دوم) و E2 (کرج سال دوم) با داشتن بردارهای کوتاهتر توان تمایز کمتری نسبت به E8 و E9 داشتند و بالاخره دو محیط E1 (کرج سال اول) و E3 (گرگان سال اول) نسبت به سایر محیط‌ها کوتاهترین بردارها را داشتند و بنابراین از توانایی انگکی در شناسایی و تشخیص ژنتیپ‌های برتر برخوردار بودند (شکل ۴).

شکل ۵ نمودار بای‌پلات محیط ایده‌آل را نشان می‌دهد. محیط ایده‌آل محیطی است فرضی که دارای حداکثر قابلیت تمایز بین ژنتیپ‌ها و نمایندگی از منطقه هدف باشد و از نظر مکانی در مرکز دوایر هم‌مرکز قرار دارد. بر اساس یافته‌های یانگ (۳۵) یک محیط ایده‌آل باید دارای PC1 بالا (جهت تشخیص ژنتیپ برتر) و PC2 حداقل (نماینده محیط‌ها) باشد. میزان مطلوبیت محیط به فاصله آنها از محیط ایده‌آل بستگی دارد. محیط‌های با قابلیت تمایز بالا توانایی بیشتری در تفکیک و شناسایی ژنتیپ‌های برتر بر اساس عملکردشان دارند (۲، ۳ و ۳۳). مقایسه محیط‌های مورد بررسی با محیط ایده‌آل نشان داد که محیط E8 (شهرکرد سال دوم) نزدیک‌ترین محیط به محیط ایده‌آل بوده و از حیث تمایز و نمایندگی موثرترین محیط می‌باشد. پس از این محیط E7 (شهرکرد سال دوم) کمترین فاصله را با محیط ایده‌آل داشته و دارای بیشترین شایستگی بود. همچنین زاویه بردارهای محیطی E7 و E8 با بردار محیط متوسط کمتر از سایر بردارهای محیطی است و بنابراین بهترین نماینده محیط متوسط هستند (شکل‌های ۴ و ۵). با مراجعة به شکل‌های ۳ و ۵ و جدول ۵ می‌توان دریافت که ژنتیپ‌های G18، G20 و G15 دارای عملکرد بالا در محیط‌های ایده‌آل بودند. در حالیکه G10 و دارای عملکرد بالا در محیط‌های

جدول ۲- میانگین مربعات عملکرد دانه یکساله در مناطق آزمایشی

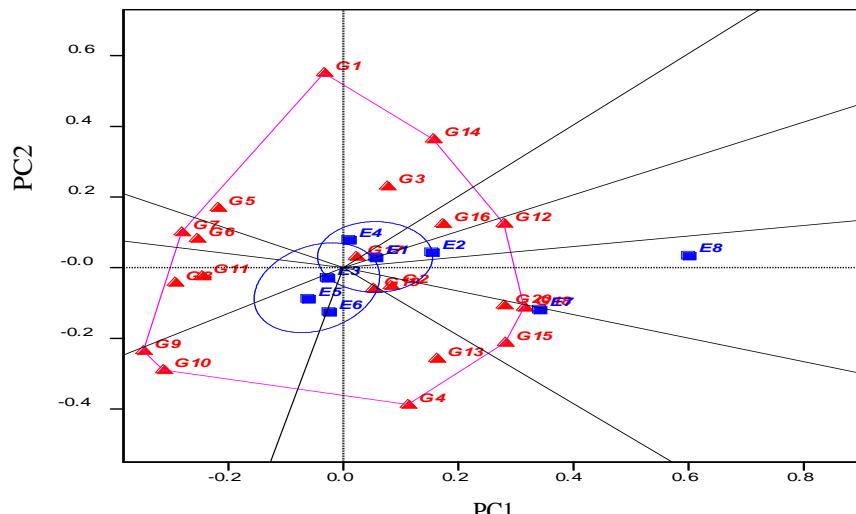
جدول ۴- میانگین مربوطات عملکرد دانه و واریانس نسبی منابع تغییرات
Table 4. Mean of squares of seed yield and relative variance of source of variation

	واریانس نسبی (%)	میانگین مربوطات	درجه آزادی	منابع تغییر
۱۰۰	۱۰۳۱۲۸۲	۴۷۹		کل
.۰/۸۵	۲۶۵۱۵۱۱ **	۱۵۹		تیمار
.۰/۱۲	۳۰۹۵۴۵۷ **	۱۹		ژنوتیپ
.۰/۲۲	۲۲۳۳۷۴۴۹ **	۷		محیط
.۰/۰۱	۳۵۲۳۸۹ ns	۱۶		بلوک
.۰/۰۲	۱۵۵۱۹۸۷ **	۱۳۳		اثر متقابل ژنوتیپ × محیط
.۰/۰۰	۵۹۷۸۹۴۴ **	۲۵		IPCA1
.۰/۰۴	۷۷۵۷۷۱ **	۲۳		IPCA2
.۰/۰۸	۴۹۹۶۸۶ **	۸۵		باقیمانده
.۰/۰۴	۲۱۹۷۴۸ **	۳۰۴		خطا

ns به ترتیب معنی دار در سطح ۱٪، ** و غیرمعنی دار

جدول ۵- متوسط عملکرد، مقادیر مولفه اول امی و چهار ژنوتیپ برتر در محیط‌های آزمایشی
Table 5. Yield means, IPCA1 component and four superior genotypes of the experimental environment

چهارمین ژنوتیپ	سومین ژنوتیپ	دومین ژنوتیپ	اولین ژنوتیپ	IPCA1 (AMMI1)	عملکرد (kg/h)	محیط
G15	G20	G12	G18	۶۴/۸	۲۸۲۲	شهرکرد سال دوم (E8)
G13	G20	G18	G15	۷۸/۴۷	۱۷۷۲	شهرکرد سال اول (E7)
G18	G14	G20	G12	۲/۲۷	۲۱۰۳	کرج سال دوم (E2)
G2	G12	G14	G20	-۹/۹۲	۲۸۷۱	کرج سال اول (E1)
G8	G1	G14	G7	-۱۵/۵۷	۱۳۷۱	گرگان سال دوم (E4)
G13	G10	G9	G4	-۲۱/۸۳	۲۹۹۶	منان سال دوم (E6)
G9	G11	G7	G8	-۲۲/۴۶	۲۹۵۷	گرگان سال اول (E3)
G7	G10	G9	G8	-۲۶/۷۶	۲۳۸۵	منان سال اول (E5)



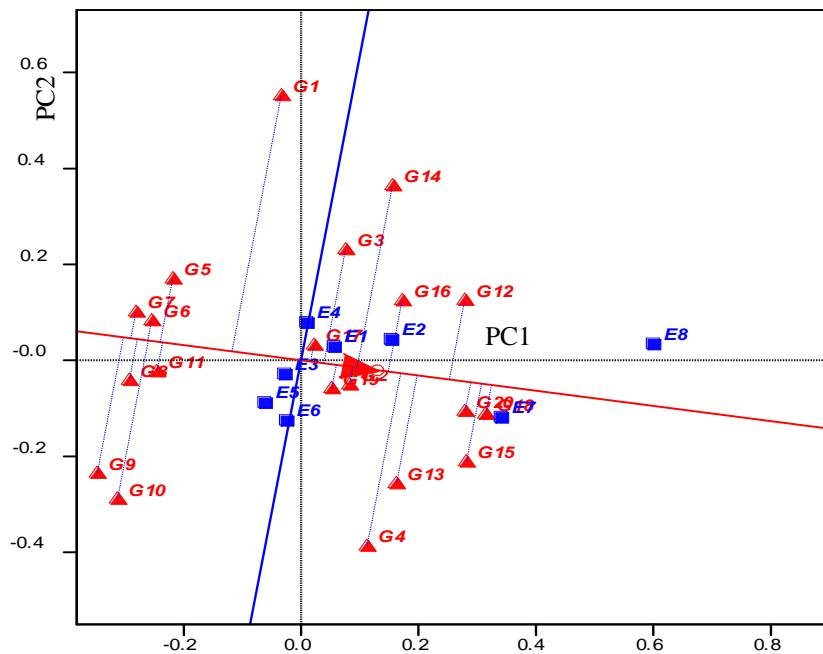
شکل ۱- نمای چندضلعی بای‌پلات GGE بر اساس عملکرد ژنوتیپ‌های سویا در محیط‌های آزمایشی
(۸۲.۸٪ از واریانس G+GE توسط مولفه‌های PC1 و PC2 توجیه گردید)

Figure 1. GGE biplot polygon view based on the performance of soybean genotypes in the experimental environments
(82.8 % of GGE variance was explained by PC1 and PC2 components)

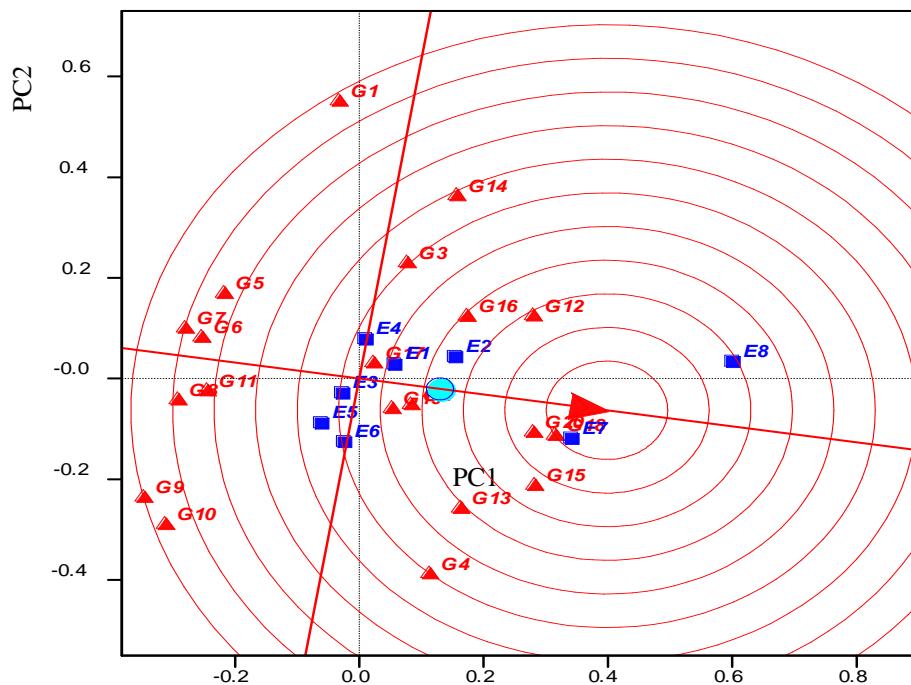
جدول ۶- متوسط عملکرد، مقادیر مولفه‌های اصلی امو و آماره ASV برای ژنوتیپ‌های سویا

Table 6. Yield means, AMMI principal component values and ASV parameter for soybean genotypes

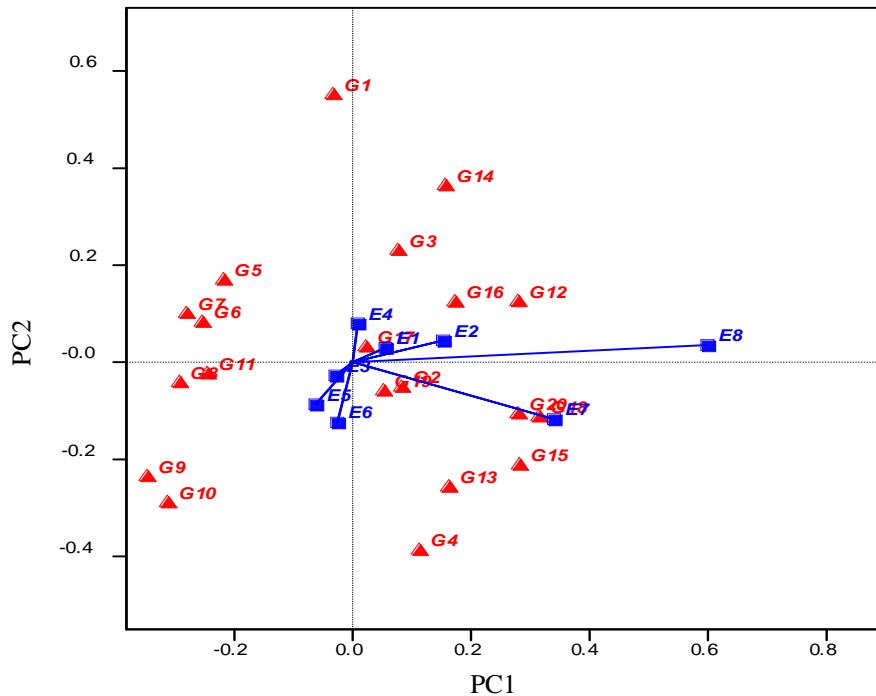
شناسه ژنوتیپ	شجره	کرج ۱۳۹۳ (E1)	کرج ۱۳۹۴ (E2)	گرگان ۱۳۹۳ (E3)	گرگان ۱۳۹۴ (E4)	مغان ۱۳۹۳ (E5)	مغان ۱۳۹۴ (E6)	شهرکرد ۱۳۹۲ (E7)	شهرکرد ۱۳۹۴ (E8)	میانگین	ASV	IPCA1	IPCA2
(Telar × Liana/L8)	G1	۲۷۰.۵	۲۴۴.۶	۲۲۶.۴	۲۳۲.۵	۱۶۹.۷	۲۵۴.۶	۱۰۲.۸	۲۷۰.۹	۲۲۱.۴	.۰/۵	۲۴/۶	۲۴/۷
(Telar × Liana/L14)	G2	۲۱۵.۰	۲۴۴.۴	۲۶۸.۵	۱۳۹.۱	۲۷۷.۸	۳۰۳.۲	۱۷۴.۱	۳۶۹.۵	۲۶۱.۵	.۰/۱	۱۴/۸	۱/۳
(Telar × Liana/L16)	G3	۲۶۲.۳	۱۶۰.۴	۳۳۴.۵	۱۵۳.۰	۱۹۹.۱	۲۵.۰	۱۵۵.۴	۳۷۹.۰	۲۳۶.۸	.۹/۵	۲۹/۴	۱۰/۱
(Hacheston × L6 /L6)	G4	۲۲۶.۴	۲۱۹.۴	۲۹۶.۹	۱۳۱.۰	۲۳۹.۵	۲۳۶.۸	۲۸۶.۹	۲۳۵.۵	۲۶۲.۸	-۱۹/۹	۳۱/۰	-۱۹/۹
(Williams × G.non-Photo/L1)	G5	۲۶۱.۲	۱۵۷.۶	۲۴۱.۷	۱۷۷.۳	۲۲۱.۵	۲۳۱.۹	۱۱۰.۲	۱۱۶.۳	۱۸۱.۴	-۱۳/۱	۳۸/۲	۳/۱
(Williams × G.non-Photo/L2)	G6	۲۵۶.۲	۱۹۲.۷	۹۹.۴	۳.۰۵	۲۰.۷	۳.۰۴	۶۲.۲	۱۰.۴۷	۱۹۱.۵	-۱۸/۹	۵۴/۸	۲/۸
(Williams × G.non-Photo/L5)	G7	۲۲۱.۴	۲۰.۱۳	۳۴۲.۷	۱۳۹.۲	۱۳۹.۲	۳.۰۷	۴۴.۶	۹۲.	۲۱۰.۵	-۰.۳	۷۸/۰	۱۰/۳
(Williams × G.non-Photo/L7)	G8	۲۷۳.۲	۱۷۷.۱	۳۷.۹	۱۰۵.۲	۳۱.۸	۰.۵۲	۸۰.۹	۵۰.۲	۲۱۶.۶	-۲۸/۴	۸۲/۳	۳/۸
(Williams × G.non-Photo/L9)	G9	۲۶۷.۵	۱۱۱.۳	۳۰.۳	۱۱۲.۴	۲۷۷.۱	۳۶.۸۹	۵۰.۸	۴۸.۴	۱۹۲.۸	-۱۱/۵	۸۷/۱	-۱۱/۵
(Williams × G.non-Photo/L10)	G10	۲۴۴.۹	۱۱۱.۷	۲۴.۹	۱۰.۹	۳۰.۸	۳۰.۷	۷۸.۸	۶۸.۷	۱۸۳.۳	-۰.۷	۷۴/۸	-۱۷/۱
(Williams × G.non-Photo/L11)	G11	۲۷۱.۶	۱۴۰.۰	۳۴۷.۷	۱۶.۰	۳۱۸.۲	۱۱۱.۶	۹۹.۷	۲۰.۸	۲۰.۸	.۰/۵	۶۲/۵	.۰/۵
(Will.82 × L87- 0174/L1)	G12	۲۹۱.۲	۲۵۱.۴	۳۳۷.۷	۱۷۸.۵	۱۷۲.۲	۲۶۰.۹	۴۵۹.۷	۲۲۳.۸	۲۸.۱	۶/۲	۶۹/۲	۶/۲
(Will.82 × L87- 0174/L2)	G13	۳۳۵.۱	۲۵۸.۰	۲۶۴.۷	۱۲۲.۰	۲۲۱.۸	۳۶۶.۸	۲۹..	۳۵۸.۷	۲۷۷.۱	۱۱/۰	۳۴/۳	-۱۲/۸
(Will.82 × L87- 0174/L3)	G14	۳۶۵.۲	۲۷۹.۱	۲۲۱.۵	۱۶۴.۵	۲۸۶.۷	۲۰.۳۴	۱۶۰.۷	۱۶۵.۹	۲۶۱.۷	۱۳/۷	۴۳/۱	۱۶/۹
(L17 × Lavina/L3)	G15	۲۷۹.۷	۲۱۰.۶	۲۴.۹	۱۲۰.۸	۳۱۶.۶	۳۸۲.۵	۲۸۱.۶	۴۹۹.۶	۲۲۳.۷	-۱۲/۶	۶۹/۷	۶/۵
(Williams × Steele/L2)	G16	۲۶۶.۳	۲۴۸.۱	۲۹۷.۵	۱۷۷.۵	۲۷۷.۱	۲۶۲.۴	۱۸.۴	۴۹۲.۶	۲۶۳.۳	۱۵/۳	۴۴/۷	۶/۵
(Williams × Steele/L3)	G17	۳۷۷.۶	۲۱۴.۷	۳۱۲.۱	۹۸.۹	۱۹۵.۴	۲۷۲.۵	۲۰.۷	۲۷۲.۵	۲۷۲.۵	۱/۶	۵/۰	۱/۷
(Williams × Steele/L4)	G18	۳۵۵.۱	۲۴۴.۲	۲۷۸.۱	۱۰.۵۳	۲۱۳.۲	۲۸.۰	۳۴۰.۱	۴۷۶.۸	۲۸۶.۵	۲۶/۴	-۷/۳	۲۶/۹
L8.P79	G19	۲۹۳.۵	۲۵.۰	۲۷.۰۲	۱۲۲.۳	۲۹۳.۷	۲۲۶.۲	۲۹۳.۷	۲۹۳.۷	۲۵۱.۲	۰/۲	۱۱/۴	-۳/۲
Williams (Check)	G20	۲۸۷.۱	۲۱.۳	۲۱۰.۳	۱۳۷.۱	۲۳۸.۵	۲۹۹.۶	۱۷۷.۲	۲۸۲.۲	۲۴۱.۰	-۰/۴	۶۱/۴	-۰/۴
Mیانگین		۶۱۴.۸	۵۰.۲/۷	۱۰.۶۳/۷	۳۱۷/۷	۸.۰۲/۹	۱۱۱۴/۴	۷۶۳/۴	۶۸۷	-	-	-	-
LSD _{0.05}													



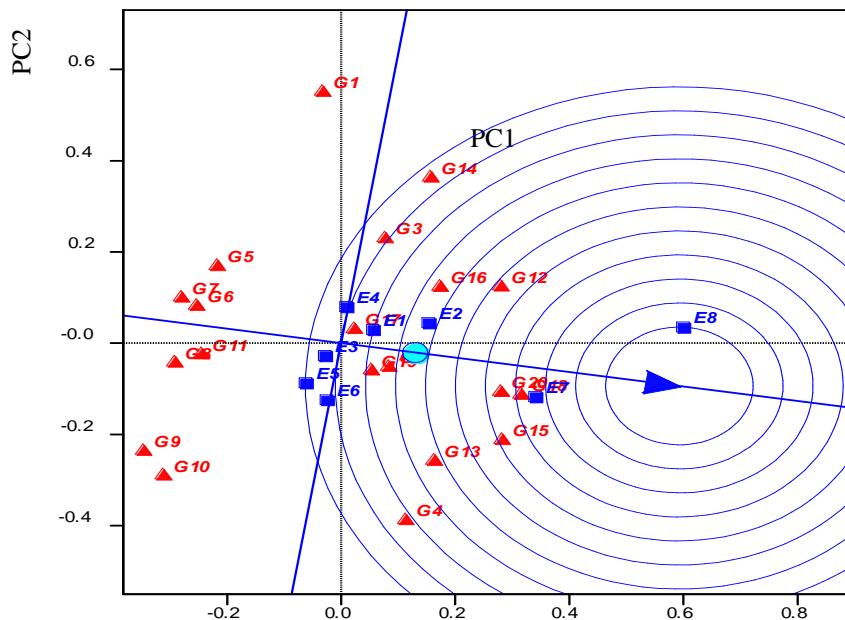
شکل ۲- مقایسه و رتبه‌بندی ژنوتیپ‌های سویا بر اساس عملکرد و پایداری در بای‌پلات مختصات محیط متوسط (AEC)
Figure 2. Comparison and ranking of soybean genotypes based on their performance and stability in average environment coordinate biplot (AEC)



شکل ۳- مقایسه و رتبه‌بندی ژنوتیپ‌های سویا مبتنی بر عملکرد و پایداری در نمای بای‌پلات ژنوتیپ ایده‌آل
Figure 3. Comparison and ranking of soybean genotypes based on yield and stability in the ideal genotype biplot schema



شکل ۴- روابط متقابل میان محیط‌های آزمایشی در نمای برداری بای‌پلات
GGE
Figure 4. Interactions among the Experimental Environments in the GGE Biplot vector view



شکل ۵- مقایسه و رتبه‌بندی محیط‌های آزمایشی مبتنی بر توانایی تمایز و نمایندگی در نمای بای‌پلات محیط ایده‌آل
Figure 5. Comparing and ranking of experimental environments based on discriminating ability and representativeness in an ideal environment biplot view.

منابع

- Akcura, M., S. Taner and Y. Kaya. 2011. Evaluation of bread wheat genotypes under irrigated multi-environment conditions using GGE biplot analyses. *Agriculture Journal*, 98(1): 35-40.
- Amira, J.O., D.K. Ojo, O.J. Ariyo, O.A. Oduwaye and M.A. Ayo-Vaughan. 2013. Relative Discriminating Powers of GGE and AMMI Models in the selection of Tropical Soybean Genotypes. *African Crop Science Journal*, 21(1): 67-73.
- Alake, C.O. and O.J. Ariyo. 2012. Comparative Analysis of Genotype × Environment Interaction Techniques in West African Okra. *Journal of Agricultural Science*, 4(4): 135-150.
- Atnaf, M., S. Kidane, S. Abadi and Z. Fisha. 2013. GGE biplots to analyse soybean multi-environment yield trial data in north Western Ethiopia. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 5: 245-254.
- Basford, K.E. and M. Cooper. 1998. Genotype by environment interactions and some considerations of their implication for wheat breeding in Australia. *Australian Journal of Agricultural Research*, 49: 154-175.
- Bhartiya, A., J.P. Aditya, K.S. Pushpendra, J.P. Purwar and A. Agarwal. 2017. AMMI & GGE biplot analysis of multi environment yield trial of soybean in North Western Himalayan state Uttarakhand of India. *Legume Research Journal*, 40(2): 306-312.
- Campbell, B.T. and M.A. Jones. 2005. Assessment of genotype x environment interactions for yield and fiber quality in cotton performance trials. *Euphytica*, 144: 69-78.
- Chaudhary, K.J. and J. Wu. 2012. Stability analysis for yeild and seed quality of soybean (*Glycine max*) across different environment in eastern South Dakota. Annual Conference on Applied Statistics in Agriculture [Online]. Available at <http://newprairiepress.org/agstatconference/2012/proceedings/11>
- Cheelo, P., D. Lungu and M. Mwala. 2017. GGE biplot analysis for identification of ideal soybean (*Glycine max* L. Merrill) test and production locations in Zambia. *Journal of Experimental Agriculture International*, 15(3): 1-15.
- Dadras, A. R., H. Samizadeh and H. Sabouri. 2015. Evaluation of soybean varieties and advanced lines yield under drought stress conditions using GGE biplot analysis. *Journal of Crop Breeding*, 23(9): 18-26.
- Eberhart, S.A. and W.A. Russel. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6: 36-40.
- Finlay, K.W. and G.N. Wilkinson. 1963. The analysis of adaptation in a plant breeding program. *Australian Journal of Agricultural Research*, 14: 742-754.
- Edugbo, R.E., G.E. Nwofia and L.S. Fayeun. 2015. An assessment of soybean (*Glycine max*, L. Merrill) grain yield in different environments using AMMI and GGE biplot models in Humidorest Fringes of southeast Nigeria. *Agricultura Tropical et Subtropical*, 48(3): 82-90.
- Eskridge, K.M. 1996. Analysis of multi environment trial using the probability of outperforming a check. In: M.S. Kang and J. Guach. (eds.) *Genotype by Environment Interaction*, CRC Press. London., UK., 273 -307 pp.
- Gauch, H.G.J. and R.W. Zobel. 1996. AMMI analysis of yield trials. In: M.S. Kang and J. Guach, (eds.) *Genotype by environment interaction*, CRC Press, London, UK, 85-122 pp.
- Gurmu, F., H. Mohammed and G. Alemaw. 2009. Genotype x Environment interactions and stability of soybean for grain yield and nutrition quality. *African Crop Science Journal*, 17: 87-99.
- Kang, M.S. 1993. Simultaneous selection for yield and stability in crop performance trials. Consequences for growers. *Agronomy Journal*, 85: 754-757.
- Kaya, Y., M. Akçura and S. Taner. 2006. GGE biplot analysis of multi environment yield trials in bread wheat. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 30: 325-337.
- Kocaturk, M., P. Cubukcu, A.T. Goksoy, M. Sincik, E. Ilker, A. Kadiroglu, Y. Vurarak, Y. Sahin, M. Karakus and U.A. Yildirim. 2019. GGE biplot analysis of genotype × environment interaction in soybean grown as second crop. *Turkish Jounal Field Crops*, 24(2): 145-154.
- Pacheco, R.M., J.B. Duarte, P.I.M. Souza, S.A. Silva and J. Nunes. 2009. Key locations for soybean genotype assessment in Central Brazil. *Pesquisa Agropecuaria Brasileia*, 44(5): 478-486.
- Payne, R.W., S.A. Harding, D.A. Murray and D.M. Soutar. 2009. GenStat Release 12. Published by VSN International, 5 The Waterhouse, Waterhouse Street, Hemel Hempstead, and Hertfordshire HP1 1ES, UK.
- Ramos, J.E.U., R.L. Brogin, V.P.C. Godinho, F.J.E. Botelho, F.D. Tardin and P.E. Teodoro. 2017. Identification of soybean genotypes with high stability for the Brazilian macro-region 402 via biplot analysis. *Genetics and Molecular Research*, 16(3): 1-10.

23. Roshandel, M., A.R. Pourmohammad, H.R. Babaei and F. Shekari. 2016. Grain yield stability analysis of soybean genotypes by AMMI method. Azarian Journal of Agriculture, 6(3): 119-128
24. Samonte, P.B., L.T. Wilson, A. McClung and J.C.M. Medley. 2005. Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analysis. Crop Science, 45: 2414-2424.
25. Silveira, D.A., L.F. Pricinotto, M. Nardino, C.A. Bahry, C.E. Cavenaghi Prete and L. Cruz. 2016. Determination of the adaptability and stability of soybean cultivars in different locations and at different sowing times in Parana state using the AMMI and Eberhart and Russel methods [Online]. Available at <https://www.researchgate.net/publication/311849977>.
26. Soltanmohamadi, S., S.A. Peyghambri and H.R. Babaei. 2017. Study the adaptability and yield sustainability of soybean genotypes in four regions of Iran. Iranian Journal of Field Crop Science, 48(2): 389-397.
27. Sousa, L.B., O.T. Hamawaki, A.P.O. Nogueira, R.O. Batista, V.M. Oliveira and R.L. Hamawaki. 2015. Evaluation of soybean lines and environmental stratification using the AMMI, GGE biplot and factor analysis methods. Genetics and Molecular Research, 14(4): 12660-12674.
28. Tarakanovas, P. and A. Sprainaitis. 2005. Main additive effect and multiplicative interaction analysis of white clover genetic resources. Biologija, 4: 38-42.
29. Yan, W. 1993. The interconnectedness among the traits of wheat and its implication in breeding for higher yield. Cereal Crops, 1993(1): 43-45.
30. Yan, W. 2000. Singular-value partitioning in biplot analysis of multi- environment trial data. Agronomy Journal, 94: 990-996.
31. Yan, W. and L.A. Hunt. 2002. Biplot analysis of diallel data. Crop Science, 42: 21-30.
32. Yan, W. and I. Rajcan. 2002. Biplot analysis of sites and trait relations of soybean in Ontario. Crop Science, 42: 11-20.
33. Yan, W. and M.S. Kang. 2003. GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, Geneticists and agronomists, CRC Press, London, UK.
34. Yan, W., M.S. Kang, B. Ma, S. Woods and P.L. Cornelius. 2007. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype by environment data. Crop Science, 47: 643-655.
35. Yang, R., J. Crossa, P.L. Cornelius and J. Burgueno. 2009. Biplot analysis of GEI effect. Crop Science, 49: 1564-1576.
36. Yates, F. and W.G. Cochran. 1956. The analysis of experiments. Journal of Agronomic Science, 14: 742-754.

Study on Adaptability and Grain Yield Stability of Soybean Genotypes [*Glycine Max (L.) Merril*] Through AMMI & GGE Biplot Analysis

Hamid Reza Babaei¹, Nasrin Razmi², Ebrahim Hazarjaribi³
and Mojtaba Hashemijazi⁴

1- Research Assistant of Professor of Horticulture Crops Research Department, Khorasan Razavi Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Mashhad, Iran,
(Corresponding author: 30241hrbabaei@gmail.com)

2- Research tut Assistant of Professor of Horticulture Crops Research Department of Center of Agricultural Research and Natural Resources Ardabil Province (Parsabad Moghan), AREEO, Parsabad Moghan, Iran

3- Research tutor of Horticulture Crops Research Department of Center of Agricultural Research and Natural Resources Golestan Province (Gorgan), AREEO, Gorgan, Iran

4- Research Expert of Center of Agricultural Research and Natural Resources Chaharmehl and Bakhtiari Province.
AREEO, Sharekord Iran

Received: October 20, 2019 Accepted: August 1, 202

Abstract

Selection of desirable genotypes with high yield and stability is the main goal of most soybean breeding programs. The aim of this study was to evaluate the grain yield and stability of 19 pure soybean lines along with Williams's control (20 genotypes) during two cropping years (2014-2015) in four regions: Karaj, Gorgan, Moghan and Shahrekord. A randomized complete block design with three replications was used in all experimental areas. The AMMI and GGE Biplot methods were used to determine the compatibility and stability of performance. Combined analysis of variance showed significant effects of environment, genotype, genotype \times environment interaction, and components of IPCA1 and IPCA2 (AMMI analysis) at 1% level of significance. Genotype \times environment interaction variance accounted for 42% of the total variance and the two components of IPCA1 and IPCA2 accounted for 81% of the total variance. Based on AMMI criteria (IPCA1, IPCA2 and ASV) genotype G17 (Williams x Steel / L3) with yield of 2449 kg ha⁻¹ was determined as the most stable genotype while based on GGE biplot G18 (Williams x Steel/L4) with 2865 kg ha⁻¹ and G20 (Williams/Check) with 2927 kg ha⁻¹ yield were identified as the most favorable genotypes. Also environments: E7 and E8 (first and second year Shahrekord) were selected as the most favorable environments and genotypes: G18 and G20 based on GGE biplot were also among the top four genotypes of the two environments. Two mega environments were identified in the bi-plot analysis that the first mega environment includes the E3 (Gorgan first year), E5 (Moghan first year) and E6 (moghan second year) and the second mega environment includes the E1 (Karaj first year) and E2 (karaj second year) and E4 (Gorgan second year).

Keywords: Favorable Environments, Genotype \times Environment Ideal Genotype, Interaction, Mega Environment