



Evaluation of Seed Yield Stability of Groundnut Genotypes by Multi-Characteristic Selection Indicators

Farooq Fadakar Navrood¹ | Rasool Asghari Zakaria^{2✉} | Marefat Mostafavi Rad³ | Naser Zare⁴ | Mina Moghaddaszadeh Ahrabi⁵

1. Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohagheh Ardabili, Ardabil, Iran.
2. Corresponding author, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohagheh Ardabili, Ardabil, Iran. E-mail: r-asghari@uma.ac.ir
3. Department of Horticulture and Agronomy, Agricultural and Natural Resources Research and Education Center of Guilan Province, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Rasht, Iran.
4. Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohagheh Ardabili, Ardabil, Iran.
5. Department of Cellular and Molecular Biology, Faculty of Biology, Mizan University of Tabriz, Tabriz, Iran.

Article Info

Article type:

Research Article

Article history:

Received: March 12, 2023

Received in revised form:

April 19, 2023

Accepted: May 24, 2023

Published online: September 23, 2023

Keywords:

Cluster analysis,
groundnut,
non-parametric stability
parameters,
principal component analysis,
stability analysis.

ABSTRACT

This research was done to study the grain yield stability of 11 groundnut genotypes based on a randomized complete blocks design with three replications at three different research stations in Guilan province, Iran, during two growing seasons of 2020 and 2021. The combined analysis of variance indicated that the main effects of genotype (G), environment (E), and their interactions (G×E) were highly significant ($p < 0.01$). The principal component analysis (PCA) based on the rank correlation matrix indicated that the first two PCAs explained 76.6% of the variance of the original variables. Based on the biplot analysis, the non-parametric stability statistics were classified into four groups. The clustering of the genotypes according to the mean yield and non-parametric stability statistics showed four main clusters. The ideal genotype selection indicator (IGSI) results, calculated based on all non-parametric methods, indicated that the genotypes 178, 128, 201, 176, and 115 having the maximum IGSI values, were the most stable genotypes. In addition, according to the multi-trait genotype-ideotype index (MGIDI), genotypes 178 and 176 were introduced as the most stable genotypes, and the 115, 201, and 128 genotypes followed the next.

Cite this article: Fadakar Navrood, F., Asghari Zakaria, R., Mostafavi Rad, M., Zare, N., & Moghaddaszadeh Ahrabi, M. (2023). Evaluation of seed yield stability of groundnut genotypes by multi-characteristic selection indicators. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 54(3), 191-205. DOI: 10.22059/ijfcs.2023.289979.654989.





انتشارات دانشگاه تهران

علوم گیاهان زراعی ایران

Homepage: <https://ijfcs.ut.ac.ir/>

شاپا الکترونیکی: ۸۰۸۲-۲۴۲۳

ارزیابی پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی با استفاده از شاخص‌های انتخاب چندمتغیره

فاروق فداکار ناورود^۱، رسول اصغری زکریا^۲، معرفت مصطفوی‌راد^۳، ناصر زارع^۴، مینا مقدس‌زاده اهرابی^۵

۱. گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران.
۲. نویسنده مسئول، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران. رایانامه: r-asghari@uma.ac.ir
۳. بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گیلان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، رشت، ایران.
۴. گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران.
۵. گروه زیست‌شناسی سلولی و مولکولی، دانشکده زیست‌شناسی، موسسه آموزش عالی میزان تبریز، تبریز، ایران.

اطلاعات مقاله	چکیده
<p>نوع مقاله: مقاله پژوهشی</p> <p>تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۱۲/۲۱</p> <p>تاریخ بازنگری: ۱۴۰۲/۰۱/۳۰</p> <p>تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۳/۰۳</p> <p>تاریخ انتشار: ۱۴۰۲/۰۷/۰۱</p> <p>کلیدواژه‌ها: آماره‌های پایداری ناپارامتری، بادام‌زمینی، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه پایداری، تجزیه کلاستر.</p>	<p>این تحقیق به منظور بررسی پایداری عملکرد دانه ۱۱ ژنوتیپ بادام‌زمینی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در سه ایستگاه تحقیقاتی مختلف در استان گیلان، ایران، طی دو فصل زراعی ۱۳۹۸ و ۱۳۹۹ انجام شد. تجزیه واریانس مرکب نشان داد که اثرات اصلی ژنوتیپ (G)، محیط (E) و اثرات متقابل آنها (G×E) بسیار معنی‌دار ($p < 0.01$) بود. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) بر اساس ماتریس همبستگی رتبه‌ای نشان داد که دو PCA اول ۷۶/۶ درصد از واریانس متغیرهای اصلی را توجیه می‌کنند. بر اساس تحلیل بای‌پلات، آماره‌های پایداری ناپارامتری در چهار گروه طبقه‌بندی شدند. خوشه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس میانگین عملکرد و آماره‌های پایداری ناپارامتری، چهار گروه اصلی را نشان داد. نتایج حاصل از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (IGSI) که با استفاده از تمامی آماره‌های پایداری ناپارامتری محاسبه شد، نشان داد که ژنوتیپ‌های ۱۷۸، ۱۲۸، ۲۰۱، ۱۷۶، و ۱۱۵ با داشتن حداکثر مقدار IGSI، پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. همچنین باتوجه به شاخص فاصله چندمتغیره از ژنوتیپ ایده‌آل (MGIDI)، ژنوتیپ‌های ۱۷۸ و ۱۷۶ به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های ۱۱۵، ۲۰۱ و ۱۲۸ در رتبه‌های بعدی قرار گرفتند.</p>

استناد: فداکار ناورود، ف.، اصغری زکریا، ر.، مصطفوی راد، م.، زارع، ن.، و مقدس‌زاده اهرابی، م. (۱۴۰۲). ارزیابی پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی با استفاده از شاخص‌های انتخاب چندمتغیره. *علوم گیاهان زراعی ایران*، ۵۴(۳)، ۱۹۱-۲۰۵.

DOI: 10.22059/ijfcs.2023.289979.654989



© نویسندگان

ناشر: موسسه انتشارات دانشگاه تهران.

۱. مقدمه

بادام‌زمینی (*Arachis hypogea* L.) گیاهی یک‌ساله، آلتراپلوئید ($2n = 4x = 40$) و از تیره بقولات است که به‌عنوان یک گیاه روغنی مهم در ۹۶ کشور جهان کشت می‌شود. این گیاه بومی منطقه آمریکای جنوب شرقی است که می‌تواند بخش ارزشمندی از پروتئین غذایی انسان را تأمین کند (Reddy *et al.*, 2003) و البته در رژیم غذایی اهالی مناطق گرمسیری و نیمه‌گرمسیری اهمیت دارد. بادام‌زمینی بعد از سویا یکی از مهمترین و اقتصادی‌ترین دانه‌های روغنی در مناطق گرمسیری و نیمه‌گرمسیری است و حاوی ۴۳ تا ۵۵ درصد روغن و ۲۵ تا ۲۸ درصد پروتئین و سرشار از مواد معدنی، ویتامین‌ها، اسیدهای چرب، فیبر و ترکیبات فنلی است (Panhwar, 2005). سطح زیر کشت بادام‌زمینی در دنیا حدود ۳۱/۵ میلیون هکتار و در ایران ۲۳۶۶ هکتار است. همچنین تولید کل بادام‌زمینی در دنیا حدود ۵۳/۶ میلیون تن و در کشور ما ۱۱۸۴۷ تن می‌باشد (FAO, 2020). رقم غالب فعلی بادام‌زمینی در شمال ایران و در استان گیلان «گلی» یا NC2 است که دارای شاخص برداشت پایین و دوره رشد طولانی در منطقه است. لذا استفاده از ژرم‌پلاسِم جدید و وارداتی یکی از اولین راه‌های توسعه این محصول در منطقه است.

باتوجه به این که وجود اثر متقابل ژنوتیپ×محیط موجب تفاوت در عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف می‌شود (Scapim *et al.*, 2000)، لذا شناسایی و انتخاب ژنوتیپ‌هایی که دارای پایداری عملکرد در محیط‌های مختلف باشند همواره از اهداف مهم اصلاح‌گران بوده است. دو روش عمده جهت تجزیه پایداری به‌منظور گزینش ژنوتیپ‌های پایدار شامل روش‌های پارامتری و روش‌های ناپارامتری هستند (Huehn, 1990). از روش‌های ناپارامتری که عمدتاً جهت برآورد پایداری ژنوتیپ‌ها استفاده می‌شود می‌توان به آماره‌های ناپارامتری هان ($S_i^{(1)}, S_i^{(2)}, S_i^{(3)}, S_i^{(4)}, S_i^{(5)}, S_i^{(6)}$) (Huehn, 1979; Nassar & Huehn, 1987)، آماره‌های تنارازو ($NP_i^{(1)}, NP_i^{(2)}, NP_i^{(3)}, NP_i^{(4)}$) (Thennarasu, 1995)، آماره میانگین رتبه (R) (Ketata, 1988)، آماره‌های پایداری کتاتا (σ_{my} و σ_r) (Ketata *et al.*, 1989)، آماره پایداری کانگ (Y_{Si}) (Kang, 1988) و آماره‌های پایداری فوکس (TOP, MID و LOW) (Fox *et al.*, 1990) اشاره کرد. بسیاری از به‌نژادگران مفهوم پویا (دینامیک) پایداری را جهت گزینش ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایدار در شرایط محیطی مختلف ترجیح می‌دهند. طبق این مفهوم پایداری، ژنوتیپ‌های گزینش‌شده دارای پتانسیل پاسخ به بهبود شرایط محیطی هستند. درحالی که در مفهوم ایستا (بیولوژیک) پایداری، ژنوتیپ پایدار عملکرد بدون تغییری در میان محیط‌ها دارد (Becker, 1981; Becker & Leon, 1988).

شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (IGSI) شاخصی گزینش‌گر است که از همه آماره‌های پایداری به‌همراه عملکرد برای انتخاب مناسب‌ترین ژنوتیپ از بین ژنوتیپ‌های موجود به‌کار می‌رود (Hwang & Yoon, 1981). شاخص IGSI در کلزا (Zali *et al.*, 2015)، سیب‌زمینی (Moghaddaszadeh *et al.*, 2018) و گندم (Najafi Mirak *et al.*, 2019) برای گزینش ژنوتیپ‌های پایدار مورد استفاده قرار گرفته است. باتوجه به اینکه مطالعات محدودی در رابطه با پاسخ ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی به شرایط محیطی مختلف و پایداری آنها انجام گرفته است و باتوجه به رویکرد جدید وزارت جهاد کشاورزی و مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر در امر رسیدن به خودکفایی در تولید روغن، این پروژه باهدف معرفی رقم یا ارقام جدید در راستای توسعه سطح کشت این گیاه به‌عنوان یکی از گیاهان روغنی مهم با درصد پروتئین بالا در سه منطقه از استان گیلان انجام شد تا با استفاده از روش‌های ناپارامتری بتوان ژنوتیپ برتر و پایدار را برای معرفی رقم در منطقه تعیین کرد.

۲. روش‌شناسی پژوهش

در این آزمایش، تعداد ۱۰ لاین برتر بادام‌زمینی حاصل از آزمایش مقدماتی با منشأ ایکریسات (ICRISAT) به‌همراه رقم محلی گلی یا NC2 به‌عنوان شاهد به‌منظور مطالعه پایداری عملکرد و انتخاب لاین‌های پایدار پرمحصول با استفاده از روش‌های پایداری ناپارامتری، به‌صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در سه شهرستان استان گیلان (تالش، ماسال و رشت) طی سال‌های زراعی ۱۳۹۸ و ۱۳۹۹ اجرا شد. در پژوهش حاضر آزمون بارتلت به‌منظور بررسی همگنی واریانس‌های خطا انجام شد و فرض صفر

مبنی بر نبود اختلاف معنی دار بین واریانس‌های خطا در آزمایش‌های جداگانه رد نشد و بنابراین تجزیه واریانس مرکب انجام گرفت. ویژگی‌های جغرافیایی مکان‌ها و ژنوتیپ‌های مورد آزمایش در جداول ۱ و ۲ بیان شده‌اند. لاین‌های جدید از مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر تهیه شدند. کشت بادام‌زمینی در ۱۵ اردیبهشت‌ماه هر سال زراعی صورت گرفت. در هر کرت تعداد سه خط پنج متری به صورت جوی و پشته‌ای کشت شد. فاصله خطوط کاشت ۵۰ سانتی‌متر و فاصله بوته‌ها روی ردیف ۲۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. برای آماده‌سازی زمین از یک مرتبه عملیات شخم و دو دیسک عمود بر هم استفاده شد. در طی مراحل داشت عملیات وجین و خاکدهی پای بوته‌ها، کوددهی و آبیاری صورت گرفت. عملیات کنترل علف‌های هرز در مرحله پس از سبز شدن از طریق وجین دستی در طی مراحل ۳ و ۴ برگی انجام شد. در این آزمایش مقدار ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار سوپرفسفات تریپل و ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار سولفات پتاسیم و مقدار ۶۰ کیلوگرم در هکتار کود اوره به صورت نیتروژن آغازگر در زمان کاشت مورد استفاده قرار گرفت. همچنین از سم کاربندازیم برای ضدعفونی بذور استفاده شد.

جدول ۱. ویژگی‌های جغرافیایی مکان‌های مختلف آزمایش.

Location	Year	Environmental code	Rainfall (mm)						Latitude	Longitude	Altitude (m)
			March	April	May	June	July	August			
Talesh	1398	TA1	172.60	42.00	8.80	51.30	31.00	117.70	37°48'0"N	48°54'0" E	80
	1399	TA2	180.80	109.00	7.10	30.70	148.80	190.20			
Masal	1398	MA1	107.60	60.00	6.30	91.70	24.50	67.30	37°21'36" N	49°7'48"E	84
	1399	MA2	100.00	47.90	2.90	10.40	138.00	27.80			
Rasht	1398	RA1	207.80	91.40	7.00	90.80	8.40	400.50	37°16'12"N	49°35'24"E	4
	1399	RA2	135.50	67.50	0.30	19.80	103.20	97.70			

جدول ۲. میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی مورد مطالعه در شش محیط مورد مطالعه.

Genotype	TA1	TA2	MA1	MA2	RA1	RA2	Mean yield (kg ha ⁻¹)
	2020	2021	2020	2021	2020	2021	
ICG130	2383.33	3160.00	1716.67	2243.33	1603.33	970.00	2012.78
ICG140	1971.67	2335.00	1890.00	2230.00	1828.33	838.33	1848.89
ICG113	2351.67	2945.00	1946.67	2411.67	1798.33	948.33	2066.94
ICG115	2401.67	2720.00	1783.33	2120.00	1803.33	1293.33	2020.28
ICG128	3145.00	3411.67	2156.67	2676.67	1991.67	1533.33	2485.83
ICG176	2585.00	2730.00	1823.33	2273.33	1686.67	1053.33	2025.28
ICG178	2333.33	2540.00	1803.33	2403.33	1851.67	1003.33	1989.17
ICG192	3776.67	3531.67	2390.00	3085.00	2370.00	1810.00	2827.22
ICG201	2363.33	2468.33	1996.67	2425.00	1813.33	1405.00	2078.61
ICG208	2165.00	1488.33	1770.00	2043.33	1756.67	1020.00	1707.22
NC2	1620.00	1663.33	1900.00	2093.33	1866.67	1310.00	1742.22
Mean	2463.33	2635.76	1925.15	2364.09	1851.82	1198.64	2073.13

روش‌های ناپارامتری مختلف جهت برآورد پایداری ژنوتیپ‌ها استفاده شد که فرمول‌های محاسبه آنها در جدول ۳ ذکر شده‌اند. علاوه بر این از آماره عملکرد-پایداری کانگ (Kang, 1988) (Y_{Si}) و آماره‌های پایداری TOP، MID و LOW (Fox et al., 1990) در این مطالعه استفاده شد. کانگ استفاده از میانگین عملکرد و واریانس پایداری Shukla (1972) را جهت گزینش ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایدار پیشنهاد کردند. بر طبق این آماره پایداری، ژنوتیپ‌های با بیشترین ارزش به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار در نظر گرفته می‌شوند. Fox et al. (1990) سه آماره ناپارامتری TOP، MID و LOW را بر اساس درصد قرارگیری ژنوتیپ‌ها در سه بخش بیشینه (یک سوم ابتدایی)، متوسط (یک سوم میانی) و کمینه (یک سوم انتهایی) معرفی کردند. بر این اساس هر چقدر مقدار پارامتر TOP ژنوتیپی بیشتر باشد آن ژنوتیپ به‌عنوان پایدارترین و مطلوب‌ترین ژنوتیپ گزینش می‌شود.

همچنین ضرایب همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن جهت ارزیابی روابط بین روش‌های پایداری مختلف محاسبه شد. به منظور شناخت بهتر روابط بین آماره‌های مختلف، از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی استفاده شد. همچنین از تجزیه کلاستر به روش Ward و فاصله اقلیدسی به منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس رتبه میانگین عملکرد و آماره‌های پایداری ناپارامتری استفاده شد.

جدول ۳. فرمول‌های مربوط به آماره‌های ناپارامتری.

Non-parametric statistics	Equation	Author(s)
$S_i^{(1)}$	$S_i^{(1)} = 2 \sum_{j=1}^{m-1} \sum_{(j=j+1)}^m r_{ij}^* - r_{ij}^* / [m(m-1)]$	(Huehn, 1979; Nassar & Huehn, 1987)
$S_i^{(2)}$	$S_i^{(2)} = \sum_{j=1}^{m-1} (r_{ij}^* - r_i^*)^2 / (m-1)$	
$S_i^{(3)}$	$S_i^{(3)} = \sum_{j=1}^m (r_{ij} - \bar{r}_i)^2 / \bar{r}_i$	
$S_i^{(4)}$	$S_i^{(4)} = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - \bar{r}_i)^2} / m$	
$S_i^{(5)}$	$S_i^{(5)} = \sum_{j=1}^m r_{ij} - \bar{r}_i / m$	
$S_i^{(6)}$	$S_i^{(6)} = \sum_{j=1}^m r_{ij} - \bar{r}_i / \bar{r}_i$	
$NP_i^{(1)}$	$NP_i^{(1)} = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m r_{ij}^* - M_{di}^* $	(Thennarasu, 1995)
$NP_i^{(2)}$	$NP_i^{(2)} = \frac{1}{m} \left[\sum_{j=1}^m r_{ij}^* - M_{di}^* / M_{di} \right]$	
$NP_i^{(3)}$	$NP_i^{(3)} = \frac{\sqrt{\sum (r_{ij}^* - \bar{r}_i^*)^2}}{\bar{r}_i} / m$	
$NP_i^{(4)}$	$NP_i^{(4)} = \frac{2}{m(m-1)} \left[\sum_{j=1}^{m-1} \sum_{(j=j+1)}^m r_{ij}^* - r_{ij}^* / \bar{r}_i \right]$	
σ_r	$\sigma_r = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - \bar{r}_i)^2 / (m-1)}$	(Ketata <i>et al.</i> , 1989)
σ_{my}	$\sigma_{my} = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - \bar{x}_i)^2 / (m-1)}$	

در روابط فوق:

r_{ij} و r_{ij}^* = به ترتیب رتبه تصحیح نشده و تصحیح شده ژنوتیپ i ام در محیط j ام،

\bar{r}_i و \bar{r}_i^* = به ترتیب میانگین رتبه تصحیح نشده و تصحیح شده ژنوتیپ i ام،

M_{di} و M_{di}^* = به ترتیب میانه رتبه تصحیح نشده و تصحیح شده ژنوتیپ i ام،

m = تعداد محیط،

\bar{x}_i = میانگین ژنوتیپ i ام.

تصحیح عملکرد با استفاده از رابطه زیر انجام شد:

$$[X_{ij}^* = X_{ij} - (\bar{X}_i - \bar{X}_{..})]$$

Nassar & Huehn (1987) آزمون معنی‌داری برای $S_i^{(1)}$ و $S_i^{(2)}$ را پیشنهاد کردند که تقریبی از آماره χ^2 می‌باشد:

$$(t=1, 2) \chi^2 = \sum_i Z_i^t$$

$$Z_i^t = [S_i^t - E(S_i^t)]^2 / V(S_i^t)$$

در رابطه فوق $E(S_i^1)$ و $V(S_i^1)$ به ترتیب برابر با میانگین و واریانس S_i^1 بوده و از روابط زیر محاسبه می‌شوند:

$$E(S_i^{(1)}) = \frac{l^2 - 1}{3l}$$

$$E(S_i^{(2)}) = \frac{l^2 - 1}{12}$$

$$V(S_i^{(1)}) = \frac{(l^2 - 1)[(l^2 - 4)(m + 3) + 30]}{45l^2m(m - 1)}$$

$$V(S_i^{(2)}) = \frac{(l^2 - 1)[2(l^2 - 4)(m - 1) + 5(l^2 - 1)]}{360m(m - 1)}$$

۱: تعداد ژنوتیپ‌ها و m : تعداد محیط‌ها هستند.

۱-۲. شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (IGSI)

همچنین در این پژوهش از تکنیک شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (بر مبنای تکنیک تعیین ترتیب اولویت بر اساس شباهت به راه حل ایده‌آل TOPSIS^۲) جهت شناسایی ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی پایدار بر اساس همه روش‌های پایداری غیرپارامتری استفاده شد (Hwang & Yoon, 1981). در روش مذکور برای هر شاخص به‌طور جداگانه برترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ انتخاب شد. همچنین برای هر ژنوتیپ فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و فاصله از ژنوتیپ غیر ایده‌آل به ترتیب از روابط زیر محاسبه شد:

$$d_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^+)^2} \quad i = 1, 2, \dots, n$$

$$d_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^-)^2} \quad i = 1, 2, \dots, n$$

در روابط فوق d_i^+ فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و d_i^- فاصله از ژنوتیپ غیر ایده‌آل است. اندیس‌های i و j به ترتیب معرف ژنوتیپ‌ها و صفات می‌باشند که در آن r_j^+ بهترین مقدار صفت j ام در بین تمام ژنوتیپ‌ها و r_j^- بدترین مقدار صفت j ام در بین تمام ژنوتیپ‌ها هستند. ژنوتیپ‌هایی که r_{ij} آنها برابر با r_j^+ و r_j^- می‌باشند به ترتیب بهترین و بدترین ژنوتیپ‌ها هستند. در نهایت، آماره شاخص ژنوتیپ ایده‌آل (IGSI) از رابطه زیر محاسبه شد:

$$IGSI = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-}$$

$$0 \leq IGSI \leq 1 \quad i = 1, 2, \dots, m$$

مقدار IGSI بین صفر و یک تغییر می‌کند و هر چه ژنوتیپ مورد نظر به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر باشد، مقدار IGSI آن به یک نزدیک‌تر خواهد بود (Moghaddaszadeh *et al.*, 2019).

۲-۲. شاخص فاصله چندمتغیره از ژنوتیپ ایده‌آل (MGIDI)

برای محاسبه شاخص MGIDI ابتدا مقیاس ماتریس داده‌ها (X) طبق رابطه زیر تغییر داده شد تا همه مقادیر دارای محدوده ۱۰۰-۰ باشند و ماتریس (rX_{ij}) به دست آمد (Olivoto & Nardino, 2020):

$$rX_{ij} = \frac{\eta_{nj} - \varphi_{nj}}{\eta_{oj} - \varphi_{oj}} \times (\theta_{ij} - \eta_{oj}) + \eta_{nj}$$

که در آن η_{nj} و φ_{nj} به ترتیب حداکثر (۱۰۰) و حداقل (صفر) مقادیر جدید برای پارامتر j ام پس از تغییر مقیاس، η_{oj} و φ_{oj} به ترتیب حداکثر و حداقل مقادیر پارامتر j ام و θ_{ij} مقدار اصلی پارامتر j ام در ژنوتیپ i ام هستند. مقادیر η_{nj} و φ_{nj} به شرح زیر انتخاب شدند. برای پارامترهایی که مقادیر کمتر آنها مورد نظر است، از $\eta_{nj} = 0$ و $\varphi_{nj} = 100$ و برای پارامترهایی که مقادیر بالاتر آنها مورد نظر است، از $\eta_{nj} = 100$ و $\varphi_{nj} = 0$ استفاده شد. پس از تغییر مقیاس، یک جدول دوطرفه از مقادیر جدید (rX_{ij}) به دست آمد. هر ستون از rX_{ij} دارای محدوده ۱۰۰-۰ است و ساختار همبستگی داده‌های اصلی را حفظ می‌کند. مرحله دوم تجزیه و تحلیل عاملی برای گروه‌بندی پارامترهای مرتبط با هر عامل و سپس برآورد نمرات هر ژنوتیپ برای این عامل‌ها است. مقادیر ویژه و بردارهای ویژه از ماتریس همبستگی ماتریس دو طرفه rX_{ij} به دست آمد. نمرات عاملی تنها با در نظر گرفتن عواملی با مقادیر ویژه بالاتر از یک به دست آمد. چرخش واریماکس برای چرخش و برآورد ضرایب نهایی استفاده شد. سپس نمرات ژنوتیپ‌ها به همراه ژنوتیپ

2. Technique for Order of Preference by Similarity to Ideal Solution (TOPSIS)

3. Multi-trait Genotype-Ideotype Distance Index

ایده‌آل برای هر عامل به‌دست آمد. طبق تعریف، ژنوتیپ ایده‌آل دارای بیشترین مقدار مقیاس جدید (۱۰۰) برای همه آماره‌های مورد تجزیه و تحلیل است. در مرحله آخر شاخص فاصله چندمتغیره از ژنوتیپ ایده‌آل (MGIDI) طبق رابطه زیر محاسبه شد:

$$MGIDI_i = \sqrt{\sum_{j=1}^f (Y_{ij} - \gamma_j)^2}$$

که در آن $MGIDI_i$ شاخص فاصله چندمتغیره از ژنوتیپ ایده‌آل برای ژنوتیپ i ام، γ_j نمره ژنوتیپ i ام در فاکتور j ام ($i=1, 2, \dots, g$ و $j=1, 2, \dots, f$) است که g تعداد ژنوتیپ‌ها، f تعداد فاکتورها و γ_j نمره ژنوتیپ ایده‌آل در فاکتور j ام است. براین اساس، ژنوتیپ با کمترین $MGIDI$ به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر است و با محاسبه آن تمام صفات مورد استفاده قرار می‌گیرند. همچنین سهم هر فاکتور در شاخص $MGIDI$ ژنوتیپ i ام که با (ω_{ij}) نشان داده می‌شود، طبق فرمول زیر محاسبه شد:

$$\omega_{ij} = \frac{\sqrt{D_{ij}^2}}{\sum_{j=1}^f \sqrt{D_{ij}^2}}$$

که در آن D_{ij} فاصله بین ژنوتیپ i ام و ژنوتیپ ایده‌آل برای فاکتور j ام است. برای یک ژنوتیپ معین، عواملی با سهم کمتر نشان می‌دهد که این ژنوتیپ از لحاظ پارامترهای مهم درون آن عامل به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک است (Olivoto & Nardino, 2020). از نرم‌افزارهای SAS، R، Minitab و Excel جهت انجام تجزیه‌ها و رسم نمودارها استفاده شد.

۳. یافته‌های پژوهش و بحث

بر اساس نتایج جدول تجزیه مرکب، اثرات اصلی ژنوتیپ، محیط و نیز اثر متقابل ژنوتیپ در محیط در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود (جدول ۴). جدول ۵ و شکل ۱ پایداری ژنوتیپ‌ها بر اساس معیارهای مختلف ناپارامتری آنها را نشان می‌دهد. بر اساس رتبه داده‌های تصحیح‌شده برای هر ژنوتیپ به‌صورت انفرادی، مقادیر $Z_i^{(1)}$ و $Z_i^{(2)}$ محاسبه شد، سپس این مقادیر برای آزمون χ^2 روی تمام ژنوتیپ‌ها جمع زده شدند. مقادیر انفرادی $Z_i^{(1)}$ برای ژنوتیپ‌های ۱۲۸، ۱۹۲ و ۲۰۸ بیشتر از مقدار χ^2 جدول ($\chi^2_{0.05} = 3/84$) و معنی‌دار بود. همچنین مقادیر انفرادی $Z_i^{(2)}$ برای ژنوتیپ‌های ۱۲۸ و ۱۹۲ معنی‌دار به‌دست آمد. باتوجه‌به اینکه مقادیر مجموع Z ها ($\sum Z_i^{(1)} = 46/96$ و $\sum Z_i^{(2)} = 21/94$) بیشتر از مقدار بحرانی کای‌اسکور جدول با درجه آزادی ۱۰ بود ($\chi^2_{sum, 0.05, df=10} = 18/3$)، بنابراین این نشان‌دهنده وجود تفاوت معنی‌دار بین سطوح پایداری ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی در شش محیط می‌باشد (جدول ۵).

جدول ۴. تجزیه واریانس مرکب عملکرد ۱۱ ژنوتیپ بادام‌زمینی.

Source	df	MS	% SS _T	% SS _{G×E}
Environment (E)	5	9584901.52**	57.47	
Year (Y)	1	31062.63 ^{ns}		
Location (L)	2	19755402.65**		
Year × Location (Y × L)	2	4191319.82**		
Rep (year * location)	12	136962.63		
Genotype (G)	10	1956892.07**	23.47	
(G × E)	50	2199870.40**	13.18	
(G × Y)	10	98118.74**		8.93
(G × L)	20	396624.46**		72.16
(G × Y × L)	20	103992.18**		18.92
Error (E)	120	27200.68		

CV (%) = 8.03

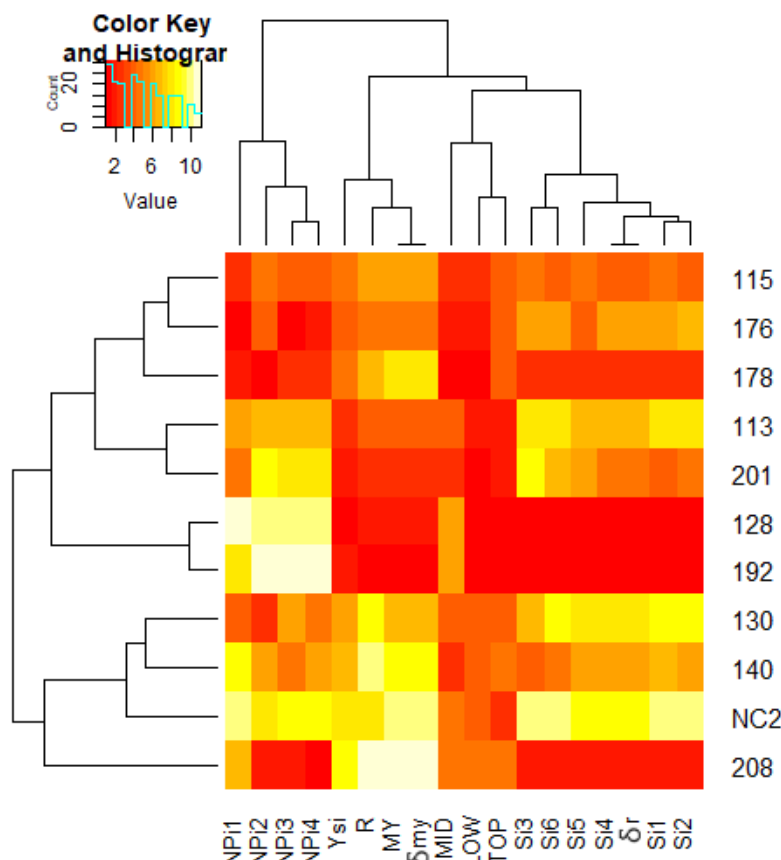
**معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد، %SS_T: درصد توجیه از مجموع مربعات کل و %SS_{G×E}: درصد توجیه از مجموع مربعات اثر متقابل.

بر اساس آماره‌های پایداری ناپارامتری $S_i^{(1)}$ ، $S_i^{(2)}$ ، $S_i^{(3)}$ ، $S_i^{(4)}$ ، $S_i^{(5)}$ و $S_i^{(6)}$ که توسط Huehn (1979) و Nassar & Huehn (1987) معرفی شدند، ژنوتیپ‌های با کمترین مقادیر به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار در نظر گرفته می‌شوند.

ژنوتیپ‌های ۱۹۲، ۱۲۸ و ۲۰۸ بر اساس آماره‌های $S_1^{(1)}$ ، $S_1^{(2)}$ ، $S_1^{(5)}$ و $S_1^{(6)}$ با دارا بودن کمترین مقادیر به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند (جدول ۵ و شکل ۱). بر اساس آماره $S_1^{(3)}$ ژنوتیپ‌های ۲۰۱، ۱۲۸ و ۲۰۸ پایدارترین بودند. همچنین بر اساس آماره $S_1^{(4)}$ ژنوتیپ‌های ۱۲۸، ۲۰۸ و ۱۷۸ به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند (جدول ۵ و شکل ۱). در آماره‌های ناپارامتری $NP_1^{(1)}$ ، $NP_1^{(2)}$ ، $NP_1^{(3)}$ و $NP_1^{(4)}$ پیشنهادشده توسط Thennarasu (1995) ژنوتیپ‌های با کمترین مقادیر به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار محسوب می‌شوند. ژنوتیپ‌های ۱۷۶، ۱۷۸ و ۱۱۵ بر اساس آماره $NP_1^{(1)}$ به‌عنوان پایدارترین شناخته شدند (جدول ۵ و شکل ۱). بر اساس پارامتر $NP_1^{(2)}$ ، ژنوتیپ‌های ۱۷۸، ۲۰۸، ۱۷۶، ۱۳۰ و ۱۱۵ و بر اساس آماره $NP_1^{(4)}$ ، ژنوتیپ‌های ۲۰۸، ۱۷۶، ۱۳۰، ۱۱۵ و ۱۷۸ پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. بر اساس آماره $NP_1^{(3)}$ ژنوتیپ‌های ۱۷۶، ۲۰۸، ۱۷۸ و ۱۱۵ به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند (جدول ۵ و شکل ۱). در آماره پایداری (1988) Kang (Y_{Si}) ژنوتیپ‌های با بیشترین ارزش به‌عنوان ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایدار در نظر گرفته می‌شوند. بنابراین، بر اساس این آماره ژنوتیپ‌های ۱۲۸، ۱۹۲ و ۲۰۱ دارای عملکرد بالا و پایدار بودند. Ketata (1988) استفاده از میانگین رتبه (R) را به‌عنوان معیاری جهت تعیین پایداری ژنوتیپ‌ها ارائه کرد. براین اساس ژنوتیپ‌های با کمترین مقدار R به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها شناخته می‌شوند. در مطالعه حاضر ژنوتیپ‌های ۱۹۲، ۱۲۸ و ۲۰۱ پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند (جدول ۵ و شکل ۱). سه آماره ناپارامتری TOP، MID و LOW که بر اساس درصد قرارگیری ژنوتیپ‌ها در سه بخش بیشینه (یک‌سوم ابتدایی)، متوسط (یک‌سوم میانی) و کمینه (یک‌سوم انتهایی) می‌باشند، توسط Fox et al. (1990) معرفی شدند. براین اساس هر چقدر مقدار پارامتر TOP ژنوتیپی بیشتر باشد آن ژنوتیپ به‌عنوان پایدارترین و مطلوب‌ترین ژنوتیپ گزینش می‌شود. ژنوتیپ‌های ۱۲۸ و ۱۹۲ با داشتن ۱۰۰ درصد TOP و عدم قرارگیری در ناحیه MID و LOW به‌عنوان مطلوب‌ترین ژنوتیپ‌ها در این پژوهش محسوب شدند (جدول ۵ و شکل ۱). Ketata et al. (1989) آماره σ_r را معرفی کردند که در این آماره ژنوتیپ‌های با مقادیر کمتر به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار در نظر گرفته می‌شوند. بنابراین، بر اساس آماره مذکور ژنوتیپ‌های ۱۹۲، ۱۲۸، ۲۰۸ و ۱۷۸ پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. آماره دیگری نیز توسط Ketata et al. (1989) (σ_{my}) معرفی شده است که بر اساس آن، ژنوتیپ‌های با مقادیر بالای این آماره به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار در نظر گرفته می‌شوند. براین اساس ژنوتیپ‌های ۱۹۲ و ۱۲۸ به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند (جدول ۵ و شکل ۱).

۳-۱. همبستگی بین آماره‌های پایداری ناپارامتری

به‌منظور بررسی رابطه بین میانگین عملکرد و آماره‌های ناپارامتری همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن محاسبه شد (جدول ۶). بر اساس نتایج حاصله، میانگین عملکرد (MY) همبستگی مثبت و معنی‌داری با آماره‌های Y_{Si} ، R، TOP، LOW و σ_{my} داشت. Farshadfar et al. (2012)، Tadege et al. (2014) و Goksoy et al. (2019) نیز بین میانگین عملکرد (MY) با TOP و Y_{Si} ضرایب همبستگی رتبه‌ای مثبت و معنی‌داری مشاهده کردند. بر اساس نتایج Akcura & Kaya (2008)، Ghazvini et al. (2018) و Cubukcu et al. (2021) همبستگی بین میانگین عملکرد و TOP مثبت و معنی‌دار بود. بر اساس نتایج مطالعه حاضر، همبستگی MY با آماره $NP_1^{(2)}$ منفی و معنی‌دار به‌دست آمد (جدول ۶). Pourdad & Ghaffari (2009) نیز در آزمایش‌های خود همبستگی منفی و معنی‌دار بین عملکرد و $NP_1^{(2)}$ مشاهده کرد. همچنین، Farshadfar et al. (2012) نیز همبستگی منفی بین عملکرد و $NP_1^{(2)}$ ، $NP_1^{(3)}$ و $NP_1^{(4)}$ مشاهده کردند. در پژوهش حاضر بین همه جفت پارامترهای ممکن $S_1^{(1)}$ ، $S_1^{(2)}$ ، $S_1^{(4)}$ ، $S_1^{(5)}$ و $S_1^{(6)}$ ضرایب همبستگی رتبه‌ای مثبت و معنی‌داری مشاهده شد (جدول ۶). همبستگی مثبت و معنی‌دار بین $S_1^{(1)}$ و $S_1^{(2)}$ گزارش شده است (Afzal et al., 2021; Balalic et al., 2011). همچنین در این پژوهش همبستگی مثبت و معنی‌داری بین $NP_1^{(1)}$ ، $NP_1^{(2)}$ ، $NP_1^{(3)}$ و $NP_1^{(4)}$ به‌دست آمد (جدول ۷). بر اساس نتایج حاصله TOP همبستگی مثبت و معنی‌داری با Y_{Si} و R و همبستگی منفی و معنی‌دار با $NP_1^{(2)}$ ، $NP_1^{(3)}$ و $NP_1^{(4)}$ داشت (جدول ۶). همچنین همبستگی σ_{my} با آماره‌های Y_{Si} ، R، TOP و LOW مثبت و معنی‌دار و با آماره $NP_1^{(2)}$ منفی و معنی‌دار به‌دست آمد.



شکل ۱. نقشه حرارتی نشان‌دهنده روابط بین ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی و آماره‌های پایداری ناپارامتری.

جدول ۵. برآورد آماره‌های پایداری ناپارامتری، آزمون معنی‌داری ($Z_i^{(1)}$ و $Z_i^{(2)}$) برای ۱۱ ژنوتیپ بادام‌زمینی در محیط‌های مورد بررسی.

Genotype	MY	$S_i^{(1)}$	$Z_i^{(1)}$	$S_i^{(2)}$	$Z_i^{(2)}$	$S_i^{(3)}$	$S_i^{(4)}$	$S_i^{(5)}$	$S_i^{(6)}$	$NP_i^{(1)}$	$NP_i^{(2)}$	$NP_i^{(3)}$	$NP_i^{(4)}$	Ys_i	R	TOP	MID	LOW	σ_r	σ_{my}
130	2012.78	4.00	0.17	10.67	0.02	2.09	2.98	2.67	6.96	2.00	0.25	0.40	0.13	2	7.67	16.67	33.33	50.00	3.27	2196.49
140	1848.89	2.87	0.74	5.37	1.09	1.35	2.11	1.83	3.29	3.00	0.35	0.38	0.15	0	8.17	0.00	50.00	50.00	2.32	2016.41
113	2066.94	3.00	0.51	6.57	0.60	2.11	2.34	2.17	5.32	2.33	0.42	0.44	0.15	7	6.17	50.00	33.33	16.67	2.56	2257.47
115	2020.28	2.53	1.53	4.27	1.67	1.50	1.89	1.67	3.20	1.83	0.28	0.35	0.12	5	6.67	16.67	50.00	33.33	2.07	2205.80
128	2485.83	0.00	16.63*	0.00	5.08*	0.00	0.00	0.00	0.00	3.67	1.83	1.91	0.73	11	2.00	100.00	0.00	0.00	0.00	2720.90
176	2025.28	2.73	1.02	5.37	1.09	1.51	2.11	1.56	4.35	1.67	0.28	0.31	0.11	6	6.17	16.67	66.67	16.67	2.32	2211.83
178	1989.17	2.00	3.37	3.07	2.44	1.30	1.60	1.44	2.30	1.67	0.22	0.33	0.11	5	6.67	16.67	83.33	0.00	1.75	2171.72
192	2827.22	0.00	16.63*	0.00	5.08*	0.00	0.00	0.00	0.00	2.83	2.83	3.39	1.13	10	1.00	100.00	0.00	0.00	0.00	3095.97
201	2078.61	2.47	1.72	4.57	1.50	2.28	1.95	1.83	4.72	2.17	0.48	0.50	0.18	10	4.83	50.00	50.00	0.00	2.14	2271.71
208	1707.22	1.80	4.24*	2.30	3.01	0.74	1.38	1.17	1.21	2.33	0.25	0.33	0.11	-10	9.50	0.00	16.67	83.33	1.52	1859.76
NC2	1742.22	4.20	0.40	12.57	0.33	2.65	3.24	3.17	8.77	3.50	0.47	0.60	0.22	-9	7.17	33.33	16.67	50.00	3.54	1900.66
		$\Sigma Z_i^{(1)}=46.96$		$\Sigma Z_i^{(2)}=21.94$																

Test Statistics

Mean Yield	$E(S_i^{(1)})$	$E(S_i^{(2)})$	$Var(S_i^{(1)})$	$Var(S_i^{(2)})$	$\chi^2_{Z1, Z2}$	χ^2_{sum}
2073.13 kg/ha	3.636	10.000	0.795	19.666	3.84	18.3

$S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$, $S_i^{(4)}$, $S_i^{(5)}$ و $S_i^{(6)}$: آماره‌های Huehn (1979) و Nassar & Huehn (1987)، $NP_i^{(1)}$, $NP_i^{(2)}$, $NP_i^{(3)}$ و $NP_i^{(4)}$: آماره‌های Thennarasu (1995)، Ys_i : آماره Kang (1988)، R: آماره‌های میانگین رتبه Katata (1988)، TOP، MID و LOW: آماره‌های Fox et al. (1990)، σ_r و σ_{my} : آماره‌های Ketata et al. (1989).

۲-۳. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس میانگین عملکرد دانه و آماره‌های پایداری ناپارامتری

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس ماتریس همبستگی رتبه در بین معیارهای پایداری ناپارامتری انجام شد. نتایج حاصله نشان داد که دو مؤلفه اصلی اول ۷۹/۶۰ درصد (به ترتیب ۵۰/۵۰ و ۲۹/۱۰ درصد به وسیله مؤلفه اصلی اول و دوم) از واریانس متغیرهای اصلی را توجیه می‌کنند. روابط بین میانگین عملکرد و پارامترهای پایداری توسط بای‌پلات PC1 در مقابل PC2 نشان داده شده است (شکل ۲). زاویه بین بردارهایی که پارامترهای پایداری را به مرکز بای‌پلات متصل می‌کند، همبستگی تقریبی بین آنها را نشان می‌دهد. به طوری که زاویه حاده نشانگر همبستگی مثبت و زاویه منفرجه نشانگر استقلال، همبستگی بسیار ضعیف یا همبستگی

منفی بین پارامترهای پایداری است. بر اساس این بای پلات، پارامترهای پایداری مورد مطالعه در چهار گروه تقسیم بندی شدند. گروه اول (GI) شامل معیارهای $S_i^{(1)}$ ، $S_i^{(2)}$ ، $S_i^{(3)}$ ، $S_i^{(4)}$ ، $S_i^{(5)}$ ، $S_i^{(6)}$ و σ_r بود. این معیارها همبستگی مثبتی با یکدیگر داشتند؛ ولی همبستگی معنی داری با عملکرد نشان ندادند. گروه دوم (GII) شامل میانگین عملکرد (MY)، R ، Y_{Si} ، TOP ، LOW و σ_{my} بود. باتوجه به اینکه پارامترهای پایداری مذکور (R ، Y_{Si} ، TOP ، LOW و σ_{my}) ارتباط و همبستگی مثبتی با میانگین عملکرد داشتند، بنابراین این پارامترها دارای مفهوم دینامیک (زراعی) پایداری می باشند. گروه سوم (GIII) شامل آماره های MID و $NP_i^{(1)}$ بود. آماره های پایداری $NP_i^{(2)}$ ، $NP_i^{(3)}$ و $NP_i^{(4)}$ در گروه چهارم (GIV) جای گرفتند. باتوجه به اینکه آماره های پایداری گروه سوم و چهارم رابطه مثبتی با یکدیگر و رابطه منفی با عملکرد داشتند، بنابراین این پارامترها دارای مفهوم ایستا (بیولوژیکی) از پایداری هستند (شکل ۲). بر اساس نتایج تجزیه به مؤلفه های اصلی Mortazavian & Azizinia (2014) نیز آماره های ناپارامتری در چهار گروه طبقه بندی شدند؛ به طوری که عملکرد و آماره های R و TOP با قرار گرفتن در یک گروه دارای مفهوم پویا (دینامیک) پایداری بودند. بر اساس نتایج مطالعات Moghaddasadeh et al. (2019) نیز معیارهای پایداری R ، Y_{Si} ، TOP و LOW با میانگین عملکرد و مفهوم دینامیک پایداری رابطه داشتند. در پژوهش حاضر و بر اساس دو مؤلفه اصلی اول، کلیه ژنوتیپ های مورد مطالعه در چهار گروه اصلی قرار گرفتند. گروه اول شامل ژنوتیپ های ۱۳۰، ۱۴۰ و $NC2$ ، گروه دوم شامل ژنوتیپ های ۱۱۳ و ۲۰۱، گروه سوم شامل ژنوتیپ های ۱۱۵، ۱۷۶، ۱۷۸ و ۲۰۸ و گروه چهارم شامل ژنوتیپ های ۱۲۸ و ۱۹۲ بود (شکل ۳).

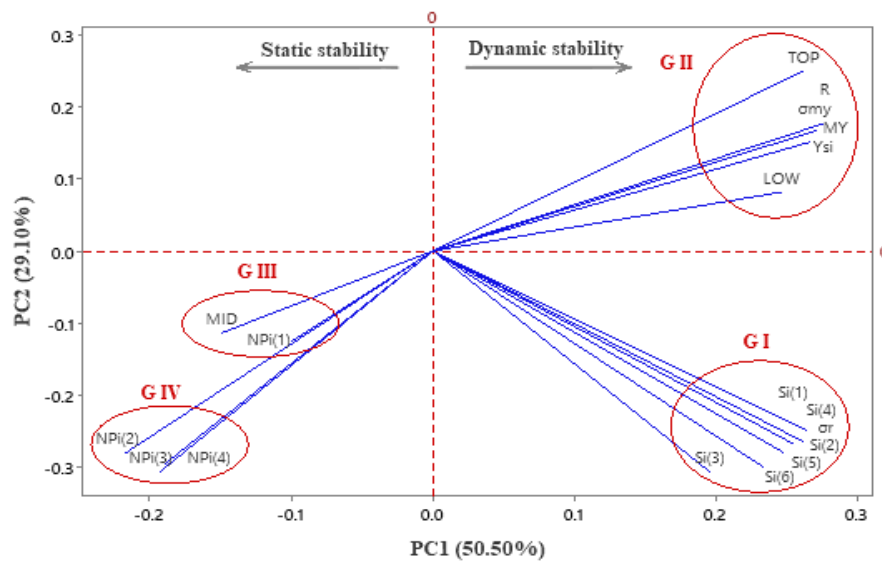
۳-۳. تجزیه کلاستر ژنوتیپ های بادام زمینی بر اساس میانگین عملکرد دانه و آماره های پایداری ناپارامتری

بر اساس نتایج حاصل از تجزیه کلاستر ژنوتیپ ها به روش Ward و فاصله اقلیدوسی، ژنوتیپ ها در چهار گروه جای گرفتند (شکل ۴). گروه اول شامل ژنوتیپ های ۱۳۰، ۱۴۰ و $NC2$ و کلاستر دوم شامل ژنوتیپ های ۱۱۳ و ۲۰۱ بود. ژنوتیپ های ۱۱۵، ۱۷۶، ۱۷۸ و ۲۰۸ در کلاستر سوم جای گرفتند. در بین ژنوتیپ های کلاستر سوم، ژنوتیپ های ۱۷۶ و ۱۷۸ جزء سه ژنوتیپ پایدار اول بر اساس آماره های $NP_i^{(1)}$ ، $NP_i^{(3)}$ ، $NP_i^{(4)}$ و MID بودند. در کلاستر چهارم ژنوتیپ های ۱۲۸ و ۱۹۲ قرار گرفتند. این ژنوتیپ ها بر اساس آماره های Y_{Si} ، TOP ، R ، LOW ، $S_i^{(1)}$ ، $S_i^{(2)}$ ، $S_i^{(5)}$ و σ_{my} به عنوان ژنوتیپ های پایدار مورد شناسایی قرار گرفتند.

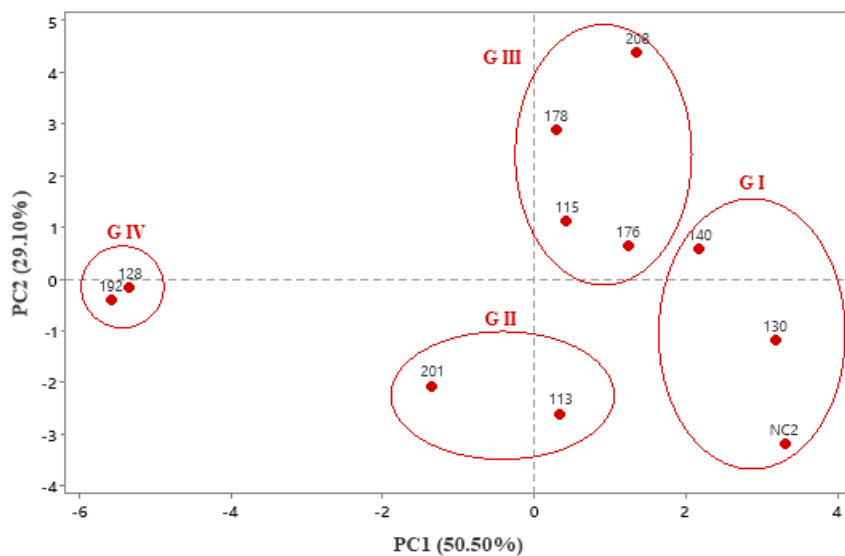
جدول ۶. ضرایب همبستگی رتبه ای بین میانگین عملکرد و آماره های پایداری ناپارامتری.

	MY	Y_{Si}	R	$S_i^{(1)}$	$S_i^{(2)}$	$S_i^{(3)}$	$S_i^{(4)}$	$S_i^{(5)}$	$S_i^{(6)}$	$NP_i^{(1)}$	$NP_i^{(2)}$	$NP_i^{(3)}$	$NP_i^{(4)}$	TOP	MID	LOW	σ_r
Y_{Si}	0.968**																
R	0.955**	0.954**															
$S_i^{(1)}$	0.433	0.483	0.451														
$S_i^{(2)}$	0.369	0.410	0.378	0.982**													
$S_i^{(3)}$	0.196	0.204	0.150	0.826**	0.881**												
$S_i^{(4)}$	0.388	0.429	0.402	0.989**	0.998**	0.874**											
$S_i^{(5)}$	0.370	0.408	0.384	0.952**	0.943**	0.906**	0.956**										
$S_i^{(6)}$	0.296	0.327	0.296	0.936**	0.973**	0.954**	0.970**	0.966**									
$NP_i^{(1)}$	-0.018	-0.009	-0.064	-0.114	-0.169	-0.205	-0.132	-0.059	-0.169								
$NP_i^{(2)}$	-0.682*	-0.630*	-0.727	-0.205	-0.187	-0.014	-0.178	-0.100	-0.114	0.636*							
$NP_i^{(3)}$	-0.555	-0.502	-0.591	-0.123	-0.123	-0.005	-0.105	0.018	-0.032	0.691*	0.882**						
$NP_i^{(4)}$	-0.591	-0.548	-0.636	-0.105	-0.105	0.005	-0.087	0.014	-0.032	0.682*	0.927**	0.982**					
TOP	0.825**	0.819**	0.900**	0.286	0.221	0.014	0.235	0.179	0.117	-0.337	-0.815**	-0.829**	-0.829**				
MID	-0.226	-0.132	-0.236	-0.259	-0.278	-0.306	-0.269	-0.223	-0.259	0.785**	0.587	0.698*	0.614*	-0.502			
LOW	0.805**	0.892**	0.866**	0.547	0.472	0.241	0.490	0.461	0.382	0.118	-0.452	-0.396	-0.447	0.723*	0.079		
σ_r	0.388	0.429	0.402	0.989**	0.998**	0.874	1.000**	0.956**	0.970**	-0.132	-0.178	-0.105	-0.087	0.235	-0.269	0.490	
σ_{my}	1.000**	0.968**	0.955**	0.433	0.369	0.196	0.388	0.370	0.296	-0.018	-0.682*	-0.555	-0.591	0.825**	-0.226	0.805**	0.388

* و ** به ترتیب معنی دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد.



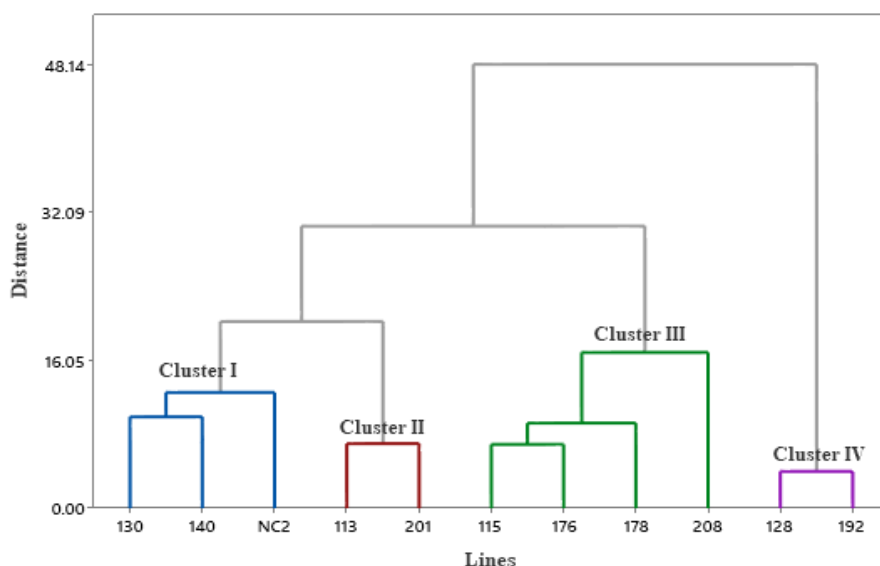
شکل ۲. بای پلات مؤلفه اصلی اول در مقابل مؤلفه اصلی دوم بر اساس میانگین عملکرد و آماره‌های پایداری ناپارامتری ۱۱ ژنوتیپ بادام‌زمینی.



شکل ۳. بای پلات مؤلفه اصلی اول در مقابل مؤلفه اصلی دوم برای ۱۱ ژنوتیپ بادام‌زمینی در شش محیط بر اساس میانگین عملکرد و آماره‌های پایداری ناپارامتری.

۳-۴. شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (IGSI) (روش TOPSIS)

در این پژوهش علاوه بر استفاده از تک‌تک آماره‌های تجزیه پایداری ناپارامتری، با استفاده از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (IGSI)، از همه آماره‌های ناپارامتری به طور همزمان جهت ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی نیز استفاده شد. مقدار شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (IGSI)، بین صفر و یک می‌باشد. ژنوتیپ‌های با مقادیر IGSI نزدیک به یک مطلوب‌ترین ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های با مقادیر IGSI نزدیک به صفر، به عنوان نامطلوب‌ترین ژنوتیپ‌ها شناخته می‌شوند. با توجه به اهمیت میزان عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها، در این پژوهش عملکرد هم به عنوان یک شاخص در کنار سایر شاخص‌های پایداری وارد شد تا بتوان عملکرد و پایداری را به طور همزمان مورد ارزیابی قرار داد (Zali et al., 2015; Moghaddaszadeh, 2018; Moghaddaszadeh et al., 2019). نتایج شاخص انتخاب IGSI با استفاده از روش‌های غیر پارامتری پایداری (۱۸ روش) در جدول ۷ درج شده است. ژنوتیپ ۱۷۸ با $IGSI=0/69$ (نزدیک‌ترین به یک)، به عنوان پایدارترین ژنوتیپ معرفی شد. ژنوتیپ‌های ۱۲۸، ۲۰۱، ۱۷۶ و ۱۱۵ در رتبه‌های بعدی پایداری قرار داشتند (جدول ۷).



شکل ۴. تجزیه کلاستر ۱۱ ژنوتیپ بادام زمینی بر اساس میانگین عملکرد و آماره‌های پایداری ناپارامتری.

۵-۳. شاخص فاصله چندمتغیره از ژنوتیپ ایده‌آل (MGIDI)

شاخص فاصله چندمتغیره از ژنوتیپ ایده‌آل (MGIDI) با در نظر گرفتن پارامترهای پایداری و عملکرد دانه محاسبه شد (جدول ۷). از آنجایی که شاخص MGIDI مبتنی بر تجزیه به عامل هاست، بنابراین تجزیه به عامل‌ها برای همه پارامترها و عملکرد دانه انجام گرفت. بر اساس نتایج حاصله، سه عامل اول با مقادیر ویژه بزرگتر از یک $95/05$ درصد از کل واریانس داده‌ها را توجیه کرد. عامل اول بیشتر تحت تأثیر آماره‌های $S_i^{(6)}$ ، $S_i^{(2)}$ ، $S_i^{(3)}$ ، $S_i^{(5)}$ ، σ_r ، $S_i^{(4)}$ و $S_i^{(1)}$ به‌طور مثبت بود و $68/93$ درصد از واریانس را توجیه کرد. پارامترهای LOW ، Ys_i ، R ، σ_{my} و MY به‌طور مثبت عامل دوم را تحت تأثیر قرار دادند و $13/69$ درصد از تغییرات را توجیه کردند. عامل سوم تحت تأثیر آماره‌های MID ، $NPi^{(1)}$ ، $NPi^{(4)}$ ، $NPi^{(2)}$ و $NPi^{(3)}$ بود و $12/43$ درصد از تغییرات کل را تبیین کرد (جدول ۸).

باتوجه به اینکه هر ژنوتیپ برای عامل‌هایی که سهم کمتری در آنها نشان می‌دهد از لحاظ پارامترهای درون آن عامل به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیکتر است (Olivoto & Nardino, 2020)، بر این اساس می‌توان گفت که ژنوتیپ‌های ۲۰۸، ۱۲۸ و ۱۹۲ با دارا بودن کمترین مقدار عامل اول، از نظر پارامترهای $S_i^{(6)}$ ، $S_i^{(2)}$ ، $S_i^{(3)}$ ، $S_i^{(5)}$ ، σ_r و $S_i^{(4)}$ به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیکتر بودند. همچنین، ژنوتیپ‌های ۱۷۸، ۱۷۶ و ۱۱۵ کمترین مقدار عامل دوم را داشتند و بنابراین از نظر پارامترهای مؤثر در عامل دوم (LOW ، Ys_i ، R ، σ_{my} و MY) به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیکتر بودند. همچنین ژنوتیپ ۱۹۲ کمترین مقدار عامل سوم را داشت و بنابراین از نظر پارامترهای مربوطه (MID ، $NPi^{(1)}$ ، $NPi^{(4)}$ ، $NPi^{(2)}$ و $NPi^{(3)}$) به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیکتر بود (جدول ۷).

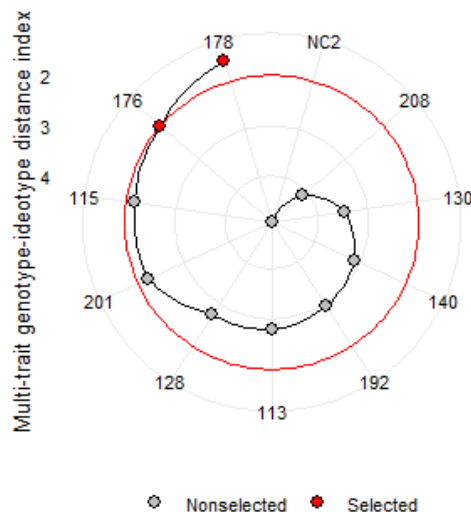
جدول ۷. مقادیر شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (IGSI) و MGIDI ژنوتیپ‌های بادام زمینی بر مبنای آماره‌های پایداری ناپارامتری و عملکرد.

Genotype	Mean yield (kg ha ⁻¹)	d_i^-	d_i^+	IGSI	Rank	MGIDI	Rank	ω_{11}	ω_{12}	ω_{13}
130	2012.78	1.42	1.48	0.49	10	3.45	9	0.46	0.26	0.28
140	1848.89	1.52	1.23	0.55	8	3.11	8	0.26	0.27	0.47
113	2066.94	1.62	1.10	0.60	6	2.79	6	0.49	0.29	0.22
115	2020.28	1.67	1.00	0.63	5	2.17	3	0.36	0.20	0.45
128	2485.83	1.96	0.97	0.67	2	2.75	5	0.08	0.70	0.21
176	2025.28	1.73	1.00	0.63	4	1.99	2	0.49	0.13	0.38
178	1989.17	1.88	0.86	0.69	1	1.57	1	0.42	0.02	0.55
192	2827.22	1.88	1.41	0.57	7	2.94	7	0.11	0.84	0.05
201	2078.61	1.77	0.93	0.65	3	2.22	4	0.58	0.25	0.17
208	1707.22	1.62	1.45	0.53	9	4.12	10	0.04	0.30	0.67
NC2	1742.22	1.21	1.80	0.40	11	4.93	11	0.39	0.35	0.26

IGSI: شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل؛ MGIDI: شاخص فاصله چندمتغیره از ژنوتیپ ایده‌آل؛ d_i^+ و d_i^- : به ترتیب فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و غیر ایده‌آل؛ ω_{11} ، ω_{12} و ω_{13} : به ترتیب سهم عامل اول، دوم و سوم در شاخص MGIDI هر ژنوتیپ.

جدول ۸. ضرایب عاملی با چرخش واریماکس در تجزیه به عامل‌ها بر اساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA).

Non-parametric stability statistics	Factor loads		
	First	Second	Third
$S_1^{(6)}$	0.98	0.14	-0.06
$S_1^{(2)}$	0.95	0.27	0.03
$S_1^{(3)}$	0.92	0.13	-0.29
$S_1^{(5)}$	0.91	0.34	-0.19
σ_r	0.88	0.36	-0.28
$S_1^{(4)}$	0.88	0.36	-0.28
$S_1^{(1)}$	0.88	0.38	-0.26
LOW	0.16	0.93	0.14
Y_{S_1}	0.24	0.91	0.19
R	0.34	0.84	-0.41
σ_{my}	0.44	0.79	-0.38
MY	0.44	0.79	-0.38
TOP	0.26	0.73	-0.59
MID	-0.17	0.01	0.94
$NP_1^{(1)}$	-0.02	0.04	0.87
$NP_1^{(4)}$	-0.46	-0.54	0.68
$NP_1^{(2)}$	-0.47	-0.55	0.66
$NP_1^{(3)}$	-0.45	-0.54	0.66
مقادیر ویژه	12.41	2.464	2.24
درصد واریانس توجیه‌شده	68.93	13.69	12.43
درصد تجمعی واریانس توجیه‌شده	68.93	82.62	95.05



شکل ۵. الگوی رتبه‌بندی و ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده بر اساس شاخص MGIDI.

در شاخص MGIDI ژنوتیپ‌های با کمترین مقدار، فاصله کمتری از ژنوتیپ ایده‌آل داشته و می‌توان آن ژنوتیپ‌ها را گزینش کرد. در شکل ۵ ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده بر اساس شاخص MGIDI ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده با رنگ قرمز نشان داده شدند. بنابراین بر اساس شاخص مذکور، ژنوتیپ‌های ۱۷۸ و ۱۷۶ به ترتیب با دارا بودن مقادیر ۱/۵۷ و ۱/۹۹ کمترین مقادیر را داشته و به‌عنوان ژنوتیپ‌های مطلوب پایدار محسوب شدند (شکل ۶). در رتبه بعدی نیز ژنوتیپ‌های ۱۱۵، ۲۰۱ و ۱۲۸ قرار داشتند. ژنوتیپ‌های NC2، ۲۰۸ و ۱۳۰ با دارا بودن بیشترین مقادیر شاخص MGIDI به‌عنوان ژنوتیپ‌های ناپایدار محسوب شدند (جدول ۷).

۴. نتیجه‌گیری

بر اساس نتایج شاخص‌های انتخاب IGSI و MGIDI که با استفاده از همه روش‌های غیر پارامتری پایداری محاسبه شدند، ژنوتیپ‌های ۱۷۸ و ۱۷۶ به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ انتخاب شدند و می‌توانند نامزد معرفی به‌عنوان رقم جدید باشند.

۵. منابع

- Akcura M., & Kaya, Y. (2008). Nonparametric stability methods for interpreting genotype by environment interaction of bread wheat genotypes (*Triticum aestivum* L.). *Genetics and Molecular Biology*, 31, 906-913.
- Afzal, O., Hassan, F., Ahmed, M., Shabbir, G., & Ahmed, S. (2021). Determination of stable safflower genotypes in variable environments by parametric and non-parametric methods. *Journal of Agriculture and Food Research*, 6, 100223.
- Balalic, I., Zoric, M., Miklic, V., Dusanic, N., Terzic, S., & Radic, V. (2011). Non-parametric stability analysis of sunflower oil yield trials. *Helia*, 34, 67-78.
- Becker, H.C. (1981). Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. *Euphytica*, 30, 835-840.
- Becker, H.C., & Leon, J. (1988). Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding*, 101, 1-23.
- Cubukcu, P., Kocaturk, M., Ilker, E., Kadiroglu, A., Vurarak, Y., Sahin, Y., Karakus, M., Yildirim, U.A., Goksoy, A.T., & Sincik, M. (2021). Stability analysis of some soybean genotypes using parametric and non-parametric methods in multi-environments. *Turkish Journal of Field Crops*, 26, 262-271.
- Ghazvini, H., Pour-Aboughadareh, A., Sharifalhosseini, M., Razavi, S.A., Mohammadi, S., Ghasemi Kalkhoran, M., Fathi Hafshejani, A., & Khakizadeh, G.H. (2018). Phenotypic stability analysis of barley promising lines in the cold regions of Iran. *Crop Breeding Journal*, 8, 17-29.
- Goksoy, A.T., Sincik, M., Erdogmus, M., Ergin, M., Aytac, S., Gumuscu, G., Gunduz, O., Keles, R., Bayram, G., & Senyigit, E. (2019). The parametric and non-parametric stability analysis for interpreting genotype by environment interaction of some soybean genotypes. *Turkish Journal of Field Crops*, 24, 28-38.
- Farshadfar, E., Sabaghpour, S.H., & Zali, H. (2012). Comparison of parametric and non-parametric stability statistics for selecting stable chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes under diverse environments. *Australian Journal of Crop Science*, 6, 514-524.
- FAO. (2020). [Http://www.fao.org/faostat](http://www.fao.org/faostat)
- Fox, P.N., Skovmand, B., Thompson, B.K., Braun, H.J., & Cormier, R. (1990). Yield and adaptation of hexaploid spring triticale. *Euphytica*, 47, 57-64.
- Huehn, M. (1979). Beitrage zur Erfassung der phänotypischen Stabilität t. I. Vorschlag einiger auf Ranginformationen beruhenden Stabilität tparameter. *EDV in Medizin und Biologie*, 10, 112-117.
- Huehn, M. (1990). Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 1: Theory. *Euphytica*, 47, 189-194.
- Hwang, C.L., & Yoon, K. (1981). *Multiple Attributes Decision Making Methods and Applications*. Springer. Berlin Heidelberg.
- Kang, M.S. (1988). A rank-sum method for selecting highyielding, stable corn genotypes. *Cereal Research Communications*, 19, 361-364.
- Ketata, H. (1988). Genotype environment interaction. Proceeding of biometrical technique for cereal breeders. *ICARDA. Aleppo. Syria*. Pp. 16-32.
- Ketata, H., Yan, S.K.M., & Nachit, M. (1989). Relative consistency performance across environments. Int. *Symposium on Physiology and Breeding of Winter Cereals for stressed Mediterranean Environments*. Montpellier, July 3-6, 1989.
- Moghaddaszadeh, M., Asghari Zakaria, R., Hassanpanah, D., & Zare, N. (2018). *Evaluation of genotype×environment interaction in potato (Solanum tuberosum L.) genotypes using parametric statistics and selection index of ideal genotype (SIIG) technique*. The First National Conference on Novel Ideas in Agriculture and Natural Resources (November, 2018), 887-891. (In Persian).
- Moghaddaszadeh, M., Asghari Zakaria, R., Hassanpanah, D., & Zare, N. (2019). Non-parametric stability analysis of tuber yield in potato (*Solanum tuberosum* L.) genotypes. *Journal of Crop Breeding*, 10, 50-63. (In Persian).
- Mortazavian, S.M.M., & Azizi-nia, S. (2014). Nonparametric stability analysis in multi-environment trial of canola. *Turkish Journal of Field Crops*, 19, 108-117.
- Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Andarzian, B., Farzadi, H., Bahari, M., & Zali, H. (2019) Stability analysis of grain yield of durum wheat promising lines in warm and dry areas using parametric and non-parametric methods. *Journal of Crop Production and Processing*, 8, 79-96.
- Nassar, R., & Huhn, M. (1987). Studies on estimation of phenotypic stability: Tests of significance for non-parametric measures of phenotypic stability. *Biometrics*, 43, 45-53.
- Olivoto, T., & Nardino, M. (2020). MGIDI: A novel multi-trait index for genotype selection in plant breeding. *Bioinformatics*, 1-22.
- Panhwar, F. (2005). *Oilseed Crops Future in Sindh Pakistan*. Digitalvelarg GmbH, Germany, pp. 38.
- Pourdard, S.S., & Ghaffari, A.A. (2009). Comparison of parametric and non-parametric yield stability measures and their relationship in spring rapeseed (*Brassica napus* L.) in warm dry-lands of Iran. *Middle Eastern and Russian Journal of Plant Science and Biotechnology*, 3, 33-40.

- Reddy, T.Y., Reddy, V.R., & Anbumozhi, V. (2003). Physiological response of groundnut to drought stress and its amelioration: A critical review. *Plant Growth Regulation*, 41, 75-88.
- Scapim, C.A., Oliveira, V.R., Braccini, A.L., Cruz, C.D., Andrade, C.A.B., & Vidigal, C.G.M. (2000). Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. *Genetics and Molecular Biology*, 23, 387-393.
- Shukla, G.K. (1972). Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity*, 29, 237-242.
- Tadege, M.B., Uta, H.Z., & Aga, A.A. (2014). Association of statistical methods used to explore genotype×environment interaction (GEI) and cultivar stability. *African Journal of Agricultural Research*, 9, 2231-2237.
- Thennarasu, K. (1995). *On certain non-parametric procedures for studying genotype environment interactions and yield stability*. Ph.D. theses, P.J. School, IARI., New Delhi.
- Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asgharii, A., & Hoseini, S.M. (2015). Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method. *Biological Forum – An International Journal*, 7, 703-711.