

## کاربرد روش AMMI در تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و تعیین پایداری عملکرد لاین‌های خالص سویا (*Glycine max L.*)

حمید رضا بابائی<sup>۱\*</sup>، حسین سبزی<sup>۲</sup> و نسرين رزمی<sup>۳</sup>

۱. استادیار پژوهش بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی، سازمان

تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مشهد، ایران

۲. کارشناس مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران

۳. مربی پژوهش بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی اردبیل (پارس آباد مغان)، سازمان

تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، پارس‌آباد مغان، ایران

(تاریخ دریافت: ۹۶/۰۷/۱۲ - تاریخ پذیرش: ۹۷/۰۱/۱۸)

### چکیده

این تحقیق با هدف بررسی سازگاری و پایداری عملکرد دانه ۱۹ لاین خالص سویا به‌همراه رقم تجارتي کوثر در سه منطقه کرج، خرم‌آباد و مغان طی دو سال زراعی (۱۳۹۲-۱۳۹۳) اجرا شد. بدین منظور پس از آماده‌سازی زمین و پیاده‌نمودن نقشه آزمایشی، اقدام به کشت بذور ژنوتیپ‌ها در کرت‌های مربوطه گردید. در طول دوره رشد گیاه، مراقبت‌های زراعی معمول به‌عمل آمد و پس از برداشت، عملکرد هر ژنوتیپ برآورد گردید. تجزیه واریانس مرکب بر اساس مدل امی، آماره ASV، نمودارهای دو بعدی عملکرد ژنوتیپ‌ها (لاینهای خالص) و محیط‌ها در مقابل مولفه اول IPCA1 و نیز نمودار دو بعدی دو مولفه IPCA1 و IPCA2 توسط نرم‌افزار Genstat 12 انجام شد. نتایج تجزیه واریانس مرکب امی بیانگر معنی‌دار بودن اثرات جمع‌پذیر ژنوتیپ و محیط و اثر ضرب‌پذیر ژنوتیپ × محیط در سطح ۱٪ بود. مجموع مربعات اثرات ژنوتیپ، محیط و ژنوتیپ × محیط به ترتیب ۴٪، ۱۳٪ و ۱۳٪ از مجموع مربعات کل را تشکیل دادند. همچنین سه ژنوتیپ: G10 (Spry × Nemaha/7)، (Spry × Savoy/3) و G16 (Kousar) G20 بر اساس معیار ASV و نمودارهای بای‌پلات ۱ و ۳ از پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند که ژنوتیپ (Spry × Nemaha/7) G10 با توجه به عملکرد (۲۷۶۴ Kg/ha) و پایداری به‌عنوان بهترین ژنوتیپ انتخاب شد.

واژه‌های کلیدی: سویا، لاین‌های خالص، پایداری عملکرد، اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و روش امی.

## Application of AMMI approach in “Genotype x Environment” interaction analysis and determining yeild stability of soybean purelines [*Glycine max (L.) Merrill*]

Hamid reza Babaei<sup>1</sup>, Hosein Sabzi<sup>2</sup> and Nasrin Razmi<sup>3</sup>

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

2- Research Expert of Center of Agricultural Research and Natural Resources Lorestan Province .AREEO..Khoramabad, Iran.

3- Research tutor of Horticulture Crops Research Department of Center of Agricultural Research and Natural Resources Ardabil Province (Parsabad Moghan), AREEO, Parsabad Moghan, Iran.

(Received: October 4, 2017 – Accepted: April 7, 2018)

### ABSTRACT

This study conducted to evaluating adaptability and seed yeild stability of 19 soybean purelines and Kousar cultivar (check) in three regions: Karaj, Khoram abad and Moghan in during 1392 and 1393 years. For this purpose after preparing soil and planning experimental design, genotype seeds planted in the respective plots. The usual agronomic attentions carried out at growth stages and each genotype yeild estimated after harvest. Combined analysis of variance according to AMMI model, ASV parameter, Biplot Genotypes & Environments means versus IPCA1 and Biplot IPCA1 versus IPCA2 computed by Genstat Ver.12 . the results of ANOVA and AMMI analysis showed that genotye and environment additive effects and “Genotype x Environment” multiplicative effect are significant in % 1 level. Sum of squares of genotype, environment and Gen. × Env. factors founded % 4, % 46 and % 13 of total Sum of squares respectivilly. Also according to ASV parameter and results of 1 and 3 biplots three genotypes: G10 (Spry × Nemaha/7) , G16 ( Spry x Savoy/3) and G20 (Kousar) were the most stable and genotype G10 (Spry × Nemaha/7) selected as the best genotype considering the yeild (2764 Kg/ha) and stability.

**Key word** : Soybean, Purelines, yeild Stability, “Genotype x Environment” interaction and AMMI Method

\* Corresponding author E-mail: 30241hrbabaiei@gmail.com

### مقدمه

بسیاری از این روش‌ها برخی از فرضیات اساسی تجزیه، صادق نیستند که از این بین می‌توان به واکنش غیرخطی ژنوتیپ و محیط و بالاخره وابستگی متغیر مستقل یا شاخص محیطی به متغیر تابع (میانگین ژنوتیپ‌ها) اشاره نمود (Basford & cooper, 1998). در تجزیه واریانس معمول از یک مدل آماری جمع‌پذیر برای برآورد اثر اصلی ژنوتیپ و محیط استفاده می‌شود. در این روش گرچه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط مورد آزمون قرار می‌گیرد، اما این برآورد چندان دقیق نیست. با استفاده از روش‌های چند متغیره از جمله مولفه‌های اصلی می‌توان اثرات ضرب‌پذیر ژنوتیپ × محیط را تجزیه و مقدار آن را برآورد نمود. Zobel *et al.* (1988) و Kempton (1984) روش امی<sup>۱</sup> (AMMI) را که متشکل از دو مدل جمع‌پذیر (تجزیه واریانس) و ضرب‌پذیر (مولفه‌های اصلی) است جهت ارزیابی پایداری ارقام زراعی به‌کار بردند. در این روش اگر فقط مدل جمع‌پذیر (تجزیه واریانس) معنی‌دار باشد از نماد AMMI 0 و در صورت معنی‌دار شدن یک یا بیشتر مولفه‌های اصلی از نمادهای AMMI 1 تا AMMI n استفاده خواهد شد. در این روش باقیماده منابع تغییر یا واریانس به‌عنوان نویز یا خطای مدل منظور می‌شود. در روش‌های مبتنی بر رگرسیون اثرات اصلی افزایشی و تجزیه اثرات متقابل چندگانه (AMMI) برای برآورد اثر ژنوتیپ × محیط و ژنوتیپ و تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط (GGE) به کمک تجزیه بای‌پلات تفکیک و برآورد می‌شود (Silveira *et al.*, 2016, Pacheco *et al.*, 2009).

Silveira & *et al.* (2016) در بررسی سازگاری و پایداری فنوتیپی ۱۰ ژنوتیپ سویا در ۱۲ محیط در ایالت پرانا برزیل با استفاده از روش امی گزارش نمودند که اثرات غیر افزایشی ۶۶٪ از واریانس کل را تشکیل داده‌اند که از این میزان ۴۳٪ مربوطه به مولفه اول (IPCA1) و ۲۳٪ مربوطه به مولفه دوم امی (IPCA2) بوده است. در این بررسی ژنوتیپ‌های SYN1059، SYN1163 و VMAX از عملکرد و سازگاری عمومی بالایی برخوردار بودند. در بررسی سازگاری ۱۵ ژنوتیپ سویا در شش مکان از نواحی شرقی ایالت داکوتای جنوبی، تجزیه امی نشان داد که اجزاء واریانس اثرات ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای سه صفت عملکرد دانه، روغن و پروتئین معنی‌دار بوده و ژنوتیپ‌ها رتبه‌های متفاوتی به لحاظ صفات مورد مطالعه در

سویا (*Glycine max*) به‌دلیل برخورداری از روغن و پروتئین خوراکی مطلوب و فراورده‌های متنوع تغذیه‌ای و صنعتی به‌عنوان یک گیاه زراعی مهم به‌شمار می‌رود. سویا در حدود ۳۱ درصد کل تولید روغن خوراکی گیاهی، ۶۹ درصد کل پروتئین گیاهی و ۵۶ درصد کل تولید دانه روغنی جهان را تشکیل می‌دهد. در ایران در دهه اخیر، سویا با سطح کشت ۸۰ هزار هکتار و تولید ۱۸۰ - ۱۶۰ هزار تن دانه در بین دانه‌های روغنی، بعد از کلزا بیشترین سهم را از جهت سطح کشت و تولید به‌خود اختصاص داده است (Unknown, 2017). با توجه به محدودیت اراضی زراعی و وجود محصولات رقیب، یکی از راه‌کارهای موثر در افزایش تولید، افزایش عملکرد در واحد سطح با کشت ارقام پرمحصول خواهد بود. در اغلب مزارع کشت سویا در ایران، از ارقام تجارتي استفاده می‌شود که از برنامه‌های به‌نژادی مراکز تحقیقاتی کشاورزی داخلی به‌دست آمده‌اند. در این برنامه‌ها پس از اینکه تعداد زیادی لاین خالص به لحاظ خصوصیات مهم زراعی از نسل‌های در حال تفرق‌گزینش شدند، در یک بررسی مقدماتی، برترین لاین‌ها نسبت به ارقام شاهد از نظر عملکرد و دوره رشد انتخاب می‌شوند. لاین‌های برگزیده سپس در بررسی سازگاری در چندین محیط مختلف ارزیابی می‌شوند تا بهترین لاین‌ها، از نظر عملکرد و پایداری بالا به‌عنوان رقم جدید زراعی معرفی می‌شوند. وجود اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای صفات کمی نظیر عملکرد دانه باعث می‌شود که ژنوتیپ‌ها نتوانند در محیط‌های مختلف عملکرد نسبی مشابه‌ای داشته باشند (Gurmu *et al.*, 2009). به‌همین دلیل به‌نژادگران برای کمی‌کردن توان سازگاری و پایداری ژنوتیپ‌های زراعی، از اجرای آزمایشات در محیط‌های مختلف استفاده می‌کنند (Jha *et al.*, 2013). ژنوتیپ‌های پایدار باید پتانسیل ژنتیکی برای عملکرد برتر را در شرایط کشت ایده‌آل داشته باشند و از طرف دیگر، در شرایط کمتر مطلوب نیز از عملکرد قابل-قبولی برخوردار باشند. روش‌های آماری بسیاری از جمله تجزیه واریانس، رگرسیون و روش‌های ناپارامتری برای ارزیابی سازگاری ارقام در محیط‌های مختلف و برآورد اثرهای اصلی ژنوتیپ و محیط و اثر متقابل آنها ارائه شده است که توسط Eberhart & Cochran (1956) و Russel (1966) معرفی و مورد استفاده قرار گرفته است. در

شش مکان داشتند.

## Additive main effects and multiplicative interaction -1

بر اساس نتایج حاصله ژنوتیپ‌های Hefty H12Y12 و Hefty H19Y12 برای عملکرد دانه، ژنوتیپ‌های Hefty Northstar و Northstar 1325R2، SD 2172، H12Y12 و Hefty 1726NR2 برای محتوی پروتئین دانه و ژنوتیپ‌های Hefty Nutech 6145، H12Y12 برای محتوی روغن دانه از سازگاری عمومی بالائی در مناطق مورد بررسی برخوردار بودند (Chaudhary & Wu, 2012). در سال ۱۳۸۴ در قالب یک برنامه به‌نژادی با هدف اصلاح و معرفی ارقام زراعی سویا برای مناطق مهم کشت تعداد زیادی تلاقی بین ارقام و ژنوتیپ‌های مختلف در کرج صورت گرفت که پس از به‌دست آمدن بذور دورگ (F1) طی هفت نسل گیاهان حاصل خالص‌سازی و بهترین لاین‌ها به لحاظ خصوصیات زراعی گزینش شدند. این لاین‌ها به‌همراه تعدادی لاین اصلاحی حاصل از پروژه دورگ‌گیری سال ۱۳۷۹ در مجموع ۶۴ لاین خالص برتر در سال ۱۳۹۱ به‌صورت مقدماتی مورد ارزیابی قرار گرفتند که ۱۹ لاین خالص از نظر عملکرد و برخی صفات زراعی مطلوب گزینش شدند. در پژوهش حاضر ۱۹ لاین خالص به‌همراه رقم شاهد کوثر با هدف بررسی پایداری عملکرد و تعیین ژنوتیپ مطلوب به‌عنوان رقم جدید طی دو سال زراعی ۱۳۹۳-۱۳۹۲ در سه منطقه کرج، مغان و خرم‌آباد مورد بررسی قرار می‌گیرند.

## مواد و روش‌ها

این تحقیق با هدف بررسی سازگاری و پایداری عملکرد دانه ۱۹ لاین خالص سویا به‌همراه رقم تجارتي کوثر در سه منطقه

کرج، خرم‌آباد و مغان (جدول ۱) طی دو سال زراعی ۱۳۹۲ و ۱۳۹۳ اجرا شد. بدین منظور عملیات زراعی شامل شخم پاییزه و بهاره، دیسک، لولر و کوددهی به‌میزان لازم به‌طور مشابه در هر سه منطقه انجام گردید و سپس نقشه آزمایشی براساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی ۲۰ تیماری با ۴ تکرار پیاده شد. هر بلوک شامل ۲۰ کرت و هر کرت شامل ۴ خط ۴ متری با فواصل بین ردیف ۶۰ سانتی‌متر و بین بوته ۸-۵ سانتی‌متر بود. پس از پیاده‌نمودن نقشه آزمایشی اقدام به کشت بذور ژنوتیپ‌ها در کرت‌های مربوطه گردید. عملیات داشت و مراقبت‌های زراعی لازم شامل: تنک‌کردن، وجین علف‌های هرز و مبارزه با آفت تریپس (در صورت لزوم) و آبیاری در طول دوره رشد گیاه انجام شد. جهت برآورد عملکرد دانه، نیم متر از ابتدا و انتهای هر پلات به‌اضافه دو ردیف حاشیه‌ای هر پلات حذف و بقیه کرت معادل  $3 \times 1/2 = 3/6$  مترمربع به‌عنوان عملکرد کرت ثبت گردید. پس از جمع‌آوری داده‌های آزمایشی، تجزیه واریانس مرکب بر اساس مدل امی ۱ و ۲ بر روی عملکرد دانه، مقادیر دو مولفه IPCA1، IPCA2، ارزش پایداری امی ( $ASV^1$ ) از رابطه:

$$ASV = \sqrt{(SSIPCA1/SSIPCA2)(IPCA1)^2 + (IPCA2)^2}$$

در این رابطه SSIPCA1 مجموع مربعات مولفه اصلی اول، SSIPCA2 مجموع مربعات مولفه اصلی دوم، IPCA1 و IPCA2 به‌ترتیب مقادیر مولفه‌های اول و دوم برای هر ژنوتیپ هستند. کلیه تجزیه‌های آماری این بررسی اعم از تجزیه واریانس، محاسبه مقادیر میانگین، مولفه‌های اصلی و ترسیم نمودار دو بعدی عملکرد ژنوتیپ‌ها (لاین‌های خالص) و محیط‌ها برای مولفه اول IPCA1 توسط نرم‌افزار Genstat (Payne et al, 2009) انجام شد.

جدول ۱- آماره‌های اقلیمی مناطق آزمایشی

Table 1- Climate parameters of experimental locations

Parameters	Karaj	Khoram abad	Moghan
Altitude (m)	1321	1155	45
Latitude	35.49 ON	33.26 ON	39.30 ON
Longitude	51.06 OE	48.17 OE	47.20 OE
Total Rainfall (mm)	240	450	300
Average Temp °C (max)	28	25.3	34
Average Temp °C (min)	1	9.1	-0.7

## نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس ساده نشان داد که بین ژنوتیپ های مورد بررسی از نظر عملکرد دانه در کرج و خرم آباد در سال های ۱۳۹۲ و ۱۳۹۳ به طور جداگانه تفاوت معنی داری وجود ندارد؛ ولی در منطقه مغان این تفاوت در سطوح ۱٪ و ۵٪ معنی دار است (جدول ۲). تجزیه واریانس مرکب دو ساله مناطق نشان داد که در کرج اثر سال معنی دار و اثر ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × سال غیر معنی دار است. در

خرم آباد اثر سال و ژنوتیپ به ترتیب در سطوح ۵٪ و ۱٪ معنی دار و اثر متقابل ژنوتیپ × سال غیر معنی دار است و در مغان اثر هر سه عوامل سال، ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × سال معنی دار است (جدول ۳). نتایج تجزیه واریانس مرکب (دو سال در سه منطقه) و امی نشان داد که اثرات جمع پذیر ژنوتیپ و محیط در سطح ۱٪ معنی دار هستند. مجموع مربعات ژنوتیپ ۴٪ و محیط ۴۶٪ از تنوع یا مجموع مربعات کل را تشکیل دادند (جدول ۴).

جدول ۲- میانگین مربعات عملکرد دانه یکساله مناطق آزمایشی

Table 2- Annual mean of squares of seed yeild in experimental locations

S.O.V.	df	Karaj		Khorram abad		Moghan	
		1392	1393	1392	1393	1392	1393
Replication	3	2119006**	1271336*	1324246*	215626 <sup>ns</sup>	975820**	229677 <sup>ns</sup>
Genotype	19	449329 <sup>ns</sup>	393064 <sup>ns</sup>	455839 <sup>ns</sup>	122793 <sup>ns</sup>	797887**	603813*
Error	57	408175	244266	367387	125845.8	237486	338828
CV (%)		16.9	21.7	26.5	12.9	22.5	22.6

\*, \*\* and ns :Significant at levels: 5 %, 1 % and non Significant

جدول ۳- تجزیه واریانس دو ساله (۱۳۹۲-۱۳۹۳) عملکرد دانه ژنوتیپ های سویا

Table 2- Biennial analysis of variance (1392-1393) for seed yeild of soybean genotypes

V. .O .S	DF	Karaj	Khorram abad	Moghan
Year	1	89868048**	8283275*	6591410*
Error	6	1695171	769936	602748
Genotype	19	419915 <sup>ns</sup>	499182**	755663 **
Geno x Year	19	422478 <sup>ns</sup>	79449 <sup>ns</sup>	646037**
Error	114	326221	246616	288157
CV (%)	-	18.9	19.8	22.7

\*, \*\* and ns :Significant at levels: 5 %, 1 % and non Significant

با استفاده از دو روش امی (AMMI) و بای پلات اشاره می کند که تجزیه واریانس یک مدل افزایشی است که به خوبی اثرات اصلی ژنوتیپ و محیط را تفکیک و مقدار آنرا تعیین می کند و نیز مشخص می کند که اثر متقابل معنی دار است یا نه، اما تصویری روشن از اجزاء تشکیل دهنده اثر متقابل ارائه نمی دهد، در حالی که روش های امی و بای پلات اجزاء ضرب پذیر اثر متقابل را تفکیک و سهم هر یک از اجزاء تشکیل دهنده را به طور کمی بیان می کنند. در این بررسی توسط مدل امی (AMMI) اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به سه عامل یا مولفه IPCA1 (AMMI 1)، IPCA2 (AMMI 2) و IPCA3 (AMMI 3) تجزیه شد که دو مولفه اول و دوم در سطح ۱٪ معنی دار و مولفه سوم غیر معنی دار بودند. Zoble *et al.*, (1988) در بررسی پایداری ارقام گندم، بهترین مدل AMMI برای تجزیه و تحلیل اثرات متقابل ضرب پذیر را مدلی با دو مولفه اول و دوم IPCA1، IPCA2 معرفی

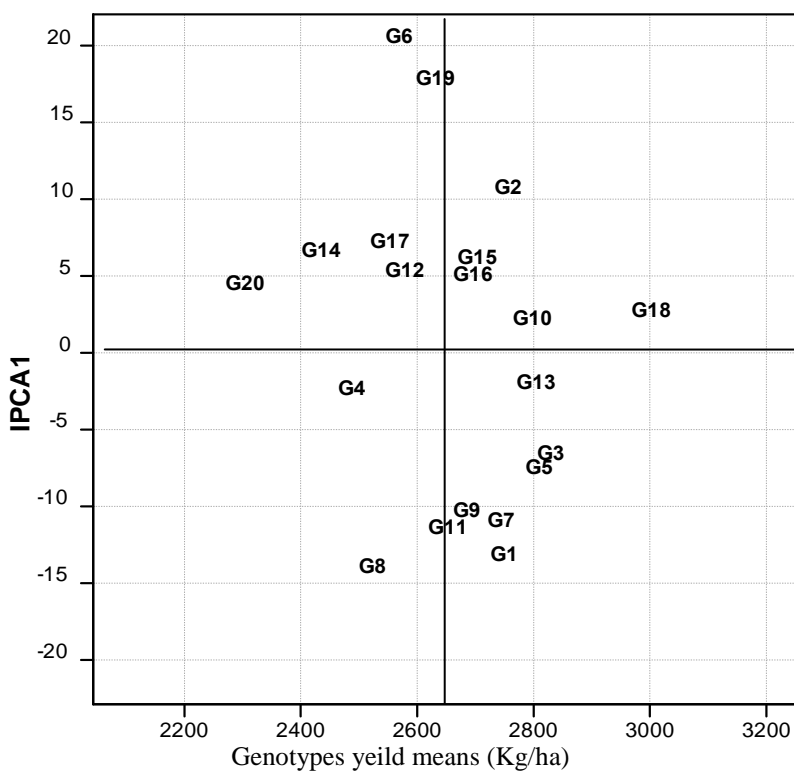
این نتیجه بیانگر این است که ژنوتیپ ها و محیط های مورد بررسی از حیث عملکرد دانه با یکدیگر تفاوت معنی دار دارند. اما تفاوت بین محیط ها بسیار بیشتر از تفاوت بین ژنوتیپ ها است. دلیل این امر این است که لاین های مورد بررسی، اگر چه از نظر برخی خصوصیات مهم زراعی با یکدیگر تفاوت داشتند اما از آنجا که طی نسل های در حال تفرق، برای افزایش عملکرد تحت گزینش بوده اند؛ بنابراین دامنه تغییرات عملکرد لاین ها کاهش یافته است. نتایج تجزیه واریانس ساده هر منطقه نیز موید این مطلب است (جدول ۲ و ۳). با مراجعه به جدول ۵ نیز می توان دریافت که شجره لاین ها در بسیاری موارد مشابه است، به گونه ای که یا هر دو والد یا یکی از والدین در لاین ها یکسان است. نتایج آزمایش همچنین بیانگر معنی دار بودن اثر ضرب پذیر ژنوتیپ × محیط بود. این اثر ۱۳٪ از مجموع مربعات کل را تشکیل داد (جدول ۴). *Samonte et al.* (2005) در مقاله خود در خصوص بررسی پایداری ارقام برنج

محیط نشان می‌دهد که ژنوتیپ G18 در سه محیط (E1، E3 و E4) و ژنوتیپ‌های G2، G5، G10، G7 و G3 هر کدام در دو محیط از شش محیط جزء بهترین ژنوتیپ‌ها بوده‌اند (جدول ۶). براساس نمودار (۱) بای‌پلات متوسط عملکرد ژنوتیپ‌ها در مقابل مقادیر IPCA1، ژنوتیپ‌های G4، G10، G12، G13، G16، G18 و G20 دارای مقادیر IPCA1 نزدیک به صفر بوده و از پایداری عملکرد و سازگاری عمومی خوبی برخوردار هستند (نمودار ۱). درحالی‌که ژنوتیپ‌های G1، G6، G7، G8، G9، G11 و G19 دارای بیشترین مقادیر مثبت و منفی IPCA1 بوده و لذا ژنوتیپ‌های ناپایدار محسوب می‌شوند. Ebdon & Gauch (2002 a) اظهار نمودند که ژنوتیپ‌هایی که دارای مقدار PC1 نزدیک به صفر می‌باشند دارای سازگاری عمومی در تمام مناطق بوده و ژنوتیپ‌هایی که دارای بالای PC1 (مثبت یا منفی) هستند ناپایدار بوده و به‌طور معمول با محیط‌های دارای PC1 بالا و هم-علامت خود سازگاری خصوصی دارند.

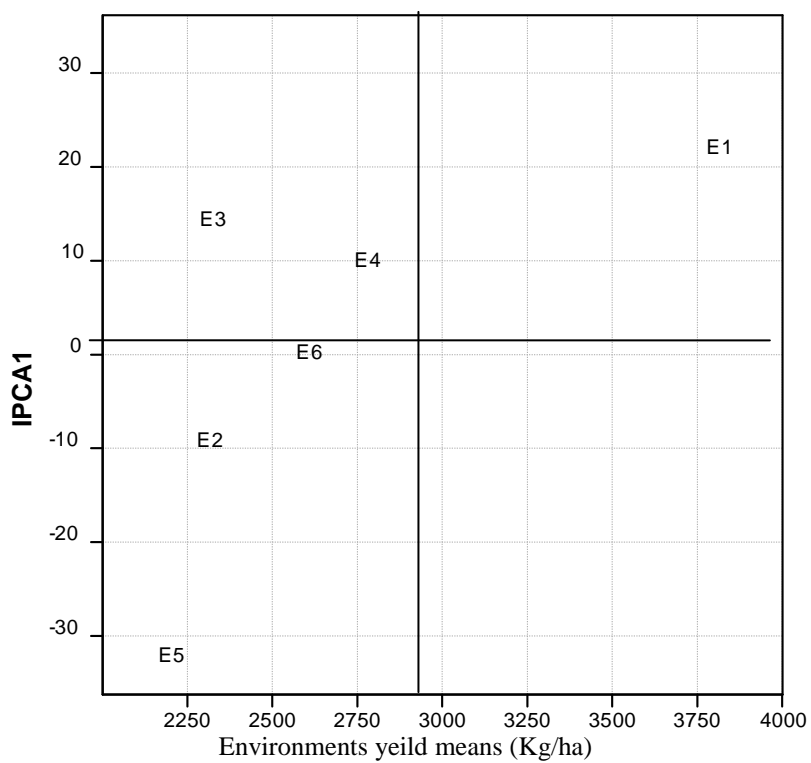
براساس نمودار (۲) بای‌پلات متوسط عملکرد محیط‌های آزمایشی در مقابل مقادیر IPCA1، محیط E6 (مغان ۹۳) دارای کمترین مقدار IPCA1 بوده و بنابراین از ثبات عملکردی بیشتری برای ژنوتیپ‌ها برخوردار است. در حالی‌که محیط‌های E1 و E5 هر دو دارای مقادیر بالای IPCA1 بوده به‌عنوان محیط‌های ناپایدار برای ژنوتیپ‌ها تلقی می‌شوند. با این تفاوت که بیشترین میانگین عملکردها از محیط E1 (کرج ۹۲) و کمترین میانگین عملکرد از محیط E5 (مغان ۹۲) حاصل شده است (نمودار ۲). پراکندگی محیط‌ها در این نمودار نیز نشان می‌دهد که محیط‌ها به لحاظ پایداری یا ثبات عملکردی تفاوت‌های زیادی با یکدیگر دارند که موید نتایج تجزیه واریانس مرکب می‌باشد (نمودار ۲ و جدول ۴).

نمودار بای‌پلات دو مولفه IPCA1 و IPCA2 نشان می‌دهد که ژنوتیپ‌های G10، G12، G15، G16، G17 و G20 به قسمت مرکزی نمودار نزدیک‌تر بوده و لذا پایدارترین ژنوتیپ‌ها محسوب می‌شوند. از طرف دیگر ژنوتیپ‌های G13، G14، G16، G18، G19 در فاصله دورتری از مرکز واقع شده و از پایداری کمتری برخوردار خواهند بود (نمودار ۳).

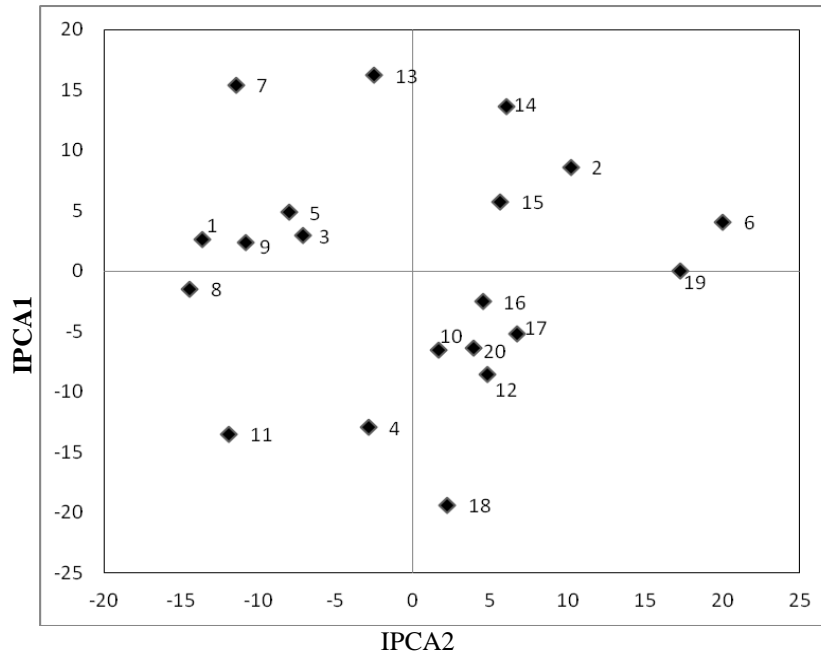
می‌کند. سهم مولفه اول (IPCA1) ۵٪ از مجموع مربعات کل و ۳۶٪ از مجموع مربعات اثرات متقابل بود. سهم مولفه دوم (IPCA2) ۴٪ از مجموع مربعات کل و ۳۱٪ از مجموع مربعات اثر متقابل بود که در مجموع ۶۷٪ از مجموع مربعات اثر متقابل را توجیه می‌کنند (جدول ۴). در اغلب بررسی‌های سازگاری که از روش AMMI برای توجیه و تفسیر اثرات متقابل ضرب‌پذیر استفاده شده است دو مولفه معنی‌دار اول و دوم به‌طور متوسط ۸۸-۶۱ درصد از مجموع مربعات اثر متقابل را توجیه می‌نمایند (Yan & Hunt, 2002; Campbell & Jones, 2005; Tarakanovas & Sprainaitis, 2005; Kaya et al., 2006). متوسط عملکرد ژنوتیپ‌ها (لاین‌ها) در شش محیط آزمایشی، مقادیر مولفه‌های IPCA1 و IPCA2 و آماره ASV در جدول ۵ ذکر شده است. براساس نتایج حاصل حداکثر عملکرد دانه به‌میزان ۲۹۶۹ Kg/ha متعلق به لاین G18 (L6. LP79) و حداقل عملکرد به‌میزان ۲۲۷۰ Kg/ha مربوط به G20 (Kousar) است و دامنه تغییرات عملکرد لاین‌ها ۶۹۰ کیلوگرم در هکتار است. ژنوتیپ‌های G16، G10، G20 (Kousar)، G3، G15، G17، G5 به‌ترتیب با ۵/۴، ۶/۸، ۷/۷، ۸/۲، ۸/۴، ۸/۸ و ۹/۹ دارای کمترین مقادیر ASV بوده و ژنوتیپ‌های پایدار محسوب می‌شوند. مراجعه به شجره لاین‌ها نشان می‌دهد که هر سه لاین G15، G16 و G17 از تلاقی Spry x Savoy به‌دست آمده‌اند. می‌توان گفت نتایج حاصل از این تلاقی از پایداری خوبی برخوردارند (جدول ۵). مقادیر متوسط عملکرد و چهار ژنوتیپ برتر در هر محیط در جدول ۷ ذکر شده است. آزمایش کرج در سال ۱۳۹۲ (E1) با متوسط عملکرد ۳۷۷۸ Kg/ha و آزمایش مغان در سال ۱۳۹۳ (E6) با متوسط عملکرد ۲۱۶۴ Kg/ha به‌ترتیب دارای بیشترین و کمترین عملکرد بودند. دامنه تغییرات عملکرد محیط‌های آزمایشی ۱۶۱۴ کیلوگرم در هکتار است. لذا می‌توان گفت تفاوت بین محیط‌های آزمایشی از نظر شایستگی و توان تولیدی به مراتب بیشتر از تفاوت بین ژنوتیپ‌ها است (جدول ۶). تجزیه واریانس بیانگر سهم ۴۶ درصدی عامل محیط از واریانس کل بود (جدول ۵). آماره‌های اقلیمی نیز بیانگر تفاوت اقلیمی قابل‌ملاحظه مناطق آزمایشی است (جدول ۱). همچنین نتایج مربوط به ژنوتیپ‌های برتر در هر



نمودار ۱- بای پلات عملکرد ژنوتیپها در مقابل IPCA1  
 Chart 1- Biplot Genotypes yeild means versus IPCA1



نمودار ۲- بای پلات میانگین عملکرد محیطها در مقابل IPCA1  
 Chart 1- Biplot Environments yeild means versus IPCA1



نمودار ۳- بای پلات دو مولفه IPCA 1 و IPCA 2  
 Chart 2- Biplot of two components: IPCA1 & IPCA2

جدول ۴- میانگین مربعات عملکرد دانه و سهم منابع تغییر از واریانس کل

Table 2- Mean of squares for seed yeild and relative variance of source of variation

S.O.V.	df	MS	Relative Variance (%)
Total	479	654448	-
Genotype	19	622019**	0.04
Environment	5	28659152**	0.46
Replication	18	1022502**	0.06
Gen. X Env.	95	440104**	0.13
IPCA 1	23	627869**	0.05
IPCA 2	21	599679**	0.04
IPCA 3	19	443036 <sup>ns</sup>	0.03
Res. (Noise)	32	198686 <sup>ns</sup>	0.02
Combined Error	342	286993	0.31

\*, \*\* and ns :Significant at levels: 5 %, 1 % and non Significant

جدول ۵- متوسط عملکرد، مقادیر مولفه‌های اصلی امی و آماره ASV برای ژنوتیپ‌های سویا

Table 3- Yeild mean, principal component values and ASV parameter for soybean genotypes

Genotype	Pedgree	Seed Yeild (Kg/ha)	IPCA1	IPCA2	ASV
G1	Steel × Liana/1	2726	-13.67	2.62	14.9
G2	Stressland × NMSB/1	2733	10.19	8.63	13.9
G3	Stressland × NMSB/4	2806	-7.11	2.93	8.2
G4	Spry × Nemaha/2	2464	-2.89	-12.96	13.3
G5	Spry × Nemaha/3	2786	-8.01	4.86	9.9
G6	Spry × Nemaha/4	2545	20.04	4.05	21.8
G7	Spry × Nemaha/8	2721	-11.46	15.43	19.7
G8	Spry × Nemaha/5	2500	-14.44	-1.50	15.5
G9	Chaleston × Mostang/8	2662	-10.87	2.38	11.9
G10	Spry × Nemaha/7	2764	1.64	-6.55	6.8
G11	Delsoy4210 × Will82/5	2619	-11.92	-13.50	18.6
G12	Delsoy4210 × Will82/6	2545	4.78	-8.58	10.0
G13	Hacheston × L16/29	2770	-2.54	16.21	16.4
G14	Nemaha/10 Spry ×	2401	6.05	13.66	15.1
G15	Spry × Savoy/2	2670	5.64	5.77	8.4
G16	Spry × Savoy/3	2662	4.50	-2.54	5.4
G17	Spry × Savoy/4	2520	6.70	-5.16	8.8
G18	L6 - P 79	2969	2.19	-19.36	19.5
G19	L87 - 0174	2598	17.29	0.03	18.5
G20	Kuosar (Check)	2270	3.93	-6.41	7.7

جدول ۶- متوسط عملکرد و چهار ژنوتیپ برتر هر محیط

Table 4- Yeild means and four superior genotypes for each environment

Environment	(Kg/ha) Yeild mean	First genotype	Second genotype	Third genotype	Fourth genotype
Karaj 1392 (E1)	3778	G2	G15	G13	G19
Karaj 1393 (E2)	2287	G10	G5	G6	G18
Khoram abad 1392 (E3)	2742	G18	G10	G5	G6
Khoram abad 1393 (E4)	2570	G18	G11	G4	G10
Moghan 1392 (E5)	2279	G3	G13	G2	G7
Moghan 1393 (E6)	2164	G7	G5	G1	G9

### نتیجه گیری کلی

همچنین سه ژنوتیپ: G10 (Spry × Nemaha/7)، (Spry × ASV) و G20 (Kousar) بر اساس معیار ASV و نمودارهای بای پلات ۱ و ۳ از پایدارترین ژنوتیپها بودند و در این بین ژنوتیپ G10 (Spry × Nemaha/7) را می توان با توجه به عملکرد (۲۷۶۴ Kg/ha) و پایداری به عنوان بهترین ژنوتیپ انتخاب نمود.

در این تحقیق از آنجا که لاین های مورد بررسی از زمینه ژنتیکی (والدین مشترک) مشابهی برخوردار بودند و از طرفی محیط های آزمایشی به لحاظ پتانسیل تولیدی با یکدیگر تفاوت زیادی داشتند، لذا سهم اثر ژنوتیپ از مجموع مربعات کل بسیار کمتر از سهم مجموع مربعات محیطی بود.

### REFERENCES

1. Basford K., E., Cooper, M. (1998). Genotype by environment interactions and some considerations of their implication for wheat breeding in Australia. *Australian Journal of Agricultural Research* 49: 154-175.
2. Campbell, B.T. & Jones, M. A. (2005). Assessment of genotype x environment interactions for yield and fiber quality in cotton performance trials. *Euphytica*, 144:69-78.
3. Chaudhary, K. J., Wu, J. (2012). Stability analysis for yeild and seed quality of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] across different environment in eastern South Dakota. *Annual Conference on Applied Statistics in Agriculture*. Retrieved Aug. 4, 2017. <http://newprairiepress.org/agstatconference/2012/proceedings/11>
4. Eberhart, S. A. And Russel, W. A. (1966). Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6: 36-40.
5. Ebdon, J. S., Gauch, H. G. (2002a). Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials: Interpretation of genotype x environment interaction. *Crop Sci.* 42:489-496.
6. Finlay KW, Wilkinson GN. (1963). The analysis of adaptation in a plant breeding program. *Australian Journal of Agricultural Research* 14: 742-754.
7. Gurmu, F., Mohammed, H. & Alemaw, G. (2009). Genotype x Environment interactions and stability of soybean for grain yield and nutrition quality. *African Crop Science Journal*. 17, 87-99.
8. Jha, S.K., Singh, N.K., Kumar, R.A., Agrawal, P.K., Bhatt, J.C., Guleria, S.K., Lone, A.A., Sudan, R.S., Singh, K.P. & Mahajan, V. (2013). Additive main effects and multiplicative interaction analysis for grain yield of short duration maize hybrids in North-Western Himalayas. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*. 73: 29-35.
9. Kaya, Y., Akçura, M. & Taner, S. (2006). GGE biplot analysis of multi environment yield trials in bread wheat. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 30:325-337.
10. Pacheco, R. M., Duarte, J. B., Souza, P. I. M., Silva, S. A., Nunes, J. (2009). Key locations for soybean genotype assessment in Central Brazil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 44 ( 5), 478-486.
11. Payne, R.W., Harding, S. A., Murray, D. A., Soutar, D. M. ( 2009). GenStat Release 12. Published by VSN International, 5 The Waterhouse, Waterhouse Street, Hemel Hempstead, Hertfordshire HP1 1ES, UK.
12. Samonte, S. O. P. B., Wilson, L. T., McClung, A. & Mand Medley, J. C. (2005) Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analysis. *Crop Science* 45: 2414-2424.
13. Silveira, D. A., Pricinotto, L. F., Nardino, M., Bahry, C. A., Cavenaghi Prete, C.E., Cruz, L. (2016). Determination of the adaptability and stability of soybean cultivars in different locations and at different sowing times in Parana state using the AMMI and Eberhart and Russel methods. *Seminar: Ciências Agrárias, Londrina*. 37( 6), 3973-3982.
14. Tarakanovas, P. & Sprainaitis, A. (2005). Main additive effect and multiplicative interaction analysis of white clover genetic resources. *Biologija*, 04:38-42.
15. Unknown . (2017). Agriculture statistics. Center of information and communication technology. Deputy of planning and economic affairs . ministry of Agriculture Jihad. Retrieved Dec. 25, 2017. <http://www.amar.maj.ir>



16. Yan, W., Hunt, L.A., Sheng, Q. & Szlavics, Z. (2002). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sciences*, 40: 597-605.
17. Yates, F. And W. G. Cochran. (1956). The analysis of experiments. *J. Agric. Sci.* 14 : 742-754.
18. Zobel , R. W., Wright, M. J., and Gauch, H. G. (1988). Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80: 388-39.