

Evaluation of grain yield and biological yield performance stability of vetch genotypes using AMMI, BLUP and MTSI Indexes

Payam Pezeshkpour^{1*}, Behrouz Vaezi², Zainab sabzi³, Moslem Mahinkhah³

¹ (Corresponding author) Associate Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Khorramabad, Iran, Email: papezeshkpour@yahoo.com.com)

² Researcher , Kohgiluyeh and Boyerahmad Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Yasuj, Iran, Email: Bvaezi2009@gmail.com

³ Researcher, Crop and Horticultural Science Research Department, Ilam Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Ilam, Iran, Email: Sabzi1359@gmail.com, mmai Hankhah@yahoo.com

Article Info

Article type:
Research Full Paper

Article history:
Received: 2025-7-1
Accepted: 2026-7-11

Keywords:
Single Value Decomposition (SVD)
Multi- trait stability index (MTSI)
Simultaneous selection

ABSTRACT

Background and Objectives: Common vetch (*Vicia sativa* L.) is a widely distributed legume used mainly as forage and green manure. It is an important feed source in Iran's rangelands, especially during winter and early spring, yet its genetic diversity for key agronomic traits such as forage and seed yield is still poorly understood. Because of its adaptability to low-input and organic farming systems and its nitrogen-fixing ability, common vetch is well suited for crop rotation in low-rainfall areas as an alternative to continuous cereal cultivation. Additionally, intercropping vetch with cereals, without requiring nitrogen fertilizers, can improve soil fertility and increase overall system productivity. Using mixed-effects models, Best Linear Unbiased Predictions (BLUPs) are estimated to accurately quantify the genotype $\times$ environment interaction ($G \times E$). These estimates are subsequently evaluated through the Additive Main effects and Multiplicative Interaction (AMMI) analysis and singular value decomposition (SVD). The integration of AMMI and BLUP methodologies enables a more precise assessment of random effects and facilitates the computation of genotype stability indices based on the Weighted Average of Absolute BLUP Scores (WAASB). The study aims to identify high-yielding and stable common vetch genotypes under autumn sowing conditions. Using the Multi-Trait Stability Index (MTSI), researchers evaluate genotypes more accurately by simultaneously considering multiple traits across different environments.

Material and Methods: In this study, eight promising vetch genotypes along with "Maragheh", and "Tolo" cultivars were cultivated in a randomized complete block design for five consecutive cropping years (2019-2024) in Kohgiluyeh and Boyer Ahmad / Gachsaran, Lorestan/Khorramabad, Ilam/chardavel and Mehran. The seeding rate was set at 150 seeds per square meter. Seeds were sown in four rows, each 7 m in length, with a row spacing of 25 cm, covering an area of approximately 7 m². A distance of 0.5 m was maintained between adjacent plots. For each genotype, several agronomic traits were measured across different years, including grain yield, hundred-seed weight, fresh

forage yield, total biomass yield, number of pods per plant, harvest index, straw yield, and single-seed weight. Genotype stability assessment and statistical analyses, including the estimation of the Multi-Trait Stability Index (MTSI) and genetic parameters, were conducted using the multi-environment trial analysis package metan and the GGE method implemented in the R statistical software environment (R Core Team). To quantify genotypic stability, singular value decomposition was applied to the matrix of best linear unbiased predictions (BLUPs) of genotype $\times$ environment interactions using a linear mixed-effects model. Variance components were estimated using the restricted maximum likelihood (REML) method, and the significance of random effects was evaluated using the likelihood ratio test (LRT).

Results: The mosaic diagram showed that the contribution of the sum of squares of genotype and the genotype $\times$ environment in the total sum of squares was 8.91 and 55.65%, respectively. The Likelihood Ratio Test (LRT) showed that the effect of genotype by environment interactions (GEI) was significant on grain yield, fresh forage yield, biological yield, 100-seed weight, harvest index, straw yield, and Single seed weight. The Scree test showed that the five primary components had a significant contribution to the GEI matrix derived from BLUP, So that the first to sixth principal components explained 51.6, 25.6, 10.1, 5, 4.2, and 1.8 percent of the variation in genotype-environment interaction, respectively.

Conclusion: In general, based on the results of all methods and simultaneous selection based on grain yield stability and all measured traits (MTSI), genotypes 1, 2, 5, 3 and 4 were stable and superior genotypes, compared to the average of the total traits of the genotypes.

Cite this article: Pezeshkpour, P., Vaezi, B., Sabzi, Z., Mahinkhah, M. 2026. Evaluation of grain yield and biological yield performance stability of vetch genotypes using AM-MI, BLUP and MTSI Indexes. *Crop Production Journal*, 19 (2), 23-49.



© The author(s)



[10.22069/ejcp.2026.23678.2688](https://doi.org/10.22069/ejcp.2026.23678.2688)

Publisher: Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources



تولید گیاهان زراعی

شاپا چاپی: ۲۰۰۸-۷۳۹۸
شاپا الکترونیکی: ۲۰۰۸-۷۴۰۳



ارزیابی پایداری عملکرد دانه و زیست توده ژنوتیپ‌های ماشک بر اساس شاخص‌های

مبتنی بر مدل‌های AMMI، BLUP و MTSI

پیام پزشکیپور^{۱*}، بهروز واعظی^۲، زینب سبزی^۳، مسلم مهین‌خواه^۳

^۱ (نویسنده مسئول) دانشیار پژوهش، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم آباد، ایران، رایانامه: Papezeshkpour@yahoo.com

^۲ مربی مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی کهگیلویه و بویراحمد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، یاسوج، ایران، رایانامه: Bvaezi2009@gmail.com

^۳ مربی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی ایلام، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ایلام، ایران، رایانامه: mmahankhah@yahoo.com, Sabzi1359@gmail.com

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله: مقاله کامل علمی - پژوهشی	
تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۴/۱۱	سابقه و هدف: ماشک معمولی (<i>Vicia sativa</i> L.) یکی از مهم‌ترین گیاهان خانواده حبوبات است که به‌طور گسترده در جهان پراکنش دارد و به‌عنوان علوفه و کود سبز مورد استفاده قرار می‌گیرد. این گیاه می‌تواند در مناطق مرتعی ایران، که در زمستان و اوایل بهار با کمبود علوفه مواجه هستند، منبع مناسبی برای تأمین خوراک دام باشد. با وجود اهمیت این گیاه، اطلاعات محدودی درباره تنوع ژنتیکی صفات زراعی آن، به‌ویژه عملکرد دانه و زیست توده، در دسترس است. ماشک معمولی به دلیل سازگاری با سیستم‌های کشاورزی ارگانیک و کم‌نهاد و توانایی تثبیت نیتروژن اتمسفری، گزینه‌ای مناسب برای استفاده در تناوب‌های زراعی، به‌ویژه در مناطق کم‌باران، محسوب می‌شود و می‌تواند جایگزین مناسبی برای کشت تک‌محصولی غلات باشد. همچنین کشت مخلوط ماشک با غلات بدون نیاز به کودهای نیتروژنی می‌تواند موجب افزایش عملکرد پروتئین در خاک شود. با مدل‌های اثرات مختلط، مقادیر BLUP برآورد می‌شود تا برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط به‌طور دقیق محاسبه گردد. سپس این مقادیر با تجزیه AMMI و تحلیل تجزیه مقدار منفرد بررسی می‌شوند. ترکیب دو روش AMMI و BLUP، ارزیابی دقیق تری از اثرات تصادفی و محاسبه شاخص پایداری ژنوتیپ‌ها بر اساس «میانگین وزنی نمرات مطلق BLUP» را ممکن می‌سازد. در برنامه‌های به‌نژادی، شناسایی ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار در محیط‌های مختلف از اهمیت زیادی برخوردار است. در این راستا، شاخص‌گزینش پایداری چندصفحتی (MTSI) می‌تواند در ارزیابی دقیق‌تر ژنوتیپ‌ها مؤثر باشد. بنابراین، این پژوهش با هدف شناسایی ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار ماشک معمولی از نظر عملکرد دانه و زیست توده در شرایط کشت پاییزه انجام شد.
واژه‌های کلیدی: تجزیه مقادیر منفرد، پایداری چندصفحتی، گزینش همزمان	مواد و روش‌ها: در این پژوهش، هشت ژنوتیپ پیشرفته ماشک همراه با دو شاهد مراغه و طلوع در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار، در کهگیلویه و بویر احمد (گچساران)، لرستان (خرم آباد) و ایلام (مهران و چرداول) به مدت پنج سال زراعی (۱۳۹۸-۱۴۰۳)، مورد ارزیابی قرار گرفتند. میزان بذر مصرفی ۱۵۰ دانه در متر مربع تعیین شد. کاشت بذرها در چهار خط به طول

هفت متر به فاصله ۲۵ سانتی متر بین خطوط (۷ متر مربع) و به فاصله نیم متر بین هر کدام از کرت‌ها، انجام شد. عملکرد دانه، وزن صد دانه، عملکرد علوفه تر، عملکرد زیست توده، تعداد غلاف در بوته، وزن صد دانه، شاخص برداشت، عملکرد کاه و وزن تک دانه در سال‌های مختلف برای هر ژنوتیپ اندازه‌گیری شد. برای تعیین پایداری ژنوتیپ‌ها و تجزیه‌های آماری از جمله برآورد شاخص MTSI و پارامترهای ژنتیکی با استفاده از بسته تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی با نام metan و GGE در نرم‌افزار R انجام شد. برای تعیین کمیت پایداری ژنوتیپی، از تجزیه مقادیر منفرد، روی ماتریس بهترین پیش‌بینی‌های نااریب خطی (BLUP) برهمکنش‌های ژنوتیپ در محیط با یک مدل اثر مختلط خطی استفاده شد. اجزای واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده برآورد شدند و برای ارزیابی معنی‌داری اثرهای تصادفی، آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT) به کار گرفته شد.

یافته‌ها: سهم مجموع مربعات ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط در مجموع مربعات کل به ترتیب ۸/۹۱ و ۵۵/۶۵ درصد بود. آزمون نسبت درست‌نمایی نشان داد که برهمکنش ژنوتیپ در محیط بر عملکرد دانه، عملکرد علوفه تر، عملکرد زیست توده، وزن صد دانه، شاخص برداشت، عملکرد کاه، و وزن تک دانه معنی‌دار بود. آزمون اسکریٹ نشان داد پنج مؤلفه اصلی اولیه سهم قابل توجهی در توجیه برهمکنش ماتریس ژنوتیپ در محیط حاصل از داشتند، به‌طوری که مؤلفه‌های اصلی اول تا ششم به ترتیب ۵۱/۶، ۲۵/۶، ۱۰/۱، ۵، ۴/۲ و ۱/۸ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ در محیط را توجیه کردند.

نتیجه‌گیری: در مجموع، بر اساس نتایج کل روش‌ها و انتخاب همزمان بر اساس پایداری عملکرد دانه و همه صفات اندازه‌گیری شده، ژنوتیپ‌های شماره ۳، ۵، ۲، ۱ و ۴ ژنوتیپ‌هایی پایدار و برتر نسبت به میانگین کل ژنوتیپ‌ها بودند.

استاد: پزشکپور، پیام؛ واعظی، بهروز؛ سبزی، زینب؛ مهین‌خواه، مسلم. (۱۴۰۵). ارزیابی پایداری عملکرد دانه و زیست توده ژنوتیپ‌های ماشک بر اساس شاخص‌های مبتنی بر مدل‌های AMMI، BLUP و MTSI. *مجله تولید گیاهان زراعی*، ۱۹ (۲)، ۴۹-۲۳.

مقدمه

منابع مرتع عموماً در اثر چرای بیش از حد آسیب می‌بینند و این امر به کمبود جدی خوراک دام می‌انجامد (۱). استفاده از مراتع دست کاشت برای چرای دام، ضمن تأمین علوفه (یونجه) در زمستان و اوایل بهار، راهکاری کارآمد برای کاهش فشار چرا و افزایش بهره‌وری دام در این سامانه‌های مرتعی به شمار می‌رود. با توجه به گستردگی مراتع و تنوع شرایط اقلیمی و اراضی، به‌کارگیری لگوم‌های علوفه‌ای با دامنه‌ی سازگاری وسیع، نقشی کلیدی در پایداری و توسعه‌ی این اکوسیستم‌ها ایفا می‌کند (۲).

ماشک معمولی (*Vicia sativa* L.) یکی از لگوم‌های علوفه‌ای یک‌ساله و خودگرد افشان با اهمیت اقتصادی است (۳). این گیاه در ترکیه، استرالیا، نیوزیلند، فلات چینگهای-تبت چین و سایر نقاط جهان مورد توجه قرار گرفته است، زیرا می‌توان از آن به‌عنوان علوفه‌ی تر، گیاه پوششی، علوفه‌ی خشک و کود سبز و نیز برای تولید سیلو بهره‌گرفت (۴). ماشک معمولی به‌عنوان یک محصول لگوم، در مخلوط با غلات به‌خوبی رشد می‌کند و توانایی تثبیت نیتروژن دارد (۵). در صورت مدیریت صحیح، می‌تواند بروز بیماری‌های سایر گیاهان (غیرلگوم) را در فصل زراعی بعدی نیز کاهش دهد (۶). از میان گونه‌های ماشک، *V. sativa* بیشترین سطح زیر کشت را در جهان دارد (۷).

دسترسی به ژرم پلاسما متنوع و مناسب از نظر ژنتیکی، برای برنامه‌های اصلاح نباتات و توسعه‌ی گونه‌های جدید اهمیت زیادی دارد. مطالعات پیشین، اهمیت توصیف ریخت‌شناسی مجموعه‌های ژرم‌پلاسما را برای تعیین تنوع ژنتیکی و ژنوتیپی صفات مهم نشان داده‌اند (۸). به‌منظور بهبود عملکرد دانه و زیست‌توده‌ی گیاه تحت محدودیت‌های محیطی مختلف، اطلاعات مربوط به میزان تنوع ژنتیکی،

مبنایی برای تصمیم‌گیری در مورد انتخاب صفات و راهبردهای اصلاحی مرتبط فراهم می‌کند (۷ و ۹). عملکرد دانه صفاتی کمی و پیچیده است که توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شود و شدیداً تحت تأثیر محیط قرار دارد؛ همچنین صفات بسیاری به تنهایی یا در تعامل با یکدیگر بر آن اثر می‌گذارند. بنابراین، انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب تنها بر اساس عملکرد، سودمند نیست و چنانچه انتخاب بر پایه‌ی سایر صفات تأثیرگذار بر آن انجام شود، بسیار مفید خواهد بود (۱۰). به‌طور کلی در برنامه‌های اصلاحی، گزینش بر اساس یک صفت، راهبردی مناسب تلقی نمی‌شود، زیرا هیچ اطمینانی از دستاوردهای ژنتیکی در سایر صفات مهم وجود ندارد (۱۱). از این رو، به‌نژادگران اغلب می‌کوشند صفات مطلوب مختلف را در یک ژنوتیپ جدید با عملکرد بالا تجمع کنند (۱۲).

برای این منظور، چندین شاخص برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر پیشنهاد شده است که از آن جمله می‌توان به شاخص چندصفاتی جدیدی به نام شاخص فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ چند صفاتی^۱ اشاره کرد که بر اساس تجزیه و تحلیل عاملی و فاصله از ایدئوتیپ معرفی شده است (۱۳). شاخص پایداری چندصفاتی^۲ نیز برای شناسایی ژنوتیپ‌های پربازده و مطلوب از نظر صفات زراعی در آزمایشات چندمحیطی، به‌عنوان یکی از جدیدترین و کاربردی‌ترین شاخص‌های آماری معرفی شده است (۱۴). این شاخص، یک شاخص انتخاب است که علاوه بر عملکرد دانه، صفات دیگری را نیز در نظر می‌گیرد، که چنانچه همبستگی آن‌ها با عملکرد بالا باشد، انتخاب به نحو مؤثرتری انجام خواهد شد (۱۵). این شاخص مبتنی بر تحلیل عاملی می‌باشد که نمرات عامل‌های هر

¹ Multi-trait genotype ideotype distance index

² Multi-trait stability index

ایدئوتیپ، با توجه به فاکتورهای مطلوب و نامطلوب طراحی شده است. بر اساس فاصله ژنوتیپ - ایدئوتیپ، یک احتمال فضایی^۱ محاسبه می شود که رتبه بندی ژنوتیپ ها را ممکن می سازد. از این رو، ژنوتیپ دارای کمترین مقدار MTSI^۲، به ایدئوتیپ نزدیک تر است و میانگین عملکرد و ثبات بیشتری را در همه متغیرهای تحلیل شده نشان می دهد (۱۵).

یکی از مطالعات مهم در اصلاح نباتات و بررسی های به نژادی، شناخت اثر متقابل بین ژنوتیپ ها و محیط های گوناگون است. وجود برهم کنش ژنوتیپ × محیط در آزمایش های ناحیه ای بسیاری از گیاهان زراعی نشان می دهد که پایداری عملکرد، همراه با میانگین بالای عملکرد دانه و زیست توده، باید به عنوان جنبه ای مهم در آزمایش های مقایسه ای عملکرد در نظر گرفته شود؛ زیرا برهم کنش ژنوتیپ × محیط می تواند هرگونه پیشرفت ناشی از گزینش را کاهش دهد (۱۶). پژوهشگران روش های بسیاری برای تجزیه ی پایداری ارائه داده اند که به دو دسته ی کلی پارامتری (تک متغیره یا چندمتغیره) و ناپارامتری تقسیم می شوند.

در بین روش های چند متغیره می توان روش های اثرات اصلی جمع پذیر و اثر متقابل ضرب پذیر^۳ و GGE بای پلات را نام برد (۱۷). در سال های اخیر، روش بهترین پیش بینی های ناریب خطی^۴ که میانگین ها را با دقت بالا، به ویژه در مدل های مختلط تخمین می زند نیز برای ارزیابی داده های آزمایش های چندمحیطی به کار گرفته شده است (۱۴). مدل آماری بهترین پیش بینی خطی ناریب (BLUPs) راهکاری برای توانایی پیش بینی بهتر است که در آن بهترین

پیش بینی های ناریب خطی بر روی ماتریس برهمکنش ژنوتیپ در محیط تخمین زده می شود و تجزیه پایداری به روش AMMI بر روی این پیش بینی ها انجام می شود (۱۵). در هنگام وجود اثر مختلط خطی، این روش پتانسیل پیش بینی دقیق اثرات تصادفی را فراهم می کند (۱۶). در روش ارائه شده توسط اولیوتو و همکاران (۱۵) برای بهره گیری از مزایای دو روش AMMI و BLUP، با مدل اثرهای مختلط خطی، یک ماتریس برهمکنش ژنوتیپ در محیط به دست می آید و از تجزیه این ماتریس با روش تجزیه به مؤلفه های اصلی با تجزیه ارزش منفرد، یک معیار پایداری ژنوتیپی به نام شاخص پایداری میانگین وزنی نمرات مطلق بهترین پیش بینی های ناریب خطی معرفی شد که حاصل تلفیق دو روش AMMI و BLUP است (۱۷). هدف از پژوهش حاضر، تعیین ژنوتیپ یا ژنوتیپ های پایدار با عملکرد دانه و زیست توده ی بالا و مطلوب از نظر صفات مهم در ژنوتیپ های ماشک، با بهره گیری از شاخص های مبتنی بر مدل های AMMI، BLUP و MTSI بود.

مواد و روش ها

این پژوهش برای دستیابی به ارقام پرمحصول از لحاظ عملکرد دانه و عملکرد زیست توده و سازگار با شرایط آب و هوایی مناطق دیم کشور انجام شد. هشت ژنوتیپ پیشرفته ماشک که از آزمایشات مقایسه عملکرد ژنوتیپ های پیشرفته ماشک در سال ۹۸-۱۳۹۷ انتخاب شده بودند (جدول ۱)، به همراه دو رقم شاهد مراغه و طلوع در لرستان/خرم آباد (ایستگاه تحقیقات کشاورزی سراب چنگائی خرم آباد)، ایلام/چرداول و مهران (ایستگاه تحقیقات کشاورزی زنجیره چرداول و مهران) و کهگیلویه و بویر احمد/گچساران به مدت پنج سال زراعی

¹ Spatial probability

² Multi-trait stability index

³ AMMI

⁴ Best linear unbiased predictors, BLUPs

از کمیت‌های پایداری WAASBYi و WAASBi برای کمی سازی پایداری عملکرد دانه و زیست توده با رابطه‌های ۱ و ۲ بهره گرفته شد.

$$WAASBi = \frac{\sum_{k=1}^p |IPCA_{ik} \times EP_k|}{\sum_{k=1}^p EP_k} \quad \text{رابطه (۱)}$$

رابطه (۲)

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

که در آن، WAASBi، میانگین وزنی نمرات مطلق ژنوتیپ iام، $IPCA_{ik}$ ، نمره ژنوتیپ iام در K امین محور مؤلفه اصلی برهمکنش (IPCA)، و EP_k ، مقدار واریانس توجیه شده توسط K امین IPCA است. ژنوتیپ با کمترین مقدار WAASB پایدار در نظر گرفته می شود (۱۵). انتخاب همزمان برای میانگین عملکرد دانه و زیست توده و پایداری (MPE)^۱ با شاخص WAASBY انجام شد که در آن به میانگین عملکرد دانه و زیست توده (Y) و شاخص پایداری (WAASB) وزن داده می شود و WAASBYi، میانگین وزنی WAASB و عملکرد دانه و زیست توده (GY, BY) برای ژنوتیپ iام، W_Y ، وزن داده شده به متغیر پاسخ (در این مورد، عملکرد دانه)، GY_i ، میانگین عملکرد دانه و زیست توده ژنوتیپ iام با توجه به تمام محیط‌ها، GY_{max} و BY_{max} بالاترین متوسط عملکرد دانه و زیست توده مشاهده شده، W_S ، وزن نسبت داده شده به شاخص پایداری (در این مورد، شاخص WAASB): WAASBi، میانگین وزنی نمرات مطلق ژنوتیپ iام، و $WAASB_{min}$ ، کمترین مقدار WAASB مشاهده شده در بین ژنوتیپ‌ها است. تمام تجزیه‌های آماری با استفاده از بسته تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی با نام Metan (۱۹) و GGE (۱۶) در نرم‌افزار R انجام شد. برای تعیین کمیت پایداری ژنوتیپی، از تجزیه مقادیر

(۴۰۳-۱۳۹۸) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند. مشخصات فنی و زراعی طرح در کلیه مناطق یکسان و مشابه بود. زمین مورد کشت تحت تناوب غلات-حبوبات دیم بود. برای تهیه زمین هر سال پیش از کشت، با گاوآهن چیزل مرکب شخم زده و خاک با دیسک و روتواتور نرم شد. کود شیمیایی بر مبنای ۷۵-۱۰۰ کیلوگرم فسفات آمونیوم و ۳۵-۵۰ کیلوگرم اوره، به هنگام عملیات تهیه زمین، به طور یکنواخت با خاک مخلوط گردید. بذره‌های ارقام و ژنوتیپ‌های آزمایش قبل از کاشت به منظور جلوگیری از بیماری‌های قارچی با قارچ‌کش کاربوکسین تیرام به نسبت دو در هزار ضد عفونی شدند. میزان بذر مصرفی ۱۵۰ دانه در متر مربع تعیین شد. کاشت بذرها در چهار خط به طول هفت متر به فاصله ۲۵ سانتی‌متر بین خطوط (۷ متر مربع) و به فاصله نیم متر بین هر کدام از کرت‌ها، انجام شد. قبل از برداشت، دو خط کناری و نیم متر از ابتدا و انتهای دو خط وسط حذف و مابقی هر کرت (۳ متر مربع) برداشت شد. مبارزه با علف‌های هرز با استفاده از کولتیواتور دستی در دو مرحله در طول دوره رشد رویشی انجام شد. عملکرد دانه، وزن صد دانه، عملکرد علوفه تر، عملکرد زیست توده، تعداد غلاف در بوته، وزن صد دانه، شاخص برداشت، عملکرد کاه و وزن تک دانه در سال‌های مختلف برای هر ژنوتیپ اندازه‌گیری شد. از تقسیم وزن دانه‌های یک بوته بر تعداد دانه‌ها، متوسط وزن تک دانه محاسبه گردید (۱۸). عملکرد دانه، عملکرد علوفه تر و عملکرد زیست توده در سال‌های مختلف برای هر ژنوتیپ بر اساس تن در هکتار اندازه‌گیری شد. بعد از انتخاب تصادفی پنج بوته در هر کرت، میانگین تعداد غلاف‌های بالغ در هر بوته شمارش گردید، و ده غلاف در هر بوته تعیین گردید و میانگین تعداد دانه در هر غلاف اندازه‌گیری گردید.

¹ Mean performance and stability, MPE

منفرد^۱ بر روی ماتریس بهترین پیش‌بینی‌های نااریب خطی (BLUP) برهمکنش‌های ژنوتیپ در محیط^۲ با یک مدل اثر مختلط خطی^۳ استفاده شد. اجزای واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده^۴ برآورد شدند و برای ارزیابی معنی‌داری اثرهای تصادفی، آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT)^۵ به کار گرفته شد. انتخاب هم‌زمان برای میانگین عملکرد دانه و پایداری بر اساس چند صفت با استفاده از نمرات به دست آمده از یک تجزیه عاملی اکتشافی انجام شد. تخمین شاخص پایداری چند صفتی، بر طبق رابطه ۳ انجام شد (۱۵).

$$MTSli = \left[\sum_{j=1}^f (F_{ij} - F_j) \right]^{0.5} \quad \text{رابطه (۳)}$$

که در آن MTSI، شاخص پایداری چندصفتی برای ژنوتیپ i ام، F_{ij} ، نمره j ام ژنوتیپ i ام، و F_j ، نمره j ام ژنوتیپ ایده‌آل است. ژنوتیپ با کمترین مقدار MTSI، به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر است و بنابراین میانگین عملکرد دانه و پایداری بالایی را برای همه متغیرهای بررسی شده ارائه می‌دهد. دیفرانسیل یا تفاوت انتخاب برای میانگین عملکرد دانه برای هر صفت با شدت انتخاب ۱۵، محاسبه شد (۱۴). مقادیر ویژه، واریانس نسبی، تجمعی و نیز ضرایب عاملی پس از چرخش وریماکس در تجزیه به عامل‌ها بر اساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای تعیین شاخص پایداری چند صفتی با استفاده از نرم افزار R محاسبه گردید و رتبه‌بندی ژنوتیپ‌های آزمایشی به صورت صعودی بر اساس شاخص پایداری MTSI و نقاط

قوت و ضعف ژنوتیپ‌های منتخب به عنوان نسبت هر عامل در شاخص پایداری MTSI مشخص گردید. و علاوه بر این پیش‌بینی دیفرانسیل گزینش و بازده گزینش برای صفات مؤثر بر اساس شاخص پایداری MTSI با استفاده از نرم افزار R محاسبه گردید. برای رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها از شاخص MGIDI استفاده شد. این شاخص بر اساس جمع‌آوری اطلاعات و داده‌های صفات مورد بررسی با استفاده از بسته "Metan" در نرم افزار R محاسبه گردید (۱۳). تحلیل عاملی (FA) برای محاسبه کاهش ابعاد داده‌ها و ساختار روابط انجام شد. با انجام تجزیه واریانس AMMI با استفاده از نرم‌افزار R، مقادیر مؤلفه‌های اصلی برای هر ژنوتیپ و محیط به دست آمد و با رسم بای پلات‌های آن‌ها، سازگاری عمومی و خصوصی ارقام تعیین شد. برای هر یک از ارقام، BLUP به صورت مجموع میانگین کلیه محیط‌ها و اثر ژنوتیپی پیش‌بینی شد. قبل از تجزیه واریانس داده‌ها، شناسایی داده‌های پرت و نرمال بودن توزیع داده‌ها توسط آزمون شاپیرو-ویلک انجام شد. بعد از اطمینان از نرمال بودن توزیع داده‌ها و یکنواخت بودن واریانس خطای آزمایشی، تجزیه واریانس داده‌ها با استفاده از نرم افزار آماری R انجام شد. آزمون بارتلت انجام گردید و اثر محیط تصادفی و اثر ژنوتیپ ثابت در نظر گرفته شد.

¹ SVD² GEI³ LMM⁴ Restricted maximum likelihood (REML)⁵ Likelihood Ratio Test

جدول ۱- اسامی و مبدأ ارقام و ژنوتیپ‌های پیشرفته ماشک

Table 1. Names and origins of advanced vetch cultivars and genotypes

کد	ژنوتیپ	مبدأ
Code	Genotype	Origin
G1	V.S.IVAT-2004- 2003	Hungary
G2	V.S.IVAT-2004- 2490	Syria
G3	V.S.IVAT-2004- 2556	Cyprus
G4	V.S.IVAT-2004- 2558	Italy
G5	V.S.IVAT-2004- 2709	ICARDA
G6	V.S.IVAT-2004- 2717	ICARDA
G7	V.S.IVAT-2004 - 2721	ICARDA
G8	V.S.IVAT-2000- 1852-2755	ICARDA
G9	Maragheh C.V.	IRAN
G10	Tolo. C.V.	IRAN

جدول ۲- میزان بارندگی سالانه و ویژگی‌های جغرافیایی مناطق اجرای آزمایش

Table 2. Annual rainfall and geographical characteristics of the experimental areas

منطقه	Location	1398-99 2019-2020	Cropping season 1399-400 2020-2021	سال زراعی 1400-401 2021-2022	1401-402 2022-2023	1402-403 2023-2024	ارتفاع از سطح دریا (متر) Above mean sea level (m)	شرایط اقلیمی (Climatic condition)
کهگلویه و بویر احمد/ گچساران	Kogiluyeh and Boyer Ahmad / Gachsaran	435.2 (E1)	591.5 (E2)	331.5 (E3)	491 (E4)	580.5 (E5)	1147	معتدل سرد Moderat cold
لرستان / خرم آباد	Lorestan/Khora mabad	523.6 (E6)	304.9 (E7)	307 (E8)	462.7 (E9)	489.8(E10)	1898	معتدل گرم Moderat warm
ایلام / مهران	Ilam/Mehran	318.3(E11)	276.3(E12)	-	54.1(E13)	205.6(E14)	668	گرم Warm
ایلام / شیروان چرداول	Ilam/ Shirvan chardavol	603.6 (E15)	302 (E16)	223.6 (E17)	493.4 (E18)	555.5 (E19)	975	معتدل گرم Moderat warm

E1 تا E19 به ترتیب نشان‌دهنده محیط‌های ۱ تا ۱۹ هستند.

E1 to E19 represent Environments 1 through 19, respectively.

نتایج و بحث

که این موضوع نشان دهنده دامنه وسیع‌تر اثرات اصلی محیط نسبت به اثرات اصلی ژنوتیپ بود. برای صفات اندازه‌گیری شده، واریانس‌های برآورد شده در شکل شماره ۱ به سه جزء واریانس ژنوتیپی، برهمکنش ژنوتیپ در محیط و باقیمانده تفکیک شد. بر اساس تجزیه داده‌های آزمایشی به روش خطی مختلط، واریانس فنوتیپی عملکرد دانه به سه جزء واریانس ژنوتیپی، برهمکنش ژنوتیپ × محیط و باقیمانده تفکیک شد (جدول ۴). پایداری مربوط به

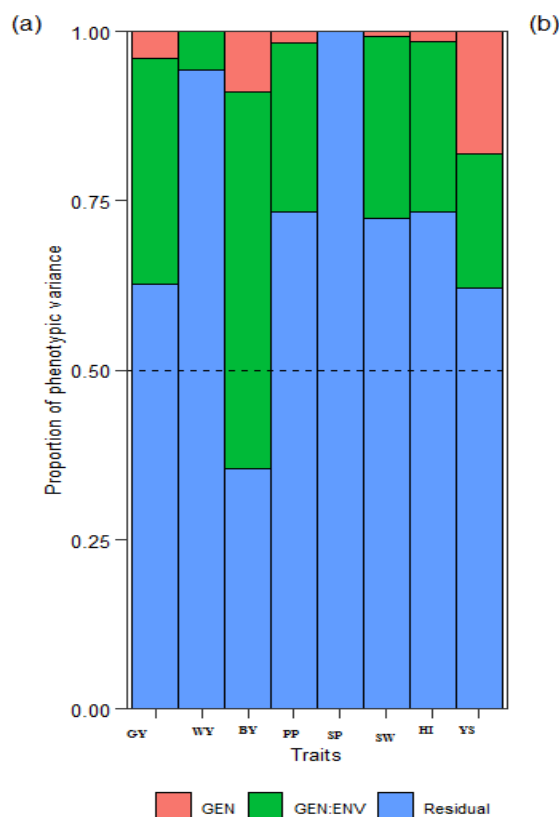
تجزیه واریانس جداگانه در هر کدام از محیط‌ها نشان داد که اثر ژنوتیپ در ۱۱ محیط مطالعه شده معنی‌دار بود (نتایج ارائه نشده‌اند). بنابراین ژنوتیپ‌ها در محیط‌های آزمایشی دارای تنوع کافی بودند و برای ارزیابی برهمکنش ژنوتیپ × محیط نیاز به تجزیه‌های پایداری بود. در این پژوهش اثر محیط بیشترین سهم را در توجیه مجموع مربعات کل به خود اختصاص داد،

رفتار نسبی ژنوتیپ‌هاست، نه خود محیط، محیط بیشتر روی سطح میانگین عملکرد دانه و زیست توده اثر دارد، نه روی تغییر رتبه یا نوسان ژنوتیپ‌ها. آنچه پایداری را کم یا زیاد می‌کند، بیشتر برهم‌کنش ژنوتیپ در محیط است، چون باعث می‌شود ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف رفتار متفاوتی داشته باشند.

نتایج نشان داد که بر اساس آزمون نسبت درست نمایی، اثر ژنوتیپ و برهم‌کنش ژنوتیپ $\times$ محیط بر عملکرد دانه در سطح احتمال یک درصد معنی دار بود. معنی دار بودن برهم‌کنش ژنوتیپ $\times$ محیط بیانگر پاسخ متفاوت ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف بود. از این رو در چنین شرایطی استفاده از تجزیه BLUP می‌تواند نتایج بهتر و قابل اعتمادتری را به همراه داشته باشد (۲۰). بر اساس اطلاعات شکل شماره ۱، ۵۵/۶۵ درصد از واریانس فنوتیپی عملکرد دانه توسط برهم‌کنش ژنوتیپ $\times$ محیط توجیه شد، حال آنکه اثر ژنوتیپ، توجیه کننده ۸/۹۱ درصد از واریانس برآورد شده بود. همچنین ۳۵/۴۵ درصد از واریانس فنوتیپی توسط اثر باقیمانده توجیه گردید. همانطور که ملاحظه می‌شود واریانس ژنوتیپی پایین‌ترین سهم را از واریانس فنوتیپی برای عملکرد دانه داشت. این موضوع حاکی از تأثیر پایین ژن‌ها در ایجاد تنوع میان ژنوتیپ‌ها بود، بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه، تحت تأثیر شرایط محیطی قرار گرفتند. به عبارت دیگر وجود تنوع ژنتیکی برای عملکرد دانه سبب خواهد شد تا بتوان ژنوتیپ‌های مطلوبی از نظر تطبیق با هر یک از شرایط محیطی پیدا کرد. این نتیجه به طور مشخصی با پاسخ متفاوت هر یک از ژنوتیپ‌ها و همچنین اثر متقابل آن‌ها با محیط قابل توجیه می‌باشد. اثر باقیمانده عمدتاً به اثر محیط مربوط می‌شود که با توجه به تفاوت‌های زیاد بین محیط‌های آزمایشی از نظر

ویژگی‌های خاک، مقدار و پراکنش بارندگی و سایر عوامل قابل توجیه است. واریانس‌های برآورد شده سایر صفات در شکل شماره ۱ نشان داده شده است. نتایج تحقیقات در مورد گیاه ماشک (۲۱) نیز نشان داده است که بخش عمده واریانس توسط اثر محیط توجیه می‌شود.

برای پی بردن به پراکنش عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف، از نمودار گرمایی استفاده شد (شکل ۲ - الف). در این نمودار، ژنوتیپ دارای عملکرد یکنواخت در تمام محیط‌ها می‌تواند پایدار باشد. براین اساس، ژنوتیپ‌های ۲، ۱، ۵، ۳ و ۴ را می‌توان پایدار در نظر گرفت. در این نمودار، عملکرد ژنوتیپ‌ها در هر محیط بیانگر تنوع درون آن محیط است، به طوری که هر اندازه رنگ‌های مربوط به ژنوتیپ‌های درون یک محیط متفاوت‌تر باشند، بیانگر گوناگونی بین ژنوتیپ‌های درون آن محیط است (۲۲). در شرایط محیط‌های E1، E2، E5، E13، E4 و E10 ژنوتیپ‌ها از تنوع عملکردی بیشتری برخوردار بودند. از طرف دیگر، می‌توان از تفاوت عملکرد هر ژنوتیپ در محیط‌های مختلف برای بیان تنوع استفاده کرد؛ به طوری که ژنوتیپ‌های ۹ و ۱۰ دارای تنوع بیشتر در محیط‌های مطالعه شده بودند (شکل ۲ - الف). بررسی چشمی پراکنش میانگین ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مطالعه شده نشان‌دهنده تفاوت ژنوتیپ‌های مختلف از نظر عملکرد دانه در یک محیط (سال و مکان) و همچنین تفاوت میانگین آن‌ها از محیطی به محیط دیگر است که نشان می‌دهد گزینش ژنوتیپ‌ها فقط بر پایه عملکرد دانه در یک مکان، از اعتبار بالایی برخوردار نیست و باید برای به دست آوردن یک نتیجه درست، ژنوتیپ‌ها در سال‌های مختلف در یک مکان و یا مکان‌های مختلف در چند سال ارزیابی شوند تا پایداری آن‌ها برآورد شود. پژوهشگران دیگری نیز واکنش‌های متفاوت



شکل ۱- نسبت مؤلفه‌های واریانس برای صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های ماشک در آزمایش‌های چندمحیطی (Gen: ژنوتیپ، Env: محیط) عملکرد دانه (GY)، عملکرد ماده تر (WY)، عملکرد زیست توده (BY)، تعداد غلاف در بوته (PP)، تعداد دانه در غلاف (SP)، وزن صد دانه (SW)، شاخص برداشت (HI) و عملکرد کاه (YS)

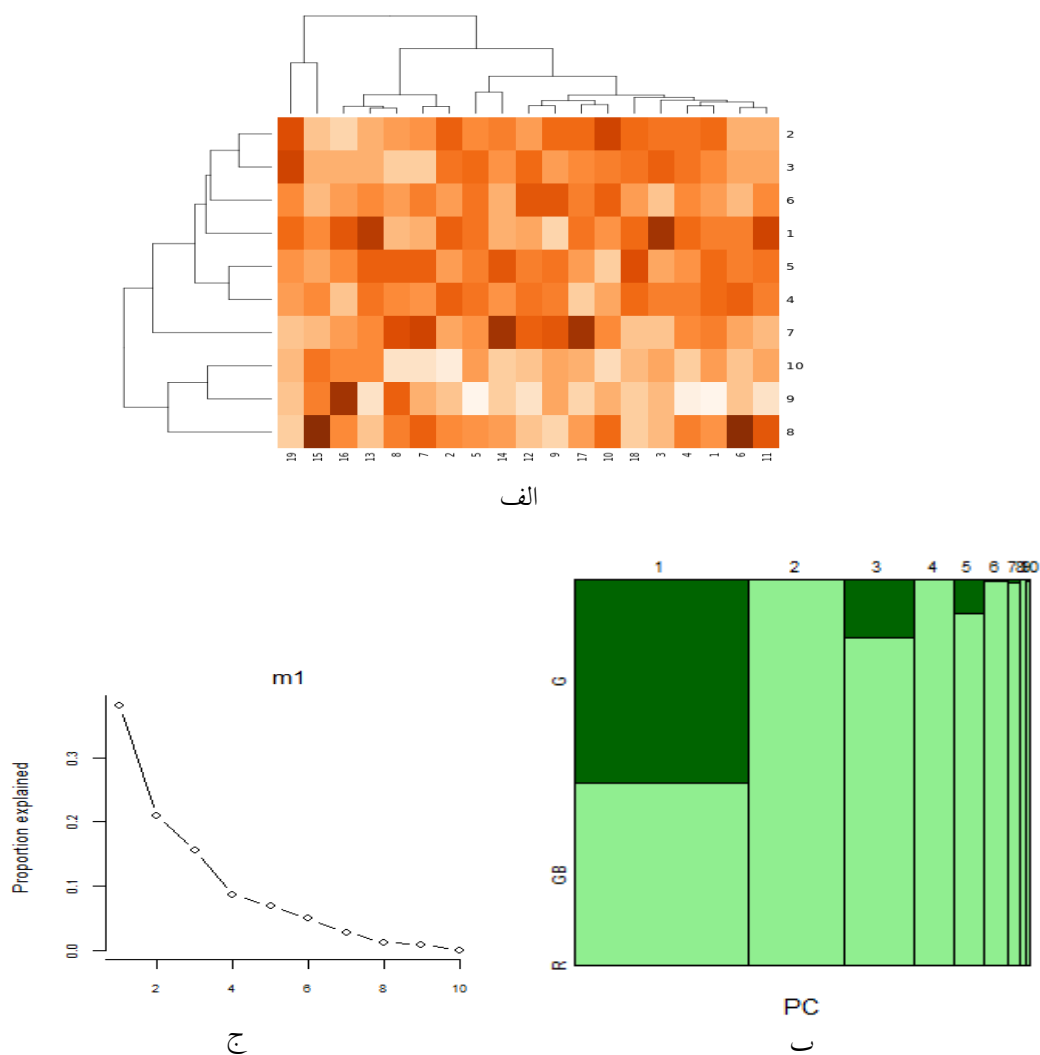
Figure 1. Ratio of variance components for studied traits in vetch genotypes in multi-environment experiments (Gen: genotype, Env: environment) Grain yield (GY), fresh matter yield (WY), bio-mass yield (By), number of pods per plant (PP), number of seeds per pod (SP), hundred-seed weight (SW), harvest index (HI) and straw yield (YS)

محیط (سال و مکان) را نشان می‌دهد که ۵۵/۶۵ درصد از تغییرات کل را در برمی‌گیرد (شکل ۲- ب). ستون‌های این نمودار بیانگر محورهای مؤلفه اصلی است، به گونه‌ای که ستون اول در برگرفته ۵۱/۶ درصد از کل مساحت مربع است و اولین مؤلفه اصلی از مجموع مربعات کل را تشکیل می‌دهد. ستون (مؤلفه اصلی) دوم، ۲۵/۶ درصد از مجموع مربعات کل را در برگرفته است. این دو مؤلفه اصلی، با هم ۷۷/۲ درصد از مجموع مربعات کل را تشکیل می‌دهند و ۲۲/۸ درصد از سهم مجموع مربعات کل توسط

پیش از تجزیه پایداری، با بهره‌گیری از نمودار موزائیکی، اجزای مجموع مربعات کل، شامل مجموع مربعات ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط از یکدیگر جدا شدند. در این نمودار که به وسیله لافونت و همکاران (۲۰۰۷) پیشنهاد شده است (۲۷)، مساحت مربع نمودار، ۱۰۰ درصد مجموع مربعات کل است. نواحی تیره رنگ، تنوع برآمده از اثرات ژنوتیپی یا اختلاف بین میانگین ژنوتیپ‌ها را نشان می‌دهد که در این تحقیق ۸/۹۱ درصد تنوع کل است و ناحیه‌های با رنگ روشن، تنوع ناشی از برهمکنش ژنوتیپ ×

قابل توجهی در توجیه برهمکنش ماتریس برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط حاصل از BLUP داشتند (شکل ۲-الف و شکل ۲-ج)، به طوری که مؤلفه‌های اصلی اول تا ششم به ترتیب ۵۱/۶، ۲۵/۶، ۱۰/۱، ۵، ۴/۲ و ۱/۸ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط را توجیه نمودند. بنابراین می‌توان گفت که تفسیر نتایج تجزیه پایداری فقط بر اساس مؤلفه‌های اصلی اول و دوم معتبر نمی‌باشد.

مؤلفه‌های دیگر توجیه می‌گردد. بنابراین با توجه به سهم برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط (سال و مکان) در این دو مؤلفه اصلی، به نظر می‌رسد که تجزیه پایداری بر پایه دو مؤلفه اصلی اول و دوم، دارای اشکال می‌باشد (۲۲). آزمون اسکریت نیز برای شناساندن بهترین شمار مؤلفه‌های توجیه کننده برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط نیز به کار برده شد (۲۲) که نشان داد مؤلفه‌های اصلی اول تا ششم هر کدام از مؤلفه‌ها سهم



شکل ۲- برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط (GEI): الف- نمودار گرمایی پراکنش عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌ها بر اساس تفاوت رنگ و تنوع ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها، ب- نمودار موزائیکی جهت نمایش سهم مؤلفه‌ها (شماره ۱ تا ۸) از واریانس G+GE و ج- ریشه مشخصه ماتریس GEI

Figure 2. Genotype-environment interaction (GEI): A. Heatmap of the distribution of genotype performance in environments based on the color difference and diversity of genotypes and environments, B. Mosaic diagram to display the contribution of components (numbers 1 to 8) to the G+GE variance, and C. Root of the GEI matrix characteristic

ارزیابی پایداری عملکرد دانه و زیست توده ژنوتیپ‌های ... / پیام پزشکی و همکاران

تجزیه واریانس به روش کمترین مربعات گزارش نموده‌اند (۲۴ و ۲۸).

در جدول ۴ برخی از پارامتری‌های ژنتیکی شامل واریانس ژنوتیپ، واریانس ژنوتیپ $\times$ محیط (سال و مکان)، واریانس باقیمانده و واریانس فنوتیپی به روش درست‌نمایی محدود شده برآورد شده‌اند و نسبت آن‌ها به واریانس فنوتیپی برای این سه جزء به ترتیب ۸/۹، ۵۵/۶۵ و ۳۵/۴۵ درصد بود (جدول ۴). کمترین (۰/۷۲۴) و بیشترین (۱۰۱) واریانس فنوتیپی که به وسیله واریانس باقیمانده توجیه می‌گردد به ترتیب مربوط به صفات عملکرد دانه و شاخص بود (جدول ۴). همچنین کمترین (۰/۱۳۷) و بیشترین (۱۵/۶۷) واریانس برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط به صفات عملکرد دانه و وزن تک دانه اختصاص داشت. برآورد اجزای واریانس ژنتیکی و سایر پارامترهای مرتبط با آن نشان داد که در بین صفات مختلف بیشترین سهم واریانس ژنتیکی در توجیه واریانس فنوتیپی مرتبط به صفات عملکرد علوفه تر (۶/۵۹ درصد) و شاخص برداشت (۲۰/۳۶) بود.

از آنجا که در تجزیه داده‌های این آزمایش از مدل مختلط خطی استفاده شده بود، آزمون نسبت درست‌نمایی برای ارزیابی معنی‌داری فاکتورهای آزمایشی به کار برده شد و نشان داد که اثر ژنوتیپ بر صفات عملکرد دانه، عملکرد علوفه تر و عملکرد زیست توده معنی‌دار بود (جدول ۳). همچنین اثر برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط بر عملکرد دانه، عملکرد زیست توده، عملکرد علوفه تر، وزن صد دانه، شاخص برداشت، عملکرد کاه و وزن تک دانه معنی‌دار بود (جدول ۳). اثر معنی‌دار برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط، بیانگر این است که عملکرد دانه یک ژنوتیپ ممکن است از محیطی به محیط دیگر متفاوت باشد. بنابراین، تجزیه BLUP برای تجزیه چنین داده‌هایی مناسب است (۱۴). از این‌رو، بهترین پیش‌بینی‌های نااریب خطی (BLUPها) برآورد شد و تجزیه پایداری به روش AMMI بر روی این BLUPها انجام گردید. پژوهشگران دیگری نیز برهمکنش معنی‌دار ژنوتیپ $\times$ محیط را بر عملکرد دانه و اجزای آن در ماشک با

جدول ۳- ارزیابی معنی‌داری فاکتورها در مدل مختلط و برآورد اجزای واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده برای صفات مطالعه شده

Table 3. Evaluation of the significance of factors in the mixed model and estimation of variance components using the restricted maximum likelihood method for the studied traits

آزمون نسبت درست‌نمایی									
LRT (χ^2) Likelihood ratio test									
وزن تک دانه Single seed weight	عملکرد کاه Straw Yield	شاخص برداشت Harvest index	وزن صد دانه 100 seed weight	تعداد غلاف در بوته Number Pod per plant	عملکرد زیست توده Biological Yield	عملکرد علوفه تر Fresh forage yield	عملکرد دانه Grain Yield	آماره	
								Statistic	
ژنوتیپ	ژنوتیپ	ژنوتیپ	ژنوتیپ	ژنوتیپ	ژنوتیپ	ژنوتیپ	ژنوتیپ	ژنوتیپ	ژنوتیپ
محیط	محیط	محیط	محیط	محیط	محیط	محیط	محیط	محیط	محیط
ژنوتیپ $\times$ محیط	ژنوتیپ $\times$ محیط	ژنوتیپ $\times$ محیط	ژنوتیپ $\times$ محیط	ژنوتیپ $\times$ محیط	ژنوتیپ $\times$ محیط	ژنوتیپ $\times$ محیط	ژنوتیپ $\times$ محیط	ژنوتیپ $\times$ محیط	ژنوتیپ $\times$ محیط
29.19**	1.1226 ^{ns}	31.489**	0.446 ^{ns}	6.763**	2.311 ^{ns}	29.31**	1.127 ^{ns}	1.57 ^{ns}	0.0001 ^{ns}
65.67**	53.79*	26.23**	42.84*	182.36**	9.91**				

^{ns}, *, **: به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

^{ns}, *, **: Non- significant, significant at 5 % and 1 % probability levels, respectively

میزان وراثت‌پذیری عمومی برای عملکرد دانه ماشک در این پژوهش ۸/۹۱ درصد بود (جدول ۴). دقت گزینش عملکرد دانه در محدوده بالا (۰/۸۴) قرار داشت (جدول ۴). این آماره همبستگی بین مقادیر مشاهده شده و پیش‌بینی شده را نشان می‌دهد (۱۴). دقت گزینش بالای صفات نشان‌دهنده پایایی مدل در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بود. برآورد وراثت‌پذیری نقش مهمی را در پیشرفت برنامه‌های به‌نژادی در جهت شناسایی و توصیه ژنوتیپ‌ها ایفا می‌کند (۱۴). در واقع وراثت‌پذیری یک مفهوم آماری است که درجه تنوع در یک صفت فنوتیپی را که ناشی از تنوع ژنتیکی بین افراد است را برآورد می‌کند. اگر وراثت‌پذیری صفتی کمتر از ۰/۲ باشد نشان‌دهنده وراثت‌پذیری پایین، اگر بین ۰/۲ تا ۰/۵ باشد دارای وراثت‌پذیری متوسط و اگر بیش از ۰/۵ باشد از وراثت‌پذیری بالایی برخوردار است (۵).

ضریب تبیین برهمکنش ژنوتیپ × محیط و میزان وراثت‌پذیری بر میانگین برای عملکرد دانه به‌ترتیب برابر ۰/۵۵۶ و ۰/۷۱۵ درصد بود (جدول ۴). دقت گزینش ژنوتیپ و همبستگی بین ارزش‌های ژنوتیپی در سراسر محیط‌ها برای صفت عملکرد دانه به‌ترتیب ۰/۸۴۵ و ۰/۶۱۱ بود (جدول ۴). همچنین، ضریب تغییرات ژنوتیپی، ضریب تغییرات باقیمانده و همچنین نسبت این دو ضریب تغییرات به‌ترتیب برابر با ۱۰/۱۸، ۲۰/۳۱۳ و ۰/۵۰۱ درصد بود. برای افزایش دقت پیش‌بینی، یکی از گزینه‌های پیش‌روی به‌نژادگران، بهره‌گیری از مدل‌های آماری با توانایی پیش‌بینی بهتر همچون بهترین پیش‌بینی‌های نااریب خطی (BLUP) است که تجزیه‌پذیری پایدار به روش

AMMI می‌تواند بر روی این پیش‌بینی‌ها انجام شود (۱۵). بسیاری از تلاش‌ها در گام‌های نهایی برنامه‌های به‌نژادی بر آزمایش‌های چند محیطی استوار است. از این‌رو، دقت پیش‌بینی برای گزینش درست ژنوتیپ‌ها، توصیه ژنوتیپ‌ها و شناسایی محیط‌های کلان بسیار مهم است (۱۴). تجزیه واریانس جداگانه در هر کدام از محیط‌ها نشان داد که در دوازده محیط، اثر ژنوتیپ بر عملکرد دانه معنی‌دار بود (داده‌ها ارائه نشده است). سه گزینه اصلی برای افزایش دقت پیش‌بینی در آزمایش‌های چند محیطی، بهبود تکنیک‌های آزمایشی (همچون بهره‌گیری از طرح‌هایی با اندازه و شکل ایده‌آل، پیاده کردن درست طرح‌ها در منطقه آزمایشی و کاربرد یکنواخت مدیریت زراعی)، افزایش تعداد تکرارها (با استفاده از طرح‌های مناسب همچون طرح‌های چند عاملی) و استفاده از مدل‌های آماری با توانایی پیش‌بینی بهتر هستند (۱۴ و ۲۸).

در شکل شماره ۳، میانگین‌های پیش‌بینی شده عملکرد دانه با روش BLUP نشان داده شده است که بیانگر آن است که بالاترین عملکرد پیش‌بینی شده با روش BLUP برای ژنوتیپ ۲ و در پی آن ژنوتیپ‌های ۱، ۵، ۳، ۴، ۷، ۸ و ۶ بود که دارای عملکرد پیش‌بینی شده بیشتر از میانگین کل بودند. ژنوتیپ‌های شماره ۷، ۸ و ۹ عملکرد پیش‌بینی شده بسیار نزدیک به میانگین داشت و کمترین پیش‌بینی عملکرد با فاصله زیاد از میانگین کل، مربوط به ژنوتیپ ۹ بود. برآورد دقیق میانگین عملکرد ژنوتیپ‌ها به‌ویژه در مدل‌های مختلط از جمله مزیت‌های عمده روش BLUP می‌باشد (۱۴).

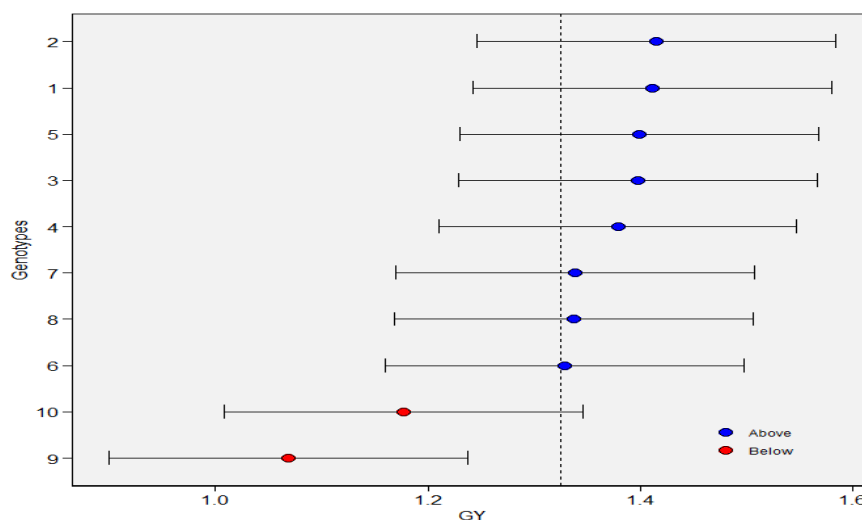
جدول ۴- پارامترهای برآورد شده به روش درست‌نمایی محدود شده + REML

Table 4. Parameters estimated by REML+ restricted likelihood method

پارامتر	Parameter	عملکرد دانه Grain Yield	عملکرد علوفه تر Fresh forage yield	توده زیست Biological Yield	تعداد غلاف در بوته Number pod per plant	وزن صد دانه 100 seed weight	شاخص برداشت Harvest index	عملکرد کاه Straw Yield	وزن تک دانه Single seed weight
اریانس ژنوتیپی	Genotypic variance	0.0182	6.593	0.08645	0.6	0.01001	2.361	0.0179	0.9965
اریانس ژنوتیپ × محیط	variance of Genotype × Environment	0.1137	7.21	0.7184	1.51	0.1571	13.84	0.4887	15.67
اریانس مقادیر باقیمانده	Variance of residual value	0.0724	22.7	1.357	24.62	0.4588	101	1.359	45.9
اریانس فنوتیپی	Phenotypic variance	0.2043	36.5	2.162	26.730	0.6258	117.2	1.866	62.57
وراثت‌پذیری عمومی	General heritability	0.0891	0.1806	0.03999	0.000	0.01599	0.02015	0.0096	0.01593
ضریب تشخیص اثرهای GEI	Detection coefficient of GEI effects	0.5565	0.1975	0.3323	0.056	0.251	0.1181	0.2619	0.2505
وراثت‌پذیری میانگین ژنوتیپی	Average genotypic heritability	0.7150	0.8945	0.5838	0.000	0.3801	0.4857	0.2653	0.3794
دقت انتخاب ژنوتیپ	Genotype selection accuracy	0.8456	0.9458	0.7641	0.000	0.6165	0.6969	0.5151	0.6159
همبستگی بین مقادیر ژنوتیپی در میان محیط‌ها	Correlation between genotypic values among environments	0.6109	0.2411	0.3461	0.056	0.2551	0.1205	0.2645	0.2545
ضریب تغییرات ژنوتیپی	Genotypic coefficient of variation (CVg)	10.1800	12.02	5.689	0.000	2.253	5.104	3.332	2.25
ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده	Residual coefficient of variation (CVr)	20.3100	22.31	22.54	23.550	15.26	33.38	29.03	15.27
نرخ ضریب تغییرات ژنوتیپی بر ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده	CVg/CVr ratio	0.5013	0.5389	0.2524	0.000	0.1477	0.1529	0.1148	0.1473

ویژگی را دارد که میانگین‌ها را با دقت بالا، به‌ویژه در مدل‌های مختلط، تخمین می‌زند (۱۴، ۱۵ و ۳۱). در روش BLUP، در وهله نخست، اثرهای مدل ANOVA تخمین زده می‌شوند و سپس وزن‌هایی به این اثرها داده می‌شود. در گیاهان زراعی مانند خلر (۳۲) و ماشک (۲۳)، روش‌های مبتنی بر BLUP در ارزیابی کارایی ژنوتیپ‌ها و پیش‌بینی دقیق اجزای واریانس ژنوتیپی مؤثر بوده‌اند.

افزون بر این، در صورتی که اثر مختلط خطی وجود داشته باشد، BLUP امکان پیش‌بینی بهینه اثرهای تصادفی را امکان‌پذیر می‌سازد (۲۹). روش BLUP کارایی خود را در بهبود دقت پیش‌بینی اثرهای تصادفی ثابت کرده است. ادغام دو روش BLUP و AMMI موجب افزایش کارایی هر دو روش می‌شود و یافته‌های حاصل از آزمایش‌های چند محیطی دقیق‌تر تفسیر خواهند شد (۱). روش BLUP این



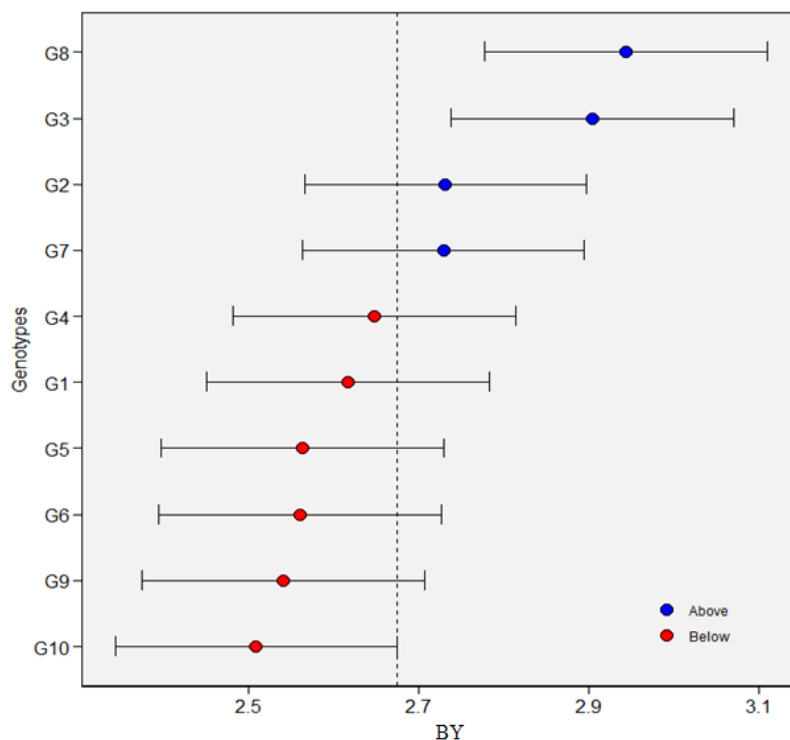
شکل ۳- عملکرد دانه پیش‌بینی شده ژنوتیپ‌های ماشک بر پایه بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP)

Figure 3. Predicted grain yield of vetch genotypes based on best linear unbiased prediction (BLUP)

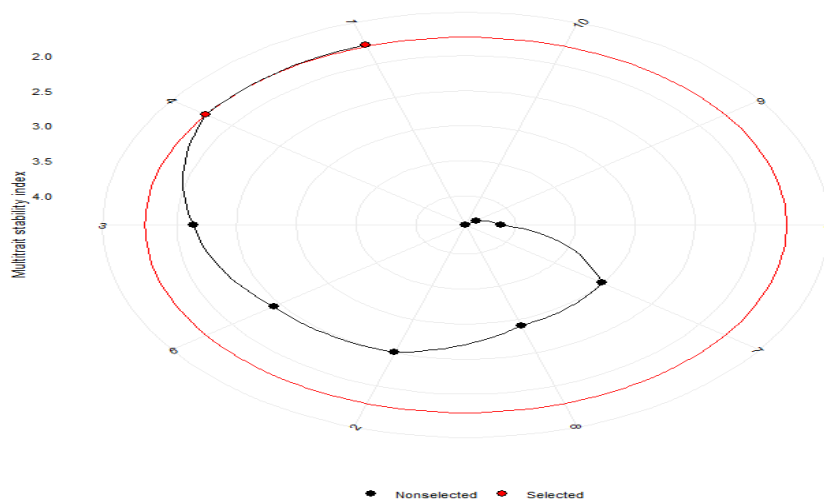
می‌دهد (شکل ۵). ژنوتیپ‌های شماره ۲ و ۱۲ که به این حلقه (دایره قرمز شکل شماره ۵) نزدیک بود، در تمام روش‌های ارزیابی بر اساس عملکرد و پایداری (GGE Biplot و WAASBY) جزو ژنوتیپ‌های پایدار بودند (شکل ۶). برای معرفی یک رقم جدید زراعی، علاوه بر عملکرد دانه، ویژگی‌های زیاد دیگری نیز در نظر گرفته می‌شوند که بیشتر آن‌ها با یکدیگر و با عملکرد دانه همبستگی بالایی دارند. و انتخاب ژنوتیپ توسط MTSI با توجه به ارزش صفات در ژنوتیپ‌ها، یعنی صفاتی که نمود خوبی دارند، نیز مهم است (۱۴).

در شکل شماره ۴، میانگین‌های پیش‌بینی شده عملکرد زیست توده با روش BLUP نشان داده شده است که بیانگر آن است که بالاترین عملکرد زیست توده پیش‌بینی شده با روش BLUP برای ژنوتیپ ۸ و در پی آن ژنوتیپ‌های ۳، ۲ و ۷ بود که دارای عملکرد پیش‌بینی شده بیشتر از میانگین کل بودند. کمترین پیش‌بینی عملکرد با فاصله زیاد از میانگین کل، مربوط به ژنوتیپ‌های ۹ و ۱۰ بود.

در شکل شماره ۵ رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص پایداری چندصفتی انجام شده است که در آن، ژنوتیپ‌های ۱ و ۴ به‌عنوان ژنوتیپ‌های برگزیده، مشخص شده است. دایره قرمز نقطه برش را نشان



شکل ۴- عملکرد زیست‌توده پیش‌بینی شده ژنوتیپ‌های ماشک بر پایه بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP)
Figure 4. Predicted biological yield of vetch genotypes based on best linear unbiased prediction (BLUP)



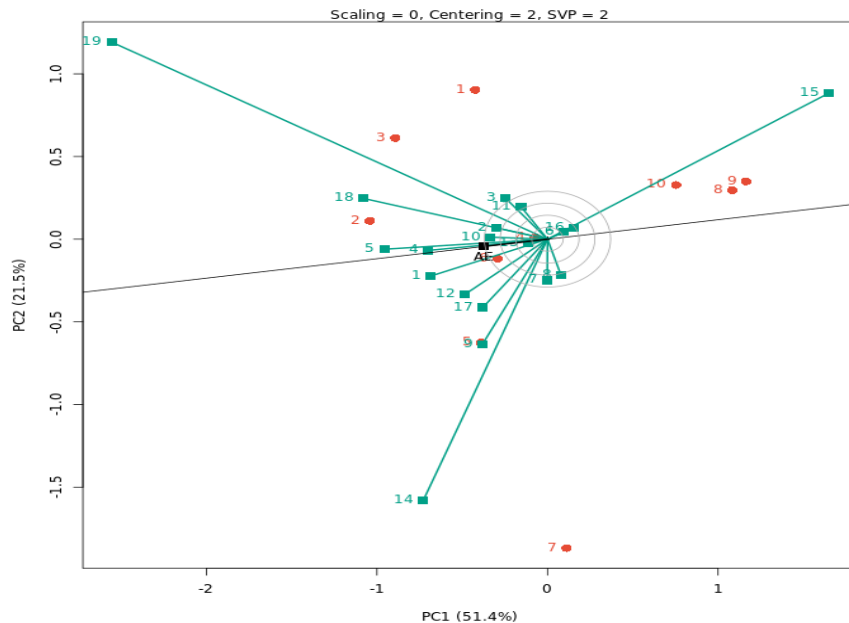
شکل ۵- رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر پایه شاخص پایداری چند صفتی (MTSI)
Figure 5. Ranking of genotypes and selected genotypes based on the Multi-Trait Stability Index (MTSI)

با توجه به ارزش صفات در ژنوتیپ‌ها، یعنی صفاتی که نمود خوبی دارند، مهم است (۱۴). پایه تجزیه عاملی برای محاسبه شاخص MTSI این است که در یک چارچوب چندصفتی، مقادیر WAASBY صفت‌ها ممکن است به نوعی با توجه به یک ساختار

ژنوتیپ شماره ۲ عملکرد دانه (۱/۵۵۶ تن در هکتار) را به خود اختصاص داد و از لحاظ وزن صد دانه (۴/۶ گرم جزء ارقام برتر بود و نسبت به شاهد‌های مراغه و طلوع به ترتیب ۵۱ و ۱۵/۷ درصد برتری نشان داد. انتخاب ژنوتیپ توسط MTSI

ارتباط متغیرها با این عوامل امکان‌پذیر است (۳۳). سرانجام، برآورد نمرات فاکتور نهایی امکان‌پذیری از چند هم‌خطی، یک مسئله سیستمیک در تجزیه‌های چندمتغیره را فراهم می‌آورد (۱۳).

همبستگی که از قبل ناشناخته است، با یکدیگر وابستگی داشته باشند. بنابراین، تجزیه عاملی اکتشافی، برای پاسخ به این ساختار همبستگی استفاده می‌شود (۱۵). با استفاده از تجزیه عاملی اکتشافی، شناسایی تعداد فاکتور (عامل)، ارتباط بین عوامل و چگونگی



شکل ۶- نمای قدرت تمایز و نمایندگی محیط‌ها یا مقیاس‌بندی مبتنی بر محیط. PC1 و PC2، به ترتیب مؤلفه اصلی اول و دوم هستند (اعداد و مربعات سبز رنگ به ترتیب محیط‌های ۱ تا ۱۹ اجرای آزمایش و شماره‌های قرمز رنگ، ژنوتیپ‌ها از شماره ۱ تا ۱۰ می‌باشند)

Figure 6. Discriminant power and representativeness of environments or environment-based scaling. PC1 and PC2 are the first and second principal components, respectively (The numbers and green squares represent environments 1 to 19 where the experiment was conducted, and the red numbers represent genotypes numbered from 1 to 10.).

تجزیه به عامل‌ها قبل از تجزیه خوشه‌ای، به منظور دسته‌بندی صفات، تعیین میزان اهمیت و ارتباط هر یک از آنها در ایجاد تغییرات کل داده‌ها و همچنین تعیین اهمیت متغیرهایی که در گروه‌ها نقش دارند، انجام گردید. از طریق این تجزیه و تحلیل می‌توان به تأثیر شرایط محیطی بر اهمیت و گروه‌بندی صفات مختلف پی برد. با توجه به اینکه مقدار KMO برابر با ۰/۶۰۸ بدست آمد، لذا همبستگی‌های موجود بین داده‌ها برای تحلیل عاملی مناسب می‌باشد و همچنین آزمون کرویت بارلت نیز بسیار معنی‌دار بود

تجزیه به عامل‌ها قبل از تجزیه خوشه‌ای، به منظور دسته‌بندی صفات، تعیین میزان اهمیت و ارتباط هر یک از آنها در ایجاد تغییرات کل داده‌ها و همچنین تعیین اهمیت متغیرهایی که در گروه‌ها نقش دارند، انجام گردید. از طریق این تجزیه و تحلیل می‌توان به تأثیر شرایط محیطی بر اهمیت و گروه‌بندی صفات مختلف پی برد. با توجه به اینکه مقدار KMO برابر با ۰/۶۰۸ بدست آمد، لذا همبستگی‌های موجود بین داده‌ها برای تحلیل عاملی مناسب می‌باشد و همچنین آزمون کرویت بارلت نیز بسیار معنی‌دار بود

ارزیابی پایداری عملکرد دانه و زیست توده ژنوتیپ‌های... / پیام پژوهش‌پور و همکاران

WAASBY هر یک از هشت صفت در دو عامل یا فاکتور (FA) قرار گرفتند. صفات عملکرد دانه، عملکرد علوفه تر، وزن صد دانه و وزن تک دانه در عامل اول، صفات عملکرد زیست توده، تعداد غلاف

در بوته، شاخص برداشت و عملکرد کاه در عامل دوم به ترتیب بیشترین سهم را به خود اختصاص دادند (جدول ۵).

جدول ۵- مقادیر هر یک از صفات اندازه‌گیری شده در دو عامل اول تحلیل عاملی

Table 5. Values of each of the measured traits in the first two factors of factor analysis

صفات	Traits	عامل اول Factor 1	عامل دوم Factor 1	میزان اشتراک Communalities	واریانس خاص Uniquenesses
عملکرد دانه	Grain yield	-0.883	-0.191	0.816	0.184
عملکرد علوفه تر	Fresh forage yield	-0.731	-0.383	0.681	0.319
عملکرد زیست توده	Biological yield	-0.63	-0.677	0.856	0.144
تعداد غلاف در بوته	Number pod per plant	-0.0217	-0.934	0.873	0.127
وزن صد دانه	100 seed weight	-0.95	0.114	0.915	0.085
شاخص برداشت	Harvest index	0.443	-0.789	0.82	0.180
عملکرد کاه	Straw yield	-0.42	-0.661	0.613	0.387
وزن تک دانه	Single seed weight	-0.949	0.114	0.913	0.087
مقادیر ویژه	Eigenvalues	4.8	2.23		
سهم از واریانس (%)	% of variance	51.6	29.5		
تجمعی تجمعی (%)	Cumulative variance (%)	51.6	81.1		

توجه به شاخص WAASBY (جدول ۶)، دیفرانسیل انتخاب صفات عملکرد دانه، عملکرد علوفه تر، وزن صد دانه، شاخص برداشت، عملکرد کاه، و وزن تک دانه مثبت مشاهده شد و اختلاف انتخاب از ۱/۶۸ تا ۸/۱۳ درصد متغیر بود که نشان می‌دهد ژنوتیپ‌های انتخاب شده پایدار بودند.

با توجه به میانگین کل صفات در جدول ۶، در بین ده صفت زراعی ارزیابی شده، مقادیر مشاهده شده ژنوتیپ‌های منتخب (X_s) برای تمامی صفات مورد مطالعه، بالاتر از میانگین بود (X_0) (جدول ۶). همچنین، حداقل و حداکثر دیفرانسیل انتخاب^۱ به ترتیب مربوط به صفات تعداد غلاف در بوته (۷/۳) و شاخص برداشت (۲۸/۱) بود که این می‌تواند روشنگری را برای اصلاح ماشک به ارمغان بیاورد. با

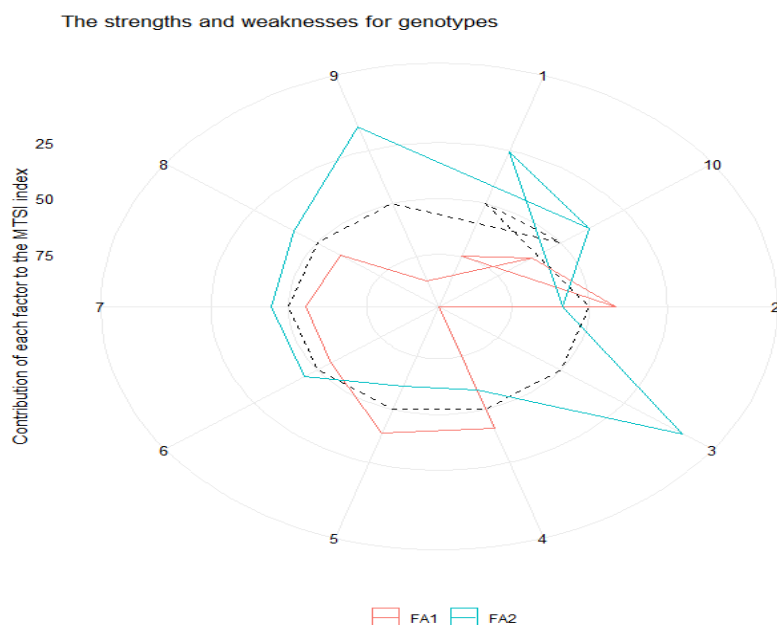
¹ SD%

Table 6.-Differential selection of WAASBY index for studied traits in vetch genotypes

میانگین کل صفات Mean of all traits										
صفات Traits	عامل Factor	میانگین (X_0) Total Mean	میانگین ژنوتیپ‌های (X_s) Mean of Selected Genotypes	دیفرانسیل انتخاب SD Selection Differential	درصد دیفرانسیل انتخاب (SD%) Percentage of Selection Differential	میانگین کل (X_0) Total Mean	میانگین ژنوتیپ‌های (X_s) Mean of Selected Genotypes	دیفرانسیل انتخاب (SD) Selection Differential	درصد دیفرانسیل انتخاب (SD%) Percentage of Selection Differential	وراثت پذیری عمومی Heredity Goal
عسلکرد دانه Grain Yield	1	62.8	79.9	17.100	27.2	1.33	1.41	0.088	6.65	0.715 افزایش Increase
عسلکرد علوفه تر Fresh forage yield	1	66.8	79.5	12.700	19.1	21.4	22.6	1.260	5.89	0.894 افزایش Increase
عسلکرد زیست توده Biological yield	1	57.6	65.1	7.460	12.9	4.44	4.42	-0.023	-0.514	0.380 افزایش Increase
تعداد غلاف در بوته Number pod per plant	1	58	65.3	7.300	12.6	44.4	44.1	-0.238	-0.537	0.379 افزایش Increase
وزن صد دانه 100 seed weight	2	56.8	79.8	23.000	40.6	5.17	5.32	0.152	2.94	0.584 افزایش Increase
شاخص برداشت Harvest index	2	44	72.1	28.1	64	21.3	21.8	0.428	2.01	0.000 افزایش Increase
عسلکرد کاه Straw yield	2	50.2	72.7	22.5	44.8	68.3	73.9	5.550	8.13	0.000 افزایش Increase
وزن تگ دانه Single seed weight	2	53.8	64.7	10.9	20.3	3.85	3.91	0.065	1.68	0.219 افزایش Increase

رساندن محاسبات غیر ضروری شناخته شده است (۳۴). بنابراین، توصیه ارقام برتر در مطالعات اصلاح نباتات در مورد محصولات زراعی آسان خواهد بود. میانگین برخی از خصوصیات زراعی ژنوتیپ‌های مورد بررسی در جدول ۷ نشان داده شده است. از نظر بهره‌وری از بارش، ارقام و ژنوتیپ‌ها در محدوده ۲/۴-۳۰/۶۵ کیلوگرم بر میلی‌متر بارندگی قرار داشتند، که کمترین آن مربوط به ژنوتیپ شماره ۹ و بیشترین آن مربوط به ژنوتیپ شماره ۲ بود. از نظر عملکرد علوفه تر نیز تفاوت ۷/۵۹ تن در هکتار در محدوده ۱۵/۹-۲۳/۴۹ تن در هکتار بین ارقام و ژنوتیپ‌ها مشاهده شد (جدول ۷) و ژنوتیپ G5 دارای بیشترین علوفه تر (۲۳/۴۹ تن در هکتار)، بود. تغییرات وزن صد دانه ارقام و ژنوتیپ‌ها نیز در محدوده بین ۴/۲۳ تا ۴/۶۴ گرم بود. بیشترین وزن صد دانه (۴/۶۴ گرم) مربوط به ژنوتیپ G5 بود.

شاخص فاصله ژنوتیپ - ایدئوتیپ چند صفتی یک شاخص چندصفتی دیگر و مبتنی بر تجزیه عاملی است که بر اساس فاصله هر کدام از ژنوتیپ‌ها از ژنوتیپ ایده‌ال، برآورد می‌شود. در شکل شماره ۷، کاربرد شاخص فاصله ژنوتیپ - ایدئوتیپ چندصفتی در گزینش ژنوتیپ‌های برتر ماشک نشان داده شده است. ژنوتیپ‌های شماره ۲، ۴ و ۵ در عامل اول (FA_1)، ژنوتیپ شماره ۳ در عامل دوم (FA_2) که به لبه شکل نزدیک‌تر می‌باشند، دارای بالاترین ظرفیت تولید و پایداری می‌باشند (شکل ۷). سهم فاکتورها در MGIDI به دو عنوان شامل عوامل کمک کننده کمتر و بیشتر طبقه‌بندی شدند. عواملی که سهم بیشتری دارند، در نزدیکی مرکز ترسیم قرار دارند، در حالی که عوامل کمک کننده کمتر، به سمت لبه ترسیم قرار داشتند (۱۳). پذیرش شاخص‌های MTSI و MGIDI در مطالعات ارزیابی پایداری آینده برای به حداقل



شکل ۷- رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های انتخاب شده بر پایه شاخص فاصله ژنوتیپ - ایدئوتیپ چند صفتی (MTSI)

Figure 7. Ranking of genotypes and selected genotypes based on the multi-trait genotype-ideotype distance index (MTSI)

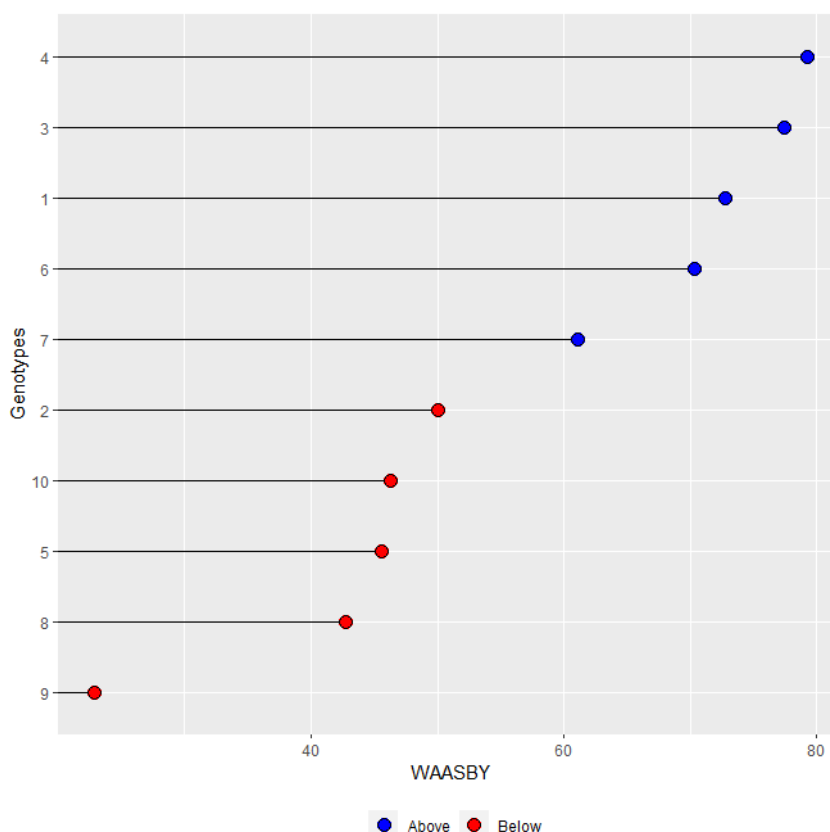
جدول ۷- میانگین خصوصیات زراعی ژنوتیپ‌های مورد بررسی در چند مکان مختلف

Table 7. Mean agronomic characteristics of the genotypes studied in several different locations

ژنوتیپ	عملکرد دانه (تن در هکتار) Grain yield (Ton/ha)	عملکرد علوفه تر (تن در هکتار) Fresh forage yield (Ton/ha)	عملکرد زیست توده (تن در هکتار) Biological yield (Ton/ha)	تعداد غلاف در بوته Number pod per plant	وزن صد دانه (گرم) 100 seed weight (g)	شاخص برداشت (درصد) Harvest index (%)	عملکرد کاه (تن در هکتار) Straw yield (Ton/ha)	وزن تک دانه (میلی گرم) Single seed weight (mg)	بهره وری از آب (کیلوگرم بر میلی متر Water productivity (Kg/mm)	عملکرد دانه سبب به شاهد (%) Grain yield compared to Maragheh check (%)	عملکرد دانه نسبت به شاهد طلوع (%) Grain yield compared Tolo (%) to	عملکرد دانه نسبت به میانگین کل (%) Grain yield compared to Total mean (%)
Genotype	Grain yield	Fresh forage yield (Ton/ha)	Biological yield (Ton/ha)	Number pod per plant	100 seed weight (g)	Harvest index (%)	Straw yield (Ton/ha)	Single seed weight (mg)	Water productivity (Kg/mm)	Grain yield compared to Maragheh check (%)	Grain yield compared Tolo (%) to	Grain yield compared to Total mean (%)
G1	1.44 a	22.32 a	5.59 ab	22.5 a	4.27 cd	69.75 a	4.15 ab	42.75 cd	3.624 a	150	129	109
G2	1.45 a	22.21 a	5.73 a	21.6 ab	4.59 a	64.94 a	4.28 a	45.89 a	3.650 ab	151	129	110
G3	1.42 ab	21.95 a	5.2 bcd	21.6 ab	4.23 d	80.63 a	3.78 bc	42.25 d	3.574 ab	148	127	107
G4	1.39 ab	23.29 a	5.44 abc	22.0 ab	4.6 a	67.15 a	4.05 ab	46 a	3.499 a	145	124	105
G5	1.43 ab	23.49 a	5.37 abcd	20.4 b	4.64 a	55.93 a	3.95 ab	46.43 a	3.599 ab	149	128	108
G6	1.33 b	22.08 a	5.14 cd	20.9 ab	4.5 abc	72.35 a	3.81 bc	44.97 abc	3.348 a	139	119	101
G7	1.34 b	22.69 a	4.99 def	21.2 ab	4.53 ab	62.28 a	3.64 bc	45.3 ab	3.373 bc	140	120	101
G8	1.34 b	22.95 a	5.03 cde	21.5 ab	4.47 abcd	71.8 a	3.69 bc	44.75 abcd	3.373 a	140	120	101
G9	0.96 d	15.9 a	4.57 f	21.5 ab	4.24 d	74.67 a	3.61 c	42.44 d	2.416 d	100	86	73
G10	1.12 c	16.71 b	4.61 ef	20.2 b	4.29 bcd	63.88 a	3.5 c	42.88 bcd	2.819 c	117	100	85
LSD 5%	0.0991	1.7554	0.4292	1.8504	0.2496	25.981 a	0.4295	2.496	0.334			

زیست توده و شاخص پایداری (WAASB) استفاده شد که بیانگر یکسان نگرستن به پایداری و عملکرد زیست توده ژنوتیپ‌ها و اهمیت یکسان هر دو شاخص در گزینش یک ژنوتیپ است. بر اساس وزن دهی ۵۰:۵۰ ژنوتیپ‌های ۴، ۳، ۱، ۶ و ۷ با داشتن بیشترین مقدار WAASBY ژنوتیپ‌های پایدار و دارای عملکرد زیست توده بالا بودند.

در شکل شماره ۸ شناسایی ژنوتیپ‌ها با مقادیر WAASBY انجام شده است که نوعی معیار گزینش همزمان مبتنی بر میانگین عملکرد زیست توده (BY) و شاخص پایداری (WAASB) است و در محاسبه آن وزن‌های متفاوتی به عملکرد زیست توده و شاخص WAASB داده شده است. در این نمودار از وزن دهی برابر ۵۰:۵۰ برای هر دو شاخص عملکرد



شکل ۸- رتبه بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس عملکرد زیست توده با استفاده از WAASBY
Figure 8. Ranking of genotypes based on biomass yield using WAASBY

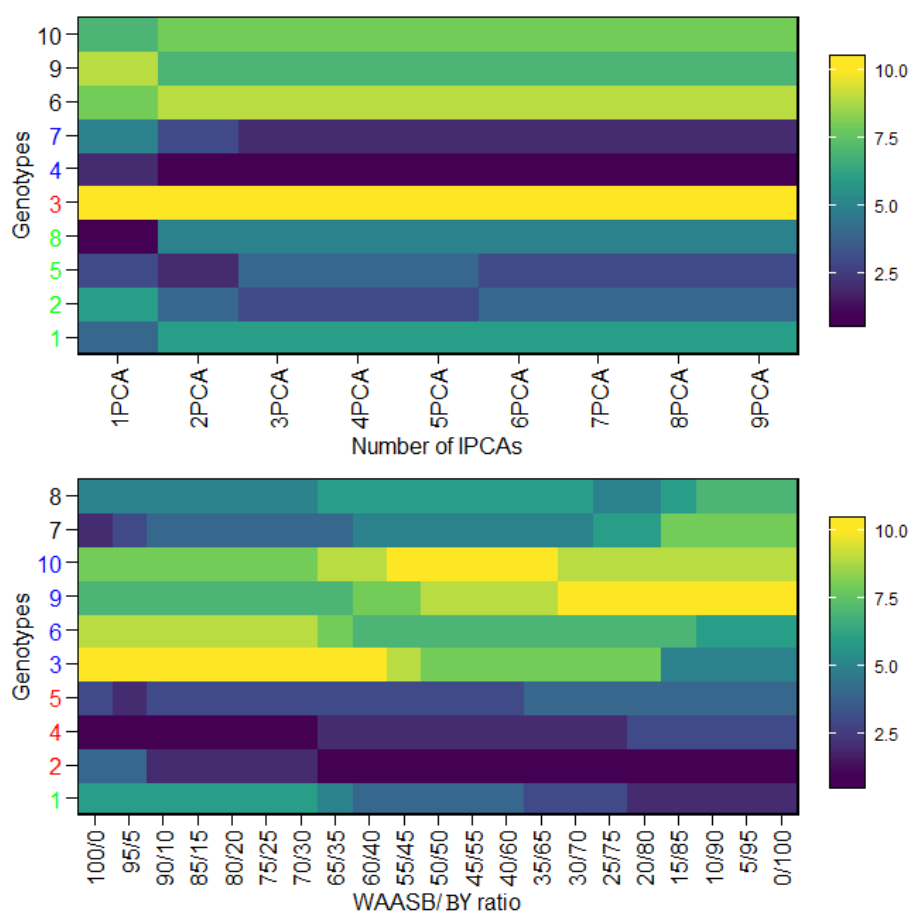
داده شده است. در این نمودار از چپ به راست، در هر ستون به وزن متغیر پاسخ (عملکرد زیست توده) ۵ درصد افزوده و از وزن شاخص پایداری (WAASB)، ۵ درصد کاسته شده است و در آخرین ستون سمت راست، رتبه بندی ژنوتیپ‌ها فقط بر اساس عملکرد زیست توده (با وزن ۱۰۰ درصد) انجام شده است. نتیجه رتبه بندی ۵۰:۵۰ همچون شکل شماره ۸ است

در شکل شماره ۹ به دو شاخص متغیر وابسته (BY) و پایداری (WAASB) وزن‌های متفاوتی داده شده است. به طوری که در نخستین ستون سمت چپ این نمودار، رتبه بندی فقط بر اساس شاخص پایداری WAASB انجام شده است و در محور X آن، وزن ۱۰۰ به شاخص پایداری (WAASB) و صفر به شاخص متغیر وابسته (BY)

(WAASBY) با وزن برابر برای دو شاخص قرار داشتند.

در شکل شماره ۹ در قسمت بالا، بسته به تعداد مؤلفه‌های اصلی (IPCA) مورد استفاده برای تخمین شاخص WAASB، رتبه ژنوتیپ‌ها را نشان می‌دهد. برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس رتبه آنها، از دندروگرام مبتنی بر فاصله اقلیدوسی استفاده شده است. نتایج نشان داد که رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها با افزایش تعداد مؤلفه‌های اصلی در برآورد WAASB تغییر یافته است و این مطلب در مورد سه مؤلفه اصلی اول کاملاً مشهود است. در این شکل، ژنوتیپ‌هایی با پایداری عملکرد مشابه به راحتی قابل شناسایی هستند. برای مثال ژنوتیپ‌های شماره ۴ و ۷ با کمترین مقدار WAASB و با توجه به بیشتر مؤلفه‌های اصلی، پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. از طرفی بر مبنای اولین مؤلفه اصلی، ژنوتیپ‌های شماره ۸ و ۵ جزء پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. ولی در مجموع بر اساس بیشتر مؤلفه‌های اصلی مورد بررسی، ژنوتیپ‌های شماره ۸، ۴ و ۵ با کمترین مقدار WAASB پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. از طرفی ژنوتیپ‌های شماره ۳ و ۶ با بیشترین مقدار WAASB از نظر همه مؤلفه‌های اصلی در گروه ناپایدارترین ژنوتیپ قرار گرفتند. از ویژگی‌های شکل شماره ۹، تقویت استفاده از شاخص WAASB است، زیرا تغییرات همه مؤلفه‌های اصلی برای محاسبه پایداری ژنوتیپ‌ها در نظر گرفته می‌شود (۱۳).

که در آن به شاخص پایداری (WAASB) و شاخص متغیر وابسته (BY) هر دو وزن ۵۰ داده شده بود. در نخستین ستون سمت چپ، ژنوتیپ‌های ۴، ۵، ۷ و ۲ پایدارترین هستند و ژنوتیپ‌های ۳ و ۶ کمترین پایداری را دارند. البته از آنجا که در این رتبه‌بندی هیچ گونه توجهی به عملکرد زیست توده ژنوتیپ‌ها نشده است، چنین رتبه‌بندی نمی‌تواند از اعتبار بالایی برخوردار باشد. در آخرین ستون سمت راست هم که رتبه‌بندی فقط بر اساس عملکرد دانه و بدون توجه به پایداری انجام شده است. ژنوتیپ‌های ۲، ۱، ۴ و ۵ برترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه بودند و ژنوتیپ‌های ۹ و ۱۰ کمترین عملکرد دانه را داشتند. خوشه‌های سمت چپ این نمودار، برای شناسایی گروه‌های ژنوتیپی با نمود مشابه پایداری و عملکرد به کار برده می‌شود. خوشه اول (اعداد با رنگ آبی)، شامل ژنوتیپ‌های ۳، ۶، ۹ و ۱۰ ژنوتیپ‌هایی کم محصول و ناپایدار هستند. خوشه دوم (اعداد با رنگ قرمز) شامل ژنوتیپ‌های ۲، ۴ و ۵ پر محصول از لحاظ عملکرد زیست توده و پایدار، خوشه سوم (اعداد با رنگ سبز) شامل ژنوتیپ، ۱ ژنوتیپ‌های پر محصول و ناپایدار و خوشه چهار (اعداد با رنگ مشکی) شامل ژنوتیپ‌های ۷ و ۸ ژنوتیپ‌های پکم محصول و پایدار بودند که بر اساس شکل شماره ۹ نیز به ترتیب در رتبه‌های چهارم تا اول گزینش همزمان با پایداری و عملکرد زیست توده



شکل ۹ - گروه بندی ژنوتیپ ها با توجه به نسبت WAASB/BY

Figure 9. Grouping of genotypes based on the WAASB/BY ratio.

نتیجه‌گیری

به‌طور کلی نتایج نشان داد که برهمکنش ژنوتیپ×محیط بر عملکرد دانه، عملکرد علوفه تر، عملکرد زیست توده، وزن صد دانه، شاخص برداشت، عملکرد کاه، و وزن تک دانه معنی‌دار بود. بر اساس نمودار گرمائی، ژنوتیپ‌های شماره ۱، ۲، ۳، ۵ و ۴ را می‌توان پایدار در نظر گرفت. بر اساس شاخص گزینش چند صفتی (MTSI) ژنوتیپ‌های ۱ و ۴ به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر انتخاب شدند. به نظر می‌رسد که برای یک نتیجه‌گیری با اطمینان بالا استفاده از نمودار گزینش ژنوتیپ برتر بر اساس شاخص MSTI بتواند به نتایج مطلوبی از تجزیه پایداری با بهره‌گیری از تجزیه‌هایی همچون تجزیه

عاملی، BLUP و AMMI در شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب منجر شود. در مجموع بر اساس تمام تجزیه‌ها، ژنوتیپ‌های شماره ۱، ۲، ۳، ۵ و ۴ ژنوتیپ‌هایی پایدار و برتر نسبت به میانگین کل ژنوتیپ‌ها بودند. ژنوتیپ شماره ۲ عملکرد دانه (۱/۵۵۶ تن در هکتار) را به خود اختصاص داد و از لحاظ وزن صد دانه (۴/۶ گرم جزء ارقام برتر بود و نسبت به شاهد‌های مراغه و طلوع به ترتیب ۵۱ و ۱۵/۷ درصد برتری نشان داد. از نظر بهره‌وری از بارش، ارقام و ژنوتیپ‌ها در محدوده ۲/۴-۳۰/۶۵ کیلوگرم بر میلی‌متر بارندگی قرار داشتند، که کمترین آن مربوط به ژنوتیپ شماره ۹ و بیشترین آن مربوط به ژنوتیپ شماره ۲ بود. در مجموع به نظر می‌رسد

سپاسگزاری

این مقاله مستخرج از پروژه تحقیقاتی با عنوان ارزیابی اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ محیط، پایداری عملکرد دانه و علوفه ژنوتیپ‌های ماشک *Vicia sativa* در آزمایش‌های یکنواخت سراسری مناطق گرمسیر دیم، با شماره مصوب ۹۸۱۰۶۵-۹۸۱۰۶۶-۱۵-۵۶-۰ می‌باشد که بدین وسیله تشکر و قدردانی می‌گردد.

که برای یک نتیجه گیری با اطمینان بالا، استفاده از نمودار WAASBY با وزندهی متغیر از صفر تا ۱۰۰ برای شاخص WAASB میانگین عملکرد زیست توده می‌تواند به نتایج مطمئن‌تری از تجزیه پایداری با بهره‌گیری از تجزیه‌هایی مانند تجزیه عاملی، BLUP و AMMI در شناسایی ژنوتیپ‌های برگزیده بینجامد.

References

- Ren, J. Z., Xu, G., Li, X. L., Lin, H. L., & Tang, Z. (2016). Trajectory and prospect of China's prataculture. *Chinese Science Bulletin*, 61, 178-192.
- Larbi, A., & Nie, B. (2006). Productivity of vetches (*Vicia* spp.) under alpine grassland conditions in China. *Tropical Grasslands*, 40, 177-182.
- Dong, R., Jahufer, M. Z. Z., Dong, D. K., Wang, Y. R., & Liu, Z. P. (2016). Characterization of the morphological variation for seed traits among 537 germplasm accessions of common vetch (*Vicia sativa* L.) using digital image analysis. *New Zealand Journal of Agricultural Research*, 59(4), 422-435.
- Cakmakci, S. A. D. I. K., Aydinoglu, B. İ. L. A. L., Karaca, M. E. H. M. E. T., & Bilgen, M. E. H. M. E. T. (2006). Heritability of yield components in common vetch (*Vicia sativa* L.). *Acta Agriculturae Scandinavica Section B-Soil and Plant Science*, 56(1), 54-59.
- Fracchiolla, M., Lasorella, C., Laudadio, V., & Cazzato, E. (2018). Trifolium mutabile as new species of annual legume for Mediterranean climate zone: first evidences on forage biomass, nitrogen fixation and nutritional characteristics of different accessions. *Agriculture*, 8(7), 113.
- Firincioglu, H. K. (2014). A comparison of six vetches (*Vicia* spp.) for developmental rate, herbage yield and seed yield in semi-arid central Turkey. *Grass and Forage Science*, 69(2), 303-314.
- Humphreys, M. O. (1991). A genetic approach to the multivariate differentiation of perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) populations. *Heredity*, 66(3), 437-443.
- Firincioglu, H. K., Erbehtas, E., Dogruyol, L., Mutlu, Z., Ünal, S., & Karakurt, E. (2009). Phenotypic variation of autumn and spring-sown vetch (*Vicia sativa* ssp.) populations in central Turkey. *Spanish Journal of Agricultural Research*, (3), 596-606.
- Annese, V., Cazzato, E., & Corleto, A. (2006). Quantitative and qualitative traits of natural ecotypes of perennial grasses (*Dactylis glomerata* L., *Festuca arundinacea* Schreb., *Phalaris tuberosa* L., *Brachypodium rupestre* (Host) R. et S.) collected in Southern Italy. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53(2), 431-441.
- Sharifi, P., Aminpanah, H., Erfani, R., Mohaddesi, A., & Abbasian, A. (2017). Evaluation of genotype $\times$ environment interaction in rice based on AMMI model in Iran. *Rice science*, 24(3), 173-180.
- Jahufer, M. Z. Z., & Casler, M. D. (2015). Application of the Smith-Hazel selection index for improving biomass yield and quality of switchgrass. *Crop Science*, 55(3), 1212-1222.
- Olivoto, T., & Nardino, M. 2020. MGIDI: A novel multi-trait index for genotype selection in plant breeding. *Bioinformatics*, 1-22.
- Olivoto, T., Lúcio, A. D., da Silva, J. A., Sari, B. G., & Diel, M. I. (2019 a). Mean performance and stability in multi-environment trials II: Selection based on multiple traits. *Agronomy Journal*, 111(6), 2961-2969.
- Olivoto, T., Lúcio, A. D., da Silva, J. A., Marchioro, V. S., de Souza, V. Q., & Jost, E. (2019 b). Mean performance and stability in multi-environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy journal*, 111(6), 2949-2960.

15. Sharifi, P. (2020). Evolution, Domestication, Breeding Methods and the Latest Breeding Findings in Rice. Agricultural and Natural Resources Engineering Organization of IRAN, IR, 254 PP [In Persian].
16. Wright, K., & Laffont, J. L. (2018). Genotype plus genotype-by-environment biplots. R package. [https:// Kwstat. Github.io/gge/index.html](https://Kwstat.Github.io/gge/index.html).
17. Smith, H. F. (1936). A discriminant function for plant selection. *Annals of eugenics*, 7(3), 240-250.
18. Joudi, M., & Ebadi, A. (2015). Evaluation of agronomic traits of Iranian wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars and their associations under terminal heat stress. *Research in Field Crop Journal*, 3(1), 42-54.
19. Olivoto, T. (2019). *Metan: multi environment trials analysis. R package version 1.1. 0*.
20. Karimizadeh, R., Pezeshkpour, P., Barzali, M., Mehraban, A., & Sharifi, P. (2020). Evaluation the mean performance and stability of lentil genotypes by combining features of AMMI and BLUP techniques. *Journal of Crop Breeding*, 12(36), 160-170. [In Persian]
21. Parissi, Z., Irakli, M., Tigka, E., Papastylianou, P., Dordas, C., Tani, E., & Vlachostergios, D. N. (2022). Analysis of genotypic and environmental effects on biomass yield, nutritional and antinutritional factors in common vetch. *Agronomy*, 12(7), 1678.
22. Dong, R., Shen, S. H., Jahufer, M. Z., Dong, D. K., Luo, D., Zhou, Q., & Liu, Z. P. (2019). Effect of genotype and environment on agronomical characters of common vetch (*Vicia sativa* L.). *Genetic Resources and Crop Evolution*, 66(7), 1587-1599.
23. Greveniotis, V., Bouloumpasi, E., Zotis, S., Korkovelos, A., & Ipsilandis, C. G. (2021). A stability analysis using AMMI and GGE biplot approach on forage yield assessment of common vetch in both conventional and low-input cultivation systems. *Agriculture*, 11(6), 567.
24. Verma, A., & Singh, G. P. (2021). AMMI with BLUP analysis for stability assessment of wheat genotypes under multi locations timely sown trials in Central Zone of India. *Journal of Agricultural Science and Food Technology*, 7, 118-124.
25. Sayar, M. S. (2017). Additive main effects and multiplicative interactions (AMMI) analysis for fresh forage yield in common vetch (*Vicia sativa* L.) genotypes. *Poljoprivreda i Sumarstvo*, 63(1), 119.
26. Laffont, J. L., Hanafi, M., & Wright, K. (2007). Numerical and graphical measures to facilitate the interpretation of GGE biplots. *Crop science*, 47(3), 990-996.
27. Aydemir, S. K., Karakoy, T., Kokten, K., & Nadeem, M. A. (2019). Evaluation of yield and yield components of common vetch (*Vicia sativa* L.) genotypes grown in different locations of Turkey by GGE biplot analysis. *Applied ecology and environmental research*, 17(6).
28. Gauch Jr, H. G., & Zobel, R. W. (1988). Predictive and postdictive success of statistical analyses of yield trials. *Theoretical and Applied genetics*, 76(1), 1-10.
29. Smith, A. B., Cullis, B. R., & Thompson, R. (2005). The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. *The Journal of Agricultural Science*, 143(6), 449-462.
30. Nardino, M., Baretta, D., Carvalho, I. R., Olivoto, T., Follmann, D. N., Szareski, V. J., & de Souza, V. Q. (2016). Restricted maximum likelihood/best linear unbiased prediction (REML/BLUP) for analyzing the agronomic performance of corn. *African Journal of Agricultural Research*, 11(48), 4864-4872.
31. Maleki, H. H., Vaezi, B., Jozeyan, A., Mirzaei, A., Darvishzadeh, R., Dashti, S., & Zeinalzadeh-Tabrizi, H. (2024). Deciphering genotype-by-environment interaction of grass pea genotypes under rain-fed conditions and emphasizing the role of monthly rainfall. *BMC Plant Biology*, 24(1), 559.
32. Ullman, J. B., & Bentler, P. M. (2012). Structural equation modeling. *Handbook of Psychology, second edition*, 2(87): 35-50.
33. Yue, H., Wei, J., Xie, J., Chen, S., Peng, H., Cao, H., & Jiang, X. (2022). A study on genotype-by-Environment interaction analysis for agronomic traits of maize genotypes across Huang-Huai-Hai region in China. *Phyton*, 91(1), 57-81.