نشریه علمی پژوهشی دانش کشاورزی و تولید پایدار
جلد ۳۲ شماره۲ / سال ۱۴۰۱/ صفحات

Stability Analysis of Grain Yield of Rice Mutants by Multivariate Methods and Superiority Index

Ali Akbar Ebadi [1], Peyman Sharifi[2]*, Mohammad Taher Hallajian[3]

Received: April 11, 2021 Accepted: November 1, 2021
1-Assist. Prof., Rice Research Institute of Iran, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Rasht, Iran.
2-Assoc. Prof., Dept. of Agronomy and Plant Breeding, Rasht Branch, Islamic Azad University, Rasht, Iran.
3-Researcher of Agriculture Research School of Nuclear Science and Technology Research Institute of Iran, Tehran, Iran. mthallajian@aeoi.org.ir & mhallajian@yahoo.com
Corresponding Author Email: peyman.sharifi@gmail.com & sharifi@iaurasht.ac.ir

Abstract

Background and Objectives: This study was conducted to identify stable and high-yielding rice mutant lines.

Materials and methods: Fourteen mutant lines along with four cultivars Hashemi, Tarom-Mahali, Khazar and Gilaneh were evaluated in a randomized complete block design with four replications in Rasht, Chaparsar and Fars province during two cropping years 2015-2016. Stability of genotype was assessed using AMMI indices and AMMI and GGE biplots.

Results: The contribution of genotype, environment and genotype by environment interaction were 41.48%, 31.87% and 24.19% of total variation, respectively. The highest grain yield was obtained in G5 and G12 with 5684 and 5470 kg ha^{-1}, respectively. The ssiMMASV, ssiSIPC, ssiDist and ssiEV identified G5, G9 and G12; and ssiASV, ssiZA and ssiWAAS, G3, G5 and G9 as the best lines. AMMI1 biplot indicated lines G12, G5, G3 and G1 as stable and high-yielding lines. Based on AMMI2 biplot, G12, G4, G17, G9 and G5 were the most stable lines near the origin of biplot. Different views of GGE biplot were also detected that G12 and G5 in addition to having a higher grain yield than overall yield mean were as stable lines. The superiority index identified lines G5, G12 and G7 as the most stable lines. Principal component analysis showed that the superiority index of Lin and Binns and all of the ssi indices were suitable indices for identifying stable and high-performance genotypes.

Conclusion: G5 and G12 were the most stable and productive lines and can be used for introducing of the cultivar.

Keywords: AMMI, GGE Biplot, Combined Analysis, Mutation, Adaptability

تجزیه پایداری عملکرد دانه لاین‌های موتانت برنج با استفاده از روش‌های چندمتغیره و شاخص برتری

علی اکبر عبادی[۱]، پیمان شریفی[۲*]، محمدطاهر حلاجیان[۳]

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۱/۲۲ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۸/۱۰

۱-استادیار و عضو هیات علمی موسسه تحقیقات برنج کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، رشت، ایران
۲-دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد رشت، دانشگاه آزاد اسلامی، رشت، ایران
۳-پژوهشگر، پژوهشکده تحقیقات کشاورزی، پژوهشگاه علوم و فنون هسته‌ای ایران، تهران، ایران
*مسئول مکاتبه: Email: peyman.sharifi@gmail.com & sharifi@iaurasht.ac.ir

چکیده

اهداف: این پژوهش برای شناسایی لاین‌های جهش‌یافته پایدار و پرمحصول برنج انجام شد.

مواد و روش‌ها: ۱۴ لاین جهش‌یافته به‌همراه چهار رقم هاشمی، طارم محلی، خزر و گیلانه، در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار در رشت، چپرسر و استان فارس طی دو سال زراعی ۹۶-۱۳۹۴ ارزیابی شدند. ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها با شاخص‌های تجزیه AMMI و بای‌پلات‌های AMMI و GGE انجام شد.

یافته‌ها: سهم ژنوتیپ، محیط و برهمکنش ژنوتیپ در محیط به‌ترتیب ۴۱/۴۸، ۳۱/۸۷ و ۲۴/۱۹ درصد از تنوع کل بود. بیشترین عملکرد دانه در لاین‌های ۵ و ۱۲، به‌ترتیب به میزان ۵۶۸۴ و ۵۴۷۰ کیلوگرم در هکتار به‌دست آمد. شاخص‌های ssiMMASV، ssiSIPC، ssiDist و ssiEV، لاین‌های ۵، ۹ و ۱۲ و شاخص‌های ssiASV، ssiZA و ssiWAAS، لاین‌های ۳، ۵ و ۹ را به‌عنوان برترین لاین‌ها شناسایی کردند. بای‌پلات AMMI1 نشان داد که لاین‌های ۱۲، ۵، ۳ و ۱ پایدار و با عملکرد بالاتر از میانگین کل بودند. بر پایه بای‌پلات AMMI2، لاین‌های ۱۲، ۴، ۹ و ۵ در نزدیکی مبدأ بای‌پلات، پایدارترین لاین‌ها بودند. نماهای مختلف GGE بای‌پلات نیز لاین‌های ۱۲ و ۵ را افزون بر داشتن عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل، پایدار تشخیص دادند. شاخص برتری، لاین‌های ۵، ۱۲ و ۷ را پایدارترین لاین‌ها شناساند. تجزیه مؤلفه‌های اصلی نشان داد که شاخص‌های برتری لین و بینز و تمام شاخص‌های ssi، شاخص‌های مناسبی برای شناسایی لاین‌های پایدار و با عملکرد بالا بودند.

نتیجه‌گیری: بر پایه تمام شاخص‌ها، لاین‌های ۵ و ۱۲ پایدارترین و پرمحصول‌ترین لاین‌ها بودند و می‌توانند برای معرفی رقم انتخاب شوند.

واژه‌های کلیدی: AMMI، GGE بای‌پلات، تجزیه مرکب، جهش، سازگاری

مقدمه

برنج، دومین محصول زراعی در کشور پس از گندم است که سطح زیر کشت آن در سال زراعی ۹۸-۱۳۹۷ حدود ۸۹۲ هزار هکتار با تولید ۴/۴ میلیون تن و با متوسط عملکرد ۵ تن در هکتار است که ارقام بومی و اصلاح‌شده را در بر می‌گیرد (احمدی و همکاران ۲۰۲۰). ارقام بومی، با وجود داشتن کیفیت پخت و خوراک مطلوب، به‌دلیل پتانسیل عملکرد پائین و حساسیت به

آفات، بیماری‌ها و خوابیدگی؛ و ارقام اصلاح‌شده، با وجود دارا بودن عملکرد بالا و مقاومت به بیماری‌ها، به‌دلیل کیفیت پایین (به‌ویژه کیفیت پخت)، نمی‌توانند خودکفایی در تولید برنج با کیفیت و عملکرد مطلوب را در پی داشته باشند (شریفی ۲۰۲۰). یکی از راه‌ها برای یافتن چنین ارقام دارای کیفیت و عملکرد بالا و سازگار به دامنه گسترده‌ای از محیط‌ها، بهره‌گیری از روش جهش‌زایی در برنامه‌های به‌نژادی است (شو ۲۰۱۲). در برنامه‌های به‌نژادی برنج، که در دهه ۱۹۸۰ آغاز شد، از عوامل فیزیکی و یا مواد شیمیایی استفاده می‌شود. در این فناوری، مواد گیاهی مانند بذر، دانه گرده و ... با تشعشع یا ماده شیمیایی تیمار می‌شوند، تا جهش در این مواد ژنتیکی، ویژگی‌های مطلوبی را پدید آورد. از این جمعیت‌های جهش‌یافته که تنوع زیادی دارند، می‌توان برای غربال‌گری ویژگی‌های مطلوب مانند شکل گیاه، عملکرد، کیفیت، کارایی استفاده از منبع، تحمل به تنش، مقاومت به پاتوژن و آفت استفاده کرد و با پیش بردن لاین‌های درون این جمعیت‌ها، به ارقام مطلوبی دست یافت (شریفی ۲۰۲۰).

از آنجا که عملکرد دانه، به‌عنوان یک صفت کمّی پیچیده، توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شود و محیط (و تنش‌های گوناگون) نیز بر روی آن تأثیر می‌گذارد، گزینش ژنوتیپ‌های پسندیده، تنها بر اساس میانگین عملکرد و بدون نگرش به پایداری آن چندان سودمند نیست (شریفی و همکاران ۲۰۱۷). از این رو به پژوهش‌هایی برای یافتن ارقام اصلاح‌شده‌ای با کیفیت و پتانسیل عمکرد بالا نیاز است که بتوانند سازگاری و پایداری در شرایط گوناگون محیطی داشته باشند. روش‌های مختلفی برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها و شناسایی ژنوتیپ‌های سازگار به محیط‌های مختلف ارائه شده است که روش‌های پارامتری و ناپارامتری را در بر می‌گیرند. روش‌های پارامتری خود به روش‌های تک‌متغیره و چندمتغیره تقسیم می‌شوند. از مهمترین روش‌های پارامتری چندمتغیره، روش اثرات اصلی جمع‌پذیر و اثر متقابل ضرب‌پذیر (AMMI)[۱] (گاچ است که پژوهشگران شاخص‌های مختلفی را بر پایه آن بنا نهاده‌اند. تجزیه AMMI بر پایه تجزیه مولفه‌های اصلی (PCA)[۲]، از متداول‌ترین روش‌های چند متغیره است که هدف آن متمرکز ساختن پراکندگی ژنوتیپ در محیط، در محورهای مؤلفه‌های اصلی اول است (پورجاس ۱۹۹۷). در ارتباط با مزیت‌های این روش، کراسا (۱۹۹۰) اظهار داشته است که روش رگرسیون خطی تنها از یک آماره، ضریب رگرسیون، برای توصیف الگوی پاسخ یک ژنوتیپ در محیط‌ها استفاده می‌کند و بیشتر اطلاعات در محاسبه انحراف‌ها هدر می‌رود. بنابراین، با ارائه آماره‌های بیشتر بر اساس نمرات ژنوتیپ‌ها در محورهای مولفه اصلی، برای توصیف پاسخ ژنوتیپ‌ها می‌توان بر این مشکل چیره شد و از هدرروی اطلاعات جلوگیری کرد (گاچ و زوبل ۱۹۸۸). مدل AMMI، ساختار داده‌های با ابعاد ماتریسی را، به‌وسیله چند بردار، مثل میانگین‌های ژنوتیپ و محیط و نیز مقادیر منفرد برای مؤلفه‌های اصلی برهمکنش ژنوتیپ در محیط، به ابعاد کوچک‌تر کاهش می‌دهد (گاچ ۱۹۸۸). از مزیت‌های این روش، وجود شاخص‌های آماری بسیاری بر پایه نمره‌های مؤلفه‌های اصلی آن و همچنین امکان استفاده از نمایش‌های گرافیکی در شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار است (گاچ و زوبل ۱۹۸۸).

هنگام بررسی ژنوتیپ‌ها در محیط‌های گوناگون، نکته درخور، بزرگی اثر محیط در بیشتر آزمایش‌ها و بهره‌برداری‌پذیر نبودن آن است. در این راستا، برای حذف اثر محیط و بهره‌گیری از اثر ژنوتیپ (G) و برهمکنش ژنوتیپ در محیط (GE)، روش GGE (اثر اصلی ژنوتیپ + برهمکنش ژنوتیپ در محیط) بای‌پلات[۳] پیشنهاد شده است (یان و همکاران، ۲۰۰۰). این کار (بررسی همزمان دو اثر ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط) با روش GGE بای‌پلات می‌تواند انجام شود (یان و همکاران، ۲۰۰۰). در این روش به‌نژادگر می‌تواند همزمان به اطلاعات اثر اصلی ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط دسترسی یابد. در این مدل، از ویژگی‌های نمودار بای‌پلات گابریل (۱۹۷۱) بهره گرفته می‌شود که بر پایه روش چند متغیره تجزیه به مولفه‌های اصلی است. از آنجا که محیط عاملی غیرقابل

۱ Additive Main effect and Multiplicative Interaction, AMMI

۲ Principal Component Analysis

۳ Genotype main effect (G) plus genotype by environment (GE) interaction (G+GE)

کنترل است، در روش GGE بای‌پلات از آن چشم‌پوشی می‌شود و تغییرات ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط برای تجزیه‌ها به‌کار برده می‌شوند (یان و همکاران، ۲۰۱۱). شاخص برتری (Pi)[1] که توسط لین و بینز (۱۹۸۸) برای بررسی اثرمتقابل ژنوتیپ و محیط ارائه شده است، میانگین مربعات فاصله بین واکنش یک ژنوتیپ و حداکثر واکنش در محیط‌ها را نشان می‌دهد و هر اندازه، Pi کوچکتر باشد، فاصله بین ژنوتیپ با ژنوتیپ با بیشترین میزان عملکرد کمتر و ژنوتیپ بهتری به شمار می‌آید. این شاخص از تلفیق توانایی تولید و پایداری به‌دست آمده است و ژنوتیپ پایدار را به‌عنوان ژنوتیپی با تظاهر نزدیک به بیشترین میزان عملکرد در محیط‌های مختلف تعریف می‌کند و به هدف به‌نژادگران، که در آن رقم برتر بایستی پرمحصول‌ترین رقم در بیشترین تعداد از محیط‌ها باشد، بسیار نزدیک است و می‌تواند ژنوتیپ‌های برتر را شناسایی کند (لین و بینز ۱۹۸۸).

پژوهش‌های زیادی بر پایه روش‌های مختلف پایداری برای شناسای ژنوتیپ‌های پایدار برنج به‌کار گرفته شده است. شریفی و همکاران (۲۰۲۰b) و شریفی و امین‌پناه (۲۰۱۶) با ارزیابی تعدادی لاین اصلاحی به‌همراه ارقام شاهد در سه منطقه و سه سال زراعی، برهمکنش معنی‌دار ژنوتیپ در محیط را گزارش کردند و از روش‌های پارامتری و ناپارامتری برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها استفاده کردند. همچنین تعدادی از پژوهشگران پس از نشان دادن معنی‌داری دو مؤلفه اصلی نخست از برهم‌کنش ژنوتیپ در محیط، از پارامترهای و بای‌پلات‌های AMMI برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌های برنج استفاده کردند (سامونته و همکاران ۲۰۰۵، بوس و همکاران ۲۰۱۴a، بوس و همکاران ۲۰۱۴b، شریفی و همکاران ۲۰۱۷، شریفی و همکاران ۲۰۲۰a، رایاهو ۲۰۲۰ و چلوئی و همکاران، ۲۰۲۰). روش چندمتغیره دیگر برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌های برنج روش GGE بای‌پلات است که به‌وسیله برخی از پژوهشگران استفاده شده است (محدثی و همکاران ۲۰۱۷، کریشنامورتی و همکاران ۲۰۱۷ و هانگ و همکاران ۲۰۲۱). برخی از پژوهشگران از دو روش GGE بای‌پلات و AMMI برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌های برنج استفاده کردند (جادهاو و همکاران ۲۰۱۹، کش و همکاران ۲۰۲۰، لینگایا و همکاران ۲۰۲۰ و زودو و همکاران ۲۰۲۰).

هدف از این پژوهش، انتخاب لاین‌های پایدار با عملکرد بالا و بررسی عملکرد لاین‌های امیدبخش جهش‌یافته برنج در مناطق مختلف کشور برای دستیابی به ارقام پایدار و با عملکرد بالا است.

مواد و روش‌ها

تعداد ۱۴ لاین موتانت، شامل هفت لاین از رقم هاشمی، شش لاین از رقم طارم محلی و یک لاین از رقم خزر، به‌همراه سه رقم والدینی هاشمی، طارم محلی، خزر و رقم گیلانه به‌عنوان شاهد برای شناسایی لاین‌های پایدار ارزیابی شدند. لاین‌های موتانت نسل M5 و M6 که از دو پروژه مشترک با پژوهشکده کشاورزی هسته‌ای به‌دست آمده بودند، بر پایه ویژگی‌هایی همچون شکل بوته، ارتفاع بوته، زودرسی، تعداد خوشه بارور، تعداد دانه پر در خوشه، شکل دانه، مقاومت و تحمل به خشکی گزینش شدند. شجره لاین‌های موتانت در جدول ۱ نشان داده شده است.

این آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار در سه منطقه رشت (مرکز تحقیقات برنج کل کشور در گیلان)، ایستگاه چپرسر در استان مازندران و استان فارس و در دو سال زراعی (۹۶-۱۳۹۴) انجام شد. در انتخاب مناطق به این نکته توجه شد که دو استان اصلی کشت برنج (گیلان و مازندران) هر کدام نماینده‌ای داشته باشند. از آنجا که یکی از اهداف به‌نژادی به کمک موتاسیون، پدیدآوری لاین‌های مقاوم به خشکی و متناسب با اقلیم گرم است و به نظر می‌رسید که در بین لاین‌ها، چنین لاین‌هایی نیز یافت شود، استان فارس به‌عنوان یکی از مراکز فرعی، اما مهم، در تولید برنج کشور، به‌عنوان مکان سوم درنظر گرفته شد تا در صورت امکان، لاین(های) سازگار برای این منطقه، که از نظر اقلیمی اختلاف چشم‌گیری با استان‌های گیلان و مازندران دارد، نیز در بین لاین‌ها پیدا شود. مساحت هر کرت، ۱۸ مترمربع و فاصله نشاها ۲۰ سانتی‌متر روی ردیف و ۲۰ سانتی‌متر بین

[1] Superiorityindex, Pi

ردیف و در هر کپه، ۳-۲ نشاء کاشته شد. تمام عملیات زراعی همانند آبیاری، کودپاشی، مبارزه با علف‌های هرز، آفات و بیماری‌ها بر پایه توصیه‌های فنی انجام شد. محصول تیمارها در زمان رسیدن کامل از ده مترمربع متن هر واحد آزمایشی پس از حذف حاشیه، برداشت و عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار برحسب رطوبت ۱۴ درصد) اندازه‌گیری شد.

جدول ۱- شجره لاین‌های موتانت

شماره ژنوتیپ	کد لاین	والد
۱	TM6-230-VE-7-5-1	طارم
۲	TM6-230-VE-8-4-1	طارم
۳	TM6-250-10-7-1	طارم
۴	TM6-B-2-1-E	طارم
۵	TM6-B-7-1	طارم
۶	TM6-B-19-2	طارم
۷	HM5-250-E-1-1	هاشمی
۸	HM5-250-E-3-2	هاشمی
۹	HM5-250-7-1	هاشمی
۱۰	HM5-250-7-6	هاشمی
۱۱	HM5-300-E-1	هاشمی
۱۲	HM5-300-3-1	هاشمی
۱۳	HM5-300-5-1	هاشمی
۱۴	KM5-200-4-2-E	خزر
۱۵	خزر	
۱۶	هاشمی	
۱۷	طارم	

T: طارم؛ H:هاشمی؛ K: خزر؛ M: نسل موتاسیون

تجزیه آماری

مدل‌های اثرات اصلی افزایشی و اثرات متقابل ضرب‌پذیر (AMMI)، ترکیبی از تجزیه واریانس (ANOVA) و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) است که در بخش جمع‌پذیر آن، اثرات افزایشی ژنوتیپ با روش‌های استاندارد ANOVA برآورد می‌شود و در بخش ضرب‌پذیر، روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای تجزیه برهمکنش ژنوتیپ در محیط به یک تا N مؤلفه اصلی به‌کار می‌رود (گاچ و زوبل ۱۹۸۸). به‌عبارتی دیگر، در این روش، ابتدا تجزیه واریانس معمولی بر روی داده‌های دوطرفه عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف انجام می‌شود و سپس با روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، برهمکنش ژنوتیپ در محیط تحلیل و بررسی می‌شود و مؤلفه‌های اصلی (PC) و سهم هر کدام از آنها در برهمکنش ژنوتیپ در محیط محاسبه می‌شوند (گاچ ۱۹۸۸). از این‌رو، پیش از ارزیابی ژنوتیپ‌ها با شاخص‌ها و بای‌پلات‌های AMMI، تجزیه واریانس AMMI انجام پذیرفت.

پایداری ژنوتیپ‌ها با شاخص‌های مبتنی بر تجزیه AMMI شامل ASV (پورچاس و همکاران ۲۰۰۰)، SIPC (اسنلر و همکاران ۱۹۹۷)، EV (زوبل و همکاران ۱۹۸۸)، Za (زالی و همکاران ۲۰۱۲)، WAASB (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹) و شاخص انتخاب همزمان (فرشادفر ۲۰۰۸) بر پایه هر کدام از شاخص‌های بالا و همچنین شاخص برتری لین و بینز (۱۹۸۸) ارزیابی شد. تجزیه‌های آماری با بسته تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی با نام METAN (اولیوتو و دال‌کول لوسیو ۲۰۲۰) و GGEBiplotGUI (برنال و ویلاردون ۲۰۱۶۶) در نرم‌افزار R انجام شد. افزون بر شاخص‌های پایداری بالا، از بای‌پلات‌های AMMI1 و AMMI2 و همچنین GGE بای‌پلات نیز برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بهره گرفته شد.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس جداگانه در محیط‌های آزمایشی

تجزیه واریانس جداگانه در هرکدام از محیط‌ها نشان داد که اثر ژنوتیپ در همه محیط‌ها معنی‌دار بود (جدول ۲). پیش از ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها، آزمون بارتلت برای مشخص کردن همگنی واریانس خطاهای آزمایشی در محیط‌های جداگانه انجام شد و نتایج گویای همگنی واریانس خطای آزمایشی بود.

جدول ۲- تجزیه واریانس جداگانه در هر کدام از محیط‌ها

محیط	عملکرد دانه ($kg.ha^{-1}$)	میانگین مربعات بلوک	میانگین مربعات ژنوتیپ	میانگین مربعات خطای آزمایشی
رشت-۱۳۹۴ (E1)	۴۶۳۰±۶۸/۴۷	۵۱۹۹۳^{ns}	۱۲۷۹۹۲۷**	۳۷۳۶۳
چپرسر-۱۳۹۴ (E2)	۵۰۰۶±۷۵/۳۶	۱۴۴۶۰^{ns}	۱۶۰۹۲۲۵**	۲۸۵۳۳
فارس-۱۳۹۴ (E3)	۳۸۰۶±۱۰۶/۰۵	۶۲۵۸۳^{ns}	۳۳۰۷۰۱۴**	۲۰۵۱۲
رشت-۱۳۹۵ (E4)	۴۷۰۹±۵۹/۱۷	۲۵۷۵۷^{ns}	۹۶۱۲۹۷**	۲۶۹۰۸
چپرسر-۱۳۹۵ (E5)	۴۴۷۱±۶۹/۹۱	۸۳۳۰۱^{ns}	۱۰۷۳۲۸۰**	۳۱۵۵۶
فارس-۱۳۹۵ (E6)	۳۵۳۹±۱۴۰/۵۵	۴۶۳۹۱^{ns}	۵۸۴۲۰۴۰**	۱۸۲۲۳

ns، * و **: به‌ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد می‌باشد.

تجزیه واریانس AMMI

پس از تجزیه واریانس جداگانه و اطمینان از همگنی واریانس خطاهای آزمایشی در محیط‌ها، تجزیه واریانس مرکب انجام شد که نشان داد اثرهای محیط، ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط در سطح احتمال ۱٪ معنی‌دار بود. از این‌رو، تجزیه پایداری به روش AMMI بر روی این داده‌ها برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار انجام پذیرفت و نتایج نشان داد که ژنوتیپ، محیط و برهمکنش ژنوتیپ در محیط به‌ترتیب ۴۱/۴۸، ۳۱/۸۷ و ۲۴/۱۹ درصد از مجموع مربعات کل را توجیه می‌کردند (جدول ۳). در تطابق با این نتیجه، اختر و همکاران (۲۰۱۵) سهم ۶۷/۱۱، ۱۸/۴۶ و ۱۳/۱۱ درصدی این سه جزء را در برهمکنش ژنوتیپ در محیط گزارش کردند. حال آنکه، سامونته و همکاران (۲۰۰۵)، سهم ۱۰/۵۲، ۳۴/۰۹ و ۳۴/۷۸ درصدی؛ کاتسورا و همکاران (۲۰۱۶)، سهم ۲۴/۸، ۲۰/۲ و ۲۸/۲ درصدی؛ شریفی و همکاران (۲۰۱۷)، سهم ۲۹، ۳۰ و ۴۱ درصدی و الهقلی‌پور و همکاران (۲۰۱۷)، سهم ۳۳/۷، ۳۵/۴ و ۳۰/۹ درصدی ژنوتیپ، محیط و برهمکنش ژنوتیپ در محیط (به بیانی دیگر، سهم بیشتر محیط و پس از آن ژنوتیپ در محیط در تنوع کل) را در کنترل عملکرد دانه برنج گزارش کردند. در این پژوهش، سهم بیشتر ژنوتیپ در مقایسه با دو منبع دیگر در مجموع مربعات کل می‌تواند به تنوع ژنتیکی گسترده مواد آزمایشی نسبت داده شود که از طریق موتاسیون بدست آمده است و نشان می‌دهد که موتاسیون به گونه‌ای چشمگیر توانسته است در مواد ژنتیکی تنوع پدید آورد. همچنین به‌دلیل این سهم بیشتر، پیشرفت گزینش در این ژنوتیپ‌ها می‌تواند کارساز باشد و در نتیجه امکان یافتن ژنوتیپ‌هایی با وضعیت بهتر در محیط‌های ویژه وجود دارد. اثر معنی‌دار برهمکنش ژنوتیپ در محیط، نوسان عملکرد ژنوتیپ‌ها را از محیطی به محیط دیگر نشان می‌دهد و در نتیجه برای شناسایی ژنوتیپ‌های مناسب برای هر کدام از محیط‌ها و یا توصیه یک ژنوتیپ برای تمام محیط‌ها، نیاز به ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مورد مطالعه است. سهم کمتر برهمکنش ژنوتیپ در محیط همچنین می‌تواند به هتروژنی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه نسبت داده شود. همان‌گونه که در جدول ۴ دیده می‌شود، عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های مطالعه شده از ۳۲۵۳ (ژنوتیپ ۱۵) تا ۵۶۸۴ (لاین ۵) کیلوگرم در هکتار متغیر بود که نشان از پراکندگی بالای عملکرد ژنوتیپ‌ها دارد. چنین تنوعی در سهم بالای اثر ژنوتیپ از مجموع مربعات کل نیز دیده شد (جدول ۳) که ناشی از تنوع ایجاد شده در لاین‌های جهش‌یافته حاصل از جهش است. تجزیه واریانس AMMI با روش تجزیه ارزش‌های منفرد یا تجزیه

مؤلفه‌های اصلی نشان داد که اثر چهار مؤلفه اصلی اول معنی‌دار بود و این چهار مؤلفه در مجموع ۹۹ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ در محیط را توجیه می‌کردند، به‌طوری‌که دو مؤلفه نخست به‌ترتیب سهم ۶۸/۱ و۱۴/۴ درصدی از برهمکنش ژنوتیپ در محیط را داشتند. از آنجا که در نمودار AMMI1، بُعد عمودی، نمره‌های نخستین مؤلفه اصلی برهم‌کنش ژنوتیپ در محیط (IPC1) و بُعد افقی، متوسط عملکرد دانه را نشان می‌دهد، هرچقدر میزان سهم مؤلفه اصلی اول در برهم‌کنش ژنوتیپ در محیط بیشتر باشد، شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار از اعتبار بیشتری برخوردار است. بنابراین، با توجه به سهم بالای مؤلفه اصلی اول در برهم‌کنش ژنوتیپ در محیط، می‌توان از این مؤلفه برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار بهره گرفت. نکته دیگری که از این جدول تجزیه واریانس بر می‌آید این است که چهار مؤلفه اصل اول از برهم‌کنش ژنوتیپ در محیط معنی‌دار بودند، بنابراین، در هنگام استفاده از شاخص‌های AMMI برای تجزیه پایداری، بهتر است از شاخص‌هایی همچون MASV، Za و WAASB، که بر پایه تعداد مؤلفه‌های اصلی معنی‌دار است، برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار بهره گرفته شود (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹). در تطابق با این نتیجه، پژوهش‌گران دیگری نیز سهم بالای دو مؤلفه اصلی اول را در برهمکنش ژنوتیپ در محیط در برنج گزارش کردند (ترنگ و همکاران ۲۰۱۳، اختر و همکاران ۲۰۱۴، الهقلی‌پور و همکاران ۲۰۱۷، شریفی و همکاران ۲۰۱۷، شریفی و همکاران ۲۰۲۰a، رایاهو ۲۰۲۰ و چلوئی و همکاران ۲۰۲۰). هرچند در پژوهش‌های دیگری هم سهم تقریباً برابر دو مؤلفه اصلی نخست گزارش شده است (کریشنامورتی و همکاران ۲۰۱۷ و جادهاو و همکاران ۲۰۱۹).

جدول ۳- تجزیه واریانس مرکب روش امی برای عملکرد دانه ژنوتیپ‌های برنج

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات	درصد
محیط	۵	۲۳۱۲۲۵۷۱**	۳۱/۸۷
خطای محیط	۱۸	۴۷۴۱۴	۲۳
ژنوتیپ	۱۷	۸۸۹۳۹۲۵**	۴۱/۴۸
ژنوتیپ در محیط	۸۵	۱۰۳۵۷۷۲**	۲۴/۱۹
مؤلفه اصلی اول	۲۱	۲۸۵۵۳۴۴**	۶۸/۱
مؤلفه اصلی دوم	۱۹	۶۶۸۸۶۸**	۱۴/۴
مؤلفه اصلی سوم	۱۷	۵۰۶۵۷۴**	۹/۸
مؤلفه اصلی چهارم	۱۵	۳۹۱۳۵۰**	۶/۷
مؤلفه اصلی پنجم	۱۳	۶۸۳۰۰ns	۱
خطای آزمایشی	۳۰۶	۲۶۱۸۳	
کل	۴۳۱	۸۴۳۸۸۷	

ns، * و **: به‌ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد.

شاخص‌های پایداری AMMI و شاخص انتخاب همزمان (Simultaneous selection index, ssi)

لاین ۵ (۵۶۸۴ کیلوگرم در هکتار) و در پی آن لاین‌های ۱۲، ۷، ۲ و ۱ بیشترین میانگین عملکرد دانه را داشتند. کمترین عملکرد دانه هم در ژنوتیپ ۱۵ (رقم خزر) دیده شد (جدول ۴). پنج لاین پایدار بر پایه شاخص پایداری ASV، لاین‌های ۳، ۶، ۹، ۱۰ و ۱۱ بودند که کمترین میزان این آماره را داشتند. پژوهشگران دیگری نیز این شاخص را برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار برنج به‌کار برده‌اند (بوس و همکاران ۲۰۱۴a، بوس و همکاران ۲۰۱۴b، سادیمانتارا و همکاران ۲۰۱۸ و شریفی و همکاران ۲۰۱۷). شاخص SIPC، لاین‌های ۹، ۱۷، ۶، ۱۳ و ۱ را به‌عنوان پایدارترین لاین‌ها شناساند. بر پایه شاخص Dist، ژنوتیپ‌های ۹،

۱۷، ۴، ۵ و ۱۰، پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. شاخص EV، ژنوتیپ‌های ۱۷، ۹، ۱۳، ۶ و ۱۲ را پایدارتر از دیگر ژنوتیپ‌ها نشان داد. شاخص‌های ZA و WAAS که در محاسبه آنها، تمام مؤلفه‌های اصلی معنی‌دار استفاده شده‌اند، لاین‌های ۹، ۶، ۳ و ۱۶ را لاین‌هایی نشان دادند که از پایداری بیشتری برخوردار بودند. شاخص MASV، نیز ژنوتیپ‌های ۹، ۱۷، ۶، ۱۳ و ۳ را به‌عنوان پنج ژنوتیپ پایدار شناسایی کرد. به‌عبارتی دیگر انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار با این روش‌ها، بدون توجه به میانگین عملکرد آنها، به معنی انتخاب برای پایداری عملکرد کم است (یان و همکاران ۲۰۰۷)

ژنوتیپ‌های ۴، ۶، ۱۰، ۱۱، ۱۳، ۱۶ و ۱۷ که هر کدام از آنها توسط یک یا چند شاخص، پایدار بودند، دارای عملکرد دانه‌ای کمتر از عملکرد کل (۴۳۶۰ کیلوگرم در هکتار) بودند، بنابراین به نظر می‌رسد که ارزیابی ژنوتیپ‌ها فقط بر پایه شاخص پایداری و بدون توجه به میانگین عملکرد آنها می‌تواند نتایج اشتباهی را همراه داشته باشد. ازاین‌رو، افزون بر شاخص‌های بالا از شاخص انتخاب هم‌زمان (ssi) بر پایه هر کدام از شاخص‌ها نیز برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بهره گرفته شد. شاخص‌های ssiMMASV، ssiSIPC، ssiDist و ssiEV، لاین‌های ۵، ۹ و ۱۲؛ و شاخص‌های ssiASV، ssiZA و ssiWAAS، لاین‌های ۳، ۵ و ۹ را به‌عنوان برترین لاین‌ها با در نظر گرفتن رتبه پایداری و میانگین عملکرد آنها شناسایی کردند (جدول ۵). از آنجا که در برآورد آماره‌های ssi، به هر دو جنبه پایداری و متوسط عملکرد ژنوتیپ‌ها توجه شده است (۶)، ژنوتیپ‌های شناسانده شده با این شاخص‌ها از اعتبار بیشتری برخوردار بودند، که عملکرد بالا و پایدار را در محیط‌های هدف نشان دهند. بوس و همکاران (۲۰۱۴a) هم از شاخص گزینش هم‌زمان برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و پرمحصول برنج استفاده کردند.

جدول ۴- شاخص‌های پایداری ژنوتیپ‌ها

ژنوتیپ	عملکرد دانه ($kg.ha^{-1}$)	رتبه عملکرد	ارزش پایداری امی (ASV)	ارزش پایداری امی تغییریافته (MASV)	ضریب فاصله (Dist)	مجموع نمره‌های محورهای مؤلفه‌ها (SIPC)	مقدار ویژه پارامتر پایداری (EV)	قدرمطلق سهم نسبی IPC در برهمکنش (Za)	میانگین وزنی نمرات مطلق (WASS)
۱	۴۶۰۷	۵	۲۶/۳	۶۸۷	۱۳/۱۶	۳۰	۰/۰۳۳	۰/۱۲۱	۶/۰۴
۲	۴۶۹۹	۴	۶۳/۱	۱۱۳۱	۱۸/۷۵	۵۰	۰/۰۷۴	۰/۲۳۱	۱۲/۳۰
۳	۴۴۱۸	۸	۱۱/۸	۶۴۹	۱۰/۶۴	۳۷	۰/۱۲۵	۰/۰۸۰	۳/۳۵
۴	۴۲۲۷	۱۲	۳۶/۶	۷۸۸	۸/۱۶	۳۴	۰/۰۶۱	۰/۱۳۸	۷/۲۸
۵	۵۶۸۴	۱	۲۶/۶	۶۸۵	۸/۳۵	۳۱	۰/۰۳۴	۰/۱۲۵	۶/۲۸
۶	۴۲۳۷	۱۱	۱۲/۴	۵۳۲	۹/۵۹	۲۳	۰/۰۲۷	۰/۰۷۱	۳/۲۱
۷	۴۹۰۴	۳	۷۴/۳	۱۱۶۱	۱۶/۵۳	۴۶	۰/۰۵۶	۰/۲۴۱	۱۳/۳۰
۸	۴۴۶۶	۷	۱۱۰	۱۵۳۶	۲۴/۳۸	۴۷	۰/۰۵۴	۰/۳۱۴	۱۸/۲۰
۹	۴۳۲۳	۹	۱۲/۴	۲۸۶	۵/۱۲	۱۶	۰/۰۱۹	۰/۰۵۱	۲/۶۰
۱۰	۴۲۴۰	۱۰	۱۴/۹	۶۶۴	۸/۸	۳۲	۰/۰۳۹	۰/۱۰۳	۴/۶۸
۱۱	۴۱۵۷	۱۳	۱۷/۳	۸۵۷	۱۴/۰۷	۳۸	۰/۰۵۹	۰/۱۲۲	۵/۳۹
۱۲	۵۴۷۰	۲	۴۹/۸	۸۱۵	۱۰/۵۹	۳۱	۰/۰۳۰	۰/۱۶۰	۸/۸۵
۱۳	۴۱۴۸	۱۴	۱۹/۲	۵۸۴	۱۱/۷۱	۲۶	۰/۰۲۴	۰/۰۹۸	۴/۷۰
۱۴	۳۳۵۳	۱۷	۱۶۱	۲۱۵۳	۳۴/۳۱	۵۳	۰/۰۸۷	۰/۴۰۸	۲۴/۵۰
۱۵	۳۲۵۲	۱۸	۱۸۰	۲۴۲۸	۳۸/۵۷	۶۷	۰/۱۱۶	۰/۴۷۸	۲۸/۲۰
۱۶	۳۹۰۸	۱۵	۱۹/۲	۷۲۳	۱۰/۳۶	۳۵	۰/۰۵۶	۰/۱۱۱	۵/۱۷
۱۷	۳۸۸۳	۱۶	۱۹/۶	۴۸۶	۵/۵	۲۱	۰/۰۱۷	۰/۰۸۷	۴/۴۳
۱۸	۴۵۰۴	۶	۲۷/۸	۱۰۹۷	۲۳/۸۰	۴۷	۰/۰۹۰	۰/۱۵۲	۶/۸۵

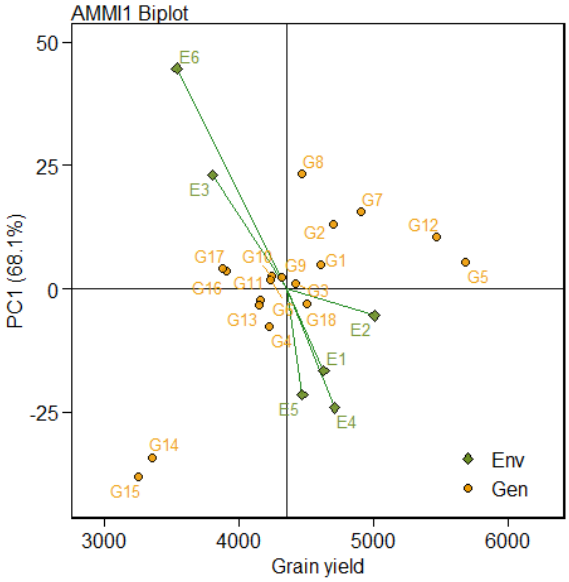
جدول ۵- رتبه ژنوتیپ‌ها و شاخص انتخاب همزمان

ژنوتیپ	رتبه عملکرد دانه	رتبه MASV	رتبه Dist	رتبه ASV	رتبه SIPC	رتبه EV	رتبه ZA	رتبه WAAS	شاخص انتخاب همزمان ssiMASV	شاخص انتخاب همزمان ssiDist	شاخص انتخاب همزمان ssiASV	شاخص انتخاب همزمان ssiSIPC	شاخص انتخاب همزمان ssiEV	شاخص انتخاب همزمان ssiZA	شاخص انتخاب همزمان ssiWAAS
۱	۵	۸	۱۱	۹	۵	۶	۸	۹	۱۳	۱۶	۱۴	۱۰	۱۱	۱۳	۱۴
۲	۴	۱۴	۱۴	۱۴	۱۶	۱۴	۱۴	۱۴	۱۸	۱۸	۱۸	۲۰	۱۸	۱۸	۱۸
۳	۸	۵	۹	۱	۱۱	۱۸	۳	۳	۱۳	۱۷	۹	۱۹	۲۶	۱۱	۱۱
۴	۱۲	۱۰	۳	۱۲	۹	۱۳	۱۱	۱۲	۲۲	۱۵	۲۴	۲۱	۲۵	۲۳	۲۴
۵	۱	۷	۴	۱۰	۷	۷	۱۰	۱۰	۸	۵	۱۱	۸	۸	۱۱	۱۱
۶	۱۱	۳	۶	۲	۳	۴	۲	۲	۱۴	۱۷	۱۳	۱۴	۱۵	۱۳	۱۳
۷	۳	۱۵	۱۳	۱۵	۱۳	۱۰	۱۵	۱۵	۱۸	۱۶	۱۸	۱۶	۱۳	۱۸	۱۸
۸	۷	۱۶	۱۶	۱۶	۱۵	۹	۱۶	۱۶	۲۳	۲۳	۲۳	۲۲	۱۶	۲۳	۲۳
۹	۹	۱	۱	۳	۱	۲	۱	۱	۱۰	۱۰	۱۲	۱۰	۱۱	۱۰	۱۰
۱۰	۱۰	۶	۵	۴	۸	۸	۶	۵	۱۶	۱۵	۱۴	۱۸	۱۸	۱۶	۱۵
۱۱	۱۳	۱۲	۱۲	۵	۱۲	۱۲	۹	۸	۲۵	۲۵	۱۸	۲۵	۲۵	۲۲	۲۱
۱۲	۲	۱۱	۸	۱۳	۶	۵	۱۳	۱۳	۱۳	۱۰	۱۵	۸	۷	۱۵	۱۵
۱۳	۱۴	۴	۱۰	۶	۴	۳	۵	۶	۱۸	۲۴	۲۰	۱۸	۱۷	۱۹	۲۰
۱۴	۱۷	۱۷	۱۷	۱۷	۱۷	۱۵	۱۷	۱۷	۳۴	۳۴	۳۴	۳۴	۳۲	۳۴	۳۴
۱۵	۱۸	۱۸	۱۸	۱۸	۱۸	۱۷	۱۸	۱۸	۳۶	۳۶	۳۶	۳۶	۳۵	۳۶	۳۶
۱۶	۱۵	۹	۷	۷	۱۰	۱۱	۷	۷	۲۴	۲۲	۲۲	۲۵	۲۶	۲۲	۲۲
۱۷	۱۶	۲	۲	۸	۲	۱	۴	۴	۱۸	۱۸	۲۴	۱۸	۱۷	۲۰	۲۰
۱۸	۶	۱۳	۱۵	۱۱	۱۴	۱۶	۱۲	۱۱	۱۹	۲۱	۱۷	۲۰	۲۲	۱۸	۱۷

بای‌پلات AMMI

همان‌گونه که اشاره شد، از آنجا که در این پژوهش، مؤلفه اصلی اول، ۶۸/۱ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ در محیط را توجیه می‌کرد، پایداری بر پایه بای‌پلات حاصل از مؤلفه اصلی اول و عملکرد دانه می‌تواند در شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و برتر بسیار مؤثر باشد. بر این اساس، ژنوتیپ‌های ۱۴، ۱۵ و ۸ دارای مقادیر بزرگ اولین مولفه اصلی (IPC1) بودند، برهمکنش بالایی با محیط داشتند و ژنوتیپ‌های ناپایداری بودند. لاین‌های ۱۲ و ۵ با بیشترین عملکرد دانه و مقادیر پایین نمره در نخستین محور مؤلفه اصلی، لاین‌های برتری از نظر عملکرد دانه و پایداری بودند. لاین‌های ۳ و ۱، نزدیک محور بای‌پلات و دارای عملکردی در حدود متوسط عملکرد کل لاین‌ها بودند، پس می‌توانند به‌عنوان لاین‌های پایدار به‌شمار آورده شوند. همچنین لاین‌های ۹، ۱۰ و ۶ با آنکه سهم پایینی در برهمکنش ژنوتیپ در محیط داشتند، اما عملکرد دانه آنها کمتر از متوسط عملکرد کل ژنوتیپ‌ها بود و در نتیجه نمی‌توانند لاین‌های برتری انگاشته شوند (شکل ۱). از دیگر کاربردهای این نوع بای‌پلات، شناسایی سهم محیط‌ها در برهمکنش ژنوتیپ در محیط است که هر اندازه درازای بردار محیطی کمتر باشد، آن محیط سهم اندکی در برهمکنش ژنوتیپ در محیط دارد (گاچ و همکاران ۲۰۰۸). بر این اساس محیط‌های ۱ (رشت، سال اول)، ۲ (چپرسر، سال اول) و ۵ (چپرسر، سال دوم) کمترین سهم را در برهمکنش ژنویپ در محیط داشتند (شکل ۱). محیط شماره ۶ (استان فارس، سال دوم) با بیشترین طول بردار به‌عنوان یک محیط مناسب برای تفکیک ژنوتیپ‌های برتر می‌باشد. از دیگر نکاتی که در این بای‌پلات می‌تواند دیده شود، این است که دو سال انجام آزمایش در استان فارس، به روشنی از استان‌های شمالی جدا شده است، که تفاوت اقلیمی

مورد انتظار را که در بحث انتخاب محیطها به آن اشاره شد، را به‌خوبی به نمایش می‌گذارد. این روند در تمام بای‌پلات‌های AMMI و GGE بای‌پلات نیز در این مطالعه دیده می‌شود.

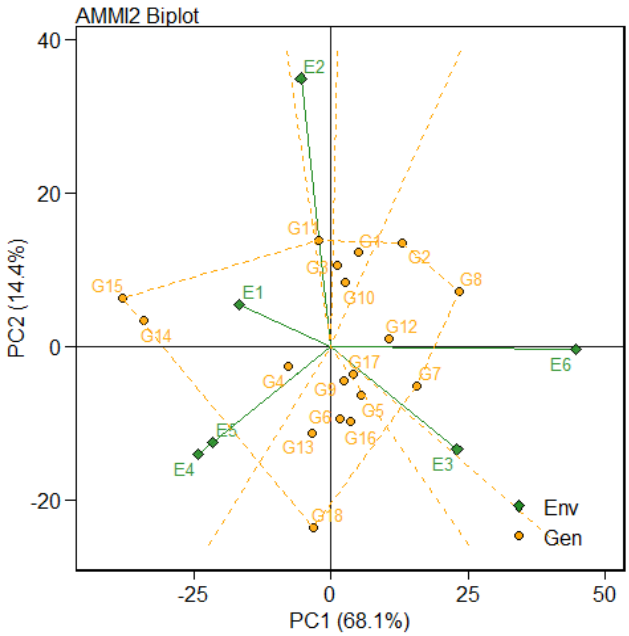


شکل ۱- بای‌پلات AMMI1 برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر برنج بر پایه میانگین عملکرد دانه و مولفه اصلی اول.

PC1 و PC2 به‌ترتیب مؤلفه اصلی اول و دوم هستند؛ شماره‌های ژنوتیپ‌ها و محیطها مطابق با جدول‌های ۱ و ۲ است.

بای‌پلات نوع دوم AMMI، که بر پایه دو مؤلفه اصلی اول کشیده شده است، در مجموع ۸۲/۵ درصد (به‌ترتیب ۶۸/۱ و ۱۴/۴٪) از برهمکنش ژنوتیپ در محیط را توجیه می‌کند و در نتیجه، شایسته‌تر از بای‌پلات نوع اول می‌تواند ژنوتیپ‌های پایدار را بشناساند (شکل ۲). در تطابق با این نتیجه، کریشنامورتی و همکاران (۲۰۱۵) با ارزیابی ۲۷ ژنوتیپ برنج سهم ۴۵ و ۲۸ درصدی دو مؤلفه اصلی اول را در برهمکنش ژنوتیپ در محیط گزارش کرد و با استفاده از بای‌پلات AMMI1، ژنوتیپ‌های پایدار را شناسایی کرد. این بای‌پلات برای شناسایی ژنوتیپ‌های مناسب برای هر محیط نیز پشنهاد شده است (گاچ ۲۰۰۵ و گاچ و همکاران ۲۰۰۸). بر این اساس ژنوتیپ‌های ۱۴ و ۱۵، بهترین ژنوتیپ‌ها برای محیطهای ۱، ۴ و ۵؛ لاین ۱۱ برای محیط ۲ و لاین‌های ۸ و ۷ برای محیطهای ۳ و ۶ بودند. ژنوتیپ‌های ۱۴، ۱۵، ۱۱، ۲، ۸، ۷ و ۱۸ در دورترین فاصله از مبدأ بای‌پلات، سهم بیشتری در برهمکنش ژنوتیپ در محیط داشتند و ناپایدارتر از ژنوتیپ‌هایی بودند که درون چندضلعی جای گرفته بودند. ژنوتیپ‌های ۱۲، ۴، ۱۷، ۹ و ۵ در نزدیکی مبدأ بای‌پلات، پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. گاچ و همکاران (۲۰۰۸) پیشنهاد استفاده از این بای‌پلات را برای ارزیابی جداکنندگی یا تمایز[1] محیطها داده‌اند. بنابراین، محیطهای ۲، ۶، ۳، ۵ و ۴ با بردارهای بلند، از توانایی جداکنندگی بالایی برخوردار بودند و می‌توانند کارایی نسبی ژنوتیپ‌ها را به درستی برآورد کنند. پژوهشگران دیگری نیز با استفاده از نمودارهای بای‌پلات، ژنوتیپ‌های پایدار برنج را شناسایی کرده‌اند (ترنگ و همکاران ۲۰۱۳، اختر و همکاران ۲۰۱۴، الهقلی‌پور و همکاران ۲۰۱۷، شریفی و همکاران ۲۰۱۷، سادیمانتارا و همکاران ۲۰۱۸ و مومنی و همکاران ۲۰۱۹، شریفی و همکاران ۲۰۲۰a، رایاهو ۲۰۲۰ و چلوئی و همکاران ۲۰۲۰).

[1] Discriminating



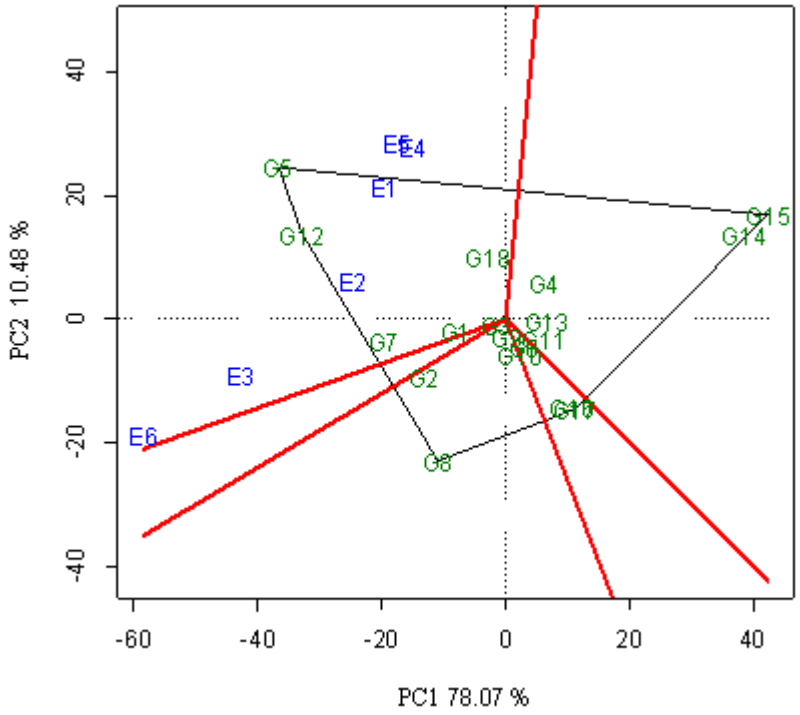
شکل ۲- بای‌پلات AMMI2 برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر برنج بر پایه دو مولفه اصلی اول.

PC1 و PC2 به‌ترتیب مؤلفه اصلی اول و دوم هستند؛ شماره‌های ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها مطابق با جدول‌های ۱ و ۲ است.

GGE بای‌پلات

علاوه بر تجزیه AMMI و بای‌پلات‌های مربوطه، از GGE بای‌پلات هم برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها استفاده شد. دو مؤلفه اصلی اول در مجموع ۸۸/۵۵ درصد (به‌ترتیب ۷۸/۰۷ و ۱۰/۴۸) از کل تغییرات برهمکنش ژنوتیپ در محیط را توجیه می‌کردند (شکل ۳). همان‌گونه که دیده می‌شود، سهم دو مؤلفه اصلی اول و دوم در دو روش AMMI و GGE بای‌پلات متفاوت است. در پژوهش‌های دیگری هم بین نسبت توجیه شده توسط دو مؤلفه اصلی اول در این دو روش تفاوت مشاهده شده است (یان و همکاران ۲۰۰۷، جادهاو و همکاران ۲۰۱۹، لینگایا و همکاران ۲۰۲۰ و زودو و همکاران ۲۰۲۰)، که در ادامه این بخش به دلایل آن پرداخته خواهد شد. از آنجا که در تجزیه GGE بای‌پلات، برخلاف بای‌پلات AMMI، به هر دو اثر ژنوتیپ (G) و برهمکنش ژنوتیپ در محیط (GE) توجه می‌شود و در آن، مؤلفه اصلی اول، بیانگر اثر ژنوتیپ و مؤلفه اصلی دوم، بیانگر اثر برهمکنش ژنوتیپ در محیط است (یان و کنگ ۲۰۰۲)، در اینجا نیز همانند تجزیه واریاس، سهم بالای مؤلفه اصلی اول، نشانگر سهم بالای ژنوتیپ در مقایسه با برهمکنش ژنوتیپ در محیط از تنوع کل است. نمای چندضلعی بای‌پلات، از به‌هم پیوستن ژنوتیپ‌های جای گرفته در دورترین نقطه از مرکز بای‌پلات کشیده می‌شود، به‌طوری‌که، همه ژنوتیپ‌ها درون این چندضلعی قرار گیرند. دورترین ژنوتیپ‌ها از مرکز، در واقع ژنوتیپ‌های با بهترین عملکرد در محیط‌های زیر مجموعه‌ی خود یا محیط‌های درون آن بخش هستند (یان، ۲۰۰۱). از ویژگی این نوع بای‌پلات این است که می‌تواند ژنوتیپ سازگار به هرکدام از محیط‌ها را نیز شناسایی کند، به‌طوری‌که ژنوتیپ جای‌گرفته در رأس در هر بخش، بهترین ژنوتیپ برای محیط‌های واقع در آن بخش است (یان و کنگ ۲۰۰۲). این نمای بای‌پلات به پنج ناحیه تقسیم شد که در ناحیه اول، لاین ۱۲ در رأس آن بود. از آنجا که محیط‌های ۲، ۳ و ۶ درون این ناحیه قرار داشت، پس می‌توان نتیجه گرفت که لاین‌های ۷ و ۱۲ مناسب این محیط‌ها بودند. در ناحیه بعدی، لاین ۵ در رأس و محیط‌های ۱، ۴ و ۵ درون آن قرار داشتند. بنابراین برای این محیط‌ها، لاین یادشده بهترین لاین بود. در رأس سه بخش دیگر، ژنوتیپ‌های ۱۵، ۱۶ و ۸ قرار داشتند که برای هیچ‌کدام از محیط‌ها سازگاری خصوصی نداشتند. ژنوتیپ‌های ۱، ۳، ۴، ۶، ۹، ۱۰، ۱۱،

۱۳ و ۱۸ در نزدیکی مبدأ بای‌پلات، ژنوتیپ‌های با پایداری عمومی بودند. البته برخی از این ژنوتیپ‌ها با توجه با عملکرد پایین‌شان نمی‌توانند ژنوتیپی برتر در نظر گرفته شوند.

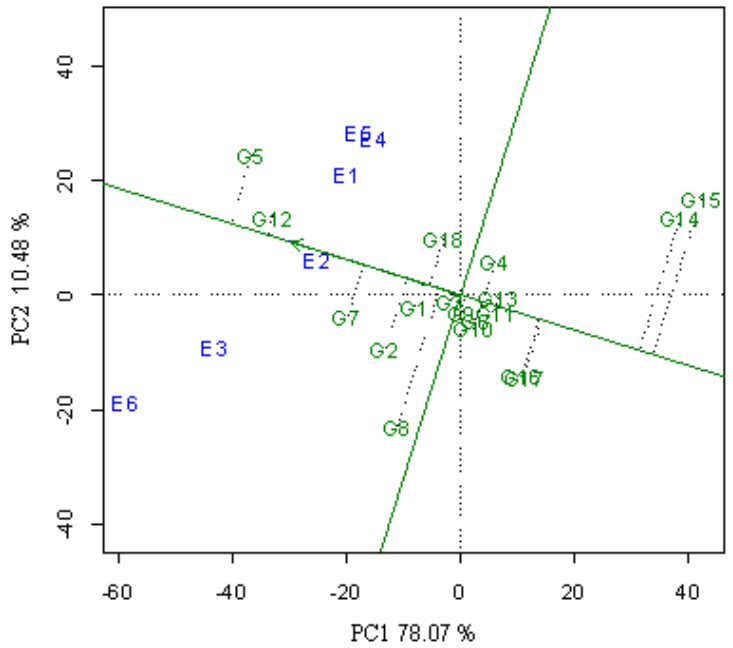


شکل ۳- نمای چند ضلعی GGE بای‌پلات بر اساس داده‌های عملکرد دانه ۱۸ ژنوتیپ برنج آزمایش شده در ۶ محیط.
PC1 و PC2 به‌ترتیب مؤلفه اصلی اول و دوم هستند؛ شماره‌های ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها مطابق با جدول‌های ۱ و ۲ است.

بررسی همزمان عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌ها با استفاده از تعریف یک محیط (یا تستر) متوسط (ATC)[1] در بای‌پلات GGE در شکل ۴ انجام شده است. محیط متوسط، در واقع یک محیط مجازی است که به وسیله‌ی دایره‌ای کوچک نشان داده می‌شود و نزدیک به انتهای فلش محور ATC قرار دارد. در نمای تستر متوسط بای‌پلات، ژنوتیپ‌های ۵، ۱۲، ۷، ۲، ۱، ۱۸ و ۸ بیش‌ترین میزان عملکرد دانه را نسبت به متوسط عملکرد دانه داشتند و ژنوتیپ‌های دیگر، عملکردی کمتر از میانگین عملکرد کل داشتند (شکل ۴). در این نمای بای‌پلات، فاصله عمودی ژنوتیپ‌ها از محور ATC، نمایانگر ناپایداری یک ژنوتپ است. بر این اساس ژنوتیپ‌های ۱۴، ۱۵ و ۸، ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند و عملکرد بسیار متغیری در محیط‌های مختلف داشتند. سایر ژنوتیپ‌ها، نزدیک به محور ATC و در نتیجه پایدارترین آن‌ها بودند. لاین ۱۲، در ضمن داشتن متوسط عملکرد بالا، از پایداری بالایی نیز در محیط‌های مختلف برخوردار بود (شکل ۴).

در شکل ۵ که نمای برداری GGE بای‌پلات است، محیط‌ها با خط‌هایی به مبدأ بای‌پلات وصل شده‌اند که با آن می‌توان به درکی از روابط بین محیط‌ها دست یافت. این نمای بای‌پلات، با بررسی همبستگی بین محیط‌ها به حفظ یا حذف محیط‌ها در آزمایش‌های بعدی کمک می‌کند که می‌تواند سبب کاهش هزینه و افزایش بازده اصلاحی شود (یان و راجکان ۲۰۰۲). محیط‌های ۴ و ۵ دارای همبستگی با یکدیگر بودند. در سوی دیگر،

[1] Average Tester Coordinate (ATC)



شکل ۴- نمایش میانگین مختصات تستر (ATC) از بای‌پلات GGE بر اساس داده‌های عملکرد دانه ۱۸ ژنوتیپ برنج آزمایش شده در ۶ محیط.

PC1 و PC2 به‌ترتیب مؤلفه اصلی اول و دوم هستند؛ شماره‌های ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها مطابق با جدول‌های ۱ و ۲ است.

محیط‌های ۳ و ۶ نیز دارای همبستگی بالایی با یکدیگر بودند (شکل ۵). در اینجا نیز، بلندی بردارهای محیطی، می‌توانند توانایی جداکنندگی محیط‌ها را مشخص کنند، به شکلی که هراندازه بردار محیطی بلندتر باشد، آن محیط می‌تواند کارایی نسبی ژنوتیپ‌ها را به درستی برآورد کند (یان و همکاران ۲۰۰۰). بر این اساس، محیط‌های ۳ و ۶، بیشترین توانایی جدکنندگی را داشتند. حال آنکه محیط‌های دیگر که درون چندضلعی قرار داشتند و دارای بردارهای کوتاه‌تری بودند، کمترین توانایی جداکنندگی را بین ژنوتیپ‌ها داشتند و اطلاعات اندکی درباره ژنوتیپ‌ها فراهم می‌آوردند. از سوی دیگر زاویه کمتر هر محیط با محور ATC، نمایانندگی[1] آن محیط را نشان می‌دهد (یان و همکاران ۲۰۰۰)، که بر این اساس محیط ۲ بیشترین نمایانندگی را داشت و این محیط می‌تواند اطلاعات زیادی درباره ژنوتیپ‌ها ارائه دهد (شکل ۵).

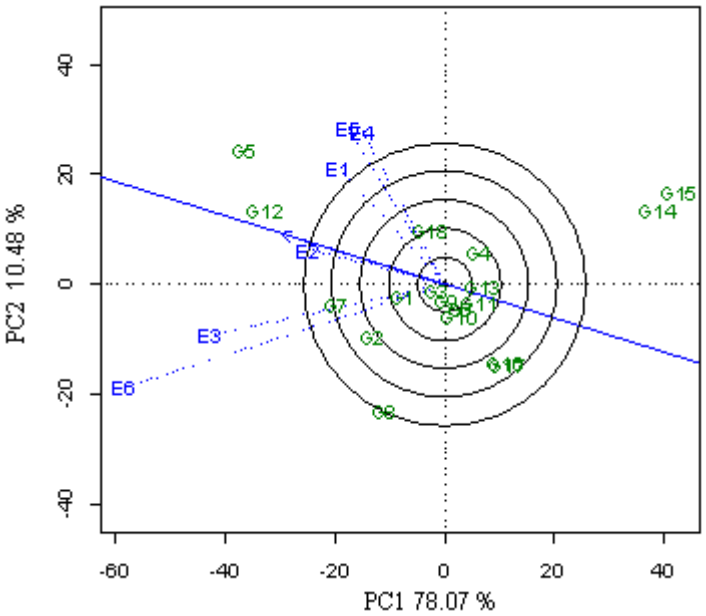
مقایسه بین نتایج بای‌پلات‌های AMMI و GGE

بای‌پلات GGE، بر روی داده‌های تصحیح شده بر اساس تستر (محیط)[2] کشیده می‌شود که اطلاعاتی از G+GE را در بر دارد، حال آنکه بای‌پلات AMMI بر روی داده‌های تصحیح شده دوطرفه[3] (تصحیح به‌وسیله میانگین ژنوتیپ و محیط) فقط شامل اطلاعاتی از GE است (یان و همکاران، ۲۰۰۰). در این پژوهش، عملکرد لاین‌های ۵، ۱۲، ۷، ۲ و ۱ بیشتر از ژنوتیپ‌های دیگر بود. از بین این لاین‌ها، بر پایه شاخص‌های AMMI، لاین‌های ۵ و ۱۲ که جزء لاین‌های پایدار نبودند، هنگامی‌که از شاخص‌های ssi بر پایه شاخص‌های AMMI استفاده شد، برترین لاین‌ها بودند. بنابراین توجه همزمان به پایداری و عملکرد می‌تواند نتیجه بهتری را فراهم آورد. در این راستا یان (۲۰۲۱) اظهار داشته است، هنگامی‌که آزمایش به اندازه کافی بزرگ نباشد، همانند آزمایش حاضر، انتخاب ژنوتیپ‌ها باید بیشتر بر پایه متوسط عملکرد ژنوتیپ‌ها استوار باشد،

[1] Representative

[2] Tester centered

[3] Double-centered



شکل ۵- نمای برداری GGE بای‌پلات که روابط بین محیط‌های آزمایش را نشان می‌دهد. PC1 و PC2 به‌ترتیب مؤلفه اصلی اول و دوم هستند؛

شماره‌های ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها مطابق با جدول‌های ۱ و ۲ است.

نه بر پایداری آنها. بنابراین بر پایه این شاخص‌های انتخاب همزمان، شناسایی لاین‌های ۵ و ۱۲ به‌عنوان لاین‌های پایدار از اعتبار بالایی برخوردار است. در بای‌پلات AMMI1 نیز این دو لاین برتر از لاین‌های دیگر از نظر پایداری و متوسط عملکرد بودند. در بای‌پلات AMMI2، نیز ژنوتیپ‌های ۱۲، ۴، ۱۷، ۹ و ۵ در مرکز بای‌پلات، برتر از دیگر ژنوتیپ‌ها بودند. مقایسه‌ای بین بای‌پلات‌های AMMI2 و GGE، تفاوت‌هایی را در نتایج نشان می‌دهد. به‌طوری‌که علاوه بر متفاوت بودن سهم دو مؤلفه اصلی اول و دوم در تنوع کل، لاین‌های ۵ و ۱۲ که در بای‌پلات AMMI2 پایداری عمومی داشتند، در نمای چندضلعی بای‌پلات GGE، لاین‌های ۱۲ و ۵ به‌ترتیب دارای سازگاری خصوصی به محیط‌های ۲، ۳ و ۶ و محیط‌های ۱، ۴ و ۵ بودند. همچنین در نمای ATC بای‌پلات GGE، این دو لاین در نزدیکی محیط متوسط، لاین‌هایی برتر از نظر عملکرد و پایداری بودند. تفاوت دیگر در نمای جداکنندگی دو بای‌پلات بود که در GGE بای‌پلات، محیط‌های ۳ و ۶ و در AMMI2، تمام محیط‌ها به جزء محیط ۱، از قدرت جداکنندگی بالایی برخوردار بودند. بای‌پلات‌های AMMI و GGE هر دو به دنبال یافتن ژنوتیپ‌های پایدار یا دارای سازگاری خصوصی هستند و بهتر است که هر دو این بای‌پلات‌ها برای یک سری از داده‌ها استفاده شوند، که این کار به پژوهشگران اجازه می‌دهد تا اطلاعات مفیدتری را از داده‌های خود استخراج کنند، در نتیجه کارایی گزینش ژنوتیپ‌های برتر را افزایش می‌دهد (گاچ ۲۰۰۶).

در ارتباط با برتری کدام یک از این دو روش بحث‌های زیادی بین دو دسته از پژوهشگران وجود داشته است. یان و کنگ (۲۰۰۲) اظهار داشتند که با وجود آنکه این دو بای‌پلات ممکن است اطلاعات یکسانی را نشان دهند، ولی بیشتر ویژگی‌ها یا عملکردهای GGE بای‌پلات در بای‌پلات AMMI کاربرد ندارند. افزون بر این، اگر هدف رسیدن به این موضوع است که کدام رقم در کدام محیط برتر است، باید احتیاط کرد که بای‌پلات AMMI می‌تواند در این زمینه گمراه‌کننده باشد .همچنین اگرچه بای‌پلات GGE، اثر G را از GE جدا نمی‌کند، امّا انتخاب ارقام برپایه GE (کاری که تجزیه AMMI انجام می‌دهد) به‌تنهایی نه مطلوب کشاورزان و

نه به‌نژادگران است. در پاسخ به این شبهه، گاچ (۲۰۰۶) به برتری بای‌پلات AMMI بر GGE بای‌پلات به‌دلایل بیشتر کشاورزی و نه آماری اشاره کرد و اظهار داشت که از آنجا که AMMI، تنوع کلی را به اثرات اصلی ژنوتیپ، اثرات اصلی محیط و برهم‌کنش‌های ژنوتیپ در محیط تقسیم می‌کند، از کارایی بیشتری برخوردار است. یان (۲۰۰۷) در پاسخ برای برتری GGE بای‌پلات به دلایلی اشاره کرد از جمله اینکه بای‌پلات GGE نسبت به نمودار AMMI1 در تجزیه ابرمحیط و ارزیابی ژنوتیپ، برتر است؛ زیرا بیشتر G+GE را توضیح می‌دهد و دیگر اینکه از دیدگاه قدرت تمایز و نمایانندگی، بای‌پلات GGE در ارزیابی محیط‌های آزمایشی موثر است، که در تجزیه و تحلیل AMMI امکان‌پذیر نیست. گاچ و همکاران (۲۰۰۸) در پاسخ بیان داشتند که نمایشگر ابرمحیط AMMI2 بیشتر اثر اصلی ژنوتیپ را شامل می‌شود و مقدار بیشتری از برهم‌کنش ژنوتیپ-محیط (GE) را نسبت به GGE2 به نمایش می‌گذارد، در نتیجه الگوی "کدام-برتر-کجا"[1] را با دقت بیشتری برای مجموعه داده‌های پیچیده نمایش می‌دهد. هنگامی‌که برهم‌کنش GE توسط یک مؤلفه اصلی به خوبی توجیه می‌شود، بای‌پلات AMMI1، ژنوتیپ‌های برتر و پاسخ‌های سازگار را به سادگی و واضح‌تر از بای‌پلات GGE2 توصیف می‌کند. در پاسخ به توجیه‌های گاچ و همکاران (۲۰۰۸)، یان (۲۰۱۱) گفت که بای‌پلات GGE در ارزیابی محیط آزمایش کارایی دارد و اطلاعات بیشتری نسبت به نمودارهای AMMI دارند. همچنین ترسیم بای‌پلات‌های، GGE ساده‌تر از نمودارهای AMMI است و در حالی‌که نماهای مختلف بای‌پلات GGE را می‌توان برای پرداختن به هر سه جنبه از تجزیه داده‌های چندمحیطی (یعنی ترسیم محیط بزرگ، ارزیابی ژنوتیپ و ارزیابی محیط آزمایش) استفاده کرد، یک نمودار باید در تجزیه AMMI برای پرداختن به هر جنبه ساخته شود. همچنین یان (۲۰۲۱) اظهار داشته است که تجزیه AMMI به‌عنوان وسیله‌ای برای جداسازی GE واقعی از خطا در GE است (گاچ ۲۰۱۳)، اما بای‌پلات AMMI1، نمایش گرافیکی موثری از G+GE نیست، زیرا G اغلب با E بسیار بزرگتر در آن پوشانده می‌شود، زیرا محورهای G و GE در این نمودار دارای واحدهای مختلفی هستند و بنابراین، این نمودار، ویژگی یک بای‌پلات واقعی را ندارد. اما نمای ATC از بای‌پلات GGE یک ابزار مناسب برای تجزیه داده‌های ژنوتیپ در محیط و برای انتخاب چشمی از نظر متوسط عملکرد و در برابر ناپایداری است (یان ۲۰۲۱).

شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بر پایه شاخص برتری لین و بینز

شاخص برتری (PI) لین و بینز (۱۹۸۸) هم برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار در تمام محیط‌ها (Pi_a)، محیط‌های مطلوب (Pi_f) و محیط‌های نامطلوب (Pi_u) به‌کار گرفته شد. لاین‌های ۵، ۱۲ و ۷ بر پایه هر سه شاخص، پایدارتر از لاین‌های دیگر بودند؛ به عبارتی دیگر این لاین‌ها هم در محیط‌های مطلوب و هم در محیط‌های نامطلوب برتر از لاین‌های دیگر بودند. این شاخص توانایی تولید و پایداری ژنوتیپ‌ها را با هم تلفیق می‌کند و ژنوتیپ با تظاهر نزدیک به بیشترین میزان عملکرد در محیط‌های مختلف را ژنوتیپ پایدار می‌شناساند. از این‌رو، به هدف به‌نژادگران مبنی بر یافتن رقمی پرمحصول در بیشتر محیط‌ها، بسیار نزدیک است و می‌تواند ژنوتیپ‌های برتر را شناسایی کند (لین و بینز ۱۹۸۸).

روابط بین پارامترهای مختلف پایداری

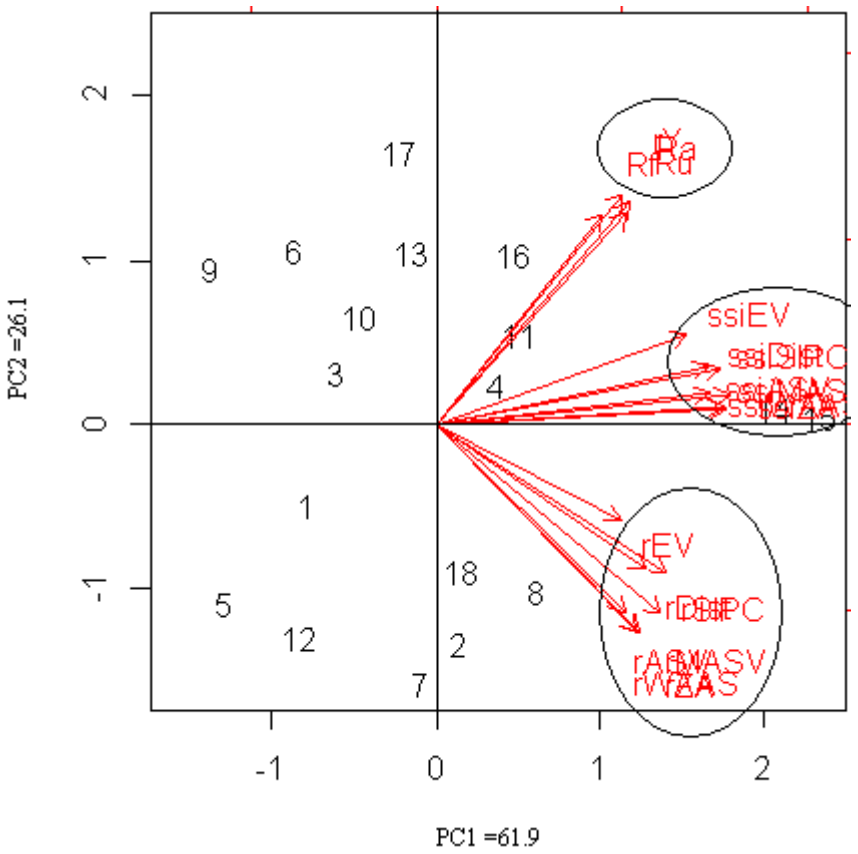
برای ارزیابی روابط بین شاخص‌ها می‌توان از روش تجزیه همبستگی و یا روش‌های چندمتغیره همچون تجزیه مؤلفه‌های اصلی بر روی ماتریس همبستگی بهره گرفت (کنگ و فام، ۱۹۹۱). بر این اساس، شاخص‌های مختلف اندازه‌گیری شده در این مطالعه در سه گروه قرار گرفتند. گروه اول، شامل رتبه عملکرد و R_a، R_f و R_u (یعنی رتبه ژنوتیپ‌ها از نظر شاخص‌های برتری لین و بینز) بود. در گروه دوم، تمام شاخص‌های ssi و در گروه سوم، رتبه تمام شاخص‌های AMMI قرار داشتند (شکل ۶). از آنجا که

۱ Which-won-where

شاخص‌های در نزدیکی عملکرد دانه می‌توانند به‌عنوان بهترین شاخص برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و پایداری استفاده شوند، از بین شاخص‌های مطالعه شده، سه شاخص برتری لین و بینز، شاخص‌های مناسبی برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار تشخیص داده شدند. بر اساس این سه شاخص، لاین‌های ۵، ۱۲ و ۷، پایدارتر از لاین‌های دیگر بودند و بنابراین، می‌توان با اطمینان بیشتری به این انتخاب نگریست. همچنین این شاخص‌ها با توجه به همبستگی بالا با عملکرد دانه مفهوم پویای پایداری را نشان می‌دهند (کانگ و فام، ۱۹۹۱). البته تمام شاخص‌های ssi، چون دارای همبستگی مثبت با عملکرد دانه هستند، می‌توانند به‌عنوان شاخص‌های مناسبی تشخیص داده شوند، حال آنکه شاخص‌های AMMI، همبستگی با عملکرد دانه ندارند، به همین دلیل در شناسایی ژنوتیپ‌های برتر با این شاخص‌ها (جدول ۴)، ژنوتیپ‌های با عملکرد پایین نیز به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار شناسانده شده بودند.

جدول ۶- شناسایی ژنوتیپ‌های برتر برنج با شاخص برتری در کل محیط‌ها، محیط‌های مطلوب و نامطلوب

ژنوتیپ	عملکرد دانه ($Kg.ha^{-1}$)	شاخص برتری در کل محیط‌ها Pi_a	رتبه R_a	شاخص برتری در محیط‌های مطلوب Pi_f	رتبه R_f	شاخص برتری در محیط‌های نامطلوب Pi_u	رتبه R_u
۱	۴۶۰۷	۷۵۳۹۹۷	۵	۷۷۶۱۰۸	۴	۷۰۹۷۷۶	۶
۲	۴۶۹۹	۷۰۷۶۹۳	۴	۸۹۰۰۳۱	۶	۳۴۳۰۱۶	۵
۳	۴۴۱۸	۹۸۶۱۱۰	۷	۹۱۳۴۸۴	۷	۱۱۳۱۳۶۲	۹
۴	۴۲۲۷	۱۲۷۳۸۳۲	۱۲	۹۹۰۴۰۹	۸	۱۸۴۰۶۷۷	۱۵
۵	۵۶۸۴	۲۳۶۵۲	۱	۳۵۴۷۸	۱	۲۱۵	۱
۶	۴۲۳۷	۱۲۱۴۶۹۹	۱۰	۱۲۱۵۱۵۴	۱۲	۱۲۱۳۷۸۹	۱۰
۷	۴۹۰۴	۴۴۶۴۷۱	۳	۶۱۱۱۷۸	۳	۱۱۷۰۵۶	۳
۸	۴۴۶۶	۱۰۱۱۶۶۶	۸	۱۳۷۱۲۰۳	۱۴	۲۹۲۵۹۱	۴
۹	۴۳۲۳	۱۰۵۷۹۱۷	۹	۱۰۵۳۹۹۱	۹	۱۰۶۵۷۶۹	۸
۱۰	۴۲۴۰	۱۲۲۴۲۲۵	۱۱	۱۱۷۴۳۷۸	۱۱	۱۳۲۳۹۱۸	۱۱
۱۱	۴۱۵۷	۱۳۸۸۱۲۷	۱۴	۱۱۴۵۲۳۹	۱۰	۱۸۷۳۹۰۴	۱۶
۱۲	۵۴۷۰	۸۷۵۲۴	۲	۱۲۹۶۳۰	۲	۳۳۱۴	۲
۱۳	۴۱۴۸	۱۳۶۰۸۵۹	۱۳	۱۲۳۰۷۷۱	۱۳	۱۶۲۱۰۳۴	۱۲
۱۴	۳۳۵۳	۳۴۱۶۵۴۱	۱۷	۱۶۰۴۰۴۰	۱۶	۷۰۴۱۵۴۳	۱۷
۱۵	۳۲۵۲	۳۷۴۷۴۸۶	۱۸	۱۵۸۷۰۶۵	۱۵	۸۰۶۸۳۲۸	۱۸
۱۶	۳۹۰۸	۱۷۹۶۵۴۴	۱۵	۱۸۶۷۳۰۸	۱۸	۱۶۵۵۰۱۷	۱۳
۱۷	۳۸۸۳	۱۷۹۸۵۰۱	۱۶	۱۸۳۷۵۵۴	۱۷	۱۷۲۰۳۹۳	۱۴
۱۸	۴۵۰۴	۸۸۳۸۸۳	۶	۸۵۹۴۶۵	۵	۹۳۲۷۲۱	۷



شکل ۶- نمودار بای‌پلات برای ارزیابی روابط بین شاخص‌های پارامتری و ناپارمتری پایداری در ژنوتیپ‌های برنج.

شماره ژنوتیپ‌ها و عنوان شاخص‌ها به‌ترتیب مطابق با جدول‌های ۱ و ۵ است.

نتیجه‌گیری کلی

تجزیه واریانس جداگانه در هر کدام از محیط‌ها نشان‌دهنده اثر معنی‌دار ژنوتیپ در تمام محیط‌های مطالعه شده برای عملکرد دانه بود. تجزیه واریانس مرکب اثر معنی‌دار ژنوتیپ، محیط و برهمکنش ژنوتیپ در محیط در مجموع مربعات کل را نشان داد. سهم بیشتر ژنوتیپ در مقایسه با دو منبع دیگر در مجموع مربعات کل نشان می‌دهد که موتاسیون توانسته است تنوع کافی در مواد ژنتیکی پدید آورد. بر پایه شاخص پایداری ASV، لاین‌های ۳، ۶، ۹، ۱۰ و ۱۱؛ شاخص SIPC، ژنوتیپ‌های ۹، ۱۷، ۶ و ۱۳؛ شاخص Dist، ژنوتیپ‌های ۹، ۱۷، ۴ و ۵؛ شاخص EV، ژنوتیپ‌های ۱۷، ۹، ۱۳ و ۶؛ شاخص‌های ZA و WAAS، ژنوتیپ‌های ۹، ۶، ۳ و ۱۶ و شاخص MASV، ژنوتیپ‌های ۹، ۱۷، ۶ و ۱۳ پایدار بودند. ژنوتیپ‌های ۴، ۶، ۱۰، ۱۱، ۱۳، ۱۶ و ۱۷ که هر کدام از آنها توسط یک یا چند شاخص، پایدار بودند، دارای عملکرد دانه‌ای کمتر از عملکرد کل (۴۳۶۰ کیلوگرم در هکتار) بودند، بنابراین شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بر پایه شاخص پایداری، بدون توجه به میانگین عملکرد ژنوتیپ‌ها می‌تواند دارای اشکال باشد. از این‌رو از شاخص انتخاب همزمان (ssi) بر پایه هر کدام از شاخص‌ها نیز برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بهره گرفته شد و شاخص‌های ssiMASV، ssiSIPC، ssiDist و ssiEV، لاین‌های ۵، ۹ و ۱۲؛ و شاخص ssiASV، ssiZA و ssiWAAS، لاین‌های ۳، ۵ و ۹ را به‌عنوان برترین لاین‌ها با در نظر گرفتن رتبه پایداری و میانگین عملکرد آنها شناسایی کردند. بر پایه بای‌پلات AMMI1، لاین‌های ۱۲، ۵، ۳ و ۱، لاین‌هایی پایدار و با عملکرد بالاتر از میانگین کل بودند. بر پایه بای‌پلات AMMI2، ژنوتیپ‌های ۱۲، ۴، ۱۷، ۹ و ۵ در نزدیکی مبدأ بای‌پلات، پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. نماهای مختلف GGE بای‌پلات نیز لاین‌های ۱۲ و ۵ را افزون بر داشتن عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل، پایدار تشخیص دادند. شاخص برتری در کل محیط‌ها،

محیط‌های مطلوب و محیط‌های نامطلوب لاین‌های ۵، ۱۲ و ۷ را پایدارترین لاین‌ها شناساند. از تجزیه مؤلفه‌های اصلی و بای‌پلات مربوطه برای ارزیابی روابط بین شاخص‌ها استفاده شد و نشان داده شد که شاخص‌های برتری لین و بینز در درجه اول و تمام شاخص‌های ssi در رتبه بعدی، شاخص‌های مناسبی برای شناسایی لاین‌های پایدار و با عملکرد بالا در این پژوهش بودند. در مجموع و بر پایه تمام شاخص‌ها، لاین‌های ۵ و ۱۲ پایدارترین و پرمحصول‌ترین لاین‌ها بودند.

سپاسگزاری

این مقاله، برگرفته از نتایج پروژه پژوهشی به شماره مصوب ۹۴۱۱۱-۰۴۵۵-۰۴-۰۳ و با عنوان "تجزیه پایداری و آزمون تعیین ارزش زراعی لاین‌های حاصل از موتاسیون ارقام محلی برنج" در موسسه تحقیقات برنج کشور (رشت) می‌باشد.

منابع مورد استفاده

Ahmadi K, Ebadzadeh H, Hatami F, Abdoshah H and Kazemian A. 2020 Agricultural statistics 2018-19 croping year. Crop Products. Ministry of Jihad Agriculture. 97 P.

Akter A, Jamil Hassan M, Umma Kulsum M, Islam MR, Hossain K and Mamunur Rahman M. 2014. AMMI biplot analysis for stability of grain yield in hybrid rice (*Oryza sativa* L.). Journal of Rice Research, 2(2): 126-138. doi: 10.4172/jrr.1000126.

Allahgholipour M. 2017. Analysis of grain yield stability of new rice (*Oryza sativa* L.) genotypes originated from Iranian local cultivars. Iranian Journal of Crop Science, 18(4): 288-301. (In Persian).

Bernal EF and Villardon PG. 2016. GGEBiplotGUI: Interactive GGE Biplots in R. https://cran.r-project.org/web/packages/GGEBiplotGUI/index.html.

Bose LK, Jambhulkar NN and Singh, ON. 2014b. Additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis of grain yield stability in early duration rice. Journal of Animal and Plant Science, 24(6): 1885–1897.

Bose LK, Jambhulkar NN, Pande K and Singh ON. 2014a. Use of AMMI and other stability statistics in the simultaneous selection of rice genotypes for yield and stability under direct-seeded conditions. Chilean Journal of Agriculture Research, 74 (1): 1–7.

Cheloei GR, Ranjbar GA, Babaeian N, Bagheri N and Nouri MZ. 2020. Using AMMI model and its parameters for yield stability analysis of rice (*Oryza sativa* L.) advanced mutant genotypes of Tarrom-Mahalli. Iranian Journal of Genetics and Plant Breeding, 9(1): 70-83.

Crossa J. 1990. Statistical analyses of multilocation trials. Advances in Agronomy, 44: 55-85.

FAO 2017. Rice production. http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC

Farshadfar E. 2008. Incorporation of AMMI stability value and grain yield in a single non-parametric index (GSI) in bread wheat. Pakistan Journal of Biological Science, 11(14): 1791–1796. doi:10.3923/pjbs.2008.1791.1796.

Gabriel KR. 1971. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. Biometrika, 58(3): 453–467.

Gauch HG and Zobel RW. 1988. Predictive and postdictive success of statistical analyses of yield trials. Theoretical and Applied Genetics, 76: 1-10.

Gauch HG, Piepho HP and Annicchiarico P. 2008. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. Crop Science, 48: 866–889. doi: 10.2135/cropsci2007.09.0513

Gauch HG. 1988. Model selection and validation for yield trials with interaction. Biometrics, 44(3): 705–715. doi:10.2307/2531585

Gauch HG. 2006. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. Crop Science, 46: 1488–1500. doi: 10.2135/cropsci2005.07-0193

Gauch HG. 2013. A simple protocol for AMMI analysis of yield trials. Crop Science, 53: 1860–1869. doi: 10.2135/cropsci2013.04.0241.

Huang X, Jang S, Kim B, Piao Z, Redona E, Koh HJ. 2021. Evaluating genotype - Environment interactions of yield traits and adaptability in rice cultivars grown under temperate, subtropical and tropical environments. Agriculture, 11: 558. https://doi.org/10.3390/agriculture11060558.

Jadhav, S, Balakrishnan D, Shankar GV, Beerelli K, Chandu G and Neelamraju S. 2019. Genotype by environment (G×E) interaction study on yield traits in different maturity groups of rice. Journal Crop Science and Biotechnology, 22(5):425 -449

Kang MS and Pham HN. 1991 Simultaneous selection for high yielding and stable crop genotypes. Agronomy Journal, 83: 161–165.

Katsura K, Tsujimoto Y, Oda M, Matsushima K, Inusah B, Dogbe W and Sakagami JI. 2016. Genotype-by-environment interaction analysis of rice (*Oryza* spp.) yield in a floodplain ecosystem in West Africa. European Journal of Agronomy, 73: 152–159.

Kesh H, Kharb R, Ram K, Munjal R, Kaushik P and Kumare D. 2021. Adaptability and AMMI biplot analysis for yield and agronomical traits in scented rice genotypes under diverse production environments. Indian Journal of Traditional Knowledge, 20(2): 550-562.

Krishnamurthy SL, Pundir P, Singh YP, Sharma SK, Sharma PC and Sharma DK. 2015. Yield stability of rice lines for salt tolerance using additive main effects and multiplicative interaction analysis – AMMI. Journal of Soil Salinity and Water Quality, 7(2): 98-106.

Krishnamurthy SL, Sharma PC, Sharma DK, Ravikiran KT, Singh YP, Mishra VK, Burman D, Maji B, Mandal S, Sarangi SK, Gautam RK, Singh PK, Manohara KK, Marandi BC, Padmavathi G, Vanve PB, Patil KD, Thirumeni S, Verma OP, Khan AH, Tiwari S, Geetha S, Shakila M, Gill1 R, Yadav VK, Roy SKB, Prakash M, Bonifacio J, Ismail A, Gregorio GB and Singh RK. 2017. Identification of megaenvironments and rice genotypes for general and specific adaptation to saline and alkaline stresses in India. Scientific Reports, 7: 7968.doi:10.1038s41598-017-08532-7.

Lin CS and Binns MR. 1988. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. Canadian Journal of Plant Science, 68: 193-198.

Lingaiah N, Satish Chandra B, Venkanna V, Rukmini Devi K and Hari Y. 2020. AMMI Bi plot analysis for genotype x environment interaction on yield in rice (*Oryza sativa* L.) genotypes. Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry, 9(3): 1384-1388

Mohaddesi A, Erfani R, Sharifi P, Aminpanah H and Abbasian A. 2017. Studying the relationships between yield and yield components and stability of some of rice genotypes using biplot method. Cereal Research, 6(4): 411-421. (In Persian).

Moumeni A, Mohaddesi A, Amo-oughli-Tabari M, Tavassoli-Larijani F and Khosravi V. 2019. Stability analysis and genotype × environment interaction for grain yield of rice (*Oryza sativa* L.) promising breeding lines. Iranian Journal of Crop Science, 20(4): 329-343. (In Persian).

Olivoto T and DalCol Lucio A. 2020. Metan: an R package for multi-environment trial analysis. Methods in Ecology and Evolution, 11: 783–789.

Olivoto T, Lúcio ADC, da Silva JAG, Marchioro VS, de Souza VQ and Jost E. 2019. Mean performance and stability in multi-environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. Agronomy Journal 111(6): 2949–2960. doi:10.2134/agronj2019.03.0220.

Purchase JL, Hatting H and Van Deventer CS. 2000. Genotype× environment interaction of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) in South Africa: II. Stability analysis of yield performance. South African Journal of Plant and Soil, 17(3): 101-107.

Purchase JL. 1997. Parametric analysis to describe genotype - environment interaction and yield stability in winter wheat. Ph.D. Thesis, University of the Orange Free State. http://scholar.ufs.ac.za:8080/xmlui/handle/11660/1966.

Rahayu S. 2020. Yield stability analysis of rice mutant lines using AMMI method. IOP Conference Series: Journal of Physiology, doi:10.1088/1742-6596/1436/1/012019.

Sadimantara GR, Kadidaa B, Suaib L and Safuan O. 2018. Growth performance and yield stability of selected local upland rice genotypes in Buton Utara of Southeast Sulawesi. IOP Conference Series: Earth Environment Science, 122(1): 1-7. doi :10.1088/1755-1315/122/1/012094

Samonte SOP, Wilson LT, McClung AM and Medley JC. 2005. Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses. Crop Science, 45(6): 2414–2424.

Sharifi P and Aminpanah H. 2016. Evaluation of genotype × environment interactions, stability and a number of genetic parameters in rice genotypes. Plant Genetic Research, 3(2): 25-42. (In Persian).

Sharifi P, Aminpanah, H, Erfani R, Mohaddesi A, Abbasian A. 2017. Evaluation of Genotype×Environment Interaction in Rice Based on AMMI model in Iran. Rice science, 24(3): 173−180.

Sharifi P, Erfani A, A, Abbasian and Mohaddesi A. 2020a. Stability of some of rice genotypes based on WAASB and MTSI indices. Iranian Journal of Genetics and Plant Breeding, 9(2): 1-11.

Sharifi P, Erfani A, Mohaddesi A, Abbasian A, Aminpanah H, Yousefi MM and Saeedi M. 2020. Stability analysis of grain yield of some of rice genotypes by parametric and nonparametric univariate methods. Journal of Crop Production, 13(3): 85-106. (In Persian).

Sharifi P. 2020. Evolution, domestication, breeding methods and the latest breeding findings in rice. Agricultural and Natural Resources Engineering Organization of IRAN, 254 p. (In Persian).

Shu QY. 2012. Plant mutation and biotechnology. CABI. 608 p.

Sneller CH, Kilgore-norquest L and Dombek D. 1997. Repeatability of yield stability statistics in soybean. Crop Science, 7: 383–390.

Tarang A, Hossieni Chaleshtary M, Tolghilani A and Esfahani M. 2013. Evaluation of grain yield stability of pure lines of rice in Guilan province. Iranian Journal of Crop Science, 15 (1): 24-34. (In Persian).

Yan W and Kang MS. 2002. GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC press.

Yan W and Rajcan I. 2002. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. Crop Science, 42(1): 11-20. doi: 10.2135/cropsci2002.1100.

Yan W, Hunt LA, Sheng Q and Szlavnics Z. 2000. Cultivar evaluation and mega environment investigation based on the GGE biplot. Crop Science, 40:597–605.

Yan W, Kang MS, Ma B, Woods S and Cornelius PL. 2007. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. Crop Science, 47: 643–653. doi: 10.2135/cropsci2006.06.0374

Yan W. 2011. GGE biplot vs. AMMI graphs for genotype-by-environment data analysis. Journal of Indian Society of Agricultural Statistics, 65: 181–193.

Yan W. 2021. A systematic narration of some key concepts and procedures in plant breeding. Frontiers in Plant Science, doi: 10.3389/fpls.2021.724517

Zali H, Farshadfar E, Sabaghpour SH and Karimizadeh R. 2012. Evaluation of genotype × environment interaction in chickpea using measures of stability from AMMI model. Annals of Biological Research, 3: 3126–3136.

Zewdu Z, Abebe T, Mitiku T, Worede F, Dessie A, Berie A and Atnaf M. 2020. Performance evaluation and yield stability of upland rice (*Oryza sativa* L.) varieties in Ethiopia. Cogent Food and Agriculture, 6:1, 1842679, DOI: 10.1080/23311932.2020.1842679

Zobel RW, Wright AJ and Gauch HG. 1988. Statistical analysis of a yield trial. Agronomy Journal, 80: 388-393.