

ارزیابی پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های امید بخش کینوا (*Chenopodium quinoa* Willd.) با استفاده از روش‌های گرافیکی

وحید جوکار فرد^۱، بابک ربیعی^{۲*}، ابراهیم سوری لکی^۳

۱. دانشجوی دکتری، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران
۲. استاد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران
۳. دانش آموخته دکتری، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۱/۲۵

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۳/۱۴

چکیده

برهمکنش ژنوتیپ × محیط عامل اصلی محدود کننده در شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در برنامه‌های به‌نژادی گیاهی است. این پژوهش با هدف بررسی برهمکنش ژنوتیپ × محیط و گزینش ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار کینوا با استفاده از روش‌های AMMI و GGE بای پلات انجام شد. تعداد ۳۰ ژنوتیپ مختلف کینوا تهیه شده از موسسه IPK آلمان با منشا متفاوت، به عنوان مواد گیاهی این آزمایش در قالب طرح بلوکهای کامل تصادفی در دو محیط بوئین زهرا و تاکستان در طول دو سال متوالی ۱۴۰۱ و ۱۴۰۲ کشت شدند. نتایج نشان داد که واریانس ناشی از آثار ژنوتیپ، محیط و برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط برای عملکرد دانه معنی‌دار بود و این صفت بیشتر تحت تاثیر تنوع ژنوتیپی قرار گرفت. تغییرات برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط در روش AMMI توسط دو مولفه اصلی اول توجه شد. با استفاده از این روش ژنوتیپ‌های G14، G11، G12، G13، G1، G5 و G13 به عنوان ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار شناخته شدند و همچنین محیط تاکستان در سال دوم به عنوان محیط پایدار و پرمحصول معرفی شد. همچنین دو مولفه اصلی اول در روش GGE بای پلات حدود ۹۲ درصد از تغییرات ژنوتیپ و برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط را توجیه کردند. در این روش محیط‌های مورد مطالعه در دو مگامحیط قرار گرفتند. همه محیط‌ها توانایی تمایز بالایی در عملکرد دانه ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را دارا بودند و ژنوتیپ‌های G11 و G14 به عنوان ژنوتیپ‌های ایده‌آل شناسایی شدند. در نهایت براساس هردو روش AMMI و GGE بای پلات ژنوتیپ‌های G5، G11، G12، G13، G14 و G23 در بین ژنوتیپ‌های کینوا مورد مطالعه به عنوان ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار شناسایی شدند و محیط بوئین زهرا به عنوان محیط ایده‌آل معرفی شد.

کلیدواژگان: برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط، سازگاری، مگامحیط، AMMI، GGE بای پلات

مقدمه

تغییرات آب و هوایی، کمبود آب، افزایش شوری و به‌ویژه سوء‌تغذیه چالش‌های اصلی برای کشاورزی پایدار و همچنین امنیت غذایی و تغذیه‌ای جمعیت در حال رشد دنیا هستند. امنیت غذایی زمینه‌ساز توسعه اقتصادی و اجتماعی یک جامعه است. بر اساس گزارش برنامه جهانی غذای سازمان ملل متحد در سال ۲۰۲۰، در خوش‌بینانه‌ترین آمار، سالانه حدود یک میلیارد نفر در سراسر دنیا از گرسنگی و سوء تغذیه رنج می‌برند (WFP, 2020). همچنین سطح بحرانی گرمای جهانی و درکنار آن عواملی مانند افزایش جمعیت و کاهش بارندگی امنیت غذایی را تهدید می‌کنند. غلات به‌عنوان یکی از تامین‌کننده‌های مهم مواد غذایی در جهان با معضلات بسیاری از جمله خشکسالی و شوری مواجه هستند. به نحوی که عملکرد غلات با هر یک درجه افزایش دما، ۳/۱ تا ۷/۴ درصد کاهش پیدا می‌کند (Peñuelas et al., 2017). شرایط اقلیمی همراه با خصوصیات خاک از جمله عوامل محیطی هستند که با تاثیر بر رشد گیاهان، پتانسیل ژنتیکی گیاه را تحت تاثیر قرار داده و سبب تولید عملکرد پایین در مزارع می‌شود (Trimpler et al., 2017). بنابراین ضروری است، با گسترش گیاهان جدید که سازگاری بالایی با شرایط آب و هوایی دشوار دارند، بر این چالش بزرگ غلبه کرد (Peñuelas et al., 2017).

کینوا (*Chenopodium quinoa Willd.*) گیاهی یکساله، علفی، دولپه، تتراپلوئید و شورزی از خانواده *Amaranthaceae* می‌باشد که بومی منطقه آند در آمریکای جنوبی است. این گیاه در آمریکای جنوبی، از کلمبیا تا جنوب شیلی رشد می‌کند. با این حال، بیش‌ترین تنوع آن در پرو و بولیوی یافت می‌شود (Recalde, & López, 2016). کینوا به‌دلیل ارزش غذایی فوق‌العاده، پروتئین با کیفیت بالا، اسیدهای آمینه ضروری، ریز مغذی‌ها، ویتامین‌ها، مواد معدنی و ترکیبات فنلی، در مناطق مختلف دنیا محبوبیت بسیاری پیدا کرده است (Ayaşan et al., 2020). علاوه بر این، کینوا به طیف وسیعی از شرایط آب و هوایی سازگار است و آن را به محصولی انعطاف‌پذیر تبدیل می‌کند. کینوا توانایی رشد در مناطق مختلف زراعی (ساحلی، دره، ارتفاعات، مناطق نمکی و نیمه گرمسیری) را دارد و همچنین نسبت به یخبندان، شوری و خشکسالی متحمل است. کینوا مکانیسم‌های مقاومت منحصر به فردی

را در برابر تنش آبی ایجاد می‌کند که به این گیاه اجازه می‌دهد به شرایط دشوار مناطق خشک و نیمه خشک سازگار شود. این گیاه از طریق سیستم ریشه منشعب و عمیق، غدد وزیکولی خاص، سلول‌های کوچک و دیواره ضخیم، کاهش سطح برگ و رفتارهای روزنه پویا، خشکی و کم آبی را تحمل می‌کند (Jensen et al., 2000). ویژگی‌های ذکر شده کینوا را به یک گیاه استراتژیک جهت تغذیه پایدار جمعیت رو به رشد دنیا تبدیل کرده است (Anchico et al., 2020).

تفاوت بین عملکرد اندازه‌گیری شده در برنامه‌های معرفی رقم و عملکرد واقعی در مزارع کشاورزان در برخی کشورها بیش از ۳۰ درصد برآورد شده است (Silva et al., 2021). دلیل اصلی عدم ثبات عملکرد، وجود برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط است. برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط به پاسخ متفاوت ژنوتیپ‌ها در طیف وسیعی از محیط‌ها اشاره دارد که یکی از عوامل اصلی محدودکننده در شناسایی ژنوتیپ‌های برتر و موفقیت در انتخاب ژرم پلاسما برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی است (Enyew et al., 2021). هدف نهایی به-نژادگران، معرفی ژنوتیپ‌هایی است که به طیف وسیعی از شرایط محیطی سازگار باشند و در این محیط‌ها عملکرد مطلوب تولید کنند (Begna, 2020). صفات کمی مانند عملکرد دانه که از نظر اقتصادی و زراعی مهم هستند، می‌توانند به‌طور معنی‌داری تحت تاثیر برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط قرار گیرند و این امر باعث می‌شود که به‌نژادگران در ارزیابی و معرفی ژنوتیپ‌ها و ارقام دقت بیش‌تری داشته باشند. تجزیه واریانس و مقایسه میانگین داده‌های عملکرد، تفاوت بین ارقام را نمایان می‌کند. با این حال، پایداری ارقام در درجه اول از برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط ناشی می‌شود. بنابراین جهت برآورد برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط، هر ژنوتیپ باید در چند سال و چند مکان مختلف مورد ارزیابی قرار گیرد تا ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار شناسایی و برای کشت در مناطق موردنظر توصیه شوند. با کشت ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف، پاسخ‌های ژنوتیپی متفاوتی ثبت می‌شود و ژنوتیپ‌های برتر و پایدار را می‌توان با اعتماد بالایی شناسایی کرد (Taleghani et al., 2023).

جهت ارزیابی برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط و تعیین پایداری ارقام و ژنوتیپ‌ها، روش‌های بسیار زیاد و متنوعی شامل روش‌های تک‌متغیره و چندمتغیره و پارامتری و

چندمحیطی و کشف الگوهای برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط به تجزیه به مؤلفه‌های اصلی وابسته هستند. مدل AMMI با ترکیب تجزیه واریانس و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، نمودارهای AMMI1 و AMMI را ارائه می‌کند، که نمودار اول میانگین ژنوتیپ‌ها و رابطه آن‌ها را با مؤلفه اول نشان می‌دهد و نمودار دوم روابط ژنوتیپ‌ها را با دو مؤلفه اول نشان می‌دهد (Gauch, 1992). روش GGE بای‌پلات نیز با استفاده از دو مؤلفه اول نمودارهای رتبه‌بندی محیط‌ها و ژنوتیپ‌ها و نمودار چند ضلعی را ارائه می‌کند و با استفاده از این نمودارها می‌توان ژنوتیپ‌های پایدار و دارای عملکرد دانه بالا در همه محیط‌ها، ژنوتیپ‌های با پایداری خصوصی برای هر یک از محیط‌های هدف و بهترین محیط‌ها را شناسایی کرد (Angelini et al., 2019). با توجه به این‌که کینوا گیاهی جدید است، مطالعات اندکی در دنیا و به‌ویژه در ایران بر روی سازگاری و پایداری کینوا انجام شده است. به‌طوری‌که Bagheri و همکاران (2022) طی سال‌های ۱۳۹۷ و ۱۳۹۸ با مطالعه پایداری و سازگاری بر روی ۱۰ ژنوتیپ مختلف کینوا در چهار محیط مختلف با استفاده از روش AMMI، ژنوتیپ‌های پایدار و سازگار در هر محیط را معرفی کردند. Etaati و همکاران (2023) نیز سازگاری و پایداری عملکرد دانه ۱۰ ژنوتیپ مختلف کینوا را به‌وسیله روش‌های پارامتری و ناپارامتری مختلف مورد بررسی قرار دادند. آن‌ها گزارش کردند که اثر محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط بر عملکرد دانه بسیار معنی‌دار بود و در نهایت یک ژنوتیپ را به‌عنوان ژنوتیپ پرمحصول، پایدار و سازگار معرفی کردند.

Anchico-Jojoa و همکاران (2023) هشت ژنوتیپ کینوا را در دو کشور برزیل و کلمبیا در طول دو سال زراعی ۲۰۱۸ و ۲۰۱۹ با استفاده از روش AMMI مورد مطالعه قرار دادند. در این مطالعه آثار ژنوتیپ، محیط و برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط بسیار معنی‌دار بود و همچنین از بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، چهار ژنوتیپ با عملکرد و سازگاری عمومی بالا را معرفی کردند. Al-Naggar و همکاران (2022) سازگاری و پایداری ۳۷ ژنوتیپ کینوا را با استفاده از روش‌های AMMI و GGE بای‌پلات طی دو سال ۲۰۱۸ و ۲۰۱۹ در کشور مصر مورد ارزیابی قرار دادند و در نهایت بهترین محیط کودی و پایدارترین و سازگارترین ژنوتیپ‌ها را شناسایی کردند. Thiam و همکاران (2021) ۱۴ ژنوتیپ کینوا را برای ارزیابی پایداری به روش AMMI در پنج

غیرپارامتری توسط پژوهشگران مختلف ابداع و ارائه شده است که می‌توان با توجه به شرایط آزمایش، یک یا چند روش را مورد استفاده قرار داد. از جمله روش‌های تک متغیره می‌توان به روش رگرسیون فیلی-ویلکینسون (Finlay and Wilkinson, 1963)، روش انحراف از خط رگرسیون ابرهارت-راسل (Eberhart & Russell, 1966) و واریانس پایداری شوکلا (Shukla, 1972) اشاره کرد. در این بین روش آثار اصلی جمع‌پذیر و اثر متقابل ضرب‌پذیر یا روش AMMI و روش GGE بای‌پلات از جمله روش‌های آماری چندمتغیره جهت بررسی سازگاری و پایداری ژنوتیپ‌ها و ارقام مختلف هستند (Yan et al., 2007). بدیهی است که استفاده از چند روش و در نهایت تلفیق نتایج حاصل از آن‌ها در شناسایی ژنوتیپ‌های پرمحصول پایدار موفقیت‌آمیزتر خواهد بود.

در بیش‌تر موارد نمی‌توان از تأثیر محیط، در ارزیابی ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف بهره برد. بنابراین، حذف اثر محیط از داده‌ها و تمرکز بر اثر اصلی ژنوتیپ و برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط ضروری است (Gauch, 2006). از آن‌جایی‌که، بررسی اثرات ژنوتیپ و برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط به‌طور همزمان باید مورد توجه قرار گیرد، می‌توان از روش آثار اصلی جمع‌پذیر و اثر متقابل ضرب‌پذیر یا روش AMMI و روش GGE بای‌پلات استفاده کرد (Yan & Kang, 2002). مدل AMMI ترکیب واحد تجزیه واریانس و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی است. این روش می‌تواند تفسیر آزمایش‌های چندمحیطی را ساده کند و روابط ساده و مرکب بین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها را در نمودارهای پراکنش نمایان سازد (Zobel et al., 1988). نسخه‌های مختلفی از بای‌پلات جهت مطالعه برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط توسط به‌زادگران ایجاد شده است که یک نسخه ویژه از آن، GGE بای‌پلات است که اطلاعات اثر اصلی ژنوتیپ و برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط را در اختیار پژوهشگر قرار می‌دهد. این مدل براساس خصوصیات نمودار بای‌پلات گابریل (Gabriel, 1971) و روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی ایجاد شد (Yan et al., 2007). Gauch (2006) بیان کرد که روش AMMI به‌دلیل تفکیک این آثار از یکدیگر، همیشه بر GGE بای‌پلات برتری دارد یا حداقل دارای دقت برابر است. درحالی‌که Yan و همکاران (2007) گزارش کردند که روش GGE بای‌پلات نسبت به روش AMMI در تجزیه داده‌های ژنوتیپ در محیط موفق‌تر است. هر دو مدل برای تجزیه داده‌های

مواد و روش‌ها

به منظور مطالعه عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌های کینوا، تعداد ۳۰ ژنوتیپ کینوا تهیه شده از بانک ژن مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی و گیاهان زراعی لیبنیز آلمان (IPK) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در استان قزوین (شهرستان‌های بوئین‌زهرا و تاکستان) به مدت دو سال متوالی ۱۴۰۱ و ۱۴۰۲ (در مجموع در چهار محیط) مورد ارزیابی قرار گرفتند (جدول ۱).

شرایط محیطی مورد مطالعه قرار دادند. آن‌ها ژنوتیپ‌های پایدار و سازگار به هر محیط را معرفی کردند و همچنین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه آن‌ها در سه گروه پایدار، نسبتاً پایدار و ناپایدار قرار گرفتند. مطالعه حاضر با هدف ارزیابی برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط ۳۰ ژنوتیپ وارداتی کینوا با استفاده از روش‌های AMMI و GGE بای‌پلات اجرا شد تا ژنوتیپ‌های پرمحصول، سازگار و پایدار در محیط‌های مورد مطالعه شناسایی و به‌عنوان ارقام جدید به محققین و جامعه کشاورزی معرفی شوند.

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های کینوای مورد مطالعه در این پژوهش

ردیف	ژنوتیپ	شناسه	منشا	ردیف	ژنوتیپ	شناسه	منشا
۱	CHEN218	D9434	شیلی	۱۶	CHEN83	D2194	بولیوی
۲	CHEN220	D9439	پرو	۱۷	CHEN84	D2195	بولیوی
۳	CHEN223	D9442	شیلی	۱۸	CHEN89	D5078	بولیوی
۴	CHEN225	D9443	پرو	۱۹	CHEN91	D5081	بولیوی
۵	CHEN255	D9502	شیلی	۲۰	CHEN115	D9316	بولیوی
۶	CHEN268	D9548	شیلی	۲۱	CHEN119	D9319	بولیوی
۷	CHEN270	D9558	شیلی	۲۲	CHEN133	D9361	بولیوی
۸	CHEN297	D9786	شیلی	۲۳	CHEN146	D9374	بولیوی
۹	CHEN299	D9788	شیلی	۲۴	CHEN151	D9382	شیلی
۱۰	CHEN328	D9803	پرو	۲۵	CHEN154	D9385	پرو
۱۱	CHEN364	D9855	شیلی	۲۶	CHEN156	D9390	شیلی
۱۲	CHEN371	D9862	شیلی	۲۷	CHEN159	D9376	بولیوی
۱۳	CHEN390	D9878	پرو	۲۸	CHEN167	D9346	شیلی
۱۴	CHEN214	D9429	پرو	۲۹	CHEN171	D9350	شیلی
۱۵	CHEN159	D9880	پرو	۳۰	CHEN172	D9351	پرو

اوره به‌میزان ۵۰ کیلوگرم در هکتار در دو مرحله به‌صورت سرک همراه با آب آبیاری نیز استفاده شد، به‌طوری‌که یک دوم آن در مرحله شش تا هشت برگی و یک دوم باقی‌مانده قبل از گلدهی مصرف شد. برای مبارزه با کرم برگ‌خوار کاردینا و شته‌ها در دو مرحله به فاصله ۱۴ روز، از سم سایپرترین ۴۰ درصد به میزان سه لیتر در هکتار استفاده شد. آبیاری مزرعه تحقیقاتی بر اساس نیاز آبی گیاهان و در فواصل ۱۵-۵ روز به روش آبیاری نشستی انجام شد. پس از رسیدگی فیزیولوژیک کلیه بوته‌های هر کرت با حذف بوته-های حاشیه، برداشت شدند و پس از خرمن‌کوبی، وزن دانه-ها ثبت شد و سپس به‌عنوان عملکرد دانه برحسب کیلوگرم در هکتار محاسبه شد.

پس از آماده‌سازی مزرعه تحقیقاتی شیاری به فاصله ۴۰ سانتی‌متر و ارتفاع ۳۵ سانتی‌متر ایجاد شد. ژنوتیپ‌های کینوا در هر مزرعه تحقیقاتی براساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در پنج ردیف با طول سه متر و عمق سه سانتی‌متری در تاریخ ۲۰ فروردین کشت شدند. فاصله بین ردیف‌ها ۴۰ سانتی‌متر، فاصله بین بوته‌ها ۳۰ سانتی‌متر و فاصله تکرارها از یکدیگر یک متر در نظر گرفته شد.

برای رشد مطلوب و تامین نیازهای غذایی ژنوتیپ‌های کینوا با توجه به نتایج آزمون خاک مزرعه آزمایشی (جدول ۲)، همراه با آماده‌سازی خاک، مقدار ۷۰ کیلوگرم در هکتار کود پتاسیم، ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار سوپر فسفات تریپل و ۵۰ کیلوگرم در هکتار کود اوره استفاده شد. همچنین کود

جدول ۲- میانگین بلند مدت دما و بارش (به دست آمده از اداره کل هواشناسی استان قزوین)
و نتایج آزمون خاک محیط‌های آزمایشی

مکان	دمای تابستان (°C)			دمای بهار (°C)		
	کم‌ترین	بیش‌ترین	متوسط	کم‌ترین	بیش‌ترین	متوسط
بوئین‌زهرا	۱۰/۱	۲۵/۰	۱۷/۵	۱۷/۳	۳۴/۵	۲۵/۹
تاکستان	۹/۲	۲۳/۳	۱۶/۳	۱۶/۵	۳۲/۲	۲۴/۵

رابطه ۳
 $f = (g-1-m)(e-1-m)$
 در این رابطه g تعداد ژنوتیپ، e تعداد محیط و m نیز بیانگر مولفه اصلی مورد نظر است. آزمون FR یا کورنلیوس براساس رویه IML در نرم‌افزار SAS که قبلاً توسط اکبرپور و همکاران (Akbarpour et al., 2014) تهیه شده بود، انجام شد.

پارامتر ارزش پایداری AMMI (AMMI Stability Value) با استفاده از رابطه ۴ محاسبه شد (Purchase et al., 2000):

$$ASV_i = \sqrt{\frac{SS_{IPCA1}}{SS_{IPCA2}} (IPCA1 \text{ Score})^2 + (IPCA1 \text{ Score})^2}$$

رابطه بالا SS_{IPCA1} مجموع مربعات اولین مولفه اصلی برهمکنش، SS_{IPCA2} مجموع مربعات دومین مولفه اصلی برهمکنش، $IPCA1$ مقدار اولین مولفه اصلی برهمکنش و $IPCA2$ مقدار دومین مولفه اصلی برهمکنش برای هر یک از ژنوتیپ‌ها در مدل AMMI می‌باشند.

تجزیه GGE بای‌پلات نیز بر اساس رابطه زیر (رابطه ۵) با استفاده از نرم‌افزار Gen Stat نسخه ۱۲ انجام شد (Yan, 2001):

$$Y_{ge} - \mu - \beta_e = \lambda_1 \xi_{g1} \eta_{1e} + \lambda_2 \xi_{g2} \eta_{2e} + \rho_{ge}$$

رابطه ۵
 که در این رابطه نیز Y_{ge} میانگین ژنوتیپ g در محیط e ، μ میانگین همه ژنوتیپ‌ها، β_e اثر اصلی محیط e و ρ_{ge} باقیمانده است. همچنین λ_1 و λ_2 به ترتیب مقادیر منفرد دو مولفه اصلی اول (PC_1 و PC_2)، ξ_{g1} و ξ_{g2} بردارهای ویژه ژنوتیپ‌ها و η_{1e} و η_{2e} به ترتیب بردارهای محیطی مولفه اول و دوم می‌باشند.

یکنواختی خط‌های آزمایشی داده‌های هر محیط قبل از انجام تجزیه واریانس مرکب با استفاده از آزمون بارتلت (Bartlett, 1937) بررسی شد. سپس تجزیه پایداری ژنوتیپ‌های مورد مطالعه به روش AMMI و GGE انجام شد.

جهت انجام تجزیه پایداری به روش AMMI از نرم‌افزار PB-Tools نسخه ۱/۴ (<http://bbi.irri.org/products>) بر اساس رابطه (۱) استفاده شد (Gauch, 1992):

رابطه ۱
 $Y_{ge} = \mu + \alpha_j + \beta_e + \sum \lambda_n \gamma_{gn} \delta_{en} + \rho_{ge}$
 که در آن Y_{ge} عملکرد ژنوتیپ g در محیط e ، μ میانگین کل، α_g انحراف ژنوتیپ از میانگین کل، β_e انحراف محیط، λ_n مقدار منفرد برای IPC_n ، γ_{gn} مقدار بردار ویژه برای ژنوتیپ g و مولفه n ، δ_{en} مقدار بردار ویژه برای محیط e و مولفه n باقیمانده است.

آزمون F برای بررسی معنی‌داری منابع تغییرات، به شرط نرمال بودن و مستقل بودن برای مدل خطی استفاده می‌شود، اما چون مدل AMMI مدلی کاهش‌ی است (یعنی تمام ریشه‌های مشخصه محاسبه شده استفاده نمی‌شود)، ریشه‌های مشخصه توزیع کای‌اسکوئر ندارند و ضروری است که آزمون‌های F را تصحیح نمود. بدین ترتیب با انجام آزمون FR یا کورنلیوس تعداد مولفه‌های اثر متقابل معنی‌دار تصحیح شد. از رابطه ۲ برای انجام آزمون FR استفاده شد (Cornelius et al., 1992):

$$F_R = \frac{(SS_{GEL} - \sum_{k=1}^n \hat{\lambda}_k^2)}{IS^2}$$

رابطه ۲
 که در رابطه فوق SS_{GEL} مجموع مربعات برهم‌کنش ژنوتیپ \times محیط، $\sum_{k=1}^n \hat{\lambda}_k^2$ مجموع مربعات مولفه اصلی n ام، f درجه آزادی کورنلیوس و s^2 نیز میانگین مربعات خطا است. درجه آزادی کورنلیوس با استفاده از رابطه زیر محاسبه شد (Cornelius et al., 1992):

نتایج و بحث

تجزیه واریانس AMMI

تجزیه واریانس مرکب ۳۰ ژنوتیپ کینوا ارزیابی شده در چهار محیط نشان داد که ژنوتیپ‌ها، محیط‌ها و برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط تأثیر به‌سزایی بر عملکرد دانه کینوا داشتند. به‌طوری‌که تفاوت بسیار معنی‌داری برای این آثار در سطح احتمال یک درصد مشاهده شد (جدول ۳). معنی‌داری اثر محیط بیانگر این است که محیط‌ها از نظر عملکرد ژنوتیپ‌ها متفاوت هستند و معنی‌داری برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط نیز بیانگر تفاوت در عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف است. با توجه به نتایج تجزیه واریانس (جدول ۳) مشاهده می‌شود که اثر اصلی ژنوتیپ، برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط و اثر اصلی محیط به ترتیب ۸۲/۶، ۱۴/۹ و ۲/۴ درصد از مجموع مربعات تیمار را توجیه کردند. این امر بیانگر تنوع بالا در عملکرد دانه ژنوتیپ‌های کینوا به‌دلیل وجود برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط در بین ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مورد مطالعه می‌باشد، در نتیجه می‌توان پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها را بررسی کرد و ژنوتیپ‌های دارای سازگاری خاص با هر محیط و ژنوتیپ‌های دارای سازگاری عمومی با سایر محیط‌ها را شناسایی کرد. علاوه بر تأثیر معنی‌دار ژنوتیپ‌ها، تفاوت معنی‌دار بین محیط‌ها و برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط، تغییرات آب و هوایی را از سالی به سال دیگر نشان می‌دهد و از محیطی به محیط دیگر به‌طور معنی‌داری بر تولید کینوا تأثیر می‌گذارد. پژوهشگران دیگر نیز در مطالعات خود سطوح معنی‌دار ژنوتیپ، محیط و

برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط را گزارش کرده‌اند. به‌طوری‌که Allaoui و همکاران (2023) گزارش کردند که برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط بیش‌ترین مجموع مربعات کل را به خود اختصاص داد و به دنبال آن ژنوتیپ و محیط قرار گرفتند. همچنین Ali و همکاران (2018) گزارش کردند که محیط بیش‌ترین مجموع مربعات کل را توجیه کرد و به دنبال آن ژنوتیپ و برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط قرار گرفتند. با این حال، نتایج ما با یافته‌های Thiam و همکاران (2021) که بیان کردند، محیط، برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط و ژنوتیپ به‌ترتیب بیش‌ترین سهم از تنوع کل را در اختیار داشتند، مطابقت نداشت.

در این پژوهش پس از تایید وجود برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط معنی‌دار، جهت معرفی ژنوتیپ‌های پایدار تجزیه AMMI انجام شد. نتایج تجزیه واریانس AMMI نشان داد که دو مولفه اصلی اول بر اساس آزمون کورنلیوس (FR) در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار شدند و ۷۶/۳ درصد تنوع برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط را توجیه کردند. مولفه اول ۴۶/۷ و مولفه دوم ۲۹/۶ درصد از تنوع برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط را به خود اختصاص دادند. بنابراین با استفاده از مقادیر مولفه اصلی اول و دوم می‌توان جزئیات توزیع ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها را به‌خوبی نمایش داد. Al-Naggar و همکاران (2022) و Anchico-Jojoa و همکاران (2023) نیز سهم بالای دو مولفه اصلی اول در توجیه برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط ژنوتیپ‌های کینوا را گزارش کردند که با نتایج این پژوهش مطابقت داشت.

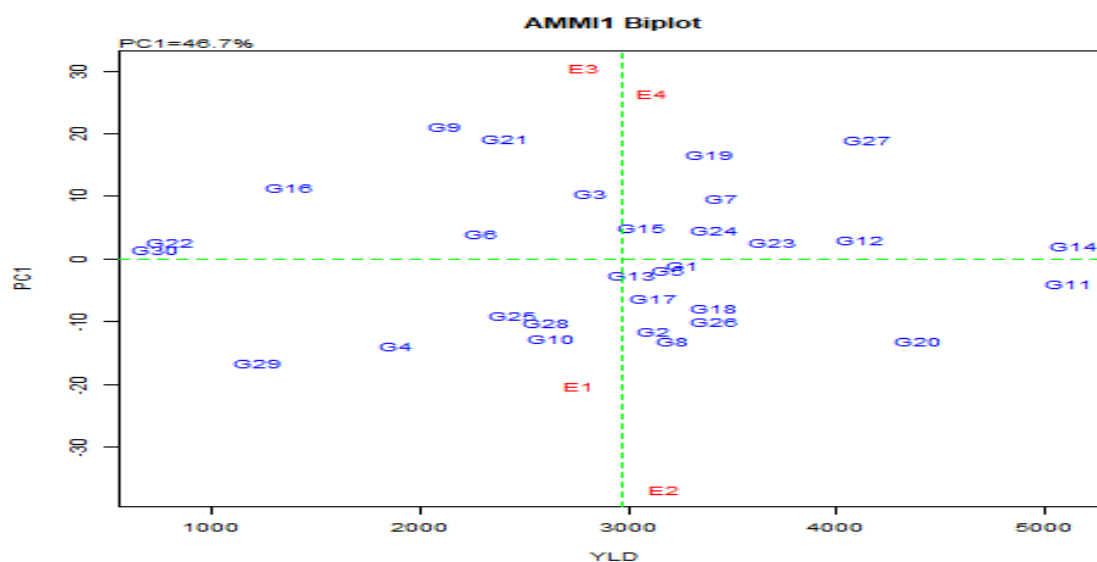
جدول ۳- تجزیه واریانس AMMI برای صفت عملکرد دانه ۳۰ ژنوتیپ کینوا در ۴ محیط مورد مطالعه

منابع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	درجه آزادی کورنلیوس	میانگین مربعات کورنلیوس	F کورنلیوس	واریانس توجیه شده تیمار (%)	واریانس توجیه شده برهم‌کنش (%)
تیمار	۱۱۹	۴۹۷۵۳۸۶۰۷	۴۱۸۰۹۹۷**				-	-
ژنوتیپ	۲۹	۴۱۱۰۴۶۸۲۲	۱۴۱۷۴۰۲۸**				۸۲/۶	
محیط	۳	۱۲۱۷۳۴۸۹	۴۰۵۷۸۳۰**				۲/۴	
بلوک (محیط)	۸	۱۰۵۳۲۶	۱۳۱۶۶۶**				۰	
اثر متقابل	۸۷	۷۴۳۱۸۲۹۶	۸۵۴۲۳۳**				۱۴/۹	
مولفه اصلی ۱	۳۱	۳۴۶۹۲۳۶۲	۱۱۱۹۱۰۸	۵۴	۳۹۶۲۵۹۳۴	۱۰/۶**	۷/۰	۴۶/۷
مولفه اصلی ۲	۲۹	۲۱۹۹۱۴۲۷	۷۵۸۳۲۵	۲۶	۱۷۶۳۴۵۰۷	۹/۸**	۴/۴	۲۹/۶
باقی‌مانده	۲۷	۱۷۶۳۴۵۰۶	۶۵۳۱۳۰				۳/۵	۲۳/۷
خطا	۲۳۲	۱۶۱۲۸۸۳۵	۶۹۵۲۱				۳/۲	
کل	۳۵۹	۵۱۴۷۲۰۷۶۸	۱۴۳۳۷۶۳				-	

ns * و ** به‌ترتیب نمایانگر عدم معنی‌داری و معنی‌داری در سطح احتمال پنج درصد و یک درصد می‌باشند.

ژنوتیپ‌ها به خوبی در بای پلات AMMI پراکنده شدند و برهم کنش ژنوتیپ × محیط، تفاوت شرایط آب و هوایی در چهار محیط مورد مطالعه را بر روی عملکرد دانه نشان داد. بنابراین با توجه به موارد فوق، ژنوتیپ‌های G1، G30، G5، G14، G13، G22، G23، G12، G11 و به ترتیب با داشتن پایین‌ترین مقادیر مولفه اصلی اول، ژنوتیپ‌های پایدار در این مطالعه بودند. در حالی که از بین این ژنوتیپ‌ها، ژنوتیپ‌های G14، G11، G12، G23، G1، G5 و G13 با میانگین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل (۲۹۶۷ کیلوگرم در هکتار) به عنوان ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار شناسایی شدند. در این بای پلات، میانگین کل عملکرد دانه با استفاده از یک خط عمود بر محور مولفه اصلی اول نشان داده شده است. در بین محیط‌های آزمایش محیط‌های بوئین زهرا در سال اول (E1) و تاکستان در سال دوم (E4) به ترتیب پایدارترین محیط‌های آزمایش از نظر مقدار مولفه اصلی اول بودند. در حالی که محیط تاکستان در سال دوم (E4) با میانگین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل به عنوان محیط پایدار و پرمحصول شناخته شد (شکل ۱).

همان‌طور که در شکل ۱ نشان داده شده است، توزیع ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها بر اساس میانگین عملکرد دانه و مقادیر مولفه اصلی اول یک روش مفید برای ارزیابی عملکرد دانه و پایداری آن به طور همزمان است. در نتیجه، این بای پلات می‌تواند به طور کامل رفتار ژنوتیپ‌های کینوا را توصیف کند. بای پلات AMMI (شکل ۱) به چهار بخش تقسیم می‌شود که شامل محیط‌های دارای عملکرد پایین در بخش‌های ۱ (بالا سمت چپ) و ۴ (پایین سمت چپ) و محیط‌های با عملکرد مطلوب در بخش‌های ۲ (بالا سمت راست) و ۳ (پایین سمت راست) می‌باشد. بای پلات AMMI نشان داد که ژنوتیپ‌ها پراکندگی بیشتری از محیط‌ها دارند که بیانگر تنوع بیشتر ژنوتیپ‌ها نسبت به محیط‌های آزمایشی بود که با نتایج تجزیه واریانس مطابقت داشت (جدول ۳). ژنوتیپ‌های پایدار در سمت راست و نزدیک به محور $PC_1 = 0$ قرار می‌گیرند، به این مفهوم که این ژنوتیپ‌ها دارای میانگین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل جمعیت و مقدار پایین مولفه اصلی (به معنای عدم وجود برهم کنش ژنوتیپ × محیط) می‌باشند (Bilate Daemo *et al.*, 2023).



شکل ۱- بای پلات میانگین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها و مقادیر اولین مولفه اصلی در مدل AMMI

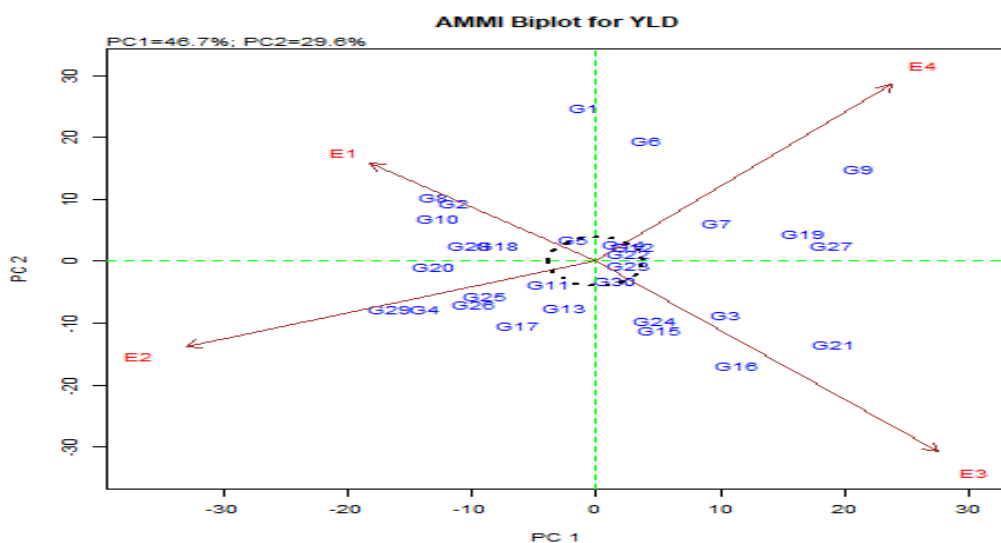
اعداد G1-G30 ژنوتیپ‌های کینوا مورد مطالعه، نماد E1 و E2 به ترتیب محیط بوئین زهرا در سال ۱۴۰۱ و ۱۴۰۲ و نماد E3 و E4 به ترتیب محیط تاکستان در سال ۱۴۰۱ و ۱۴۰۲ را نشان می‌دهند.

پلات کم‌ترین سهم را در برهم کنش ژنوتیپ × محیط دارند، در حالی که محیط‌ها و ژنوتیپ‌های با فاصله زیاد از مبدأ بای-پلات، بیش‌ترین سهم از برهم کنش ژنوتیپ × محیط را به

موقعیت محیط‌های آزمایش و ژنوتیپ‌ها با استفاده از بای-پلات AMMI نمایش داده شده است (شکل ۲). بر اساس این بای پلات، محیط‌ها و ژنوتیپ‌های نزدیک به مبدأ بای-

محیط و سبب نمایان شدن تفاوت‌های بین ژنوتیپ‌ها می‌شوند، در حالی که بردار کوتاه به معنای سهم کم‌تر در برهم‌کنش است و اطلاعات کم‌تری در مورد تفاوت عملکرد ژنوتیپ‌ها ارائه می‌کند (Yan, 2001). همه محیط‌های آزمایشی به دلیل دارا بودن بردارهای بلند، توانایی تمایز بالایی را نشان دادند، اما محیط‌های تاکستان در هر دو سال (E3 و E4) با بردارهای بلندتر بیش‌ترین سهم را در ایجاد برهم‌کنش داشتند (شکل ۲). بسیاری از محققان در مطالعات خود از بای‌پلات AMMI حاصل از دو مولفه اصلی اول جهت شناسایی ژنوتیپ‌های دارای سازگاری عمومی و خصوصی در کینوا (Bagheri *et al.*, 2021; Thiam *et al.*, 2021; Anchico-Jojoa *et al.*, 2023) استفاده کرده‌اند.

خود اختصاص می‌دهند و به شرایط محیطی حساسیت نشان می‌دهند. علاوه بر این لازم به ذکر است که ژنوتیپ‌های نزدیک به نمودارهای محیط، با آن محیط سازگاری بالایی دارند (Yan & Tinker, 2006; Khare *et al.*, 2024). بنابراین ژنوتیپ‌های G5، G11، G12، G14، G22، G23 و G30 پایداری بالایی را در همه محیط‌ها نشان دادند. همچنین ژنوتیپ‌های G2 و G8 در محیط بوئین زهرا در سال اول (E1)، ژنوتیپ G26 در محیط بوئین زهرا در سال دوم (E2)، ژنوتیپ‌های G24 و G15 در محیط تاکستان در سال اول (E3) و ژنوتیپ‌های G19 و G27 در محیط تاکستان در سال دوم (E4) دارای سازگاری بالا و عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل بودند (شکل ۲). طول بردار در بای‌پلات AMMI بیانگر سهم محیط در تنوع کل است. بردار محیطی بلند نشان‌دهنده سهم بالا در برهم‌کنش ژنوتیپ ×



شکل ۲- بای پلات دو مولفه اصلی اول و دوم حاصل از تجزیه AMMI

اعداد G1-G30 ژنوتیپ‌های کینوا مورد مطالعه، نماد E1 و E2 به ترتیب محیط بوئین زهرا در سال ۱۴۰۱ و ۱۴۰۲ و نماد E3 و E4 به ترتیب محیط تاکستان در سال ۱۴۰۱ و ۱۴۰۲ را نشان می‌دهند.

۴۳۹۵، ۴۱۴۵ و ۴۱۱۱ کیلوگرم در هکتار بالاترین میانگین عملکرد دانه را در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه داشتند. ژنوتیپ‌های G30 (۷۳۵ کیلوگرم در هکتار) و G22 (۸۰۳ کیلوگرم در هکتار) کم‌ترین میانگین عملکرد دانه را در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌ها تولید کردند. بین محیط‌های بوئین‌زهرا در سال اول (۲۷۶۸ کیلوگرم در هکتار) و

میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها در چهار محیط آزمایشی در جدول ۴ ارائه شده است. با توجه به جدول ۴، بیش از ۶۰ درصد ژنوتیپ‌ها میانگین عملکرد دانه بالاتری نسبت به میانگین کل (۲۹۶۷ کیلوگرم در هکتار) نشان دادند. در این میان ژنوتیپ G14 با ۵۱۳۷ کیلوگرم در هکتار و پس از آن ژنوتیپ‌های G11، G20، G27 و G12 به ترتیب با ۵۱۱۷،

ASV، به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار انتخاب شدند. با توجه به این که یکی از اهداف این مطالعه معرفی ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار بود، از بین ژنوتیپ‌های ذکر شده، ژنوتیپ‌های G13، G11، G12، G5، G14، G23، G9 و G21 نیز علاوه بر مقادیر بالای آماره ASV دارای عملکرد پایینی بوده و به عنوان ناپایدارترین ژنوتیپ‌های این مطالعه معرفی می‌شوند. محیط‌های بوئین‌زهر در سال اول (E1) و تاکستان در سال دوم (E4) دارای کم‌ترین مقدار ASV در بین محیط‌های مورد مطالعه بودند. اما تاکستان در سال دوم (E4) با میانگین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل به عنوان محیط پایدار و دارای عملکرد مطلوب شناسایی شد. پژوهشگران زیادی از جمله Kirankumar و همکاران (2023)، Nowosad و همکاران (2023) و Muhammad و همکاران (2023) از ASV پایین برای شناسایی ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه پایدار در گیاهان مختلف و به‌ویژه غلات استفاده کردند.

تاکستان در سال دوم (۳۱۲۵ کیلوگرم در هکتار) تفاوت بسیار معنی‌داری از نظر عملکرد دانه وجود داشت (جدول ۴). تفاوت در عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف نیز بیانگر وجود برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط قوی و تنوع در شرایط محیطی مانند دما، بارندگی و نوع خاک است. بنابراین، ضروری است که ژنوتیپ‌های کینوا جهت کشت در شرایط خاص محیطی و اکولوژی‌های مختلف کشاورزی شناسایی و معرفی شوند.

در روش AMMI قرارگیری نسبی نقاط بر روی بای‌پلات گاهی اوقات ممکن است سبب سردرگمی پژوهشگر شود. در این زمینه، Purchase و همکاران (2000) ارزش پایداری AMMI (ASV) که یک شاخص عددی است را به عنوان ابزاری جهت تعیین پایداری ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف، به‌ویژه در تحقیقات کشاورزی و اصلاح نباتات معرفی کردند. مقادیر ASV برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌های آزمایشی در جدول ۴ ارائه شده است. محیط‌ها و ژنوتیپ‌های که کم‌ترین مقدار ASV را دارند، پایدار در نظر گرفته می‌شوند. محدوده مقادیر ASV برای عملکرد دانه از ۳/۴ در ژنوتیپ G23 تا ۳۰/۵ در ژنوتیپ G9 متفاوت بود (جدول ۴). بنابراین ژنوتیپ‌های G23، G22، G30، G14، G5، G12، G11 و G13 به دلیل دارا بودن کم‌ترین مقادیر

جدول ۴- میانگین عملکرد دانه، مقادیر مولفه اصلی اول و دوم و ارزش پایداری AMMI در ژنوتیپ‌های کینوا و محیط‌های مورد مطالعه

منبع تغییر	کد	عملکرد دانه	مولفه اصلی اول	مولفه اصلی دوم	ASV	منبع تغییر	کد	عملکرد دانه	مولفه اصلی اول	مولفه اصلی دوم	ASV
	G1	۳۲۶۷	-۰/۹۳	۲۴/۸	۲۴/۹		G16	۱۳۷۷	۱۱/۴	-۱۶/۷	۲۲/۰
	G2	۳۱۱۶	-۱۱/۴	۹/۴	۱۷/۲		G17	۳۱۱۸	-۶/۴	-۱۰/۳	۱۳/۰
	G3	۲۸۱۹	۱۰/۵	-۸/۷	۱۵/۸		G18	۳۴۱۶	-۷/۹	۲/۶	۱۰/۳
	G4	۱۸۸۹	-۱۳/۸	-۷/۷	۱۹/۰		G19	۳۳۸۷	۱۶/۷	۴/۴	۲۱/۴
	G5	۳۱۹۲	-۱/۸	۳/۵	۴/۲		G20	۴۳۹۵	-۱۳/۱	-۰/۹۲	۱۶/۵
	G6	۲۲۹۳	۴/۰	۱۹/۵	۲۰/۱		G21	۲۴۱۰	۱۹/۲	-۱۳/۵	۲۷/۶
	G7	۳۴۴۷	۹/۷	۶/۲	۱۳/۷		G22	۸۰۳	۲/۷	۱/۱	۳/۵
ژنوتیپ	G8	۳۲۱۳	-۱۳/۰	۱۰/۳	۱۹/۴	ژنوتیپ	G23	۳۶۹۰	۲/۷	-۰/۷۳	۳/۴
	G9	۲۱۱۸	۲/۲	۱۴/۹	۳۰/۵		G24	۳۴۱۶	۴/۷	-۹/۶	۱۱/۳
	G10	۲۶۲۹	-۱۲/۸	۶/۹	۱۷/۴		G25	۲۴۵۱	-۸/۹	-۵/۶	۱۲/۶
	G11	۵۱۱۷	-۳/۹	-۳/۷	۶/۱		G26	۳۴۱۸	-۱۰/۰	-۶/۹	۱۴/۳
	G12	۴۱۱۱	۳/۰	۲/۳	۴/۴		G27	۴۱۴۵	۱۹/۰	۲/۵	۲۴/۰
	G13	۳۰۱۶	-۲/۶	-۷/۶	۸/۲		G28	۲۶۰۸	-۱۰/۳	۲/۶	۱۳/۱
	G14	۵۱۳۷	۲/۲	۲/۸	۳/۹		G29	۱۲۲۹	-۱۶/۶	-۷/۷	۲۲/۲
	G15	۳۰۵۸	۵/۱	-۱۱/۲	۱۲/۹		G30	۷۳۵	۱/۵	-۳/۲	۳/۷
محیط	E1	۲۷۶۸	-۲۰/۲	۱۷/۶	۳۰/۹	محیط	E3	۲۸۰۱	۳۰/۶	-۳۴/۱	۵۱/۴
	E2	۳۱۷۵	۳۶-۱/۸	-۱۵/۲	۴۸/۷		E4	۳۱۲۵	۲۶/۵	۳۱/۷	۴۵/۹

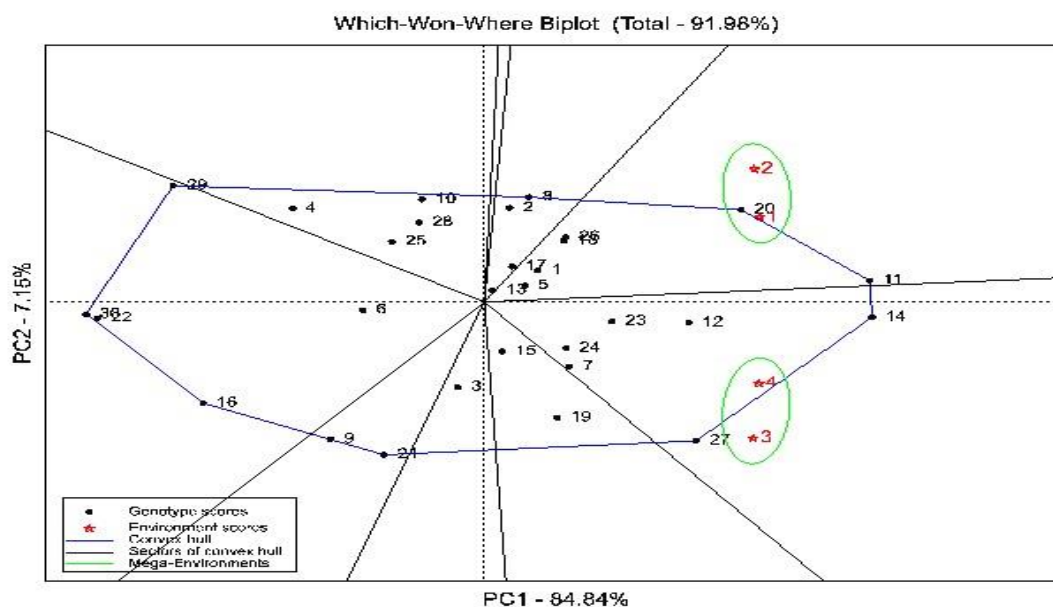
روش GGE بای پلات

نتایج حاصل از روش GGE بای پلات نشان داد که مولفه اصلی اول و دوم به ترتیب با توجه ۸/۸۴ و ۱/۷ درصد، حدود ۹۲ درصد از تنوع ژنوتیپ و برهم کنش ژنوتیپ × محیط را به خود اختصاص دادند. پژوهشگران بسیاری با استفاده از روش GGE بای پلات، سهم بالای مولفه اصلی اول را در توجه تغییرات ژنوتیپ و برهم کنش ژنوتیپ × محیط را در مطالعات خود گزارش کردند که با نتایج پژوهش حاضر مطابقت داشت (Dao et al., 2020; Sahmat et al., 2024). با توجه به سهم بالای مؤلفه اصلی اول در مجموع مربعات ژنوتیپ و برهم کنش ژنوتیپ × محیط، استفاده از این مؤلفه در شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار می‌تواند از کارایی بالایی برخوردار باشد. بنابراین نمودارهای GGE با استفاده از مقادیر دو مولفه اصلی اول برای ارزیابی پایداری و سازگاری ژنوتیپ‌ها و محیط‌های مورد مطالعه رسم شدند.

روش GGE بای پلات با استفاده از مقادیر مولفه‌های اول و دوم، یک بای پلات چند ضلعی را تشکیل می‌دهد (شکل ۳). ژنوتیپ‌هایی که دور از مبدا بای پلات قرار می‌گیرند (ژنوتیپ‌های رأس) کم‌ترین یا بیش‌ترین عملکرد را در محیط‌های آزمایش دارند و بیش‌تر به تغییرات محیطی پاسخ می‌دهند و به‌طور خاص به‌عنوان ژنوتیپ‌های سازگار در نظر گرفته می‌شوند. از اتصال نقاط مربوط به این ژنوتیپ‌ها، یک چند ضلعی به‌گونه‌ای تشکیل می‌شود که سایر ژنوتیپ‌ها درون منطقه چند ضلعی قرار گیرند. با در نظر گرفتن برهم کنش هر ژنوتیپ با محیط، بردارهای برهم-کنش از مرکز بای پلات بر اضلاع چند ضلعی به‌صورت عمود رسم می‌شوند و چند ضلعی توسط بردارهای برهم‌کنش به تعدادی بخش (مگا محیط) تقسیم می‌شود (Yan and Kang, 2002). تجزیه GGE بای پلات سبب شناسایی دو مگا محیط شد. به‌طوری‌که محیط بوئین زهرا در دو سال (E1 و E2) در مگا محیط اول و محیط تاکستان در دو سال

زهر (E1 و E2) و ژنوتیپ‌های G7، G12، G15، G19، G23 و G24 با محیط تاکستان (E3 و E4) سازگاری داشتند (شکل ۳). گروه‌بندی محیط‌های مورد مطالعه در مگا محیط‌ها و انتخاب ژنوتیپ‌های سازگار در هر مگا محیط بهترین روش جهت بهره‌برداری از برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط است (Yan & Tinker, 2006). گروه‌بندی محیط‌ها در مگا محیط‌ها و شناسایی ژنوتیپ‌های سازگار با هر مگا محیط در کینوا و گیاهان زراعی دیگر نیز گزارش شده است (Al-Naggar *et al.*, 2022; Mahant *et al.*, 2024).

(E3 و E4) در مگا محیط دوم قرار گرفتند. با توجه به نمودار چند ضلعی، ژنوتیپ‌های G11، G14، G20، G27، G9، G16، G30 و G29 در رئوس چندضلعی قرار گرفتند. از بین این ژنوتیپ‌ها، ژنوتیپ‌های G11 و G20 (به ترتیب با ۵۱۱۷ و ۴۳۹۵ کیلوگرم در هکتار عملکرد دانه) در مگا محیط اول و ژنوتیپ‌های G14 و G27 (به ترتیب با ۵۱۳۷ و ۴۱۴۵ کیلوگرم در هکتار عملکرد دانه) در مگا محیط دوم به‌عنوان ژنوتیپ‌های سازگار و برتر شناسایی شدند. سایر ژنوتیپ‌های قرار گرفته در هر مگا محیط نیز سازگاری بالایی با محیط‌های قرار گرفته در آن داشتند. بنابراین ژنوتیپ‌های G1، G2، G5، G8، G13، G17، G18 و G26 با محیط بوئین



شکل ۳- نمودار چندضلعی GGE بای پلات برای تعیین ژنوتیپ‌های برتر در محیط‌های مختلف.

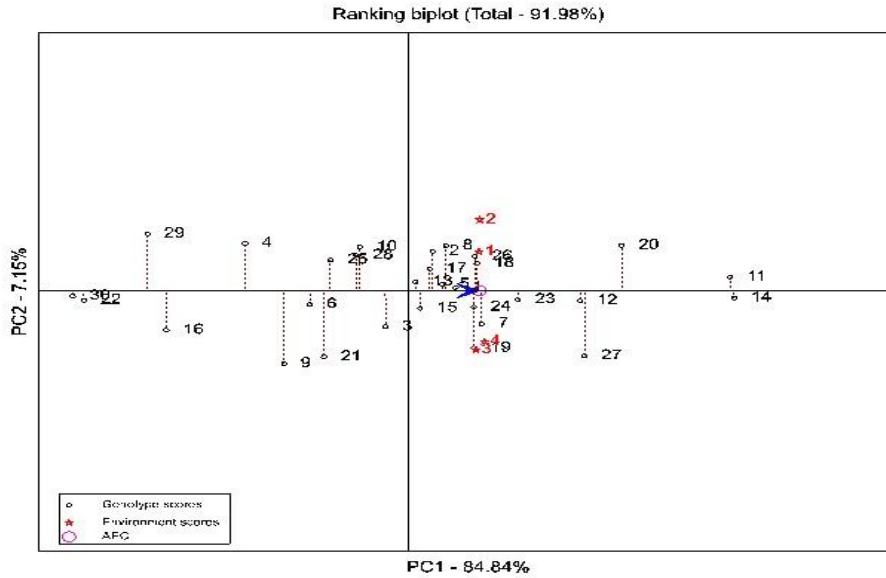
اعداد 1-30 (رنگ مشکی) ژنوتیپ‌های کینوا مورد مطالعه، اعداد 1 و 2 (رنگ قرمز) به ترتیب محیط بوئین زهر در سال ۱۴۰۱ و ۱۴۰۲ و اعداد 3 و 4 (رنگ قرمز) به ترتیب محیط تاکستان در سال ۱۴۰۱ و ۱۴۰۲ را نشان می‌دهند.

ها، ژنوتیپ‌های G5، G11، G12، G13، G14 و G23 میانگین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل داشتند و به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار و پرمحصول در این مطالعه معرفی می‌شوند. همچنین ژنوتیپ‌های G9، G21، G27، G19، G29 و G4 به دلیل بیش‌ترین انحراف از محور میانگین محیط‌ها، ناپایدارترین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بودند (شکل ۴). در نهایت با توجه به قرارگیری ژنوتیپ‌های G11 و G14 در مرکز دواير متحدالمرکز و نزدیکی به ژنوتیپ فرضی ایده‌آل (نقطه آبی در نمودار) به‌عنوان ایده‌آل‌ترین ژنوتیپ‌های این

برای رتبه‌بندی همزمان ژنوتیپ‌ها بر اساس عملکرد و پایداری آن‌ها، از خط عمود بر محور میانگین محیط‌ها (AEC) استفاده شد. به طوری که ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار ژنوتیپ‌هایی هستند که از مبدا محور میانگین محیط‌ها دور باشند و روی محور AEC یا نزدیک به آن قرار گیرند (Yan, 2001). در این مطالعه، رتبه‌بندی بای پلات نشان داد که ژنوتیپ‌های G1، G5، G6، G11، G12، G13، G14، G22، G23 و G30 از جمله ژنوتیپ‌های پایدار از نظر عملکرد دانه بودند (شکل ۴). در حالی که از بین این ژنوتیپ-

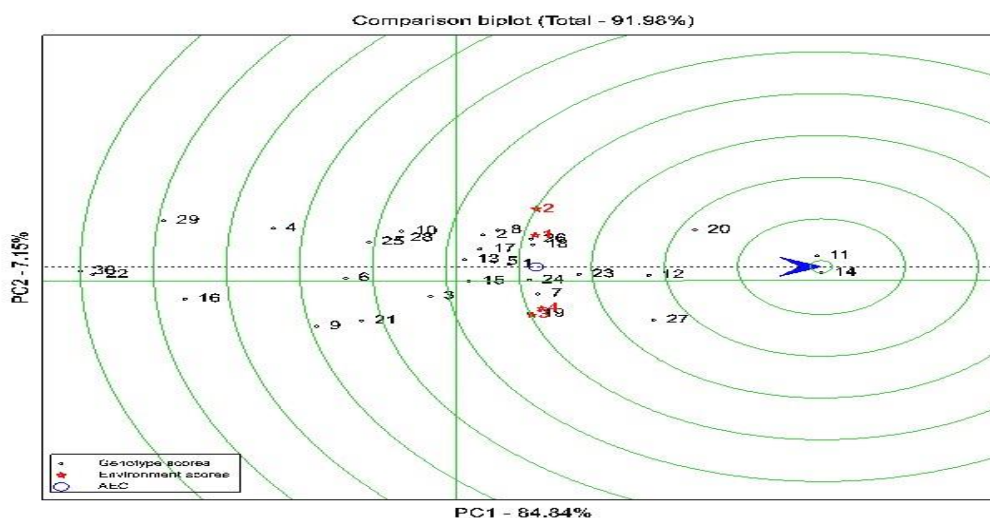
پرمحصول لزوما پایدارترین ژنوتیپها نیستند و همچنین تجزیه GGE بای پلات را ابزار مناسبی برای شناسایی پایدارترین و پرمحصولترین ژنوتیپها معرفی کردند.

مطالعه شناخته شدند (شکل ۵). گزارش‌های قبلی در مورد عملکرد دانه ارقام و ژنوتیپ‌های کینوا (Anchico-) (Jojoa et al., 2023)، برنج (Utami et al., 2023) و ذرت (Maulana et al., 2023) نیز نشان داد که ژنوتیپ‌های



شکل ۴- نمودار رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس میانگین عملکرد محیط‌ها و پایداری آن‌ها

اعداد 1-30 (رنگ مشکی) ژنوتیپ‌های کینوا مورد مطالعه، اعداد 1 و 2 (رنگ قرمز) به ترتیب محیط بوئین زهرا در سال ۱۴۰۱ و ۱۴۰۲ و اعداد 3 و 4 (رنگ قرمز) به ترتیب محیط تاکستان در سال ۱۴۰۱ و ۱۴۰۲ را نشان می‌دهند.



شکل ۵- نمودار GGE جهت مقایسه ژنوتیپ‌های کینوا مورد مطالعه با ژنوتیپ ایده‌آل فرضی

اعداد 1-30 (رنگ مشکی) ژنوتیپ‌های کینوا مورد مطالعه، اعداد 1 و 2 (رنگ قرمز) به ترتیب محیط بوئین زهرا در سال ۱۴۰۱ و ۱۴۰۲ و اعداد 3 و 4 (رنگ قرمز) به ترتیب محیط تاکستان در سال ۱۴۰۱ و ۱۴۰۲ را نشان می‌دهند.

بیانگر تنوع ژنتیکی بالا در ژنوتیپ‌های کینوا مورد مطالعه است که ضروری است جهت توسعه ارقام جدید پرمحصول مورد استفاده قرار گیرند. از بین ۳۰ ژنوتیپ کینوای مورد مطالعه، ژنوتیپ‌های G11، G12، G5، G14، G23 و G13 به‌عنوان ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار معرفی می‌شوند. محیط بوئین زهرا ایده‌آل‌ترین محیط بود، بنابراین از این محیط می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی کینوا جهت دستیابی به ژنوتیپ‌های پرمحصول، پایدار و سازگار با اکولوژی‌های خاص استفاده کرد.

سپاسگزاری

این مقاله مستخرج از بخشی از رساله دکتری نویسنده اول می‌باشد. از پروفسور آندریاس برنر، استاد مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی لیبنیز آلمان، دپارتمان بانک ژن IPK، که ژنوتیپ‌های کینوا مطالعه شده در این تحقیق را فراهم و ارسال کردند، صمیمانه سپاسگزاری و قدردانی می‌شود.

نتیجه‌گیری کلی

این پژوهش با ارزیابی برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط، پایداری عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های کینوا و محیط‌های مورد مطالعه را تعیین کرد. عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها به شدت تحت تأثیر تغییرات محیط، ژنوتیپ و برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط قرار گرفت. مطالعه حاضر نشان داد که مدل‌های AMMI و GGE بای‌پلات نتایج مشابهی در توانایی تمایز محیط‌ها داشتند و ژنوتیپ‌های G11 و G14 به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر بر اساس هر دو روش AMMI و GGE بای‌پلات بودند که ژنوتیپ‌هایی زودرس و پاکوتاه هستند. با این حال، ژنوتیپ‌های پایدار شناسایی شده بر اساس این دو روش تا حدودی متفاوت بود. چنین اختلافی در شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار، را می‌توان به تفاوت پایه آماری روش‌های AMMI و GGE بای‌پلات در محاسبه مقادیر مولفه‌های اصلی نسبت داد. مطالعه حاضر نشان داد که الگوی گروه-بندی ژنوتیپ‌ها ناشی از منشأ جغرافیایی آنها نبود. این امر

منابع

- Akbarpour, O., Dehghani, H., Sorkhi, B., & Gauch Jr, H.G. (2014). Evaluation of genotype× environment interaction in Barley (*Hordeum Vulgare* L.) based on AMMI model using developed SAS program. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 16(4), 909-920.
- Ali, M., Elsadek, A., & Salem, E. (2018). Stability parameters and AMMI analysis of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Egyptian Journal of Agronomy*, 40(1), 59-74.
- Allaoui, A., Jellen, E. N., & Benhabib, O. (2023). Evaluation of *Chenopodium quinoa*× *C. berlandieri* recombinant inbred lines (RILs) for heat tolerance. *Chilean journal of agricultural research*, 83(3), 260-271.
- Al-Naggar, A. M.M., Younis, A.E.S.M., Atta, M. M., El-Moneim M. L. A., & Al-Metwally, M.S. (2022). Stability of *Chenopodium quinoa* Genotypes under different nitrogen fertilizer source and level using AMMI and GGE-biplot models. *Plant Cell Biotechnology and Molecular Biology*, 23(13-14), 1-20
- Anchico, W., Spehar, C.R., & Vilela, M.S. (2020). Adaptability of quinoa genotypes to altitudes and population densities in Colombia. *Bioscience Journal*, 36, 14-21
- Anchico-Jojoa, W., Peixoto, J.R., & de Oliveira Júnior, A. A. (2023). Agronomic characterization and interaction of genotype by environment of quinoa under conditions of Brazil and Colombia. *Horticultura Brasileira*, 41, e2629.
- Angelini, J., Faviere, G.S., Bortolotto, E.B., Arroyo, L., Valentini, G.H., & Cervigni, G.D.L. (2019). Biplot pattern interaction analysis and statistical test for crossover and non-crossover genotype-by-environment interaction in peach. *Scientia horticulturae*, 252, 298-309.
- Ayaşan, T. (2020). Determination of nutritional value of some quinoa varieties. *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences*, 44(4), 950-954.
- Bagheri, M., Anafjeh, Z., Taherian, M., Emami, A., Molaie, A., & Keshavarz, S. (2021). Assessment of adaptability and seed yield stability of selected quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) genotypes in spring cropping systems in cold and temperate regions of Iran. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 22(4), 376-387. (In Persian).
- Bagheri, M., Miri, Kh., Klashkam, S.G., Anafjeh, Z., & Keshavarz, S. (2022). Assessment of adaptability and seed yield stability of autumn sown quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) genotypes using AMMI analysis. *Seed and Plant Journal*, 38(4), 453-472. (In Persian).
- Bartlett, M. S. (1937). Properties of sufficiency and statistical tests. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A-Mathematical and Physical Sciences*, 160(901), 268-282.
- Begna, T. (2020). The role of genotype by environmental interaction in plant breeding. *International Journal of Agriculture and Biosciences*, 9(5), 209-215.
- Bilate Daemo, B., Belew Yohannes, D., Mulualem Beyene, T., & Gebreselassie Abteu, W. (2023). AMMI and GGE biplot analyses for mega environment identification and selection of some high-yielding cassava genotypes for multiple environments. *International Journal of Agronomy*, 1-13. <https://doi.org/10.1155/2023/6759698>.
- Cornelius, P. L., Seyedsadr, M., & Crossa, J. (1992). Using the shifted multiplicative model to search for “separability” in crop cultivar trials. *Theoretical and Applied Genetics*, 84, 161-172.
- Dao, A., Alvar-Beltrã, J., Guira, A., Louis, N.Ã., Gnanda, A., & Sanou, J. (2020). Biplot analysis of test environments of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) in Burkina Faso. *African Journal of Plant Science*, 14(9), 358-371.
- Eberhart, S. T., & Russell, W. (1966). Stability parameters for comparing varieties 1. *Crop science*, 6(1), 36-40.
- Enyew, M., Feyissa, T., Geleta, M., Tesfaye, K., Hammenhag, C., & Carlsson, A. S. (2021). Genotype by environment interaction, correlation, AMMI, GGE biplot and cluster analysis for grain yield and other agronomic traits in sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench). *Plos One*, 16(10), e0258211.
- Etaati, M., Ardakani, M. R., Bagheri, M., Paknejad, F., & Golzardi, F. (2023). Grain Yield Adaptability and Stability of Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) Genotypes Using Different Stability Indices. *Journal of Crop Ecophysiology*, 17, 1-14. (In Persian).
- Finlay, K.W., & Wilkinson, G. N. (1963). The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. *Australian journal of agricultural research*, 14(6), 742-754.
- Gabriel, K.R. (1971). The biplot Graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika*, 58, 453-467.
- Gauch Jr, H. G. (2006). Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop science*, 46(4), 1488-1500.
- Gauch, H. 1992. Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs. Elsevier Science Publishers, 287p.
- Jensen, C. R., Jacobsen, S.E., Andersen, M.N., Nunez, N., Andersen, S.D., Rasmussen, L., & Mogensen, V.O. (2000). Leaf gas exchange and water relation characteristics of field quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) during soil drying. *European journal of Agronomy*, 13(1), 11-25.

- Khare, V., Shukla, R.S., Pandey, S., Singh, S.K., & Singh, C. (2024). Exploring the genotype-environment interaction of bread wheat in ambient and high-temperature planting conditions: a rigorous investigation. *Scientific Reports*, 14(1), 2402.
- Kirankumar, R., Ramesh, S., Chandana, B.R., Basanagouda, G., Gazala, P., Siddu, C.B., & Kalpana, M. P. (2023). AMMI Model and YREM-Based Grain Yield Stability of Horse Gram [*Macrotyloma uniflorum* (Lam.) Verdc.] YMV Disease Resistant Genotypes. *Mysore Journal of Agricultural Sciences*, 57(2), 136-146.
- López, M. L., & Recalde, M. A. (2016). The first quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) macrobotanical remains at Sierras del Norte (Central Argentina) and their implications in pre-Hispanic subsistence practices. *Journal of Archaeological Science: Reports*, 8, 426-433.
- Mahant, R.D., Sahu, H., Mannade, A.K., Premi, V., & Sahu, R.K. (2024). Deciphering the interactions between genetic elements and environmental factors in rice (*Oryza sativa* L.) genotypes: Valuable perspectives unveiled through AMMI modeling and GGE biplots analysis. *International Journal of Advanced Biochemistry Research*, 8(3), 31-38
- Maulana, H., Maxiselly, Y., Yuwariah, Y., & Ruswandi, D. (2023). Heritability and selection using GGE biplots and the Sustainability Index (SI) of maize mutants under different cropping systems in upland. *Sustainability*, 15(8), 6824.
- Muhammad, S., Jadoon, S.A., Mohammad, F., Khalil, H.I., Ahmad, S., & Khan, U.F. (2023). AMMI analysis for grain yield in bread wheat recombinant inbred lines. *Genetika*, 55(1), 125-140.
- Nowosad, K., Bocianowski, J., Kianersi, F., & Pour-Aboughadareh, A. (2023). Analysis of Linkage on Interaction of Main Aspects (Genotype by Environment Interaction, Stability and Genetic Parameters) of 1000 Kernels in Maize (*Zea mays* L.). *Agriculture*, 13(10), 2005.
- Peñuelas, J., Zhao, C., Liu, B., Piao, S., Wang, X., Lobelli, D.B., Huang, Y., Huang, M., Yao, Y., Bassuk, S., Ciais, P., Durand, J-L., Elliott, J., Ewert, F., Janssens, I., Li, T., Lint, E., Liu, Q., Martre, P., & Asseng, S. (2017). Temperature increase reduces global yields of major crops in four independent estimates. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 114(35), 9326-9331.
- Purchase, J. L., Hatting, H., & Van Deventer, C. S. (2000). Genotype× environment interaction of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) in South Africa: II. Stability analysis of yield performance. *South African Journal of Plant and Soil*, 17(3), 101-107.
- Sahmat, S.S., Rafii, M.Y., Oladosu, Y., Jusoh, M., Hakiman, M., & Mohidin, H. (2024). Unravelling the dynamics of genotype and environment interactions on chilli (*Capsicum annuum* L.) yield-related attributes in soilless planting systems. *Scientific Reports*, 14(1), 1698.
- Shukla, G. K. (1972). Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity*, 29, 237-245.
- Silva, J.V., Reidsma, P., Baudron, F., Laborte, A.G., Giller, K.E., & van Ittersum, M. K. (2021). How sustainable is sustainable intensification? Assessing yield gaps at field and farm level across the globe. *Global Food Security*, 30, 100552.
- Taleghani, D., Rajabi, A., Saremirad, A., & Fasahat, P. (2023). Stability analysis and selection of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) genotypes using AMMI, BLUP, GGE biplot and MTSI. *Scientific Reports*, 13(1), 10019.
- Thiam, E., Allaoui, A., & Benhabib, O. (2021). Quinoa productivity and stability evaluation through varietal and environmental interaction. *Plants*, 10(4), 714.
- Trimpler, K., Stockfisch, N., & Märlander, B. (2017). Efficiency in sugar beet cultivation related to field history. *European Journal of Agronomy*, 91, 1-9.
- United Nations World Food Programme (WFP). (2020). COVID-19 Will Double Number of People Facing Food Crises Unless Swift Action Is Taken. Available online: <https://www.wfp.org/news/covid-19-will-double-number-people-facing-food-crises-unless-swift-action-taken>.
- Utami, D.W., Maruapey, A., Maulana, H., Sinaga, P.H., Basith, S., & Karuniawan, A. (2023). The sustainability index and other stability analyses for evaluating superior Fe-tolerant rice (*Oryza sativa* L.). *Sustainability*, 15(16), 12233.
- Yan, W. (2001). GGE biplot—A Windows application for graphical analysis of multi environment trial data and other types of two-way data. *Agronomy journal*, 93(5), 1111-1118.
- Yan, W., & Kang, M.S. (2002). *GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. 1st edn. CRC Press, 288p.
- Yan, W., & Tinker, N.A. (2006). Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian journal of plant science*, 86(3), 623-645.
- Yan, W., Kang, M.S., Ma, B., Woods, S., & Cornelius, P. L. (2007). GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop science*, 47(2), 643-653.
- Zobel, R.W., Wright, M.J., & Gauch Jr, H.G. (1988). Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy journal*, 80(3), 388-393.

Evaluation of grain yield stability of promising quinoa genotypes (*Chenopodium quinoa* Willd.) using graphical methods

Vahid Jokarfard¹, Babak Rabiei^{*2}, Ebrahim Sourilaki³

1. Ph.D. student, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
2. Professor, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
3. Ph.D. graduate, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran

Received: 13-04-2024

Accepted: 03-06-2024

Abstract

Genotype \times environment interaction is the main limiting factor in identifying superior genotypes in plant breeding programs. This research was conducted with the aim of investigating the genotype \times environment interaction and selecting high-yielding and stable quinoa genotypes using AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction) and GGE (Genotype plus Genotype by Environment interaction) biplot methods. A number of 30 different quinoa genotypes prepared from the IPK Institute of Germany with different origins were cultivated as plant materials of this experiment in the form of randomized complete block design in two environments, Buin Zahra and Takestan, during 2022 and 2023 years. The results showed that the variance caused by the effects of genotype, environment and genotype \times environment interaction was significant for grain yield and this trait was more affected by genotypic diversity. The variation of genotype \times environment interaction in the AMMI method was explained by the Two principal components. Using this method, genotypes G14, G11, G12, G23, G1, G5 and G13 were recognized as high-yielding and stable genotypes, and the Takestan environment in the second year was introduced as a stable and high-yielding environment. Also, the first two main components in GGE biplot method explained about 92% of the variation of genotype and genotype \times environment interaction for grain yield. In this method, the studied environments were placed in two mega-environments. All environments had high differentiation ability for grain yield in the studied genotypes. G11 and G14 genotypes were identified as ideal genotypes. Finally, based on both AMMI and GGE bi-plot methods, genotypes G5, G11, G12, G13, G14 and G23 among the quinoa genotypes studied were identified as high-yielding and stable genotypes, and Buin Zahra environment was introduced as an ideal environment

Keywords: Genotype \times environment interaction, adaptability, mega-environment, AMMI, GGE biplot

Citation: Jokarfard, V., Rabiei, B., & Sourilaki, E. (2024). Evaluation of grain yield stability of promising quinoa genotypes (*Chenopodium quinoa* Willd.) using graphical methods. *Plant Production and Genetics*, 5(1), 17-32. <https://doi.org/10.22034/PLANT.2024.141091.1092>

Copyrights:

Copyrights rights for this article is retained by the author (s), with publication rights granted to Plant Production and Genetics. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0>), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.



*Corresponding Author Email: rabiei@guilan.ac.ir