

ORIGINAL RESEARCH PAPER

Evaluation of Stability of Rapeseed (*Brassica napus* L.) Winter Genotypes Using Multivariate Statistical Methods

Veisizadeh¹, Z., Khademian^{2*}, R., Alizadeh³, B. and Taghizadeh⁴, A. A

1, 2 and 4. Msc. Graduated student, Assistant Professor and PhD student, Respectively, Department of Genetic and plant breeding, Imam Khomeini international university, Qazvin, Iran

3. Associate professor, Department Oil seeds research, Seed and plant improvement institute, Karaj, Iran

*: Corresponding author Email: r.khademian@eng.ikiu.ac.ir

Received: 2024/05/20

Accepted:2024/07/07

Introduction

Canola (*Brassica napus* L.) is one of the most important edible oil seed after soybean (*Glycin max* L.). Canola is self-pollinated plant but it will be cross-pollinated in presence of insects nearly to 30% that use for hybrid variety with interested heterosis. A total of genotype, environment and interaction of these two factor effects result in a genotype yield value. The genotype \times environment interaction reduce selection efficient of a genotype. So, The evaluation of genotype \times environment interaction result in suitable variety selection. It is used different statistical nonparametric and parametric uni and multivariate methods to evaluate interaction of genotype \times environment which one assess a specific aspect of genotypes yield. AMMI, GGE biplot and PCA are the common methods to evaluate interaction effects. In common, the aim of compatibility is gaining varieties with high yield in different environments but in specific concept, it means detection of varieties which have high yield in specific environments.

Materials and methods

This research was conducted with aim to study of stability in 9 winter hybrid lines of canola which evaluated in primary yield experiment in cold and mild environments of country with 4 controls varieties, Ahmadi, Nima, Ocapi and Nafis and revealed their superiorities. The experiment was done in complete block design with three replications in six environments include Karaj, Esfahan, Khoy, Kermanshah, Hamedan and Zarghan during 2013-2014 and 2014- 2015. The cultivation was done according to common method in each environment and the genotypes were considered as constant factor. It was used of AMMI and GGE biplot models for selection of high yield genotypes and varieties with specific and common adaptability using R-project software.

Results and discussion

The results of combined analysis of variance for 12 environments revealed that the effect of environment, interaction of year \times environment, genotype, interaction of genotype \times year, interaction of genotype \times environment and interaction of genotype \times year \times environment were 22.8%, 45.5%, 2.9%, 1.35%, 7.02% and 6.54%, respectively which the highest one was the changes resulted from year \times environment effect. The significant effect of genotype \times environment means to different response of genotypes to various environment in means of years and so, we can recognize compatible genotypes for specific environment. This effect resulted from changing in genotype ranking in different environments that show fluctuation of yield in the environments. In spite of significant genotype effect in combined analysis, the effect was not significant in separate variance analysis in each year which indicates the effect of year on genotypes reaction and means different stability of the genotypes. The interaction of genotype \times environment were studied in detail by AMMI model. According to AMMI analysis, Okapi had the highest adaptability in experimental environments. BAL- 92, HW-92-4, BAL-90-3 and BAL- 92-1 had good adaptability in Kermanshah, Karaj and Hamedan, too. The genotypes BAL- 92- 3, BAL-92-11, HW-92-3 and Nafis were well compatible to Khoy and Nima and Ahmadi compatible to Zarghan. Also, GGE biplot model was used for more analysis. The results of the analysis revealed that Nafis had the lowest distance to ideal genotype and then, HW-92-1, BAL-92-6 and BAL-92-1 placed in next categories.

Conclusion

In present research, Nafis variety had the highest yield than to other experimental genotypes addition to suitable compatibility to all environments and then, HW-92-1, BAL-92-6 and BAL-92-1 showed more genetic potential for yield and compatibility than to others. It was found in the study that multivariate methods for compatibility studies were efficient due to simultaneous detection of different factors effects on a suitable genotype in canola. One of the results of the research was that the genotype effect was included a small part of variance change and the most of the change belong to environment factors. For the reason, GGE biplot was more functional method to delete environment effects in the results for compatibility studies in canola.

Keywords: Combined Analysis, AMMI analysis, GGEbiplot

Citations: Veisizadeh, Z., Khademian, R., Alizadeh, B. & Taghizadeh, A. A. (2024). Evaluation of Stability of Rapeseed (*Brassica napus* L.) Winter Genotypes Using Multivariate Statistical Methods. *Plant Production Technology*, 24(1), 65-76. <https://doi.org/10.22084/ppt.2024.24312.2045>

© 2022 The Author(s). Bu- Ali Sina University Publication. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

Online ISSN: 2476-5651

Print ISSN: 2476-6321

ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌های زمستانه‌ی کلزا (*Brassica napus* L.) با استفاده از روش‌های آماری

چندمتغیره

Evaluation of Stability of Rapeseed (*Brassica napus* L.) Winter Genotypes Using Multivariate Statistical Methods

زهرا ویسی‌زاده^۱، راحله خادمیان^{۲*}، بهرام علیزاده^۳ و امیرعباس تقی‌زاده^۴

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۲/۳۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۴/۱۷

(مقاله پژوهشی)

چکیده

سازگاری مناسب به همراه عملکرد بالا دو معیار اصلی در انتخاب رقم مناسب برای کشت در یک منطقه است. بنابراین، انتخاب ارقام برتر براساس میانگین عملکرد همراه با ارزیابی پایداری عملکرد به کمک اثر متقابل ژنوتیپ در محیط امکان‌پذیر است. با این هدف، آزمایشی شامل ۹ لاین هیبرید کلزای زمستانه همراه با ۴ رقم شاهد (اکاپی، احمدی، نیما و نفیس) در طی دو سال زراعی ۱۳۹۵-۱۳۹۶ و ۱۳۹۶-۱۳۹۵ به منظور ارزیابی تغییرات عملکرد و میزان سازگاری آن‌ها در ۶ منطقه (همدان، خوی، کرمانشاه، اصفهان، زرقان و کرج) در قالب طرح آزمایشی بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار انجام شد. در این مطالعه از روش‌های آمی و جی جی بای پلات و نرم‌افزار R برای انتخاب ژنوتیپ‌های (های) برتر با عملکرد بالا و پایداری استفاده شد. با استفاده از نتایج تجزیه آمی، رقم اکاپی دارای بیشترین سازگاری عمومی در کلیه محیط‌های بررسی شده بود. ژنوتیپ‌های BAL-92-4، BAL-90-3، HW-92-4 و BAL-92-1، سازگاری خصوصی مطلوبی را در مناطق کرمانشاه، کرج و همدان نشان دادند. در حالی که رقم نفیس و ژنوتیپ‌های BAL-92-3، BAL-92-11 و HW-92-3، سازگاری خصوصی مطلوبی را در منطقه خوی نشان داد. ارقام نیما و احمدی دارای سازگاری خصوصی بالایی در منطقه زرقان بودند. نتایج جی جی بای پلات نشان داد که رقم نفیس با لحاظ دو ویژگی عملکرد بالا و سازگاری مناسب، کمترین مقدار فاصله را از ژنوتیپ ایده‌آل فرضی داشت و پس از آن، ژنوتیپ‌های HW-92-1، BAL-92-6 و BAL-92-1 در رده‌های بعدی از نظر مطلوبیت قرار گرفتند.

واژه‌های کلیدی: تجزیه مرکب، تجزیه آمی، جی جی بای پلات

ارجاع به مقاله: ویسی‌زاده، ز.، خادمیان، ر.، علیزاده، ب. و تقی‌زاده، ا. (۱۴۰۳). ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌های زمستانه‌ی کلزا (*Brassica napus* L.) با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره، *مجله فناوری تولیدات گیاهی*، ۲۴(۱)، ۶۵-۷۶. <https://doi.org/10.22084/ppt.2024.24312.2045>

حق نشر متعلق به نویسنده (گان) است و نویسنده تحت مجوز Commons Creative License Attribution (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>) به مجله اجازه می‌دهد مقاله‌ی چاپ شده را در سامانه به اشتراک بگذارد، منوط بر اینکه حقوق مؤلف اثر حفظ و به انتشار اولیه مقاله در این مجله اشاره شود.



شاپا چاپی: ۶۳۲۱-۲۴۷۶

شاپا الکترونیکی: ۵۶۵۱-۲۴۷۶

۱، ۲ و ۴. به ترتیب دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، استادیار و دانشجوی دکتری، گروه ژنتیک و به نژادی گیاهی، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی (ره)، قزوین، ایران
۳. دانشیار، بخش تحقیقات دانه‌های روغنی، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج، ایران

* نویسنده مسئول Email: r.khademian@eng.ikiu.ac.ir

۱. مقدمه

کلزا (*Brassica napus* L.) یکی از مهم‌ترین دانه‌های روغنی خوراکی پس از سویا (*Glycin max* L.) است (Dezfouli et al., 2019). قدمت استفاده از روغن خوراکی گونه‌های مختلف جنس براسیکا به بیش از هزاران سال می‌رسد (Wu et al., 2018). باتوجه به محدودیت‌های موجود در کشور برای افزایش سطح زیر کشت گیاهان زراعی از جمله کلزا، یکی از مهم‌ترین راه‌های حصول به عملکرد بالا به‌نژادی صفت عملکرد و اجزای آن می‌باشد (Hashemi et al., 2018). یکی از مهم‌ترین اهداف به‌نژادگران تولید پایدار و خودکفایی در اصلاح ژنوتیپ‌هایی از کلزا است که دارای عملکرد دانه و روغن بالا همراه با سازگاری و پایداری مناسب باشند (Jankowski et al., 2020). بنابراین، به‌دست آوردن عملکرد دانه و روغن بالا به ارقامی با سازگاری خوب با شرایط محیطی مختلف وابسته است (Amiri oghan et al., 2020). عملکرد هر ژنوتیپ حاصل مجموع اثرات ژنوتیپی، محیطی و اثرات متقابل ژنوتیپ در محیط است (Yan et al., 2007). وجود اثر متقابل ژنوتیپ در محیط موجب کاهش راندمان انتخاب ژنوتیپ برتر خواهد شد (Kebede & Getahun, 2017). ارزیابی اثر متقابل ژنوتیپ در محیط موجب شناسایی ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایدار می‌گردد (Roy, 2000). برای بررسی اثرات متقابل، روش‌های مختلف آماری ناپارامتری، پارامتری تک متغیره و چند متغیره وجود دارد که هر یک از این روش‌ها بخش‌های مشخصی از اطلاعات مربوط به عملکرد ژنوتیپ‌ها را ارزیابی می‌کنند (Mohammadi et al., 2017). روش‌های آمی، جی‌جی‌بای‌پلات و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی مهم‌ترین روش‌های آماری چند متغیره برای تشخیص سازگاری و پایداری در آزمایش‌های ناحیه‌ای مقایسه عملکرد ژنوتیپ‌ها هستند (Gauch, 2006; Yan et al., 2000). به‌طور معمول هر رقم در یک محیط خاص از تولید حداکثری برخوردار خواهد بود، در این بین بررسی سازگاری و پایداری عملکرد ارقام در محیط‌های مختلف می‌تواند رقمی با عملکرد ثابت در تمام محیط‌ها را برآورد کند (Dashtaki et al., 2004).

در تحقیقی که به‌منظور بررسی پایداری ۱۷ ژنوتیپ کلزا، با استفاده از روش‌های ناپارامتری انجام گرفت، مشخص

گردید، رقم جرومینو^۱ دارای عملکردی پایدار و بالاست (Mortazavian & Azizinia, 2014). در تحقیقی دیگر که با استفاده از روش جی‌جی‌بای‌پلات برای بررسی عملکرد دانه نه ژنوتیپ کلزا در چهار منطقه طی دو سال استفاده شد، مشخص گردید که هیبرید هیولا^۲، با بیش‌ترین عملکرد دانه، ناپایدارترین ژنوتیپ می‌باشد و دو رقم آپشن^۳ و کریستینا^۴ دارای عملکردهای بالا و پایداری عملکرد به نسبت خوب هستند. درخصوص پایداری ژنوتیپ‌ها کلزا نیز همانند سایر گیاهان زراعی تحقیقاتی انجام شده است. در یک بررسی از ۱۶ ژنوتیپ کلزای زمستانه در پنج منطقه به‌مدت دو سال زراعی گزارش گردید که روش آمی^۵ و جی‌جی‌بای‌پلات^۶ دارای پتانسیل خوبی برای ارزیابی شاخص‌های پایداری بودند. به‌طوری‌که تجزیه آمی توانست ۸۸/۵ درصد از مجموع اثرات متقابل ژنوتیپ و محیط را توجیه کند، اما روش جی‌جی‌بای پلات کارآیی بالاتری داشت (Shadan et al., 2022). در مطالعه ای دیگر، تعداد ۱۹ لاین امید بخش سویا همراه با یک رقم شاهد در چهار منطقه به مدت دو سال زراعی مورد بررسی قرار گرفتند و در نهایت براساس نتایج تجزیه جی‌جی‌بای پلات، دو لاین به‌عنوان مطلوب‌ترین ژنوتیپ‌ها از نظر میزان عملکرد دانه و پایداری معرفی شدند (Babaei et al., 2020). در پژوهشی محققان تعداد ۲۳ ژنوتیپ را در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار به مدت دو سال (۱۳۸۱-۱۳۷۹) در چهار منطقه مورد ارزیابی قرار دادند. آنچه از این مطالعه نتیجه گرفته شد این بود که ژنوتیپ هیولا^۲ ۴۰۱ می‌تواند به‌عنوان یکی از مناسب‌ترین و امیدبخش‌ترین ژنوتیپ‌ها جهت کشت در مناطق مورد مطالعه معرفی شود. ژنوتیپ‌های هیولا^۲ ۳۰۸ و S-2 نیز با داشتن سازگاری عمومی به نسبت، در همه مناطق قابل کشت هستند، در صورتی‌که بقیه ژنوتیپ‌ها به‌ویژه ژنوتیپ شاهد ساری‌گل (Sarigol) با وجود دارا بودن پایداری متوسط از عملکرد قابل توجه‌ای برخوردار نبودند (Amiri oghan et al., 2004).

1. Geromino
2. Hyola401
3. Option500
4. Kristina
5. Ammi
6. GGE biplot
7. Hyola308

۲. مواد و روش‌ها

این تحقیق با هدف بررسی پایداری نه لاین زمستانه کلزا که حاصل دورگ‌گیری بودند و در سال زراعی ۱۳۹۳-۱۳۹۲ همراه با چهار رقم شاهد احمدی، نیما، اکاپی و نفیس طی آزمایش مقدماتی عملکرد در مناطق سرد و معتدل سرد کشور ارزیابی شده و برتری خود را نشان دادند، صورت گرفت. این آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار و در شش منطقه کرج، اصفهان، خوی، کرمانشاه، همدان و زرقان (جدول ۱) و طی دو سال زراعی ۱۳۹۴-۱۳۹۵ و ۱۳۹۵-۱۳۹۶ اجرا گردید. کشت در هر منطقه مطابق با شرایط متداول و رایج منطقه صورت گرفت و ژنوتیپ‌ها به‌عنوان عامل ثابت در نظر گرفته شدند.

مطالعات سازگاری در کلزا از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است، شناسایی ارقام و ژنوتیپ‌های که دارای پتانسیل سازگاری خصوصی و یا عمومی هستند می‌توانند در تولید محصول بیش‌تر به‌ویژه در محیط‌هایی خاص نقش به‌سزایی ایفا نمایند. هدف از این تحقیق بررسی برخی ژنوتیپ‌ها و ارقام کلزا در شرایط محیطی مختلف با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره و هم‌چنین بررسی ظرفیت هر یک از این روش‌ها در تعیین ژنوتیپ پرمحصول و پایدار می‌باشد.

Table 1: The information of cultivation locations of rapeseed in 2014-2015 and 2015-2016

| Location | Longitude | Latitude | Elevation(m) | Average annual temperature (C°) | Average annual rainfall (mm) |
|------------|-----------|----------|--------------|---------------------------------|------------------------------|
| Zarghan | 52°43' | 29°46' | 1600 | 18 | 150 |
| Hamedan | 48°52' | 34°80' | 1741 | 11 | 317 |
| Esfahan | 51°65' | 32°00' | 1570 | 20 | 113 |
| Khoy | 44°57' | 38°33' | 1130 | 10 | 253 |
| Karaj | 50°57' | 35°48' | 1300 | 17 | 244 |
| Kermanshah | 43°26' | 34°08' | 1340 | 21.5 | 458 |

η_{in} : بردار مشخصه z امین محیط از n امین مؤلفه اصلی اثر

متقابل؛ θ_{ij} : مقدار باقی مانده؛ ε_{ijk} : خطا.

هم‌چنین مدل جی جی بای پلات به صورت زیر است:

$$\hat{y}_{ij} - \mu - \beta_j = \lambda_1 \zeta_{i1} \eta_{1j} + \lambda_2 \zeta_{i2} \eta_{2j} + \varepsilon_{ij}$$

λ_1 : مقادیر منفرد اولین مؤلفه اصلی؛ λ_2 : مقادیر منفرد دومین

مؤلفه اصلی؛ ζ_{i1} : بردار ویژه ژنوتیپ i ام برای مؤلفه‌ی

اصلی اول؛ ζ_{i2} : بردار ویژه i ام برای مؤلفه اصلی دوم؛ η_{1j} :

بردار ویژه z ام برای مؤلفه اصلی اول؛ η_{2j} : بردار ویژه z ام برای

مؤلفه‌ی اصلی دوم. این روش بر مبنای ریشه‌های راکد منفرد

دو مؤلفه اول بنا نهاده شده است (Yan & Kang, 2002).

۳. نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه مرکب داده‌ها برای ۱۲ محیط نشان داد

که اثر اصلی مکان ۲۲/۸ درصد و اثر متقابل سال × مکان ۴۵/۵

درصد از کل مجموع مربعات را به خود اختصاص داده است و

اثر ژنوتیپ ۲/۹ درصد، اثر متقابل ژنوتیپ × سال ۱/۳۵ درصد،

پس از انجام آزمون همگنی واریانس‌های محیط‌های

مختلف آزمایش با استفاده از آزمون F_{max} هارتلی و تأیید

تجانس واریانس‌ها، تجزیه مرکب داده‌ها انجام گردید.

برای انتخاب ژنوتیپ و ارقام پرمحصول با سازگاری

خصوصی و عمومی از مدل‌های آمی و جی جی بای پلات با

استفاده از نرم‌افزار R-project[®] استفاده گردید. مدل آمی

به صورت زیر محاسبه گردید (Zobel et al., 1998):

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + e_j + \sum_{n=1}^N \delta_n \zeta_{in} \eta_{jn} + \theta_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

Y_{ijk} : عملکرد ژنوتیپ i ام در محیط z ام در تکرار k ام؛ μ :

میانگین کل؛ g_i : اثر ژنوتیپ i ام (اختلاف میانگین ژنوتیپ i ام

از میانگین کل ژنوتیپ‌ها؛ e_j : اثر اصلی z ام (اختلاف میانگین

محیط z ام از میانگین کل محیط‌ها)؛ δ_n : مقدار منفرد مربوط به

n امین مؤلفه اصلی باقی مانده در مدل که برابر با جذر ریشه

مشخصه‌ی مربوط به همان مؤلفه‌ی اصلی است. N تعداد

مؤلفه‌های اصلی برهم‌کنش در مدل آمی است؛ ζ_{in} : بردار

مشخص برای i امین ژنوتیپ از n امین مؤلفه اصلی اثر متقابل؛

معنی دار بودن اثر ساده ژنوتیپ‌ها در تجزیه مرکب داده‌ها، در بررسی جداگانه هر کدام از سال‌ها تفاوتی بین ژنوتیپ‌های مختلف مشاهده نشد که این مسأله نشان‌دهنده‌ی تأثیر زمان (سال) در واکنش‌پذیری ژنوتیپ‌ها و به عبارتی تفاوت در پایداری ژنوتیپ‌های مختلف می‌باشد (جدول ۲). نتایج این تحقیق با نتایج تحقیقی که توسط سایر محققان (Sabbaghnia, Scobar et al., 2011 et al., 2008) انجام گردیده بود، مطابقت دارد و اثر محیط بالاترین نسبت تغییرات را به خود اختصاص داده بود و نقش رقم چندان مؤثر نبود.

اثر متقابل ژنوتیپ × مکان ۷/۰۲ درصد و اثر متقابل ژنوتیپ × سال × مکان ۶/۵۴ درصد کل مجموع مربعات را به خود اختصاص دادند که بیشتر این تغییرات ناشی از اثر سال در مکان بود. معنی دار بودن اثر متقابل ژنوتیپ × مکان حاکی از آن است که پاسخ ژنوتیپ‌ها به مکان‌های مختلف در متوسط سال‌ها متفاوت بوده است و لذا می‌توان به دنبال ژنوتیپ‌های سازگار با مکان‌های خاص بود. این اثر که حاصل تغییر رتبه ژنوتیپ‌ها در مکان‌های مختلف است نشان‌دهنده‌ی نوسان عملکرد این ژنوتیپ‌ها از مکانی به مکان دیگر است. با وجود

Table 2: Combined Analysis of variance of 13 winter rapeseed genotypes studied in two years and six locations

| Source of variation | df | Sum of squares | Mean of squares | Percentage of squares |
|----------------------------|-----|----------------|-----------------|-----------------------|
| Year | 1 | 7792.5 | 7792.5** | 0.001 |
| Location | 5 | 175100785.3 | 35020157.1** | 22.874 |
| Location × Year | 5 | 348343425.8 | 69668685.2** | 45.505 |
| Error I | 24 | 21431554.9 | 892981.5 | 2.800 |
| Genotype | 12 | 22785460.0 | 1898788.3** | 2.977 |
| Year × Genotype | 12 | 10372000.4 | 864333.4** | 1.355 |
| Location × Genotype | 60 | 53803271.3 | 896721.2** | 7.028 |
| Genotype × Year × Location | 60 | 50130425.7 | 50130525.7** | 6.549 |
| Error II | 288 | 83532753.8 | 290044.3 | |
| Total | 467 | 765507469.7 | | |
| CV. = 14.05% | | | | |

*, **, ns: Significant at 5%, 1% and not significant, respectively

Table 3: Means seed yield of 13 winter rapeseed genotypes studied in two years and six locations

| Genotype | Grouping | Mean yield (kg.h ⁻¹) |
|----------|----------|----------------------------------|
| Nafis | A | 4336 |
| BAL921 | B | 4078.7 |
| HW921 | CB | 3998.6 |
| BAL9211 | CB | 3930.8 |
| BAL926 | CBD | 3914.3 |
| Nima | CEBD | 3902.4 |
| HW923 | FCEBD | 3826.2 |
| BAL923 | FCEGD | 3763.2 |
| Okapi | FCEGD | 3756 |
| BAL928 | FEGD | 3632.2 |
| HW922 | FEG | 3624.5 |
| BAL924 | FG | 3559.2 |
| Ahmadi | G | 3514.4 |

Table 4: Means seed yield of 13 winter rapeseed genotypes studied in six locations

| Location | Grouping | Mean yield (kg.h ⁻¹) |
|------------|----------|----------------------------------|
| Zarghan | A | 4387.51 |
| Hamadan | A | 4373.08 |
| Esfahan | B | 3494.86 |
| Khoy | C | 3242.96 |
| Kermanshah | C | 3159.74 |
| Karaj | D | 2986.71 |

داد که اثرات اصلی ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل آن‌ها و دو مؤلفه اول اثر متقابل معنی‌دار بودند. نمودار بای‌پلات آمی نیز قادر به تفکیک ژنوتیپ‌های پایدار و محیط‌های با قدرت تفکیک بالا از محیط‌های ضعیف بود. این امر نشان دهنده‌ی این است که مدل آمی مناسب‌ترین روش برای تجزیه پایداری است.

در مطالعه‌ی (Shadan et al., 2022) روی ۱۶ ژنوتیپ کلزای زمستانه گزارش گردید که در مدل آمی، مجموع مربعات اثر متقابل ژنوتیپ و محیط به چهار مؤلفه اصلی تقسیم شد. سهم این مؤلفه‌های اصلی به ترتیب ۵۱/۶، ۱۹/۷، ۹ و ۸/۲ درصد بود. دو مؤلفه اصلی اول در مجموع ۷۱/۳ درصد از اثرات متقابل را توجیه کردند که این نشان‌دهنده‌ی کارایی مطلوب تجزیه آمی برای تعیین سهم اثرات متقابل ژنوتیپ و محیط است.

با استفاده از نتایج تجزیه آمی و دو مؤلفه‌ی اول می‌توان گراف‌هایی طراحی کرد که از پراکنش محیط‌ها و ژنوتیپ‌های آزمایشی در آن سازگاری خصوصی و عمومی را تأیید یا رد نمود. در مدل اول آمی هرچه ژنوتیپ‌ها به خط افقی بای‌پلات نزدیک‌تر باشند، دارای اثر متقابل ژنوتیپ در محیط کم‌تر و در نتیجه از پایداری عمومی بیش‌تری برخوردارند که برای اکثر محیط‌ها قابل توصیه هستند (Gauch, 2006). با توجه به مدل آمی رقم نفیس دارای حداکثر پایداری بوده و پس از آن رقم اکاپی و BAL-92-8 بیش‌ترین پایداری را داشتند. هم‌چنین رقم نفیس علاوه‌بر داشتن حداکثر مقدار سازگاری مشمول بیش‌ترین مقدار تولید (جدول ۳) نیز می‌باشد. حداکثر میزان تولید در بین شش منطقه موردآزمایش در منطقه زرقان مشاهده شد (جدول ۴). در میان محیط‌های بررسی شده، منطقه کرج در سال ۱۳۹۵-۱۳۹۴ بیش‌ترین پایداری را از خود نشان داده و منطقه کرمانشاه در سال ۱۳۹۶-۱۳۹۵ بیش‌ترین تولید را به خود اختصاص داده است (شکل ۱).

برای بررسی دقیق‌تر، تفکیک اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط با استفاده از روش آمی صورت گرفت. پس از محاسبه‌ی مقادیر اثر متقابل و ماتریس انحراف حاصل از اثرات جمع‌پذیر، تجزیه به عامل‌ها با روش مؤلفه‌های اصلی یک بار روی ماتریس ژنوتیپ‌ها و بار دیگر روی ماتریس محیط‌ها انجام شد. تجزیه واریانس به روش آمی توسط (Sneller & Dombek, 1995) برای ۱۳ ژنوتیپ در ۶ محیط انجام شده است. در این روش، اثرات جمع‌پذیر محیط و ژنوتیپ در سطح یک درصد معنی‌دار گردید. بنابراین، از بین ۶ محیط موردبررسی و هم‌چنین در بین ژنوتیپ‌ها برای عملکرد دانه اختلاف معنی‌دار وجود داشت.

لازم به ذکر است اثر اصلی جمع‌پذیر محیط و ژنوتیپ به ترتیب ۵۸/۶۵ و ۲۷/۴۷ درصد از مجموع مربعات کل را به خود اختصاص دادند، که می‌توان بیان داشت بیش‌ترین تغییرات ناشی از اثر اصلی محیط بوده و ژنوتیپ‌ها تأثیر متوسطی روی تنوع عملکرد داشتند، اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط نیز در سطح یک درصد معنی‌دار شد و هم‌چنین مشخص گردید اثر متقابل ژنوتیپ و محیط درصد کمتری نسبت به اثرات اصلی ژنوتیپ و محیط از تنوع موجود در ساختار داده‌ها برای عملکرد دانه را به خود اختصاص داد. به‌منظور تفسیر هر چه بهتر اثر متقابل محیط \times ژنوتیپ مؤلفه‌های اصلی اثر متقابل استخراج شد. مؤلفه‌ی اول اثر متقابل ۲۹/۷ درصد از تنوع حاصل از اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط را تبیین نمود و در سطح یک درصد معنی‌دار بود، که با تأکید بر این مؤلفه می‌توان اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط را به نحو نسبتاً خوبی تفسیر نمود و از طرف دیگر مؤلفه دوم اثر متقابل ۲۰ درصد از مجموع مربعات اثر متقابل را تبیین کرد و اختلاف معنی‌دار در سطح یک درصد برای این مؤلفه مشاهده شد. در همین رابطه، (Basafa et al., 2015) برای بررسی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط روی عملکرد علوفه ۱۵ لاین علوفه‌ای سورگوم از تجزیه آمی استفاده کردند. نتایج حاصل از این تجزیه روی عملکرد علوفه سورگوم نشان

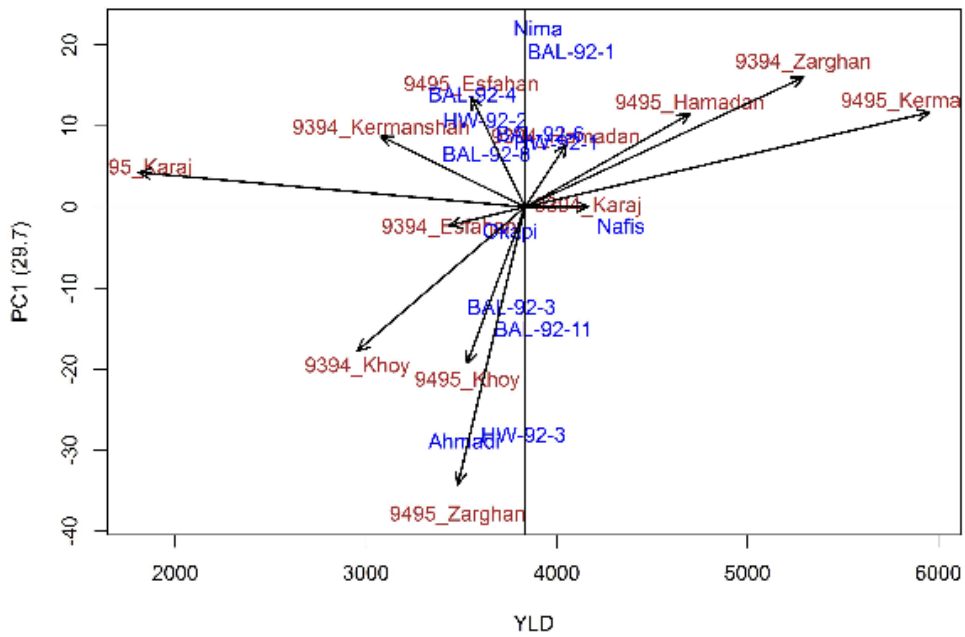


Fig. 1: The first model of AMMI method of 13 winter rapeseed genotypes studied in two years and six locations

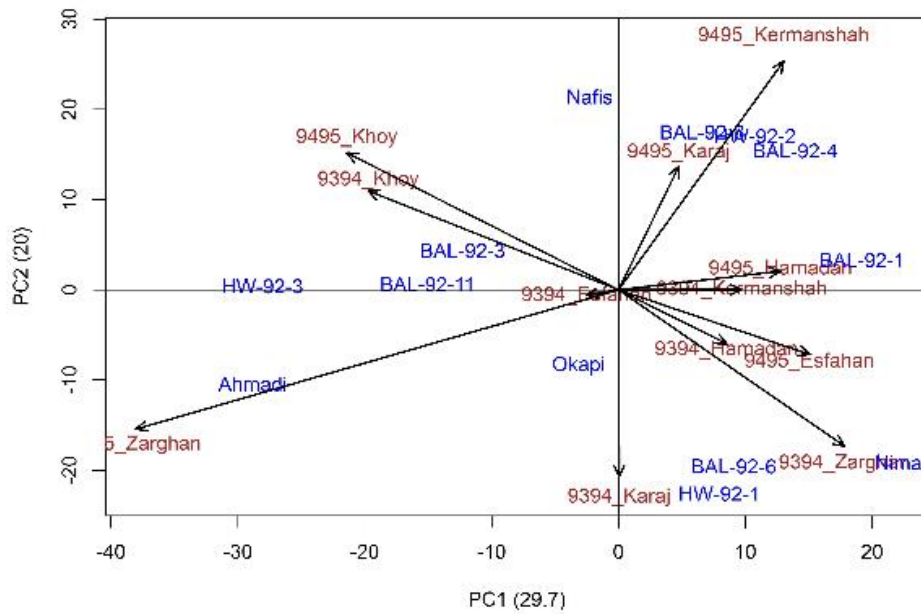


Fig. 2: The second model of AMMI method of 13 winter rapeseed genotypes studied in two years and six locations

سازگاری خصوصی نسبتاً خوبی برخوردار می‌باشند. ارقام نیما و احمدی دارای سازگاری خصوصی خوبی با منطقه زرقان بودند. برای منطقه اصفهان به دلیل داشتن سازگاری عمومی خوب رقم خاصی تعیین نگردید (شکل ۲).

در بررسی سازگاری ۱۸ رقم کلزای زمستانه که در ۱۶ محیط، در اقلیم سرد ایران، انجام شد، مشخص گردید روش آمی، روشی مناسب برای بررسی پایداری در کلزا است. در تحقیق مذکور براساس بررسی‌های مربوط به پایداری ارقام و

مدل دوم آمی حاصل از بای‌پلات مؤلفه اول متقابل در برابر مؤلفه دوم است. با استفاده از این مدل مشخص می‌گردد، رقم اکاپی به دلیل حداقل فاصله از مرکز مختصات دارای حداکثر سازگاری عمومی در میان محیط‌های بررسی شده است. برای مناطق کرمانشاه، کرج و همدان ژنوتیپ‌های BAL-92-4, BAL-92-1 و BAL-90-3, HW-92-4 از سازگاری خصوصی خوبی برخوردار هستند، برای منطقه خوی ژنوتیپ‌های BAL-92-3, BAL-92-11 و HW-92-3 و همچنین رقم نفیس از

چند ضلعی ایجاد شده توسط این روش، اساس مطالعات برآورد سازگاری خصوصی است (شکل ۳). در این چند ضلعی، که به "کدام-برتر-کجا" معروف است، توزیع ژنوتیپ‌ها، ارقام و محیط‌ها و سازگاری خصوصی هر ژنوتیپ با محیط تعیین می‌گردد. باتوجه به بای‌پلات چند ضلعی حاصل از روش جی جی بای‌پلات، رقم نفیس برای مناطق همدان و کرمانشاه دارای سازگاری خصوصی مطلوبی است، هم‌چنین ژنوتیپ HW-92-3 دارای سازگاری خصوصی بالای با منطقه زرقان است (شکل ۳).

رقم نفیس باتوجه به شکل دارای بیش‌ترین مقدار عملکرد و دارای فاصله‌ی عمده‌ای از مقدار میانگین عملکرد سایر ژنوتیپ‌هاست و هم‌چنین رقم اکاپی دارای کم‌ترین مقدار فاصله از خط سازگاری است. هرچه مقدار خط عمود بردار میانگین‌ها بلند باشد در حقیقت مقدار اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط برای آن ژنوتیپ بیش‌تر خواهد بود (شکل ۴).

نیز گراف مربوط به بای‌پلات مؤلفه اصلی اول و صفت عملکرد، ارقام جرونیمو، مودنا و سان‌دیا کمترین مقدار مؤلفه اصلی (نزدیک صفر) یعنی پایدارترین پاسخ به محیط‌های مختلف را داشتند و نیز ابونیت به‌عنوان رقم ناپایدار و مخصوص نواحی خاص تشخیص داده شد (Azizinia & Mortazavia, 2015).

نتایج حاصل از روش جی جی بای‌پلات نشان داد که مؤلفه‌های اصلی اول و دوم به‌ترتیب ۲۷/۳۷ درصد و ۲۱/۲۳ درصد تغییرات را توجیه می‌کنند که در مجموع ۴۸/۶ درصد از واریانس کل توسط دو مؤلفه‌ی اول در روش جی جی بای‌پلات توجیه شده‌اند. اگر مجموع مؤلفه‌های اصلی اول و دوم نتواند اکثر تغییرهای موجود را توجیه کند بیانگر ماهیت پیچیده‌ی اثر متقابل سال × ژنوتیپ است (Zobel et al., 1988). این روش با در نظر گرفتن دو جزء مهم‌تر اثرات متقابل و ژنوتیپ، از واریانس محیط چشم‌پوشی می‌کند و نتایج را براساس آن دو واریانس کاربردی ارائه می‌دهد (Yan & Kang, 2002). شکل

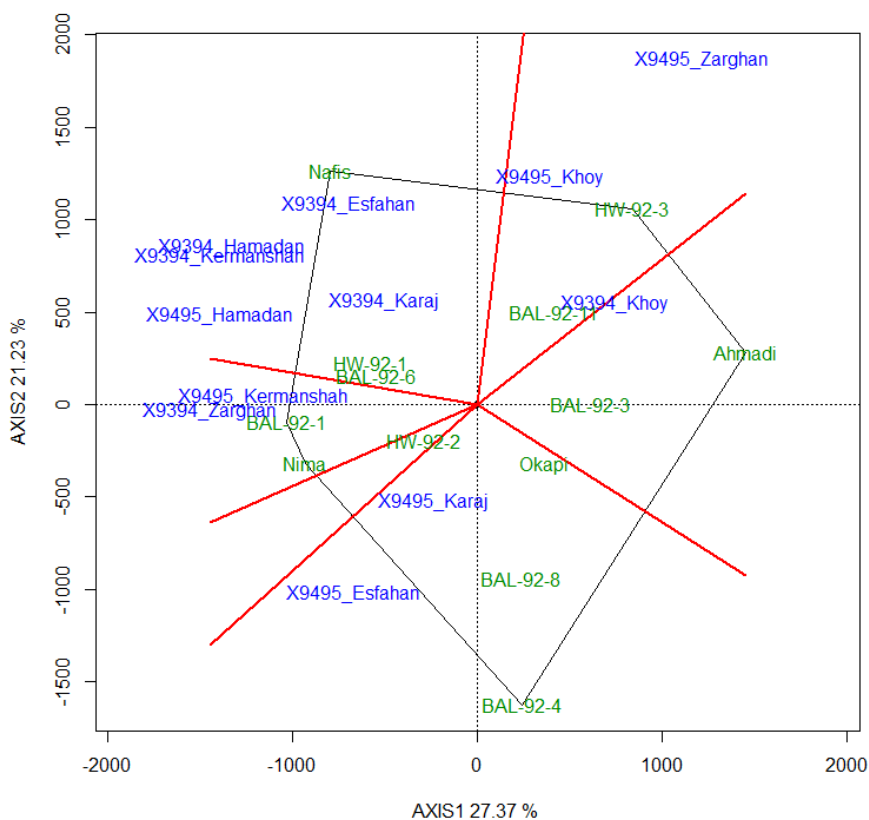


Fig. 3: Polygon GGE biplot and mega environments of 13 winter rapeseed genotypes studied in two years and six locations

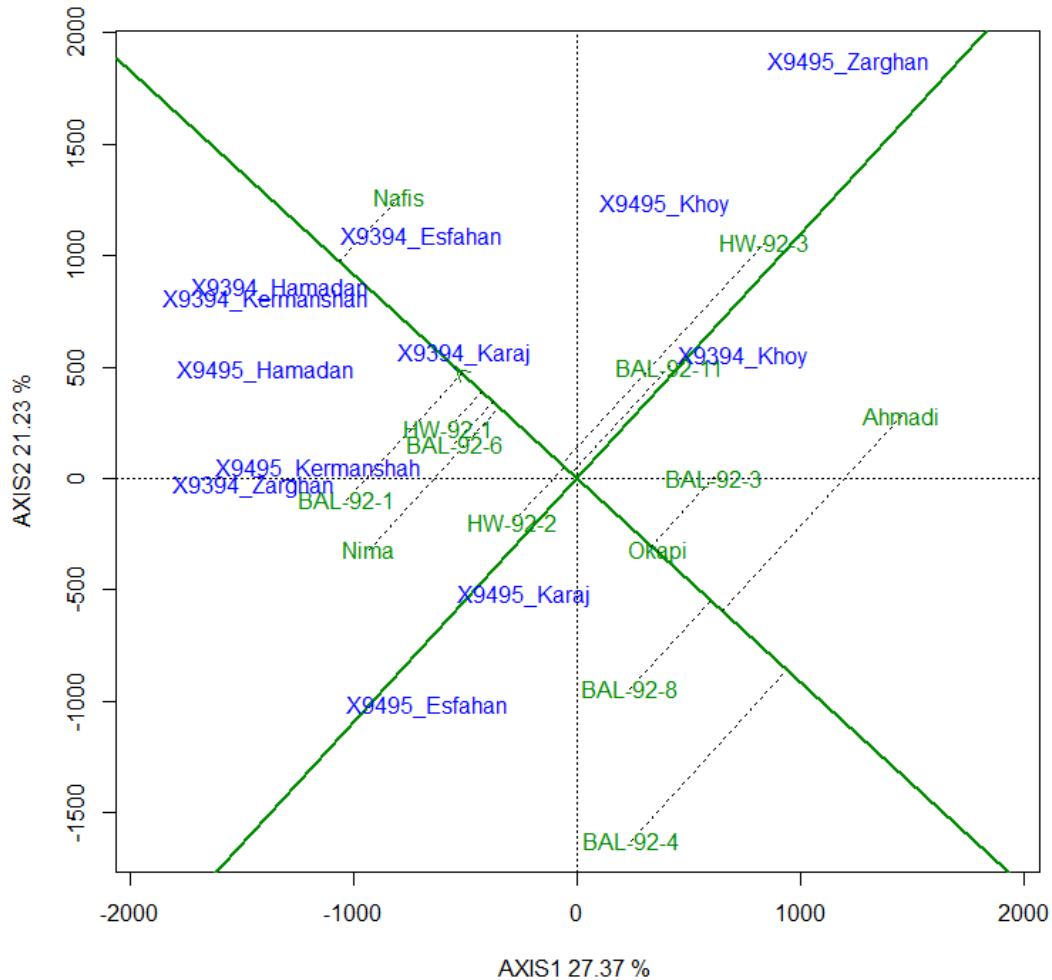


Fig. 4: Stability and yield of genotypes based on GGE Biplot of 13 winter rapeseed genotypes studied in two years and six locations

بنابراین مطلوب‌ترین رقم شرکت کننده در آزمایش است. پس از این، ژنوتیپ‌های HW-92-1، BAL-92-6 و BAL-92-1 در رده‌های بعدی از نظر مطلوبیت قرار دارند. در تحقیقی که در شیلی روی ۲۶ ژنوتیپ کلزا و براساس روش جی جی بای پلات انجام شد مشخص گردید این روش توانایی بالایی در شناسایی اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط داراست، در این آزمایش ژنوتیپ مونالیزا^۱ به‌عنوان مطلوب‌ترین ژنوتیپ شناخته شد (Schoeman, 2003).

شکل ۵، تعیین‌کننده ژنوتیپ ایده‌آل فرضی براساس روش جی جی بای پلات می‌باشد، این ژنوتیپ بر مبنای دو ویژگی مهم یک ژنوتیپ مطلوب یعنی مقدار سازگاری و عملکرد بالا تعیین می‌گردد. بر این مبنای هر ژنوتیپ یا رقمی که به این ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر باشد شامل دو ویژگی گفته شده خواهد بود (Yan & Kang, 2002). باتوجه به موارد گفته شده رقم نفیس با لحاظ دو ویژگی عملکرد بالا و سازگاری مناسب، کم‌ترین مقدار فاصله را از ژنوتیپ ایده‌آل فرضی دارد و

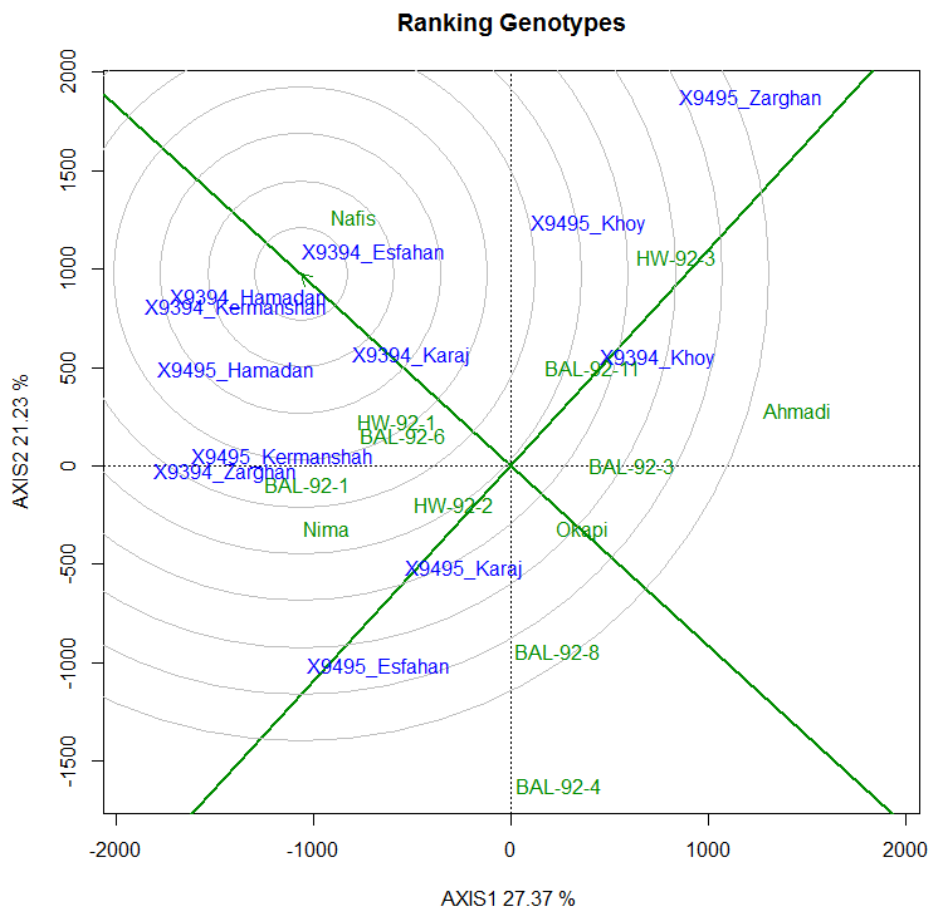


Fig. 5. Hypothetical ideal genotyping based on GGE biplot of 13 winter rapeseed genotypes studied in two years and six locations

۴. نتیجه گیری

گیرند. یکی از نتایج این تحقیق این بود که جزء ژنوتیپی به عنوان جزء مهم و وراثت پذیر، مقدار اندکی از توجیحات واریانس را به خود اختصاص داد و حجم بالایی از توجیه واریانس توسط عوامل محیطی صورت گرفت. باتوجه به این موضوع، روش جی جی بای پلات با قدرت حذف اثرات محیطی از نتیجه گیری ها می تواند روشی کاربردی تر در مطالعات سازگاری کلزا قلم داد شود.

در این تحقیق مشخص گردید که رقم نفیس علاوه بر آنکه از عملکرد بالاتری نسبت به سایر ژنوتیپ های مورد آزمایش در محیط های بررسی شده برخوردار بود، سازگاری مناسبی نیز از خود نشان داد. در این تحقیق مشخص گردید، روش های چند متغیره بررسی سازگاری به دلیل مدنظر قرار دادن جوانب مختلف یک ژنوتیپ مطلوب به طور هم زمان می توانند به عنوان روشی کاربردی در مطالعات سازگاری در کلزا مورد توجه قرار

۵. منابع

- AMIRI, O. H., Rameeh, V., Faraji, A., Fanaei, H. R., Kazerani, N. K., & Rahmanpour, S. (2020). Evaluation of seed yield stability of spring rapeseed genotypes using GGE biplot analysis. *Seed and Plant Journal*, 36(2), 207- 222. (In Persian). <https://doi.org/10.22092/SPPI.2020.123205>
- Azizinia, S., & Mortazavian, M. M. (2015). A Yield Stability Survey in Winter Type Canola Using Univariate Methods and Genotypic Distribution Pattern. *Isfahan University of Technology-Journal of Crop Production and Processing*, 5(15), 57-68. (In Persian). <https://doi.org/10.18869/acadpub.jcppp.5.15.57>
- Babaei, H. R., Razmi, N., Raeisi, S., & Sabzi, H. (2020). Evaluation of adaptability and seed yield stability of soybean (*Glycine max L. Merrill*) promising lines using GGE biplot analysis. *Iranian Journal of Crop Science*, 22(2), 183-197. (In Persian). <http://dx.doi.org/10.29252/abj.22.2.183>.
- Basafa, M., Taherian, M., & Beheshti, A. (2015). Stability analysis for forage yield in sorghum lines. *Applied Field Crops Research*, 28(107), 99-107. <https://doi.org/10.22092/AJ.2015.105710>

- Bornhofen, E., Benin, G., Storck, L., Woyann, L. G., Duarte, T., Stoco, M. G., & Marchioro, S. V. (2017). Statistical methods to study adaptability and stability of wheat genotypes. *Bragantia*, 76, 1-10. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.557>
- Dashtaki, M., Yazdarsepas, A., Mirak, T. N., Ghannadha, M. R., Joukar, R., Islampour, M. R., & Ashouri, S. (2004). Stability of grain yield and harvest index in winter and facultative bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. *Seed Plant Journal*, 20, 263-279. (In Persian). <https://doi.org/10.22092/SPIJ.2017.110583>
- Dezfouli, P. M., Sedghi, M., Shariatpanahi, M. E., Niazian, M., & Alizadeh, B. (2019). Assessment of general and specific combining abilities in doubled haploid lines of rapeseed (*Brassica napus* L.). *Industrial Crops and Products*, 141, 111754. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2019.111754>
- Escobar, M., Berti, M., Matus, I., Tapia, M., & Johnson, B. (2011). Genotype× environment interaction in canola (*Brassica napus* L.) seed yield in Chile. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 71(2), 175. <https://doi.org/10.4067/S0718-58392011000200001>
- Gauch Jr, H. G. (2006). Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Science*, 46(4), 1488-1500. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.07-0193>
- Hashemi, A., Nematzadeh, G.A., Oladi, M., Afkhami Ghadi, A., & Gholizadeh Ghara., A. (2018). Study of Rapeseed (*Brassica napus*) Promising Genotypes Adaptation in Different Regions of Mazandaran. *Journal of crop breeding*, 10(28), 119-124. <http://dx.doi.org/10.29252/jcb.10.28.119>
- Jankowski, K. J., Załuski, D., & Sokólski, M. (2020). Canola-quality white mustard: Agronomic management and seed yield. *Industrial crops and products*, 145, 112138. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2020.112138>
- Kebede B, A., & Getahun, A. (2017). Adaptability and stability analysis of groundnut genotypes using AMMI model and GGE biplot. *Journal of crop science and biotechnology*, 20, 343-349. <https://doi.org/10.1007/s12892-017-0061-0>
- Mohamed, N. E. (2013). Genotype by environment interactions for grain yield in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 5(7), 150-157. <https://doi.org/10.5897/JPBCS2013.0390>
- Mohammadi, M., Karimizadeh, R., Hosseinpour, T., Ghoghogh, H., Shahbazi, K., & Sharifi, P. (2017). Use of parametric and non-parametric methods for genotype× environment interaction analysis in bread wheat genotypes. *Plant Genetic Researches*, 4(2), 75-88 (In Persian). <https://doi.org/10.29252/pgr.4.2.75>
- Mortazavian, S. M., & Azizi-mia, S. (2014). Nonparametric stability analysis in multi-environment trial of canola. *Turkish Journal of Field Crops*, 19(1), 108-117. <https://doi.org/10.17557/tjfc.41390>
- Roy, D. (2000). Plant breeding: Analysis and exploitation of variation. Alpha Science Int'l Ltd.
- Sabaghnia, N., Dehghani, H., & Sabaghpour, S. H. (2008). Graphic analysis of genotype by environment interaction for lentil yield in Iran. *Agronomy Journal*, 100(3), 760-764. <https://doi.org/10.2134/agronj2006.0282>
- Shadan, E., Zarrini, H. N., Alizadeh, B., Ranjbar, G., & Kiani, G. (2022). Evaluation of seed yield stability and compatibility in some winter rapeseed genotypes. *Journal of Crop Breeding*, 14(41), 97- 107 (In Persian). <https://doi.org/10.52547/jcb.14.41.97>
- Sneller, C. H., & Dombek, D. (1995). Comparing soybean cultivar ranking and selection for yield with AMMI and full-data performance estimates. *Crop Science*, 35(6), 1536-1541. <https://doi.org/10.2135/cropsci1995.0011183X003500060003x>
- Vaezi, B., Pour-Aboughadareh, A., Mohammadi, R., Armion, M., Mehraban, A., Hossein-Pour, T., & Dorii, M. (2017). GGE biplot and AMMI analysis of barley yield performance in Iran. *Cereal Research Communications*, 45, 500-511. <https://doi.org/10.1556/0806.45.2017.019>
- Wu, W., Ma, B. L., & Whalen, J. K. (2018). Enhancing rapeseed tolerance to heat and drought stresses in a changing climate: perspectives for stress adaptation from root system architecture. *Advances in agronomy*, 151, 87-157. <https://doi.org/10.1016/bs.agron.2018.05.002>
- Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q., & Szlavnic, Z. (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop science*, 40(3), 597-605. <https://doi.org/10.2135/cropsci2000.403597x>
- Yan, W., & Kang, M. S. (2002). GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC press <https://doi.org/10.1201/9781420040371>
- Yan, W., & Tinker, N. A. (2005). An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting, and exploring genotype× environment interaction. *Crop Science*, 45(3), 1004-1016. <https://doi.org/10.2135/cropsci2004.0076>
- Yan, W., Kang, M. S., Ma, B., Woods, S., & Cornelius, P. L. (2007). GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop science*, 47(2), 643-653. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.06.0374>
- Zobel, R. W., Wright, M. J., & Gauch Jr, H. G. (1988). Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy journal*, 80(3), 388-393. <https://doi.org/10.2134/agronj1988.00021962008000030002x>