

استفاده از مدل ضرب پذیر تغییر یافته در جداپذیری اثرات ژنوتیپی در خلر (*Lathyrus sativus* L.)سجاد طلایی<sup>۱</sup>، حمید دهقانی<sup>۲\*</sup> و بهروز واعظی<sup>۳</sup>

۱ و ۲. دانشجوی سابق کارشناسی ارشد و دانشیار گروه اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس

۳. مربی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان کهگیلویه و بویراحمد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج

کشاورزی، یاسوج، ایران

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۴/۴/۲ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۴/۱۱/۱۲)

## چکیده

در اغلب آزمایش‌های مقایسه رقم‌ها، اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط پیچیده است و اثرگذاری ژنوتیپی و محیطی جداپذیر نیستند. مدل ضرب پذیر تغییر یافته یک ابزار تحلیلی توانمند برای جداپذیری اثرگذاری ژنوتیپی از اثرگذاری محیطی، جداپذیری اثرگذاری محیطی از اثرگذاری ژنوتیپی و جداسازی کامل را فراهم می‌کند. در این بررسی ده رگه (لاین) امیدبخش خلر (*Lathyrus sativus* L.) به همراه توده بومی ننده (به‌عنوان شاهد) در ایستگاه‌های گچساران، کوه‌دشت لرستان و ایلام برای مدت چهار سال زراعی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار تصادفی به کلی متفاوت ارزیابی شد. صفت عملکرد دانه با استفاده از مدل SHMM تجزیه و تحلیل شد. با استفاده از تجزیه خوشه‌ای بر پایه معیار فاصله اقلیدسی، در نهایت چهار گروه از محیط‌ها تعیین شد که سه سال اول ایستگاه گچساران، سال اول ایستگاه ایلام و همچنین دو سال آخر کوه‌دشت لرستان در یک خوشه، دو سال اول کوه‌دشت لرستان در یک خوشه جداگانه، دو سال آخر ایلام و سال آخر گچساران نیز در یک خوشه قرار گرفتند. همچنین سال دوم ایلام در یک خوشه جداگانه قرار گرفت. در هر کدام از این خوشه‌ها، ژنوتیپ‌ها اثرگذاری متقاطع با هم نشان نداده و مدل SHMM<sub>1</sub> برازش کافی داشته است. در نهایت نتایج مدل SHMM با استفاده از روش نگاره‌ای (گرافیکی) GGEbiplot نیز تأیید شد. نتایج نشان داد در گچساران اثر متقابل متقاطع کمتری در طی سال‌های مختلف بین ژنوتیپ‌ها وجود داشت. همچنین در ایلام بیشترین اثر متقابل متقاطع در سال‌های انجام پژوهش مشاهده شد.

واژه‌های کلیدی: اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط، اثر متقابل متقاطع، تجزیه خوشه‌ای، مدل ضرب پذیر تغییر یافته.

### Using the shifted multiplicative model to separability genotypic effects in grass pea (*Lathyrus sativus* L.)

Sajad Talaei<sup>1</sup>, Hamid Dehghani<sup>2\*</sup> and Behrouz Vaezi<sup>3</sup>

1, 2. Former M. Sc. Student and Associate Professor, Department of Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran

3. Instructor, Kohgiluyeh and Boyer-Ahmad Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Yasuj, Iran

(Received: Jun. 23, 2015 - Accepted: Feb. 1, 2016)

## ABSTRACT

In most experiments comparing the cultivars, the interpretation genotype  $\times$  environment interaction is complex, and environmental and genotypic effects are not separable. Shifted multiplicative model (SHMM) provides a powerful analytical tool for the discriminating of genotypic effects from environmental effects and discriminating of environmental from genotypic effects. In this study 10 elite lines of Grass pea (*Lathyrus sativus* L.) local landrace with Naghadeh (as a control) in a randomized complete block design with three replications were analyzed using SHMM models. Using cluster analysis based on the proposed distance measure produces four final groups of environments with a SHMM<sub>1</sub>. The first three years of Gachsaran and the first year of Ilam and two last years of Lorestan located in one cluster, the first two years of Lorestan located in separate cluster, Ilam's last two years and Gachsaran last year were grouped in a cluster. The second year of Ilam ranked in a separate cluster as well. In each of these clusters, the genotypes did not show crossover effects with themselves, and SHMM<sub>1</sub> model has had adequate fitting in each cluster. The results of SHMM model was confirmed using the graphical method. Results revealed that the least and the highest cross over interactions in different years among genotypes at Gachsaran and Ilam locations, respectively.

**Keywords:** cluster analysis, crossover interaction, genotype  $\times$  environment interaction, shifted multiplicative model.

## مقدمه

خلر با نام علمی (*Lathyrus sativus* L.) گیاهی خزنده و یک‌ساله، متعلق به خانواده بقولات است که شامل ۱۵۰ زیرگونه یک‌ساله و چندساله است (Rahman *et al.*, 1995). خلر به‌عنوان یک منبع پروتئین گیاهی بسیار با ارزش، برای دام و طیور (Chowdhury *et al.*, 2008; Smulikowska *et al.*, 2005) است. خلر به‌عنوان گیاه مدل شناخته می‌شود. گیاه مدل گیاهی است که از نظر ویژگی‌های خاصی بررسی شده و نسبت به گیاهان دیگر بهتر شناخته شده باشد. خلر به دلیل تحمل بالا نسبت به خشکی امروزه به‌عنوان یک گیاه مدل در کشاورزی شناخته شده است که می‌تواند شرایط کم‌آبی را تحمل کند (Patto *et al.*, 2006). خلر در واقع یک گیاه چندمنظوره برای چرا، علوفه خشک، کود سبز و دانه است (Kardag *et al.*, 2004).

اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در همه موجودهای زنده از تک‌یاخته‌ها تا موجودهای عالی وجود دارد. این موضوع در کشاورزی، ژنتیک، تکامل اهمیت بسزایی دارد (Saxton, 2004). اثر متقابل ژنوتیپ × محیط که معنی‌دار شود می‌تواند بیانگر وجود تغییر رتبه ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف باشد؛ لذا این نوع اثر متقابل در تولید و اصلاح نباتات اهمیت پیدا می‌کند (Kang & Gauch, 1996). همچنین وجود اثر متقابل متقاطع<sup>۱</sup>، اهمیت زیادی در زمینه اصلاح برای ایجاد سازگاری به یک محیط خاص دارد (Saxton, 2004). اثر متقابل متقاطع یا تغییر رتبه ژنوتیپ‌ها در محیط‌ها که مهم‌ترین نوع اثر متقابل در تولید و اصلاح گیاهان است و طی آن تفاوت‌های معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها منجر به تغییر رتبه آن‌ها در محیط‌های مختلف می‌شود. راهکار روبه‌رویی با اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، پرهیز و یا بهره‌برداری از آن است (Esimann *et al.*, 1990).

در یک برنامه اصلاحی هنگامی اثر متقابل از نوع غیرمتقاطع<sup>۲</sup> باشد، می‌توان آن را نادیده گرفت و تنها بر پایه عملکرد دآوری کرد (Yan & Hunt, 1998). اگر اثر متقابل از نوع متقاطع باشد می‌بایستی اثرگذاری ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به‌طور همزمان در نظر

گرفته شوند و نباید تنها تأثیر ژنوتیپ را مدنظر قرار داد (Yan & Kang, 2002). بنابراین دو روش ضرب‌پذیر در بررسی‌های اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها یا محیط‌ها به‌کار گرفته شده است. این دو روش، مدل ضرب‌پذیر تغییریافته<sup>۳</sup> (SHMM) و مدل رگرسیون مکانی<sup>۴</sup> (SREG)، توسط سید صدر و کرنلئوس (Seyedsadr & Cornelius, 1992) معرفی شده‌اند، روش SHMM قابلیت بسیار بالایی برای تشخیص اثر متقابل نامتقاطع از متقاطع دارد، اما در روش SREG برای ارزیابی پایداری از واریانس ژنوتیپی (G) و اثر متقابل ژنوتیپ و محیط (GE) استفاده می‌شود و افزون بر تعیین ژنوتیپ‌های برتر، گروه‌بندی محیط‌ها نیز انجام می‌شود (Yan & Kang, 2002).

در پژوهشی در کشور کانادا در سال‌های ۲۰۰۲-۱۹۸۱ روی ۶۴ ژنوتیپ گندم بهاره در ۴۷ مکان، گروه‌بندی مکان‌ها در زیرمجموعه‌ای از گروه‌ها که اثر متقابل متقاطع نشان دادند با استفاده از روش SHMM و SREG و با استفاده تجزیه خوشه‌ای بر پایه معیار فاصله اقلیدسی و روش پیوستگی کامل<sup>۵</sup> انجام گرفت. هر دو مدل گروه‌بندی مکان‌ها را به‌صورت سالانه که اثر متقابل متقاطع داشتند دسته‌بندی کردند. اما این گروه‌بندی مکان‌ها یک الگوی تکرارپذیر نداشتند و در سال‌های مختلف انجام آزمایش در خوشه‌های مختلفی قرار گرفتند (Navabi *et al.*, 2006). نتایج نشان داد که گروه‌بندی مکان‌ها در ۲۱ سال از سالی به سال دیگر با هم فرق می‌کند و همسان نیست.

در تحقیقی با استفاده از مدل SHMM، ۴۱ ژنوتیپ گندم زمستانه را در هفت مکان با استفاده از تجزیه خوشه‌ای بر پایه معیار فاصله اقلیدسی و روش پیوستگی کامل گروه‌بندی شدند. در این تحقیق ۳۵ ژنوتیپ در ۹ گروه مختلف قرار گرفتند و شش ژنوتیپ دیگر در هیچ گروهی قرار نگرفتند (Cornelius *et al.*, 1993).

در تحقیق دیگری هشت ژنوتیپ ذرت در ۵۹ مکان بین‌المللی سیمیت با استفاده از روش SREG و SHMM با فرض ناهمگنی واریانس بین مکان‌های

3. Shifted Multiplicative Model  
4. Site Regression  
5. Complete Linkage

1. Crossover Interaction  
2. Non-Crossover Interaction

اثرگذاری ژنوتیپی از محیطی و مشخص کردن محیط‌های مورد بررسی که در آن‌ها اثر متقابل متقاطع وجود نداشته باشد؛ روی داده‌های ناشی از ارزیابی رگه (لاین)‌های امیدبخش خلر و توده بومی نقده در سه ایستگاه تحقیقات کشاورزی دیم و در مدت چهار سال زراعی انجام شد.

### مواد و روش‌ها

این بررسی در چهار سال زراعی ۱۳۸۶-۱۳۹۰ در ایستگاه‌های تحقیقاتی دیم گچساران، کوه‌دشت لرستان و ایلام اجرا شد (جدول ۱). ده رگه امیدبخش خلر (*Lathyrus sativus* L.) به همراه توده بومی نقده (به‌عنوان شاهد) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار برای صفت عملکرد دانه ارزیابی شد (جدول ۲). منشأ مواد گیاهی مورد استفاده در این پژوهش رگه‌های انتخابی از ذخائر توارثی (ژرم‌پلاسم) بین‌المللی خلر در قالب آزمایش‌های مقایسه عملکرد بین‌المللی (ILYP)<sup>۱</sup> بوده است.

### روش تجزیه و تحلیل داده‌ها

پس از آزمون نرمال بودن اشتباه‌های آزمایشی، در آغاز تجزیه واریانس ساده عملکرد دانه، برای هر مکان در هر سال انجام گرفت. سپس برای آزمون یکنواختی واریانس خطاهای آزمایشی، آزمون بارتلت انجام شد. با توجه به معنی‌داری آزمون بارتلت، داده‌ها از رابطه زیر موازنه شدند (Crossa & Cornelius, 1997):

$$\bar{x}_{ij.} = \bar{y}_{ij.} \sqrt{\frac{MSE_j}{r}}$$

در این فرمول،  $r$  شمار تکرار،  $MSE_j$  میانگین مربعات اشتباه‌های آزمایشی در هر محیط و  $\bar{y}_{ij.}$  میانگین تکرارها (جدول ۳) برای ژنوتیپ آم و محیط زام است.

مورد بررسی با استفاده تجزیه خوشه‌ای بر پایه معیار فاصله اقلیدسی و روش پیوستگی کامل گروه‌بندی شدند. نتایج نشان داد روش دسته‌بندی مکان‌ها با استفاده از فرض نداشتن تجانس واریانس درون مکان‌ها مؤثر است. در نهایت این مکان‌ها در پنج گروه دسته‌بندی شدند که هر کدام از این پنج گروه اثر نامتقاطع داشتند (Crossa et al., 1993).

در پژوهشی که با استفاده از دو مدل SHMM و SREG با استفاده تجزیه خوشه‌ای بر پایه معیار فاصله اقلیدسی و روش پیوستگی کامل انجام شد، زیرگروه‌هایی از مکان‌ها بررسی شدند (Crossa et al., 2002).

همچنین با استفاده از دو مدل SHMM و SREG داده‌های ۹۶۳ آزمایش تکرار شده در بیست سال و چند مکان گندم نان برای شناسایی مناطق برای تمایز ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه بررسی شد. نتایج نشان داد مکان‌های مورد بررسی در چهار گروه دسته‌بندی شدند. گروه اول شامل مکان‌هایی در مدیترانه، غرب آسیا و آمریکای جنوبی، گروه دوم مکان‌های گرم در جنوب و شرق آسیا، گروه سوم مکان‌های با بارش بیشتر در جنوب آمریکا و شرق آفریقا، و گروه چهارم شامل مکان‌های سرد در جنوب آمریکا و غرب آسیا بود (Threthowan et al., 2003).

در همه پژوهش‌های یاد شده در روش SHMM برای انجام تجزیه خوشه‌ای بر پایه معیار فاصله اقلیدسی و روش پیوستگی کامل گروه‌بندی انجام شده است. همچنین به دلیل اهمیت استفاده توأم از تجزیه خوشه‌ای، روش‌های  $F_1$  و  $F_{GH1}$  در تعیین خط برش در روش چند متغیره SHMM به منظور تعیین زیرمجموعه‌ای از محیط‌ها با قابلیت جداپذیری اثرگذاری ژنوتیپی از محیطی، این تحقیق با استفاده از روش‌های SHMM و SREG با هدف گروه‌بندی مکانی و جداسازی

جدول ۱. نام و مشخصات ایستگاه‌های تحقیقاتی مورد بررسی خلر

Table 1. Names and characteristics of research stations grass pea

Station	Rainfall† (mm)	AMSL (m)	Longitude	Latitude	Average of Temp.(°C) ††	
					Min.	Max.
Gachsaran	302.35	710	50°50'E	30° 17'N	2.7	41.1
Kuhdasht (Lorestan)	373.82	1125	48°28'E	34° 08'N	-3.3	32.1
Ilam	350	975	46°36'E	33° 47'N	-1	35

†: The average of rainfall in the period of investigation.

††: The average temperature in the period of investigation.

†: میانگین بارندگی در مدت انجام تحقیق است.

††: میانگین دمای ماهیانه در مدت انجام تحقیق است.

جدول ۲. میانگین عملکرد دانه (t.ha) یازده ژنوتیپ امیدبخش خلر در دوازده محیط

Table. Mean of grain yield (t.ha) of 11 grass pea promising genotypes in 12 environments

Genotype (Number)	LOCATION												
	Gachsaran				Kuhdasht (Lorestan)				Ilam				
	ENV	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Sel.289-ICARDA (1)		1.17	1.18	0.53	1.19	1.76	2.76	1.38	0.73	1.28	2.78	1.76	1.69
Sel.290-ICARDA (2)		1.46	0.87	0.31	1.93	1.35	2.80	1.73	0.52	1.49	3.22	1.68	1.62
Sel.299-ICARDA (3)		1.23	1.23	0.52	1.81	1.15	2.78	1.41	0.78	1.34	1.37	2.20	2.13
Sel.387-ICARDA (4)		1.41	1.06	0.33	1.81	2.09	2.61	1.57	0.61	1.61	2.07	2.29	2.22
Sel.449-ICARDA (5)		1.19	0.95	0.55	1.40	1.33	2.74	2.00	0.84	1.74	3.70	2.06	1.99
Sel.587-ICARDA (6)		1.38	1.11	0.57	1.94	1.80	3.07	0.95	0.38	1.95	3.87	2.71	2.55
Sel.B111-ICARDA (7)		1.36	1.13	0.79	1.77	1.81	2.68	1.22	0.33	1.80	2.88	1.70	1.63
Sel.B222-ICARDA (8)		1.19	0.69	0.53	1.66	2.13	2.39	1.34	0.45	1.70	2.91	1.89	1.81
Sel.ETH1/299-ICARDA (9)		1.23	1.60	0.71	1.96	2.05	2.59	1.15	0.58	1.45	1.43	2.66	2.69
Sel.521/B1-ICARDA (10)		1.37	1.60	0.52	1.71	1.47	2.71	1.49	0.55	1.99	4.26	2.36	2.29
Check (Naghadeh) (11)		0.88	1.01	0.18	1.22	1.02	1.13	1.35	0.10	0.73	2.03	2.24	2.16
$\sqrt{\frac{MSE_j}{r}}$		0.17	0.22	0.13	0.23	0.25	0.17	0.19	0.09	0.28	0.18	0.33	0.29

جدول ۳. تجزیه واریانس مرکب برای یازده ژنوتیپ خلر در دوازده محیط

Table 3. Combined analysis of variance in 11 grass pea genotypes at 12 environments

S.O.V.	Df	MS	Expected Value
ENV	11	18.40**	$\sigma_e^2 + g\sigma_{r(g)}^2 + r\sigma_e^2$
Rep (ENV)	24	0.39**	$\sigma_e^2 + g\sigma_{r(e)}^2$
GEN	10	1.29**	$\sigma_e^2 + r\sigma_{ge}^2 + ry\theta_T^2$
GEN×ENV	110	0.445**	$\sigma_e^2 + r\sigma_{ge}^2$
Pooled Error	240	0.15	$\sigma_e^2$

\*\* : Significant at 1% level of probability.

\*\* : معنی دار در سطح احتمال ۱ درصد.

که مجموع صفر و مجموع مربعات (SS) یک داشته باشند که این ویژگی مدل SHMM را خاصیت ارتونرمالیزه<sup>۱</sup> مدل می‌گویند (Cornelius *et al.*, 1993). یعنی برای  $k \neq k'$  شرط زیر برقرار است:

$$\sum_i \alpha_{ik} \alpha_{ik'} = \sum_j \gamma_{jk} \gamma_{jk'} = 0 \quad (2)$$

نخستین جزء ضرب‌پذیر مدل SHMM را اثر اولیه ( $K_1$ ) و دومین جزء این مدل را اثر ثانویه ( $K_2$ ) می‌نامند. عناصر ماتریس Z از کم کردن مقدار فراسنجه  $\beta$  از داده‌های جدول دو طرفه ژنوتیپ  $\times$  محیط (جدول ۲) به دست می‌آیند یعنی ماتریس Z به صورت  $\hat{a}_{ik}$  و  $\hat{g}_{jk}$  تشکیل می‌شود. میزان  $\hat{b}$  از رابطه زیر محاسبه می‌شود. عامل تصحیح ( $\beta$ ) نقش بسیار مهمی در تعیین نوع جداپذیری موجود در داده‌ها دارد.

تجزیه واریانس داده‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی برای چهار سال و سه مکان انجام و تجزیه مرکب داده‌ها روی دوازده محیط انجام شد. تجزیه و تحلیل صفت عملکرد دانه نیز با استفاده از مدل آماری ضرب‌پذیر تغییر یافته و بر پایه رابطه زیر انجام شد (Seyedsadr & Cornelius, 1992; Cornelius *et al.*, 1992).

$$\bar{y}_{ij} = \beta + \sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \varepsilon_{ij} \quad (1)$$

رابطه بالا برای یک جدول دو طرفه، شامل ژنوتیپ (g)، محیط (e)،  $\bar{y}_{ij}$  عبارت است از میانگین ژنوتیپ  $\lambda_m$  در محیط  $\lambda_m$ ،  $\beta$  عامل تصحیح،  $I_k$  فراسنجه مقیاس برای جزء ضرب‌پذیر k (مقدار منفرد برای محور k)  $a_{ij}$  و  $g_{jk}$  هم به ترتیب اثرگذاری اولیه رقم و محیط در صورتی که  $k=1$  و اثرگذاری ثانویه آن‌ها در صورتی که  $k=2$  و  $e_{ij}$  خطای مربوط به  $\bar{y}_{ij}$  است. اجزاء ضرب‌پذیر بر یکدیگر عمود هستند، یعنی بردارهای ویژه ژنوتیپی و محیطی طوری مقیاس‌بندی می‌شوند

1. Orthonormalize

حدودی جمع‌پذیر، مقدار عددی  $\beta$  بزرگ و خارج از دامنه داده‌ها خواهد بود (Seyedsadr & Cornelius, 1992). تنها الگوی اثر متقابل متقاطع که توسط SHMM<sub>1</sub> قابل‌نمایش است، معکوس شدن رتبه در چپ و راست نقطه تلاقی است. با توجه به اینکه اثر متقابل متقاطع بسیار کم چنین الگوی شدیدی دارند، وجود این حالت اغلب با نبود برازش کامل SHMM<sub>1</sub> روی داده‌ها مشخص می‌شود (Crossa et al., 1993).

به‌طور معمول از آزمون‌های  $F_1$  و  $F_{GHI}$  برای برازش مقادیر ضرب‌پذیر مؤلفه‌ها استفاده می‌شود. آزمون  $F_{GHI}$  یک آزمون محافظه‌کارانه برای اثرگذاری ثانویه است. برای اینکه بدانیم مدل SHMM<sub>1</sub> بر یک مجموعه از محیط‌ها که در تجزیه خوشه‌ای به دست آمده‌اند برازش کافی داشته است یا خیر، چند آزمون مختلف ارائه شده‌اند که معنی‌داری اثرگذاری ثانویه و سوم را ارزیابی می‌کنند. این آزمون‌ها عبارت‌اند از  $F$  تقریبی،  $F_1$  و  $F_{GHI}$  که به ترتیب توسط Cornelius et al. (1992) برای آزمون اجزاء یک مدل SHMM برابر یک میانگین مربعات خطای مشترک، Seyedsadr & Cornelius (1991b) (یا آزمون SC)، و سید صدر و کورنلیوس / اسکات و مراسینگ (SC/SM) معرفی شده‌اند.

تجزیه خوشه‌ای محیط‌ها و ژنوتیپ‌ها هنگامی شایان‌پذیر است که مقادیر مؤلفه پس از مؤلفه اول از لحاظ آماری معنی‌دار نباشند. معنی‌دار نبودن اثرگذاری ثانویه به وسیله  $F_1$  دلالت بر برازش SHMM<sub>1</sub> دارد. هنگامی که اثرگذاری اولیه خیلی بزرگ هستند معنی‌دار بودن اثرگذاری ثانویه به وسیله  $F_1$  خیلی مهم نیست مگر اینکه اثرگذاری سوم و دیگر اثرگذاری معنی‌دار باشند.

دیگر آزمون‌ها برای برازش نداشتن SHMM<sub>1</sub> عبارت‌اند از آزمون  $F_R$  برای مقادیر باقی‌مانده لحاظ می‌شود که درجه آزادی آن برای مقادیر مجموع مربعات باقی‌مانده<sup>۱</sup> (SHMM<sub>1</sub>) RSS از رابطه زیر به دست می‌آید. آزمون  $F_R$  می‌تواند یک روش ساده برای انتخاب بهترین مدل باشد. این روش توان کمتری

$$\hat{\beta} = \bar{y}_{...} - \sum_k \hat{\lambda}_k \bar{\alpha}_k \bar{\gamma}_k \quad (3)$$

که در آن  $\bar{\alpha} = \frac{\sum_i \hat{\alpha}_{ik}}{g}$  و  $\bar{\gamma} = \frac{\sum_j \hat{\gamma}_{jk}}{e}$  است. برای اینکه زیرگروه‌هایی از محیط‌ها که در آن‌ها اثر متقابل متقاطع وجود نداشته باشند با استفاده از مدل SHMM تنها با یک جزء ضرب‌پذیر (SHMM<sub>1</sub>) به صورت رابطه ۱ زیر مشخص می‌شود. شرط دیگر برازش کافی مدل SHMM این است که علامت بردارهای ویژه محیطی (و یا ژنوتیپی) همسان است. به عبارتی دیگر بردارهای ویژه محیطی و یا ژنوتیپی همگی علامت مثبت یا منفی دارند (Cornelius et al., 1992).

$$\bar{y}_{ij.} = \beta + \sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \varepsilon_{ij} \quad (4)$$

البته گاهی موارد SHMM<sub>1</sub> برازش خوبی از داده‌ها ارائه می‌دهد اما بردارهای ویژه محیط و یا ژنوتیپی علامت همسان ندارند. در این مواقع چنانچه نمودار مقادیر پیش‌بینی‌شده مدل SHMM<sub>1</sub> در برابر اثرگذاری اولیه مکان‌ها ( $\hat{g}_{j1}$ ) یا ژنوتیپ‌ها ( $\hat{a}_{i1}$ ) رسم شود، این نمودار مجموعه‌ای از خطوط رگرسیون متقاطع را نشان خواهد داد که شمار آن‌ها به ترتیب برابر با شمار ژنوتیپ‌ها یا شمار محیط‌ها خواهد بود. این خطوط رگرسیون همگی در یک نقطه همدیگر را قطع کردند. میزان مورد انتظار  $y$  در این نقطه تلاقی، همان  $\beta$  است.

برای SHMM<sub>1</sub> این نقطه تقاطع، نقطه  $(0, \hat{b})$  بود. اگر SHMM<sub>1</sub> عدم برازش نداشت و نمودار آن در برابر اثرگذاری اولیه محیطی، همه مقادیر فنوتیپی در سمت چپ یا همه در سمت راست نقطه  $(0, \hat{b})$  قرار گرفت، آنگاه اثرگذاری ژنوتیپی از اثرگذاری محیطی قابل جداسازی بود (Cornelius et al., 1992). در غیراین صورت، اثر متقابل از نوع متقاطع (تغییر رتبه ژنوتیپ‌ها) بوده و اثرگذاری اولیه ژنوتیپ‌ها قابل جداسازی نخواهد بود. برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌هایی که تنها یک نوع جداپذیری دارند یا هیچ نوع جداپذیری ندارند، مقدار  $\beta$  باید درون دامنه داده‌ها باشد. برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌هایی با اثرگذاری تا

نسبت به  $F_{GHI}$  برای تشخیص اینکه دیگر اجزاء ضرب‌پذیر وارد مدل شوند یا نه دارد. به همین دلیل از این روش در این پژوهش استفاده نشد.

افزون بر این آزمون‌ها، اگر میانگین مربعات اثرگذاری ثانویه و سوم و مانده‌های مدل  $SHMM_1$  کوچک‌تر از میانگین مربعات مانده‌های به‌دست‌آمده از برازش مدل مناسب بر همه داده‌ها باشد، آنگاه مدل  $SHMM_1$  برازش مناسب و کافی بر آن زیرمجموعه از گروه‌ها دارد. اما آزمون آماری مناسبی برای انجام چنین مقایسه‌هایی ارائه نشده است.

برای انجام تجزیه خوشه‌ای بر پایه معیار فاصله اقلیدسی، ماتریس فاصله تهیه و گروه‌بندی با استفاده از روش پیوستگی کامل انجام شد. برای تعیین کیفیت برازش مدل  $SHMM_1$  و ایجاد خط برش از آزمون‌های  $F_1$  و  $F_{GHI}$  استفاده شد (Seyedsadr & Cornelius, 1992; Cornelius et al., 1992). در این بررسی همه تجزیه‌وتحلیل‌ها با استفاده از نرم‌افزار (SAS, 2002) و SAS v9.2 و GGEbiplot v4.0 (Yan & Kang, 2002) انجام شد.

## نتایج و بحث

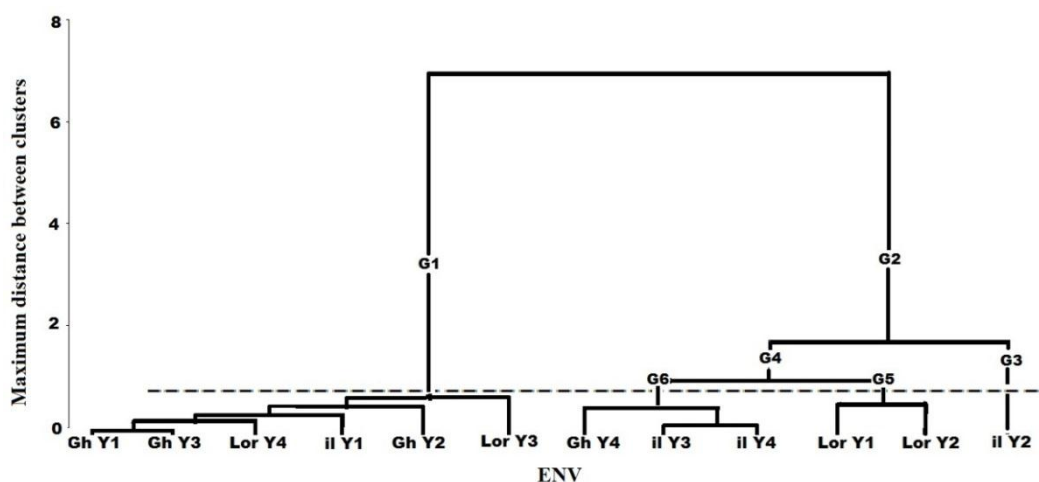
آزمون نرمال‌سازی (نرمالیتی) با استفاده از آزمون شاپیرو-ویلک انجام شد. نتایج برای داده‌ها در هر محیط گویای نرمال بودن آن‌ها بود. (نتایج ارائه نشده است). تجزیه واریانس ساده محیط‌ها به همراه مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها در هر محیط نشان‌دهنده نوسان بالای بین عملکرد هر ژنوتیپ از محیطی به محیط دیگر بود. برای مثال ژنوتیپ شماره ۲ در محیط ۱ و ۴ جز بهترین ژنوتیپ‌ها و در محیط ۲ و ۳ جز بدترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد بود. (جدول ۳). این نتایج نشان‌دهنده پاسخ متفاوت ژنوتیپ‌ها در محیط‌های متفاوت بود. سپس داده‌ها موازنه شدند (Crossa & Cornelius, 1997) و تجزیه واریانس مرکب انجام گرفت. نتایج تجزیه واریانس مرکب داده‌های چهار سال و سه مکان در جدول ۴ درج شده است. با توجه به این نتایج، اثر ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط معنی‌دار شد (شرط لازم برای تجزیه پایداری). بر پایه معیار فاصله‌ای که برای هر یک از جفت

محیط‌ها با استفاده از مقادیر و بردارهای ویژه به دست آمد، ماتریس فاصله تهیه و گروه‌بندی با استفاده از روش پیوستگی کامل انجام شد. نمودار درختواره‌ای (دندروگرام) به‌دست‌آمده برای دوازده محیط مورد بررسی در شکل ۱ ارائه شده است. در مرحله بعد روی کل داده‌ها تجزیه بر پایه مدل  $SHMM$  انجام گرفت. نتایج نشان داد مؤلفه‌های اول و دوم با آزمون‌های  $F_1$  و  $F_{GHI}$  معنی‌دار و فراسنجه  $\beta_1$  نیز  $0.784$  محاسبه شد که در دامنه داده‌ها ( $4/25 - 0/1$ ) قرار دارد (جدول ۵). همچنین نتایج نشان داد بردارهای ویژه هم علامت نیستند (جدول ۵). بدین ترتیب مدل  $SHMM_1$  برازش کافی نشان نداد و وجود اثر متقابل متقاطع برای ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف تأیید شد. در نتیجه اثرگذاری ژنوتیپی از اثرگذاری محیطی جداپذیر نبودند و پاسخ ژنوتیپ‌ها نسبت به محیط‌های مختلف متفاوت بود، نتایج بالا نشان داد که امکان انتخاب یک یا دو رقم که در دامنه گسترده‌ای از محیط‌ها رقم برتر باشند، وجود ندارد. بنابراین لازم است که مجموعه مکان‌های مورد بررسی به گروه‌های یکنواخت بیشتری شکسته شوند به طوری که در هر گروه تغییر معنی‌داری در رتبه ژنوتیپ‌ها مشاهده نشود تا بتوان برای هر محیط کلان رقم برتری را توصیه کرد. به عبارت دیگر، یک زیرگروه مناسب از مکان‌ها باید به گونه‌ای باشد که در آن اثرگذاری ژنوتیپی از اثرگذاری محیطی قابل جداسازی باشد. بنابراین در مرحله بعد برای شناسایی زیرگروه‌هایی از محیط‌ها که جداپذیری ژنوتیپی از خود نشان می‌دهند از روش جداسازی دو مرحله‌ای استفاده شد. در آغاز گروه  $G_1$  که شامل محیط‌های سال‌های اول، دوم و سوم گچساران، سال اول ایلام و سال سوم و چهارم لرستان بود، به روش مدل ضرب‌پذیر تغییر یافته تجزیه شد. همان‌طور که در جدول ۴ مشخص است،  $SHMM_2$  برازش نشد (معنی‌دار نشد) و اثرگذاری اولیه محیطی (بردارهای ویژه محیطی) همگی مثبت بود (جدول ۵) و مقدار فراسنجه  $\beta$  (برای مؤلفه اول و دوم به ترتیب  $0.553 -$  و  $0.410 -$ ) نیز در دامنه داده‌های فنوتیپی گروه  $G_1$  ( $2/00 - 0/01$ ) قرار ندارد (جدول ۵) که گویای نبود اثر متقابل متقاطع در محیط‌ها است. دلیل برابری



جدول ۶. نتایج گروه‌بندی محیط‌ها بر پایه سال و مکان

Year	Ilam	Kuhdasht (Lorestan)	Gachsaran
Year1	A	B <sub>3</sub>	A
Year2	B <sub>1</sub>	B <sub>3</sub>	A
Year3	B <sub>4</sub>	A	A
Year4	B <sub>4</sub>	A	B <sub>1</sub>



شکل ۱. گروه‌بندی محیط‌های مورد بررسی بر پایه مدل ضرب‌پذیر تغییر یافته برای صفت عملکرد دانه خلر

Figure 1. Grouping of studied Environments based on Shifted multiplicative model for grain yield of grass pea

نگاره‌ای خوشه  $G_6$  و  $G_5$  در یک خوشه قرار گرفتند. شاید دلیل همخوانی نداشتن کامل این دو روش در شناسایی ژنوتیپ‌هایی با جداپذیری کامل را بتوان به عامل‌های زیر مرتبط دانست:

۱- انواع مختلفی از شاخص‌های فاصله را می‌توان استفاده کرد که موجب به‌دست آمدن نتایج به‌طور کلی متفاوتی می‌شود.

۲- نقطه برش در بین مراتب مختلف نمودار درختواره‌ای، ممکن است با استفاده از روش‌های مختلف مانند  $F_2$ ،  $F_1$ ،  $F_R$ ،  $F_{GH2}$ ،  $F_{GH1}$  و دیگر روش‌ها، نتایج متفاوتی ایجاد کند.

۳- الگوریتم‌های چندی برای گروه‌بندی وجود دارند که هر کدام از آن‌ها می‌تواند خوشه‌های متفاوتی ایجاد کند. به‌عنوان مثال در اینجا از روش از تجزیه خوشه‌ای بر پایه معیار فاصله اقلیدسی با استفاده از الگوریتم پیوستگی کامل استفاده شد، در صورتی که نتایج دیگر الگوریتم‌ها یا معیار فاصله ممکن است متفاوت باشد.

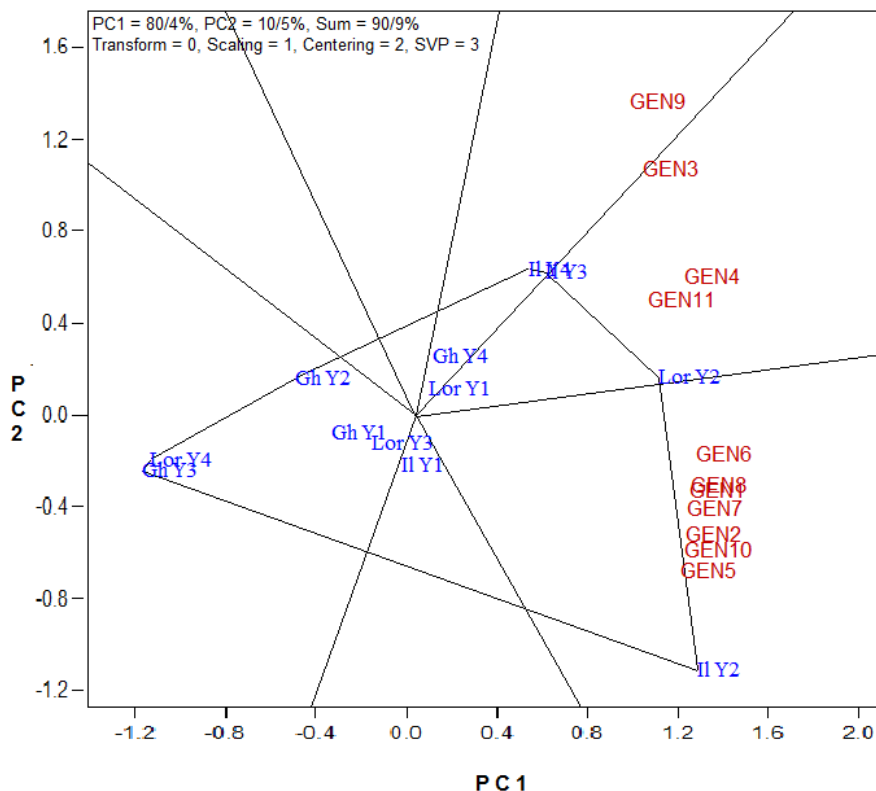
۴- شمار محیط‌ها و ژنوتیپ‌ها در این پژوهش تا حدودی برابر است (۱۲ محیط و ۱۱ ژنوتیپ) بنابراین نتایج SHMM و SREG تا حدود زیادی می‌تواند

قرار گرفتن سه سال اول گچساران در یک خوشه نشان‌دهنده قابلیت پیش‌بینی و تکرارپذیری بالاتر گچساران از دیگر مکان‌هاست. با توجه به شکل ۲ مؤلفه اول (PC1) ایلام در سال دوم، سوم و چهارم، لرستان در سال اول و گچساران در سال چهارم مثبت بود. این محیط‌ها در نمودار درختواره‌ای تجزیه خوشه‌ای مدل SHMM (شکل ۱) در خوشه  $G_2$  قرار گرفتند. همه ژنوتیپ‌ها در همین قسمت (PC1) از نمودار دوجوهی (بای پلات) قرار گرفتند. همچنین دیگر محیط‌هایی که در خوشه  $G_1$  قرار گرفتند مؤلفه اول (PC1) منفی داشتند. محیط سال دوم ایلام به‌تنهایی در خوشه  $G_3$  قرار گرفته بود و اثرگذاری کراس اور شدیدی با دیگر محیط‌ها به‌ویژه خوشه  $G_1$  داشت. با توجه به شکل ۲ این محیط در یک بخش جداگانه قرار گرفت و بیشترین فاصله را از دیگر محیط‌ها داشت. بیشتر ژنوتیپ‌ها در همین بخش از نمودار دوجوهی قرار گرفته بودند. در نتیجه با استفاده از مدل نگاره‌ای (گرافیکی) GGEBiplot (مدل اثر ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط) نیز گروه‌بندی مدل SHMM تأیید شد. تنها تفاوت این مدل با مدل ضرب‌پذیر تغییر یافته این است که در مدل



همسان باشد. با توجه به اینکه اگر شمار محیطها کمتر یا برابر شمار ژنوتیپها باشد، تا باقی‌مانده مؤلفه‌های دو مدل برابر می‌شود ( Seyedasdr & Cornelius, 1991b) در نتیجه به نظر می‌رسد تفاوت ایجاد شده در دو مدل می‌تواند تا حدودی به دلیل نابرابری شمار ژنوتیپها و محیطها نیز باشد.

همسان باشد. با توجه به اینکه اگر شمار محیطها کمتر یا برابر شمار ژنوتیپها باشد، تا باقی‌مانده مؤلفه‌های دو مدل برابر می‌شود ( Seyedasdr &



شکل ۲. گروه‌بندی محیط‌های مورد بررسی بر پایه مدل نگاره‌ای (GGEbiplot) برای صفت عملکرد دانه خلر  
Figure 2. Grouping of studied environments based on graphical model (GGEbiplot) for grain yield of grass pea

تأیید شد. نقطه قوت شاخصی برای فاصله دو محیط آن است که تغییر رتبه محیطها در نظر گرفته شود. در این صورت دو مکانی که جداپذیری ژنوتیپی داشته باشند، در مراحل اولیه گروه‌بندی به یکدیگر می‌پیوندند، و این در حالی است که دو مکان بدون جداپذیری ژنوتیپی، در مراحل بعدی گروه‌بندی به هم می‌رسند. همچنین روش جداسازی دو مرحله‌ای برازش مدل SHMM<sub>1</sub> بر یک خوشه معین، معیاری برای انتخاب نقطه برش در نمودار درختواره‌ای فراهم می‌کند (Crossa & Cornelius, 1997). این روش محیطها یا ژنوتیپها را به گروه‌های مستقلی جداسازی می‌کند که بسته به برازش یا نداشتن برازش مناسب SHMM<sub>1</sub> بر آنها، در سطوح مختلفی نسبت به محل برش قرار می‌گیرند. به نظر می‌رسد لازم است تحقیقات

رسم نمودار درختواره‌ای به روش پیوستگی کامل و بر پایه شاخص فاصله به دست آمده در مدل ضرب‌پذیر تغییر یافته، این امکان را برای اصلاحگر فراهم می‌سازد که گروه‌هایی از محیطها که در آنها اثر متقابل باعث تغییر رتبه ژنوتیپها نمی‌شود، را شناسایی کند (Crossa *et al.*, 1993). این روش را می‌توان با کارایی بالایی به منظور گروه‌بندی محیط‌هایی با جداپذیری اثرگذاری ژنوتیپی و نیز گروه‌بندی ژنوتیپها و محیطها با جداپذیری کامل، استفاده کرد. منظور از کارایی استفاده همزمان از تجزیه خوشه‌ای و مدل SHMM و ایجاد خط برش با استفاده از روش‌های  $F_1$  و  $F_{GH1}$  است. همچنین توانمندی بالای دیگر این روش می‌تواند به کاربرد آن با شمار محیط و یا ژنوتیپ بسیار زیاد اشاره کرد. همان‌طور که ملاحظه شد نتایج مدل SHMM با استفاده از روش نگاره‌ای نیز

نتایج نشان داد در گچساران اثر متقابل متقاطع کمتری در سال‌های مختلف بین ژنوتیپ‌ها وجود داشت. همچنین در ایلام بیشترین اثر متقابل متقاطع در سال‌های انجام پژوهش مشاهده شد.

بیشتری در مورد میزان وابستگی نتایج به انتخاب الگوریتم‌ها و معیار فاصله و روش‌های ایجاد خط برش مورد استفاده در خوشه‌بندی این مدل انجام گیرد.

#### نتیجه‌گیری

همان‌طور که نتایج نشان داد استفاده از روش SHMM در تلفیق با تجزیه خوشه‌ای، راهکار توانمندی برای شناسایی مجموعه‌هایی از محیط‌هاست که اثرگذاری ژنوتیپی در آن‌ها قابل جداسازی باشد. نتایج مدل SHMM با استفاده از روش نگاره‌ای نیز تأیید شد.

#### سپاسگزاری

از همکاری علمی و فنی مسئولان و پژوهشگران ایستگاه‌های تحقیقاتی گچساران، ایلام و کوه‌دشت لرستان که در انجام این بررسی همکاری داشتند، تشکر و قدردانی می‌گردد.

#### REFERENCES

- Kang, M. S. & Gauch, H. G. (1996). *Genotype-by-environment interaction*. CRC Press.
- Chowdhury, S. D., Sultana, Z., Ahammed, M., Chowdhury, B. L., Das, S. C. & Roy, B. C. (2005). The Nutritional Value of Khesari (*Lathyrus sativus*) for Growing and Laying Pullets. *The Journal of Poultry Science*, 42, 308-320.
- Cornelius, P., Seyedsadr, M. & Crossa, J. (1992). Using the shifted multiplicative model to search for "separability" in crop cultivar trials. *Theoretical and Applied Genetics*, 84 (1-2), 161-172.
- Cornelius, P., Van Sanford, D. A. & Seyedsadr, M. S. (1993). Clustering cultivars into groups without rank change interactions. *Crop Science*, 33, 1193-1200.
- Crossa, J., Cornelius, P., Seyedsadr, M. & Byrne, P. (1993). A shifted multiplicative model cluster analysis for grouping environments without genotypic rank change. *Theoretical and Applied Genetics*, 85, 577-586.
- Crossa, J. & Cornelius, P. (1997). Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. *Crop Science*, 37, 406-415.
- Crossa, J., Cornelius, P. & Yan, W. (2002). Biplots of Linear-Bilinear Models for Studying Crossover Genotype - Environment Interaction. *Crop Science*, 42, 619-633.
- Eisemann, R., Cooper, M. & Woodruff, D. (1990). Beyond the analytical, better methodology interpretation and exploitation of genotype-by-environment interaction in breeding. In: Kang M S (Ed), *Genotype-by-environment interaction and plant breeding*. (pp. 108-117) Louisiana State University Agricultural Center.
- Karadag, Y., Iptas, S. & Yavuz, M. (2004). Agronomic potential of grasspea (*Lathyrus sativus* L.) under rainfed condition in semi-arid regions of Turkey. *Asian Journal of Plant Science*, 3, 151-155.
- Navabi, A., Yang, R. C., Helm, J. & Spaner, D. M. (2006). Can spring wheat-growing megaenvironments in the northern great plains be dissected for representative locations or niche-adapted genotypes? *Crop Science*, 46, 1107-1116.
- Rahman, M. M., Kumar, J., Rahman, M. A. & Afzal, M. A. (1995) Natural outcrossing in *Lathyrus sativus* L. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 55, 204-207.
- SAS Institute. (2002). *SAS/STAT user's guide*. (2<sup>nd</sup> edition). SAS institute Inc., Cary, NC.
- Saxton, A. M. (2004) *Genetic analysis of complex traits using SAS*. SAS Institute.
- Smulikowska, S., Rybinski, W., Czerwinski, J., Taciak, M. & Mieczkowska, A. (2008) Evaluation of selected mutants of grasspea (*Lathyrus sativus* L.) var. Krab as an ingredient in broiler chicken diet. *Journal of Animal and Feed Sciences*, 17, 75-87.
- Seyedsadr, M. & Cornelius, P. (1991b). Hypothesis testing for components of the shifted multiplicative model for a nonadditive two-way table. *Communications in Statistics-Simulation and Computation*, 22, 1065-1078.
- Seyedsadr, M. & Cornelius, P. (1992). Shifted multiplicative models for non-additive two-way tables. *Communications in Statistics-Simulation and Computation*, 21, 807-822.
- Threthowan, R. M., Ginkel, M. V., Ammar, K., Crossa, J., Payne, T. S., Cukadar, B., Rajaram, S. & Hernandez, E. (2003). Associations among Twenty Years of International Bread Wheat Yield Evaluation Environments. *Crop Science*, 43, 1698-1711.

18. Patto, M. V., Skiba, B., Pang, E. C. K., Ochatt, S. J., Lambein, F. & Rubiales, D. (2006). Lathyrus improvement for resistance against biotic and abiotic stresses: from classical breeding to marker assisted selection. *Euphytica*, 147, 133-147.
19. Yan, W. & Hunt, L. (1998). Genotype by environment interaction and crop yield. *Plant Breeding Reviews*, 16, 135-178.
20. Yan, W. & Kang, M. S. (2002). *GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. CRC press.