

## بررسی تنوع ژنتیکی و پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های عدس با استفاده از روش‌های ناپارامتری

سمانه اکبری<sup>۱</sup>، امیدعلی اکبرپور<sup>۲\*</sup> و پیام پزشکی‌پور<sup>۳</sup>

- ۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد
- ۲- استادیار، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد
- ۳- استادیار، بخش تحقیقات و علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۱۰/۱۴ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۴/۰۱)

### چکیده

یکی از مباحث مهم در به‌نژادی گیاهان زراعی، مبحث اثر متقابل ژنوتیپ × محیط می‌باشد. روش‌های متعدد آماری برای برآورد اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار و پر محصول معرفی شده است. در این پژوهش ۱۴ ژنوتیپ عدس به‌همراه دو شاهد سپهر و گچساران، طی چهار سال زراعی (۹۹-۱۳۹۵) بررسی شدند. آزمایش‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در ایستگاه تحقیقات کشاورزی سراب چنگایی خرم‌آباد انجام گرفت. برای بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط از تجزیه واریانس مرکب استفاده شد و نتایج حاصل از این تجزیه نشان‌دهنده معنی‌داری اثرات سال، ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × سال (محیط) بود. بر اساس آماره‌های  $S_1^{(1)}$ ،  $S_1^{(2)}$  و  $NP_1^{(1)}$  ژنوتیپ‌های G5 (FLIP2014-032L) و G12 (ILL8006) دارای پایداری بالاتر با عملکرد بیشتر معرفی شدند. بر اساس آماره‌های ناپارامتری مختلف ژنوتیپ‌های G5 (FLIP2014-032L) با میانگین عملکرد دانه ۱۵۷۴/۶۸ کیلوگرم در هکتار و ژنوتیپ G12 (ILL8006) با میانگین عملکرد دانه ۱۳۳۳/۶ کیلوگرم در هکتار به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار معرفی شدند. میزان وراثت‌پذیری بر اساس میانگین پلات برای صفت عملکرد در چهار سال ( $0/18 \pm 0/61$ ) برآورد شد که حاکی از قابلیت انتخاب و بهبود صفت عملکرد دانه برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود. بر اساس نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها در سه خوشه اصلی قرار گرفتند. بیشترین فاصله میان گروه دوم و سوم مشاهده شد. ژنوتیپ‌های خوشه اول از پایداری بالایی برخوردار بودند.

واژگان کلیدی: تنوع ژنتیکی، تجزیه خوشه‌ای، عملکرد، ناپارامتری

\* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: akbarpour.aa@lu.ac.ir

## مقدمه

عدس گیاهی زراعی از خانواده حبوبات، دیپلوئید ( $2n=2x=14$ )، خودگشن و یک‌ساله است که به‌صورت بوته‌ای رشد می‌کند (Azizi et al., 2009). عدس با محتوای پروتئین بالا (۳۱/۷-۲۷/۵ درصد)، منبع غنی برای پروتئین محسوب می‌شود (Zaker Tavallaie et al., 2017). بر اساس آمار اطلاعات سازمان خوار و بار و کشاورزی جهانی (FAO, 2019) سطح زیر کشت محصول عدس در جهان به‌طور میانگین بیش از ۴/۸ میلیون هکتار می‌باشد که حاصل آن تولید متوسط ۵ میلیون تن عدس در جهان می‌باشد. طی دوره مذکور، در کشور ایران سالانه حدود ۱۳۵ هزار هکتار اراضی کشاورزی به کشت عدس اختصاص یافته و به‌طور متوسط ۷ هزار تن در هر سال عدس تولید می‌گردد. در این دوره متوسط عملکرد جهانی و کشوری عدس به‌ترتیب ۱۱۹۴۶ و ۵۲۳۴ کیلوگرم در هکتار بوده که نشان می‌دهد عملکرد عدس در کشور کمتر از نصف عملکرد جهانی است (FAO, 2019). عوامل مختلفی در پایین بودن عملکرد گیاه عدس مؤثر است که پتانسیل پایین عملکرد ارقام محلی یکی از عوامل مهم است (Sabaghpour et al., 2004). به‌طور کلی ژنوتیپی که بتواند در شرایط محیطی مختلف عملکرد بالا و پایدار از خود بروز دهد ژنوتیپی پایدار و سازگار است. آگاهی از اثر متقابل ژنوتیپ × محیط نیز در برآورد سازگاری خصوصی و عمومی نقش مهمی ایفا می‌کند (Elias et al., 2016). با توجه به این موضوع که تهیه ارقام اصلاح‌شده و سازگار با عملکرد بالا برای هر محیط از نظر اقتصادی متضمن هزینه سنگین و صرف وقت زیاد است، باید در گزینش ارقام پایدار و سازگار دقت لازم به‌عمل آید و ارقام مطلوب‌تر انتخاب شوند (Akcura et al., 2006). انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با عملکرد بالا برای تولیدکنندگان عدس نیز یک چالش مهم محسوب می‌شود (Sabaghpour et al., 2004)؛ بنابراین ارقامی که کمترین واکنش را به شرایط مختلف محیطی نشان دهند، در واقع اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط کوچک‌تری دارند، لذا پتانسیل انتخاب توسط به‌نژادگر را دارند (Pawar and Singh, 2010).

برای پی بردن به ماهیت اثر متقابل ژنوتیپ × محیط از روش‌های تجزیه پایداری مختلف استفاده می‌گردد. با توجه به نتایج روش‌های تجزیه پایداری، می‌توان ارقام پایدار و سازگار را شناسایی کرد. روش‌های مختلفی در این جهت معرفی شده‌اند که شامل روش‌های تک‌متغیره پارامتری ناپارامتری و چندمتغیره می‌باشند (Mohammadi et al., 2012).

روش‌های ناپارامتری متعددی برای تعیین ژنوتیپ پایدار پیشنهاد شده است که اغلب بر مبنای رتبه عملکرد ارقام استوار می‌باشند، بر اساس این روش‌ها ژنوتیپ‌هایی پایدار هستند که رتبه آن‌ها در محیط‌های مختلف دارای کمترین تغییرات یا بدون تغییر باشند (Huehn and Leon, 1995; Kang, 1998; Thennarasu, 1995).

از جمله مزایای روش‌های ناپارامتری نسبت به روش‌های پارامتری می‌توان به موارد متعددی اشاره نمود. روش‌های ناپارامتری نیاز به فرض نرمال بودن و مستقل بودن داده‌ها یا یکنواختی واریانس خطاها ندارند و این روش‌ها حساسیت کمتری نسبت به داده‌های پرت یا خطا در مقایسه با روش‌های پارامتری دارند. حذف یا اضافه نمودن ژنوتیپ‌ها بر شاخص پایداری اثری نمی‌گذارد و تجزیه، تحلیل و تفسیر روش‌های ناپارامتری ساده‌تر از روش‌های پارامتری است (Kaya and Taner, 2003). برای آزمون معنی‌داری اثرات ساده و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط از روش‌های ناپارامتری آزمون‌های بردنکمپ، هایلدبرند، دیکرون و اندرلان و کوبینگر استفاده می‌شود (Bredenkamp, 1979; Hildebrand, 1980; De kroon and Van der lann, 1981; Kubinger, 1986).

مرتضویان و عزیزینیا (Mortazavian and Azizinia, 2014) از آزمون‌های بردنکمپ، هایلدبرند، دیکرون و اندرلان و کوبینگر برای بررسی معنی‌داری اثرات اصلی و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط ژنوتیپ‌های کلزا استفاده کردند. همچنین علیزاده و همکاران (Alizadeh et al., 2020) معنی‌داری اثرات اصلی و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط را با استفاده از آزمون‌های بردنکمپ، هایلدبرند، دیکرون و اندرلان و کوبینگر در ژنوتیپ‌های کلزای مناطق سردسیر مورد بررسی

## مواد و روش‌ها

در این پژوهش پایدار عملکرد دانه ۱۴ ژنوتیپ عدس به همراه دو ژنوتیپ شاهد گچساران و سپهر، ارزیابی شد. این ژنوتیپ‌ها همگی سرمدوست و متعلق به مناطق معتدل بودند نام و شجره ژنوتیپ‌ها در جدول ۱ ذکر گردیده است. پژوهش حاضر در سال‌های زراعی (۹۹-۱۳۹۵) در ایستگاه تحقیقاتی سراب چنگایی مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان به اجرا درآمد. ایستگاه مذکور در موقعیت جغرافیایی به طول ۴۷ درجه جغرافیایی و ۴۰ دقیقه شرقی و عرض ۳۳ درجه و ۳۶ دقیقه شمالی با ارتفاع ۱۲۰۰ متر از سطح دریا واقع شده است. برخی مشخصات اقلیمی ایستگاه نام‌برده در (جدول ۲) آمده است. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار به اجرا درآمد. هر واحد آزمایشی شامل چهار خط ۴ متری به فواصل ۲۵ سانتی‌متر و فاصله بذور روی خط ۲ سانتی‌متر و با تراکم ۲۰۰ دانه در مترمربع بود. کاشت بذر به صورت دستی در نیمه اول آبان‌ماه در عمق ۲ تا ۴ سانتی‌متری خاک در هر سال انجام گرفت. مقدار کود مورد نیاز بر اساس آزمون خاک و به میزان ۵۰ کیلوگرم فسفات‌آمونیم و ۳۰ کیلوگرم در هکتار کود اوره قبل از کاشت مصرف گردید. همچنین برای کنترل علف‌های هرز در طول دوره رشد، وجین دستی در دو مرحله صورت گرفت. عملیات زراعی که شامل خاک‌ورزی اولیه، انجام دیسک و تسطیح در هر سال، بود انجام شد. عملیات برداشت بعد از رسیدگی فیزیولوژیکی در خردادماه صورت گرفت و محصول برداشت‌شده چند روز در معرض آفتاب قرار گرفت و در هوای آزاد کاملاً خشک شد. بعد از جدا کردن کاه و کلش از دانه، عملکرد دانه بر اساس کیلوگرم در هکتار محاسبه گردید.

**تجزیه و تحلیل آماری:** در ابتدا نرمال بودن باقی‌مانده داده‌ها از طریق آزمون اندرسون و دارلینگ با استفاده از نرم‌افزار Minitab بررسی شد. پس از آزمون نرمال بودن باقی‌مانده داده‌ها، تجزیه واریانس ساده و ضریب تغییرات برای کلیه داده‌های سال‌های آزمایشی محاسبه شد. سپس آزمون بارتلت برای بررسی همگنی واریانس‌ها انجام پذیرفت. بعد از اینکه اطمینان حاصل شد که واریانس‌ها همگن هستند تجزیه واریانس مرکب محاسبه شد و به بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط پرداخته شد.

قرار دادند. روش‌های ناپارامتری مختلفی برای تجزیه پایداری و انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار استفاده می‌شود از جمله این روش‌ها می‌توان به موارد زیر اشاره نمود:

از آماره‌های معتبر هان و نصار (Nassar et al., 1987; Huehn, 1979)  $(S_1^{(1)}, S_1^{(2)}, S_1^{(3)}, S_1^{(6)})$  برای برآورد اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و پایداری فنوتیپی استفاده می‌شود. آماره‌های تناراسو (Thennarasu, 1995)  $(NP_1^{(1)}, NP_1^{(2)}, NP_1^{(3)})$  و  $(NP_1^{(4)})$  بر مبنای رتبه‌های تصحیح شده پیشنهاد شده‌اند، آماره مجموع رتبه کانگ (Kang, 1988) RS از مجموع رتبه میانگین عملکرد و واریانس پایداری شوکلا در جهت گزینش ژنوتیپ‌های برتر استفاده می‌کند و آماره‌های پایداری فوکس (Fox et al., 1990) (LOW و MID, TOP) بر اساس درصد قرارگیری ژنوتیپ‌ها در سه بخش، ژنوتیپ پایدار را معرفی می‌کنند.

محمدی و همکاران (Mohammadi et al., 2007) با بررسی پایداری عملکرد دانه ۲۰ ژنوتیپ عدس در ۱۸ محیط مختلف با استفاده از روش‌های ناپارامتری، ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا را شناسایی کردند. محتشم و همکاران (Mohtasham et al., 2017) در پژوهش خود از روش‌های ناپارامتری برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار در گندم نان استفاده کردند. صباغ‌نیا و همکاران (Sabaghnia et al., 2006) با مطالعه روی پایداری عملکرد ژنوتیپ‌های عدس در مناطق معتدل و نیمه‌گرمسیری ایران با استفاده از روش‌های ناپارامتری، پایدارترین ژنوتیپ‌ها را معرفی کردند. کریمی‌زاده و محمدی (Karimizadeh and Mohammadi, 2011) با مطالعه روی پایداری عملکرد دانه ۱۰ ژنوتیپ عدس در ۵ منطقه از ایران با استفاده از روش‌های ناپارامتری ژنوتیپ‌هایی را به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها شناسایی کردند. هدف از انجام این پژوهش بررسی کارایی روش‌های مختلف تجزیه پایداری ناپارامتری عملکرد دانه عدس و انتخاب بهترین روش و در نهایت شناسایی و معرفی ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا در طی چهار سال ارزیابی می‌باشد.

جدول ۱- شماره و شجره ژنوتیپ‌های عدس مورد مطالعه در آزمایش

Table 1. The number and pedigree of lentil genotypes measured in trial

شماره ژنوتیپ Genotype No.	نام/شجره Name / Pedigree
G1	FLIP2012-2L(ILL10977)-ILL7985/ILL6037
G2	PRECOZ(ILL4605)-ILL 5888 / ILL 5782
G3	FLIP2011-43L(ILL10947)-ILL 7537 X ILL 590
G4	FLIP2014-021L(ILL11431)-ILL9977 x ILL 1005
G5	FLIP2014-032L(ILL11442)-ILL5883 x ILL6458
G6	FLIP2014-031L(ILL11441)-ILL5883 x ILL6458
G7	FLIP2014-029L(ILL11439)-ILL6037 x ILL7012
G8	FLIP2012-77L(ILL11052)-ILL6129XILL7980
G9	FLIP2012-240L(ILL11215)-ILL7711XILL8176
G10	FLIP2012-244L(ILL11219)-ILL7711XILL5480
G11	FLIP2014-103L(ILL11513)-ILL9892 x ILL7978 ICARDA 3 111 139 45 4.0 732 98 C
G12	ILL8006
G13	FLIP2010-95L(ILL10825)-ILL 7620 X 91517
G14	FLIP 86-16L(ILL6002)-ILL 4349 x ILL 4605
G15	Gachsaran
G16	Sepehr

جدول ۲- وضعیت اقلیمی ایستگاه سراب چنگایی خرم‌آباد طی سال‌های زراعی ۹۹-۱۳۹۵

Table 2. Climate condition of Sarab Changaie Khoramabbad Research Station during 2016-2020

سال Year	فصل Season	متوسط دما (سانتی‌گراد) Average temperature (C)	حداکثر دما (سانتی‌گراد) Maximum temperature (C)	حداقل دما (سانتی‌گراد) Minimum temperature (C)	بارندگی (میلی‌متر) Precipitation (mm)	رطوبت نسبی Relative humidity
۱۳۹۵-۱۳۹۶ 2016-2017	پاییز Autumn	14.10	26.60	1.10	24.93	39.00
	زمستان Winter	6.83	18.56	-6.33	75.96	60.00
۱۳۹۶-۱۳۹۷ 2017-2018	بهار Spring	19.56	34.53	5.06	37.86	44.16
	پاییز Autumn	37.33	14.53	28.36	0.90	13.13
۱۳۹۷-۱۳۹۸ 2018-2019	زمستان Winter	56.66	9.20	22.86	-2.50	60.50
	بهار Spring	55.00	19.00	32.43	6.90	89.16
۱۳۹۷-۱۳۹۸ 2018-2019	پاییز Autumn	56.66	14.86	27.66	3.66	99.63
	زمستان Winter	67.66	6.66	18.33	-3.46	113.03
۱۳۹۸-۱۳۹۹ 2019-2020	بهار Spring	52.33	18.83	32.63	4.10	137.33
	پاییز Autumn	14.53	21.90	15.90	59.40	52.50
۱۳۹۸-۱۳۹۹ 2019-2020	زمستان Winter	7.80	14.10	0.31	97.86	61.00
	بهار Spring	19.20	27.83	10.66	17.26	45.66

که  $G_H$ ،  $E_H$  و  $GE_H$  به صورت تقریبی دارای توزیع  $\chi^2$  با درجه آزادی  $(l-1)$ ،  $(m-1)$  و  $(m-1) \times (l-1)$  می‌باشند.

روش کوبینگر: در این روش داده‌های اصلی  $X_{ijk}$  با رتبه یک به  $R_{ijk}$  تبدیل می‌شوند و سپس داده‌های تعدیل شده دوباره رتبه‌بندی می‌شوند:

$$R'_{ijk} = (R_{ijk} - R_{ij.} - R_{i.}) \quad (\text{رابطه ۱۰})$$

$$R'_{ijk} = (R_{ijk} - R_{ij.} - R_{.j.}) \quad (\text{رابطه ۱۱})$$

$$R'_{ijk} = (R_{ijk} - R_{i.} - R_{.j.}) \quad (\text{رابطه ۱۲})$$

از روابط زیر برای محاسبه اثر ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط برای داده‌های  $R'_{ijk}$  زیر استفاده می‌شود:

$$G_K = \frac{12I}{S^2(S+1)} \sum_{i=1}^l (R_{i..} - R_{...})^2 \quad (\text{رابطه ۱۳})$$

$$E_K = \frac{12I}{S^2(S+1)} \sum_{i=1}^l (R_{.j.} - R_{...})^2 \quad (\text{رابطه ۱۴})$$

$$EG_K = \frac{12I}{S^2(S+1)} \sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^m (R_{ij.} - R_{i.} - R_{.j.} + R_{...})^2 \quad (\text{رابطه ۱۵})$$

که  $G_K$ ،  $E_K$  و  $GE_K$  به صورت تقریبی دارای توزیع  $\chi^2$  با درجه آزادی  $(l-1)$ ،  $(m-1)$  و  $(m-1) \times (l-1)$  می‌باشند. روش دیکرون و اندرلان: در این روش داده‌های اصلی  $X_{ijk}$  برای هر محیط رتبه‌بندی می‌شوند و اثر ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط از روابط زیر استفاده می‌شود:

$$-3(ln+I)G_V = \frac{12}{lmn^2(mn+1)} \sum_{i=1}^l R_{i..}^2 \quad (\text{رابطه ۱۶})$$

$$-3(ln+I)E_V = \frac{12}{lmn^2(mn+1)} \sum_{j=1}^m R_{.j.}^2 \quad (\text{رابطه ۱۷})$$

$$EG_V = \frac{12}{lmn^2(mn+1)} \left( \sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^m R_{ij.}^2 - \frac{1}{m} \sum_{i=1}^l R_{i..}^2 \right) \quad (\text{رابطه ۱۸})$$

آماره‌های ناپارامتری: از روش‌های ناپارامتری مختلفی جهت برآورد پایداری ژنوتیپ‌های مورد مطالعه استفاده شد. روش‌های ناپارامتری سبب کاهش انحراف از داده‌های پرت گردیده و به پیش‌فرض‌های موجود در توزیع داده‌ها نیازی ندارند. آماره‌های پایداری ناپارامتری نصار و هان (Nessar and Huehn, 1988)  $(S_i^{(2)}, S_i^{(1)})$  و  $(S_i^{(6)}, S_i^{(3)})$  بر اساس رتبه عملکرد در هر محیط از روش‌های زیر محاسبه شدند:

از روش‌های ناپارامتری برای آزمون معنی‌داری اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط استفاده شد. روش‌های ناپارامتری برای آزمون اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط شامل روش‌های مبتنی بر آزمون اثرات متقابل ضربی با آزمون دیکرون و اندرلان و روش‌های مبتنی بر آزمون اثرات متقابل غیرضربی با آزمون‌های کوبینگر هیلدبرند و بردنکمپ می‌باشد (Bredenkamp, 1979; Hildebrand, 1980; De kroon and Van der lann, 1981; Kubinger, 1986).

روش بردنکمپ: همه  $X_{ijk}$ ها بر اساس  $R_{ijk}$  رتبه به یک تبدیل می‌شوند. اثر ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط با استفاده از روش بردنکمپ از روابط زیر محاسبه می‌گردد:

$$G_B = \frac{12I}{S^2(S+1)} \sum_{i=1}^l R_i^2 - 3(S+I) \quad (\text{رابطه ۱})$$

$$E_B = \frac{12m}{S^2(S+1)} \sum_{j=1}^m R_j^2 - 3(S+I) \quad (\text{رابطه ۲})$$

$$EG_B = \frac{12I}{S^2(S+1)} \sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^m (R_{ij.}^2 - \frac{1}{m^2} R_i^2 - \frac{1}{l^2} R_j^2) + 3(S+I) \quad (\text{رابطه ۳})$$

که  $S$  برابر است با  $l \times m \times n$  و  $G_B$ ،  $E_B$  و  $EG_B$  به صورت تقریبی از توزیع  $\chi^2$  با درجه آزادی  $(l-1)$ ،  $(m-1)$  و  $(m-1) \times (l-1)$  تبعیت می‌نمایند.

روش هیلدبرند: در روش هیلدبرند داده‌های اصلی با استفاده از روابط زیر تصحیح می‌شوند:

$$X_{ijk}^* = (X_{ijk} - X_{ij.} - X_{i.}) \quad (\text{رابطه ۴})$$

$$X_{ijk}^* = (X_{ijk} - X_{ij.} - X_{.j.}) \quad (\text{رابطه ۵})$$

$$X_{ijk}^* = (X_{ijk} - X_{i.} - X_{.j.} + 2X_{...}) \quad (\text{رابطه ۶})$$

داده‌های تصحیح شده  $X_{ijk}^*$  بر اساس رتبه یک به  $R_{ijk}$  تبدیل شدند و سپس  $G_H$ ،  $E_H$  و  $GE_H$  با استفاده از روابط زیر محاسبه شدند:

$$G_H = \frac{12I}{S^2(S+1)} \sum_{i=1}^l (R_{i..} - R_{...})^2 \quad (\text{رابطه ۷})$$

$$E_H = \frac{12I}{S^2(S+1)} \sum_{i=1}^l (R_{.j.} - R_{...})^2 \quad (\text{رابطه ۸})$$

$$EG_H = \frac{12I}{S^2(S+1)} \sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^m (R_{ij.} - R_{i.} - R_{.j.} + R_{...})^2 \quad (\text{رابطه ۹})$$

عملکرد در ۳ گروه بالا، متوسط و پایین قرار می‌دهد. ژنوتیپ‌های که بیشترین مقدار پارامتر TOP را داشتند به‌عنوان پایدارترین و مطلوب‌ترین ژنوتیپ‌ها گزینش شدند (Fox *et al.*, 1990). در این پژوهش از آماره پایداری کانگ  $Ys_i$  نیز استفاده شد. برای محاسبه شاخص پایداری کانگ ابتدا به ژنوتیپ با بیشترین عملکرد رتبه یک داده شد و با محاسبه واریانس پایداری شوکلا به ژنوتیپی که کمترین واریانس پایداری شوکلا را داشت، رتبه یک داده شد و رتبه ژنوتیپ‌های دیگر نیز مشخص شد این دو رتبه با هم جمع شد و رتبه حاصل به‌عنوان شاخص مجموع رتبه به‌کار رفت (Kang, 1988). با استفاده از نرم‌افزار R، نمودار ضرایب همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن برای سنجش میزان همبستگی مشاهدات رتبه‌بندی شده ترسیم شد. بر اساس ضریب همبستگی اسپیرمن ابتدا مشاهدات و داده‌های آماری مرتب و رتبه‌بندی می‌شوند و تفاوت بین رتبه‌های هر جفت از مشاهدات محاسبه و با  $d_i$  نشان داده می‌شود شاخص  $r_s$  با استفاده از رابطه زیر محاسبه می‌شود:

$$r_s = 1 - \frac{6 \sum d_i^2}{(n-1)n(n+1)} \quad (\text{رابطه ۲۷})$$

$r_s$  عبارت است از ضریب همبستگی رتبه اسپیرمن و  $n$  برابر با تعداد جفت مشاهدات می‌باشد.  $r_s$  طبق فرمول زیر به  $t$  تبدیل شده و با  $t$  جدول با درجه آزادی  $n-2$  مقایسه می‌شود. اگر  $t$  محاسبه شده بزرگ‌تر یا مساوی  $t$  جدول باشد فرض صفر رد می‌شود.

$$t = \frac{r_s}{\sqrt{1-r_s^2}} \sqrt{n-2} \quad (\text{رابطه ۲۸})$$

به‌منظور شناخت بهتر روابط بین آماره‌های مختلف، از روش تجزیه به مؤلفه اصلی و بای‌پلات‌های آماره‌های ناپارامتری استفاده شد. همچنین میزان وراثت‌پذیری عمومی مرکب ژنوتیپ‌های مورد مطالعه با روش حداکثر درست‌نمایی محدودشده در چهار سال برآورد گردید (Holland *et al.*, 2003). از تجزیه خوشه‌ای برای بررسی تنوع ژنتیکی و فاصله ژنوتیپ‌ها استفاده شد. از نرم‌افزارهای Minitab، SAS، R و Excel جهت انجام تجزیه‌ها و رسم نمودارها استفاده شد.

$$S_i^{(1)} = 2 \sum_j \sum_{j'=j+1}^m |r_{ij} - r_{ij'}| / [m(m-1)] \quad (\text{رابطه ۱۹})$$

$$S_i^{(2)} = \sum_{j=1}^m (r_{ij} - \bar{r}_i)^2 / (m-1) \quad (\text{رابطه ۲۰})$$

$$S_i^{(3)} = \sum_{j=1}^m (r_{ij} - \bar{r}_i)^2 / \bar{r}_i \quad (\text{رابطه ۲۱})$$

$$S_i^{(6)} = \sum_{j=1}^m |r_{ij} - \bar{r}_i| / \bar{r}_i \quad (\text{رابطه ۲۲})$$

در معادله‌های بالا  $r_{ij}$  رتبه ژنوتیپ  $i$ ام در محیط  $j$ ام است و  $\bar{r}_i$  میانگین رتبه‌های ژنوتیپ  $i$ ام در تمام محیط‌ها،  $e$  نیز تعداد محیط‌های مورد بررسی می‌باشد.  $S_i^{(1)}$  میانگین اختلاف رتبه‌ها را در تمام محیط‌ها اندازه می‌گیرد و  $S_i^{(2)}$  واریانس عمومی رتبه‌ها است. سپس برای محاسبه آماره‌های تناسو ابتدا به‌منظور حذف اثر ژنوتیپی عملکرد از پایداری عملکرد ژنوتیپ‌ها به کمک این رابطه  $(x_{ij}^* = x_{ij} - \bar{x}_i)$  تصحیح شد و بر اساس عملکرد تصحیح شده  $x_{ij}^*$  رتبه ژنوتیپ تعیین شد (Thennarasu, 1995). سپس این چهار آماره  $NP_i^{(1)}$ ،  $NP_i^{(2)}$ ،  $NP_i^{(3)}$  و  $NP_i^{(4)}$  از طریق معادله‌های زیر محاسبه شدند:

$$NP_i^{(1)} = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m |r_{ij}^* - M_{di}^*| \quad (\text{رابطه ۲۳})$$

$$NP_i^{(2)} = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m |r_{ij}^* - M_{di}^*| / M_{di} \quad (\text{رابطه ۲۴})$$

$$NP_i^{(3)} = \frac{\sqrt{\sum (r_{ij}^* - \bar{r}_i)^2 / m}}{\bar{r}_i} \quad (\text{رابطه ۲۵})$$

$$NP_i^{(4)} = \frac{2}{m(m-1)} \left[ \sum_{j=1}^{m-1} \sum_{j'=j+1}^m |r_{ij}^* - r_{ij'}^*| / \bar{r}_i \right] \quad (\text{رابطه ۲۶})$$

$M_{di}^*$  و  $\bar{r}_i$  در معادله‌های بالا به‌ترتیب میانگین و میان رتبه‌ها برای ارزش‌های تصحیح شده و  $\bar{r}_i$  میانگین و میان  $M_{di}$  رتبه‌های داده‌های تصحیح‌نشده می‌باشند. ژنوتیپ‌هایی که میانگین و انحراف معیار کمتری داشتند، دارای رتبه کمتری بودند و به‌عنوان ژنوتیپ‌های پرتانسیل محسوب شدند.

از شاخص ناپارامتری فوکس و همکاران که دارای ۳ پارامتر (LOW، MID و TOP) می‌باشند نیز استفاده شد. این شاخص ژنوتیپ‌ها را بر اساس پایداری و میزان

## نتایج و بحث

ابتدا آزمون نرمال بودن داده‌ها انجام گرفت. سپس تجزیه واریانس ساده برای چهار سال محاسبه گردید. همگنی واریانس خطای آزمایش‌ها از طریق آزمون بارتلت بررسی شد و نتیجه حاصل از آزمون بارتلت ( $F = 1/5870$ ) با  $F_{(3)}$  درجه آزادی ۳ با  $F_{(7/82)}$  با  $F_{(3)}$  درجه آزادی ۳ مقایسه شد با توجه به اینکه  $F$  محاسبه شده کمتر از  $F_{(3)}$  جدول بود این اطمینان حاصل شد که واریانس‌ها خطاهای آزمایش‌ها همگن می‌باشند و تجزیه واریانس مرکب انجام شد.

بر اساس نتایج تجزیه مرکب اثر سال، ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط در سطح احتمال آماری یک درصد معنی‌دار شد (جدول ۳). معنی‌داری اثر ژنوتیپ بیانگر تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها بوده و معنی‌داری اثر سال بدین معنی است که واکنش ژنوتیپ‌ها به شرایط آب‌وهوایی طی چهار سال آزمایش متفاوت بوده است. از معنی‌دار شدن اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط می‌توان این استنباط را نمود که عملکرد ارقام در محیط‌های مختلف یکسان نیست و دارای نوسان می‌باشد.

نتایج به‌دست آمده از آزمون‌های ناپارامتری بردنکمپ، هیلدبراند، دیکرون-واندرلان و کوپینگر نیز در جدول ۴ نشان داده شدند. بر اساس این روش‌ها اثرات اصلی ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط معنی‌دار شدند و این نشان‌دهنده وجود اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط غیرضربی بر اساس آزمون‌های بردنکمپ و هیلدبراند و وجود اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط به‌صورت ضربی (غیرافزایشی) بر اساس آزمون‌های دیکرون-واندرلان و کوپینگر می‌باشد. از معنی‌دار شدن اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط می‌توان این استنباط را نمود که عملکرد ارقام در محیط‌های مختلف یکسان نیست و دارای نوسان می‌باشد. جمشیدی مقدم و پورداد معنی‌داری اثر ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط را با دو روش هیلدبراند و دیکرون-واندرلان در ژنوتیپ‌های گلرنگ گزارش دادند (Jamshidimoghaddam and Pordad, 2013). همچنین

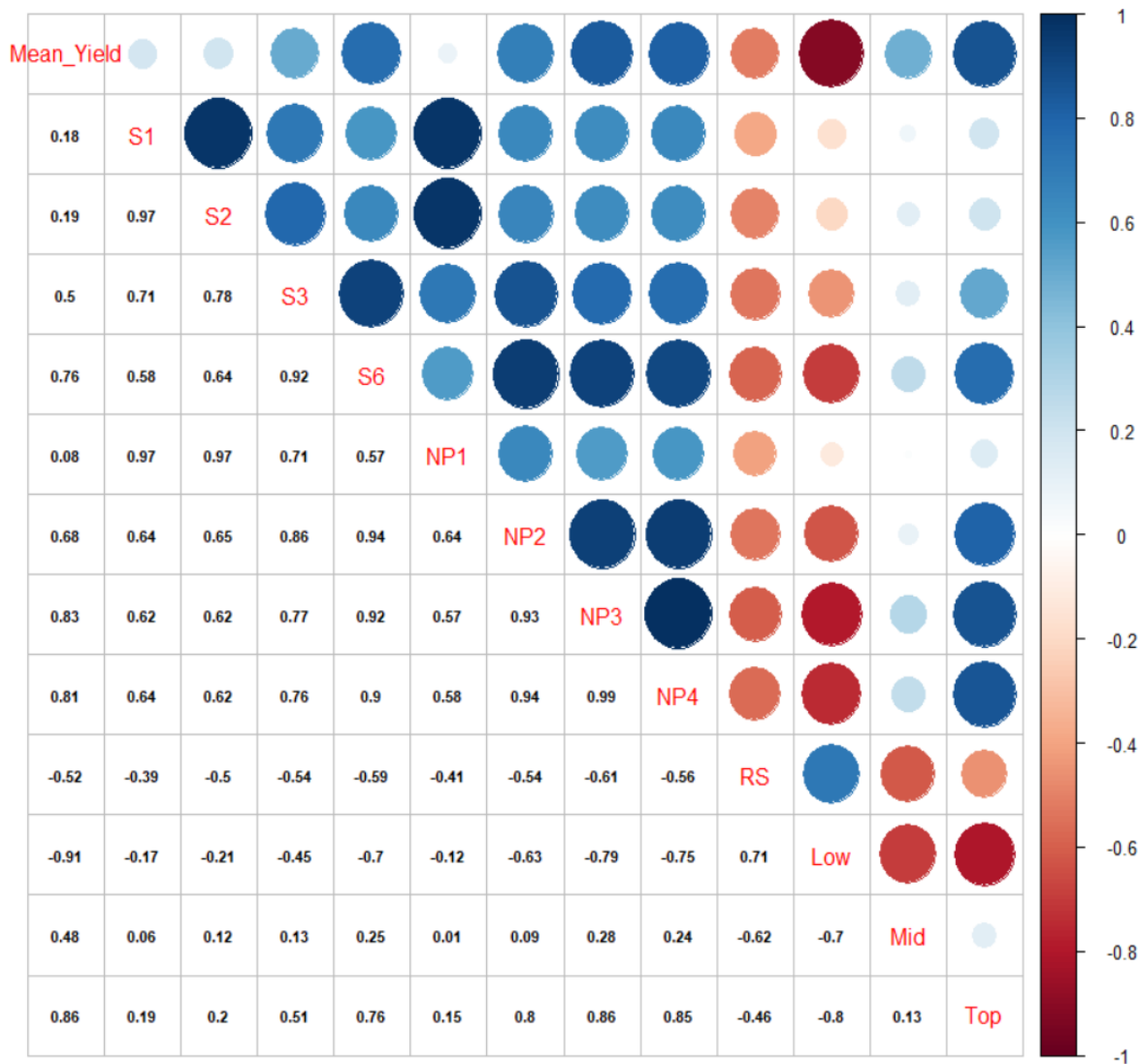
اکبرپور و همکاران (Akbarpour *et al.*, 2016) با استفاده از آزمون‌های ناپارامتری بردنکمپ، هیلدبراند، دیکرون-واندرلان و کوپینگر اثرات اصلی ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط معنی‌داری برای داده‌های چند سال و مکان جو گزارش کردند. محققان دیگری از جمله محمدی و همکاران در گندم دوروم، عبادی سقرلو و همکاران در نخود و عبداللهی و همکاران در گلرنگ، از این آزمون‌های ناپارامتری در پژوهش‌های خود استفاده کردند (Mohammadi *et al.*, 2007; Ebadi Segherloo *et al.*, 2008; Abdulahi *et al.*, 2007).

نتایج معنی‌دار آزمون‌های بردنکمپ، هیلدبراند، دیکرون-واندرلان و کوپینگر تأییدی بر استفاده از روش‌های پایداری ناپارامتری برای انتخاب یک ژنوتیپ و یا ژنوتیپ‌های مناسب است.

به جهت مقایسه کارایی روش‌های ناپارامتری مختلف در گزینش ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا و انتخاب مناسب‌ترین روش‌ها از آماره‌های ناپارامتری مختلفی استفاده شد و نتایج حاصل از این روش‌ها برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در جداول ۵ و ۶ ذکر شده است. بر اساس رتبه داده‌های تصحیح شده برای تمامی ژنوتیپ‌ها مقادیر  $Z_i^{(1)}$  و  $Z_i^{(2)}$  محاسبه شدند و روی تمام ژنوتیپ‌ها برای آزمون  $\chi^2$  جمع زده شدند و با  $\chi^2$  جدول ( $\chi^2 = 11.70$ ) جدول مقایسه گردید. مقادیر انفرادی  $Z_i^{(1)}$  و  $Z_i^{(2)}$  برای هیچ‌کدام از ژنوتیپ‌ها معنی‌دار نشد. مجموع مقادیر  $Z_i^{(1)}$  ( $\sum = 25.96$ ) و  $Z_i^{(2)}$  ( $\sum = 21.63$ ) کمتر از مقدار بحرانی ( $\chi^2 = 31.99$ ) با درجه آزادی ۱۵ بودند و این به معنی عدم تفاوت معنی‌دار بین ژنوتیپ‌های عدس می‌باشد. همچنین در پژوهشی که توسط محمدی بر روی ۱۵ ژنوتیپ گندم دوروم انجام گرفت مقادیر  $Z_i^{(1)}$  ( $\sum = 18.8$ ) و  $Z_i^{(2)}$  ( $\sum = 15.8$ ) کمتر از کای اسکوتر جدول ( $\chi^2 = 23.68$ ) بود، فرض صفر مورد قبول واقع شد یعنی ژنوتیپ‌ها از نظر پایداری با هم برابر بودند (Mohammadi, 2007).

ژنوتیپ‌های G5 و G12 از میانگین عملکرد بالایی برخوردار بودند و به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا معرفی شدند. ژنوتیپ‌های G1, G10, G3 و G11 ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند هرچند که ژنوتیپ‌های G10 و G11 میانگین عملکرد بالایی داشتند. بین این دو آماره همبستگی مثبت و بالایی وجود داشت (شکل ۱).

بر اساس آماره‌های پایداری ناپارامتری هان و لئون ژنوتیپ‌های با کمترین مقدار به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار در نظر گرفته می‌شوند. بر اساس آماره‌های  $S_1^{(1)}$  و  $S_1^{(2)}$  ژنوتیپ‌های G15, G12, G6 و G5 به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها معرفی شدند. ژنوتیپ‌های G15 و G6 میانگین عملکرد پایینی داشتند و از این لیست حذف شدند.



شکل ۱- ضرایب همبستگی رتبه‌ای بین میانگین عملکرد دانه و آماره‌های پایداری ناپارامتری

Figure 1. Spearman rank correlation coefficients among mean yield and non-parametric statistics  
 (S<sub>1</sub><sup>(1)</sup>, S<sub>1</sub><sup>(2)</sup>, S<sub>1</sub><sup>(3)</sup> and S<sub>1</sub><sup>(6)</sup>): آماره‌های هان، نصار و هان؛ (NP<sub>1</sub><sup>(1)</sup>, NP<sub>1</sub><sup>(2)</sup>, NP<sub>1</sub><sup>(3)</sup> and NP<sub>1</sub><sup>(4)</sup>): آماره‌های تنارازو؛ (TOP, MID, LOW): آماره‌های فوکس؛ RS: مجموع رتبه کانگ؛ هرچه رنگ قرمز پر رنگ‌تر همبستگی کمتر و منفی است. هرچه رنگ آبی پر رنگ‌تر همبستگی بیشتر و مثبت است.  
 (S<sub>1</sub><sup>(1)</sup>, S<sub>1</sub><sup>(2)</sup>, S<sub>1</sub><sup>(3)</sup> and S<sub>1</sub><sup>(6)</sup>): (Nessar and Huehn, 1987); (NP<sub>1</sub><sup>(1)</sup>, NP<sub>1</sub><sup>(2)</sup>, NP<sub>1</sub><sup>(3)</sup> and NP<sub>1</sub><sup>(4)</sup>): (Thennarasu, 1995); (LOW, MID and TOP): (Fox *et al.*, 1990); RS: Kang's Rank-Sum (Kang, 1998); The darker red means the more negative correlation and the darker blue means the more positive correlation.



جدول ۳- تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه ۱۶ ژنوتیپ عدس در چهار سال

Table 3. Combined analysis of variance of seed yield of 16 lentil genotypes in four years

منابع تغییرات	S.O V	درجه آزادی df	مجموع مربعات Sum Square (SS)	میانگین مربعات Mean Square (MS)
سال	Year	3	1130229.28	3767430.09**
تکرار درون سال	Replication (Year)	8	281034.23	35129.28 <sup>ns</sup>
ژنوتیپ	Genotype	15	8080993.53	538732.90**
سال × ژنوتیپ	Genotype × Year	45	10649987.09	236666.38**
خطا	Error	120	7599213.60.	63326.78

<sup>ns</sup> و \*\*: به ترتیب غیرمعنی داری و معنی داری در سطح احتمال ادرصد

<sup>ns</sup> and \*\*: Non- significant and significant at 1% level of probability, respectively

جدول ۴- نتایج آزمون‌های آماری برای معنی دار اثرات

Table 4. Result of statistics tests for signification of effects

آزمون TEST	ژنوتیپ Genotype	سطح احتمال Probability level	محیط Environment	سطح احتمال Probability level	اثر متقابل ژنوتیپ × محیط Genotype × Environment	سطح احتمال Probability level
Bredenkamp	46.492	0.00	60.41	0.00	1118.69	0.00
Hildebrand	123.421	0.00	68.40	0.00	190.36	0.00
Kubinger	184.805	0.00	84.98	0.00	97.20	0.00001
Van der lan de kroon	58.113	0.00	8241.23	0.00	66.67	0.019565

جدول ۵- برآورد آماره‌های پایداری ناپارامتری و آزمون معنی داری برای ۱۶ ژنوتیپ عدس در ۴ سال

Table 5. Non-parametric stability parameters for yield and tests of non-parametric stability for 16 lentil genotypes in four years

ژنوتیپ Genotype	میانگین عملکرد MCYR	S <sub>i</sub> <sup>(1)</sup>	Z <sub>i1</sub>	S <sub>i</sub> <sup>(2)</sup>	Z <sub>i2</sub>	S <sub>i</sub> <sup>(3)</sup>	S <sub>i</sub> <sup>(6)</sup>	NP <sub>i</sub> <sup>(1)</sup>	NP <sub>i</sub> <sup>(2)</sup>	NP <sub>i</sub> <sup>(3)</sup>	NP <sub>i</sub> <sup>(4)</sup>	RS	Low	MID	Top	
																Mean yield
1	1286.54	7.75	9.50	5.29 <sup>ns</sup>	62.25	10.218 <sup>ns</sup>	23.22	3.41	6.75	1.35	1.01	1.41	8.0	25	25	50
2	1130.01	8.50	6.00	0.14 <sup>ns</sup>	21.67	0.001 <sup>ns</sup>	5.21	1.13	3.50	0.37	0.41	0.62	20.0	50	50	0
3	1140.17	9.00	8.00	2.18 <sup>ns</sup>	48.00	4.350 <sup>ns</sup>	7.90	1.71	6.00	0.60	0.57	0.76	14.0	50	50	0
4	1452.54	8.00	7.33	1.23 <sup>ns</sup>	34.67	1.094 <sup>ns</sup>	12.46	2.31	4.00	0.80	0.78	1.13	17.0	25	50	25
5	1574.66	8.50	3.67	0.82 <sup>ns</sup>	9.67	0.816 <sup>ns</sup>	6.38	2.31	2.00	0.80	0.83	1.13	14.5	0	25	75
6	1230.72	8.25	3.50	0.99 <sup>ns</sup>	8.25	1.027 <sup>ns</sup>	2.00	0.94	1.75	0.21	0.29	0.41	15.0	50	50	0
7	1208.47	7.50	7.33	1.23 <sup>ns</sup>	33.67	0.937 <sup>ns</sup>	4.79	1.31	4.50	0.69	0.69	1.01	12.0	25	50	25
8	1283.01	10.50	7.33	1.23 <sup>ns</sup>	36.33	1.383 <sup>ns</sup>	5.57	1.31	4.00	0.40	0.60	0.84	18.0	50	25	25
9	1486.08	8.50	5.67	0.04 <sup>ns</sup>	19.67	0.015 <sup>ns</sup>	7.24	2.24	3.50	1.17	0.90	1.33	18.0	0	25	75
10	1497.42	9.25	8.50	3.07 <sup>ns</sup>	44.25	3.216 <sup>ns</sup>	15.67	2.67	5.25	1.17	0.96	1.42	15.5	25	25	50
11	1484.74	7.50	7.67	1.68 <sup>ns</sup>	35.67	1.263 <sup>ns</sup>	4.91	1.82	4.50	0.75	0.94	1.39	15.0	0	50	50
12	1333.61	10.25	3.50	0.99 <sup>ns</sup>	12.25	0.492 <sup>ns</sup>	1.59	0.81	1.75	0.23	0.45	0.52	12.0	0	75	25
13	993.35	8.25	6.17	0.220 <sup>ns</sup>	23.58	0.033 <sup>ns</sup>	0.22	0.24	3.75	0.30	0.33	0.48	18.0	100	0	0
14	914.36	8.50	6.33	0.315 <sup>ns</sup>	24.33	0.058 <sup>ns</sup>	0.81	0.44	4.00	0.29	0.32	0.47	22.0	100	0	0
15	928.21	7.50	3.33	1.184 <sup>ns</sup>	7.00	1.234 <sup>ns</sup>	0.47	0.35	2.00	0.14	0.16	0.23	24.0	100	0	0
16	1063.20	8.25	4.83	0.069 <sup>ns</sup>	16.25	0.152 <sup>ns</sup>	2.11	0.72	2.75	0.26	0.30	0.41	29.0	100	0	0
Mean	E(S <sub>i</sub> (1))	E(S <sub>i</sub> (2))	Var(S <sub>i</sub> (1))	Var(S <sub>i</sub> (2))	Chi-Square Statistic for Zi1, Zi2				Chi-Square Statistic for Sum of Zi1, Zi2				Prob			
1250.44	5.3125	21.25	3.30924	164.510	11.70				31.99				0.01			

MCYR: میانگین تصحیح شده رتبه عملکرد؛ (S<sub>i</sub><sup>(1)</sup>, S<sub>i</sub><sup>(2)</sup>, S<sub>i</sub><sup>(3)</sup> و S<sub>i</sub><sup>(6)</sup>): آماره‌های هان، نصار و هان؛ (NP<sub>i</sub><sup>(1)</sup>, NP<sub>i</sub><sup>(2)</sup>, NP<sub>i</sub><sup>(3)</sup> و NP<sub>i</sub><sup>(4)</sup>): آماره‌های

تنارازو؛ (LOW, MID, TOP): آماره‌های فوکس؛ RS: مجموع رتبه کانگ، Mean: میانگین کل؛ E: امید ریاضی و Var: واریانس

MCYR: Mean corrected of yield ranks; (S<sub>i</sub><sup>(1)</sup>, S<sub>i</sub><sup>(2)</sup>, S<sub>i</sub><sup>(3)</sup> and S<sub>i</sub><sup>(6)</sup>): (Nessar and Huehn, 1987); (NP<sub>i</sub><sup>(1)</sup>, NP<sub>i</sub><sup>(2)</sup>, NP<sub>i</sub><sup>(3)</sup> and NP<sub>i</sub><sup>(4)</sup>): (Thennarasu, 1995); (LOW, MID and TOP): (Fox et al., 1990); RS: Kang's Rank-Sum (Kang, 1998); Mean: Grand mean; E: Expected value and Var: Variance

جدول ۶- رتبه ۱۶ ژنوتیپ عدس برای آماره‌های پایداری ناپارامتری

Table 6. Ranks of 16 lentil genotypes for non-parametric stability parameters

ژنوتیپ Genotype	میانگین عملکرد Mean_Yield	$S_i^{(1)}$	$S_i^{(2)}$	$S_i^{(3)}$	$S_i^{(6)}$	$NP_i^{(1)}$	$NP_i^{(2)}$	$NP_i^{(3)}$	$NP_i^{(4)}$	RS	LOW	MID	TOP
G1	12	10	10	8	10	10	10	11	10	4	5	2	10
G2	11	3	2	4	7	2	8	9	9	13	5	2	10
G3	5	5	6	3	3	6	4	6	5	8	9	2	6
G4	1	13	14	6	3	13	4	5	5	12	13	8	1
G5	9	14	15	12	11	15	15	15	14	10	5	2	10
G6	10	5	7	10	8	4	7	7	7	14	9	2	6
G7	8	5	4	7	8	6	9	8	8	5	5	8	6
G8	3	11	11	5	5	10	2	4	4	5	13	8	1
G9	2	2	3	2	2	3	2	2	1	9	9	8	3
G10	4	4	5	9	6	4	6	3	3	10	13	2	3
G11	6	14	13	13	12	15	14	10	11	14	13	1	6
G12	14	9	9	16	16	9	11	12	12	5	1	13	10
G13	16	8	8	14	14	6	12	13	13	3	1	13	10
G14	15	16	16	15	15	13	16	16	16	2	1	13	10
G15	13	12	12	11	13	12	13	14	14	1	1	13	10

$(S_i^{(1)}, S_i^{(2)}, S_i^{(3)}, S_i^{(6)})$ : آماره‌های هان، نصار و هان؛  $(NP_i^{(1)}, NP_i^{(2)}, NP_i^{(3)}, NP_i^{(4)})$ : آماره‌های تاراو؛ (LOW, MID, TOP): آماره‌های فوکس؛ RS: مجموع رتبه کانگ

$(S_i^{(1)}, S_i^{(2)}, S_i^{(3)}$  and  $S_i^{(6)}$ ): (Nessar and Huehn, 1987);  $(NP_i^{(1)}, NP_i^{(2)}, NP_i^{(3)}$  and  $NP_i^{(4)}$ ): (Thennarasu, 1995);

(LOW, MID and TOP): (Fox *et al.*, 1990); RS: Kang's Rank-Sum (Kang, 1998)

هان و لئون (Huehn and Leon, 1995) در پژوهش خود

بیان داشتند که همبستگی بالایی بین دو آماره  $S_i^{(1)}$  و  $S_i^{(2)}$

وجود دارد، حتی زمانی که از عملکرد تصحیح‌نشده برای

رتبه‌دهی استفاده شود. صباغ نیا و همکارانش

(Sabaghnia *et al.*, 2006) نیز رابطه مثبت و معنی‌داری

بین این دو آماره در بررسی پایداری ژنوتیپ‌های عدس

مشاهده کردند. با توجه به آماره  $S_i^{(3)}$  ژنوتیپ‌های G13،

G12 و G14 به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار گزینش

شدند که در میان این ژنوتیپ‌ها ژنوتیپ G12 میانگین

عملکرد بالایی داشت ژنوتیپ‌های G1، G10، G4 و G3

ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند. ژنوتیپ‌های

G10 میانگین عملکردشان بالاتر از میانگین عملکرد کل

بود (جداول ۵ و ۶). بر اساس آماره  $S_i^{(6)}$  ژنوتیپ‌های

G13، G15، G14 و G16 ژنوتیپ‌های پایدار شناسایی

شدند و ژنوتیپ‌های G1، G10، G4 و G5 ناپایدارترین

ژنوتیپ‌ها بودند. هر چهار ژنوتیپ شناخته شده به‌عنوان

ژنوتیپ ناپایدار میانگین عملکرد بالایی داشتند. کریمی

زاده و همکاران (Karimizadeh *et al.*, 2008) در پژوهش

خود بر روی ژنوتیپ‌های عدس و همچنین جمشیدی

مقدم و پورداد (Jamshidimoghaddam and Pordad, )

ژنوتیپ‌های ناپایدار شناسایی شدند که همگی ژنوتیپ‌ها

ژنوتیپ‌ها ناپایدار شناسایی شدند که از میان این

ژنوتیپ‌ها تنها ژنوتیپ G12 میانگین عملکرد بالایی

داشت. ژنوتیپ‌های G1، G9، G10 و G4 به‌عنوان

ژنوتیپ‌های ناپایدار شناسایی شدند که همگی ژنوتیپ‌ها

از میانگین عملکرد بالایی برخوردار بودند. با استفاده از

آماره‌های  $NP_i^{(3)}$  و  $NP_i^{(4)}$  ژنوتیپ‌های G15، G6، G16 و

G14 پایدارترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند و هر چهار

ژنوتیپ‌های ناپایدار شناسایی شدند که از میان این

ژنوتیپ‌ها تنها ژنوتیپ G12 میانگین عملکرد بالایی

داشت. ژنوتیپ‌های G1، G9، G10 و G4 به‌عنوان

ژنوتیپ‌های ناپایدار شناسایی شدند که همگی ژنوتیپ‌ها

از میانگین عملکرد بالایی برخوردار بودند. با استفاده از

آماره‌های  $NP_i^{(3)}$  و  $NP_i^{(4)}$  ژنوتیپ‌های G15، G6، G16 و

G14 پایدارترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند و هر چهار

ژنوتیپ‌ها ناپایدار شناسایی شدند که از میان این

ژنوتیپ‌ها تنها ژنوتیپ G12 میانگین عملکرد بالایی

داشت. ژنوتیپ‌های G1، G9، G10 و G4 به‌عنوان

ژنوتیپ‌های ناپایدار شناسایی شدند که همگی ژنوتیپ‌ها

از میانگین عملکرد بالایی برخوردار بودند. با استفاده از

آماره‌های  $NP_i^{(3)}$  و  $NP_i^{(4)}$  ژنوتیپ‌های G15، G6، G16 و

G14 پایدارترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند و هر چهار

نیز داشتند. همچنین نتایج حاصل از آماره TOP در توافق با دیگر محققان بود. در مطالعات مختلفی به همبستگی بین آماره TOP و عملکرد بالا اشاره شده است به طوری که در اکثر موارد ژنوتیپ‌های پایدار بر اساس آماره بیشینه TOP از نظر میانگین عملکرد نیز سطح بالایی قرار داشتند (Sabaghnia et al., 2006; Abdulahi et al., 2007).

بر اساس مجموع رتبه کنگ (RS) مورد مطالعه ژنوتیپ‌های G7, G11, G15 و G1 با کمترین میانگین رتبه پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند که در این بین ژنوتیپ‌های G1 و G11 میانگین عملکرد بالایی داشتند و ژنوتیپ‌های G8, G10, G12 و G3 با بیشترین مقدار میانگین رتبه ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند ژنوتیپ‌های G8 و G12 میانگین عملکردشان بالاتر از میانگین عملکرد کل بود (جدول ۵).

همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن به منظور بررسی رابطه بین میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های عدس و آماره‌های ناپارامتری محاسبه شد (شکل ۱) بر اساس نتایج به دست آمده، میانگین عملکرد همبستگی مثبت و معنی‌داری با آماره‌های  $S_1^{(6)}$ ,  $NP_1^{(2)}$ ,  $NP_1^{(3)}$ ,  $NP_1^{(4)}$  و TOP داشت. پورداد و همکاران (Pourdad et al., 2014) در کلزا همچنین واعظی و همکاران (Vaezi et al., 2018) در جو در پژوهش‌های خود همبستگی مثبت و معنی‌داری بین میانگین عملکرد و آماره‌های  $S_1^{(3)}$ ,  $S_1^{(6)}$ ,  $NP_1^{(2)}$ ,  $NP_1^{(3)}$  و  $NP_1^{(4)}$  را گزارش دادند. کایا و تورکز (Kaya and Turkoz, 2016) و همچنین سیوکور و همکاران (Syukur et al., 2014) همبستگی منفی بین عملکرد و آماره‌های  $S_1^{(3)}$ ,  $S_1^{(6)}$ ,  $NP_1^{(2)}$ ,  $NP_1^{(3)}$  و  $NP_1^{(4)}$  مشاهده کردند. آماره کنگ RS همبستگی منفی با عملکرد داشت و ژنوتیپ‌های پایدار که بر اساس این آماره تشخیص داده شدند از میانگین عملکرد بالایی برخوردار نبودند. همچنین همبستگی مثبت و معنی‌داری میان TOP با آماره‌های  $S_1^{(6)}$ ,  $NP_1^{(2)}$ ,  $NP_1^{(3)}$  و  $NP_1^{(4)}$  وجود داشت (شکل ۱). همبستگی رتبه‌ای مثبت و معنی‌داری بین همه جفت پارامترهای  $S_1^{(3)}$ ,  $S_1^{(6)}$ ,  $NP_1^{(2)}$ ,  $NP_1^{(3)}$  و  $NP_1^{(4)}$  مشاهده شد بر اساس این آماره‌ها ژنوتیپ G15 به عنوان ژنوتیپ پایدار شناسایی شد و عملکرد پایینی داشت. بر اساس آماره TOP ژنوتیپ‌های G5

ژنوتیپ‌های G1, G10, G11 و G9 ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند این ژنوتیپ‌ها میانگین عملکردشان بالاتر از میانگین عملکرد کل بود (جدول ۵ و ۶). نتایج حاصل از این پژوهش با نتایج گزارش شده از پژوهش‌های محمدی و همکاران (Mohammadi et al., 2007) در گندم دوروم، عبادی و همکاران (Abdulahi et al., 2007) در گلرنگ و صباغ نیا (Sabaghnia et al., 2006) در عدس مطابقت داشت. آن‌ها در تحقیقات خود بیان داشتند که آماره‌های تنراسو در زمره مفهوم پایداری استاتیک می‌باشند و ژنوتیپ‌های معرفی شده بر اساس این آماره‌ها ممکن است از عملکرد بالایی برخوردار نباشند.

بر اساس آماره پایداری کنگ RS ژنوتیپ‌هایی با بیشترین ارزش به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار در نظر گرفته می‌شوند (Kang, 1988)؛ بنابراین با استفاده از این آماره ژنوتیپ‌های G16, G15, G14 و G2 به عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها گزینش شدند که هر چهار ژنوتیپ میانگین عملکردشان پایین‌تر از میانگین عملکرد کل بود. ژنوتیپ‌های G1, G7, G12 و G3 به عنوان ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها تشخیص داده شدند که G1 و G12 میانگین عملکرد بالایی داشتند (جدول ۵). بر اساس نتایج این پژوهش آماره پایداری کنگ RS دارای مفهوم دینامیک پایداری نبود و این آماره با عملکرد رابطه منفی داشت. در حالی که مطالعات محققین دیگری به رابطه مثبت بین عملکرد و آماره پایداری کنگ اشاره کردند و بیان داشتند که این آماره دارای مفهوم دینامیک پایداری می‌باشد (Kaya and Turkoz, 2016; Farshadfar et al., 2012; Zali et al., 2011).

ژنوتیپ‌های G5 و G9 با بیشترین مقدار TOP, MID (۲۵ درصد) و کمترین میزان LOW (صفر درصد) پایدارترین ژنوتیپ‌ها معرفی شدند و هر دو ژنوتیپ گزینش شده به عنوان ژنوتیپ پایدار از میانگین عملکرد بالایی برخوردار بودند. ژنوتیپ‌های G2, G3 و G6 با صفر درصد TOP ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها معرفی شدند و میانگین عملکرد پایینی

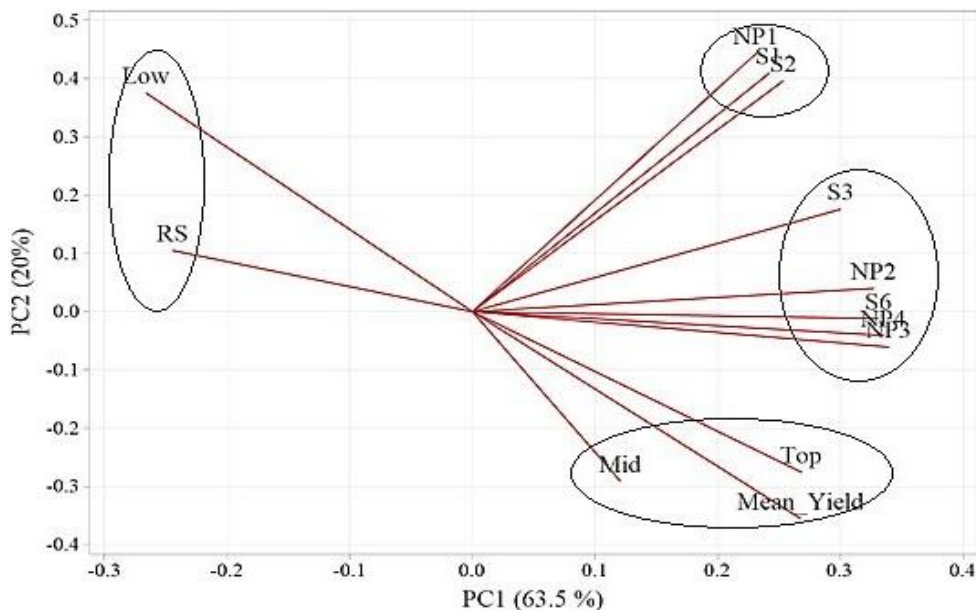
منفی با میانگین عملکرد بودند (شکل ۲). در نتایج به‌دست آمده از پژوهش‌های صباغ‌نیا و همکاران، فرشادفر و همکاران و یانگ جیان و همکاران (Sabaghnia et al., 2006; Yang-jian et al., 2010; Farshadfar et al., 2012) آماره‌های TOP و RS دارای مفهوم دینامیک پایداری بودند و قادر به شناسایی ژنوتیپ پایدار با عملکرد بالا بودند.

بر اساس بای‌پلات دو مؤلفه اصلی اول و دوم، تمامی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه می‌توانند در چهار گروه اصلی قرار بگیرند (شکل ۳). گروه اول شامل ژنوتیپ‌های G1، G3، G7، G8 و G10 بود که بر اساس مجموع رتبه کانگ همه آماره‌های ناپارامتری ژنوتیپ‌های G3 و G8 با کمترین مجموع رتبه ژنوتیپ‌های پایدار شناسایی شدند و ژنوتیپ‌های G3 و G10 بر اساس اکثر آماره‌های ناپارامتری ژنوتیپ‌های ناپایدار بودند. گروه دوم شامل ژنوتیپ‌های G4، G5، G9 و G11 بود که ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا بودند و ژنوتیپ G5 بر اساس آماره‌های  $S_1^{(1)}$ ،  $S_1^{(2)}$  و  $NP_1^{(1)}$  ژنوتیپ پایدار با عملکرد بالا معرفی شد. گروه سوم شامل ژنوتیپ‌های G6 و G12 بود که ژنوتیپ G12 بر اساس آماره‌های  $S_1^{(1)}$ ،  $S_1^{(2)}$ ،  $S_1^{(3)}$  و  $NP_1^{(1)}$  و  $NP_1^{(2)}$  ژنوتیپ پایدار با عملکرد بالا شناسایی شد. گروه چهارم شامل ژنوتیپ‌های G2، G13، G14، G15 و G16 بود و ژنوتیپ‌های G13، G14، G15 و G16 بر اساس اکثر آماره‌های ناپارامتری مورد مطالعه در این پژوهش ژنوتیپ‌های پایدار شناسایی شدند هرچند که میانگین عملکرد پایینی داشتند (شکل ۳).

**تجزیه خوشه‌ای آماره‌های پایداری ناپارامتری ژنوتیپ‌های عدس:** همچنین به‌منظور درک بهتر از روابط بین آماره‌های پایداری ناپارامتری، تجزیه خوشه‌ای بر اساس روش Ward و فاصله اقلیدوسی انجام گرفت (شکل ۴). بر اساس نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای پارامترها در چهار خوشه اصلی قرار گرفتند. در خوشه اول آماره‌های TOP و میانگین عملکرد قرار داشتند که بر اساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نیز در یک گروه بودند و همبستگی مثبت و معنی‌داری بین TOP و میانگین عملکرد نیز مشاهده شد.

و G9 به‌عنوان ژنوتیپ پایدار با عملکرد بالا معرفی شدند. بر اساس نتایج مطالعات مقدس زاده و همکاران (Moghaddaszadeh et al., 2018) نیز همبستگی مثبت و معنی‌داری بین جفت پارامترهای  $S_1^{(3)}$ ،  $S_1^{(6)}$ ،  $NP_1^{(2)}$  و  $NP_1^{(3)}$  و  $NP_1^{(4)}$  گزارش شد. میان آماره‌های  $S_1^{(1)}$ ،  $S_1^{(2)}$  و  $NP_1^{(1)}$  همبستگی مثبت و معنی‌داری مشاهده گردید و بر اساس این آماره‌ها ژنوتیپ‌های G5 و G12 ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا معرفی شدند؛ بنابراین با به‌کارگیری آماره‌های مختلف و همبستگی بالای بین آنها، می‌توان نتایج این آماره‌ها را به‌نوعی معتبرسازی و تأیید کرد (شکل ۱).

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس ماتریس همبستگی رتبه در بین آماره‌های پایداری ناپارامتری انجام گرفت. بر اساس نتایج حاصله دو مؤلفه اصلی اول و دوم ۸۳/۵ درصد (مؤلفه اصلی اول ۶۳/۵ درصد و مؤلفه اصلی دوم ۲۰ درصد) از واریانس متغیرهای اصلی را توجیه کردند. بای‌پلات  $PC_1$  در مقابل  $PC_2$  روابط بین میانگین عملکرد دانه و پارامترهای پایداری را نشان می‌دهد. با توجه به نتایج بای‌پلات تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (شکل ۲) آماره‌های  $S_1^{(3)}$ ،  $S_1^{(6)}$ ،  $NP_1^{(2)}$ ،  $NP_1^{(3)}$  و  $NP_1^{(4)}$  در یک گروه قرار گرفتند و همبستگی مثبتی با هم داشتند. بر اساس این آماره‌ها ژنوتیپ G15 ژنوتیپ پایدار بود که میانگین عملکرد پایینی داشت. بر اساس آماره‌های  $S_1^{(3)}$  و  $NP_1^{(2)}$  ژنوتیپ G12 به‌عنوان ژنوتیپ پایدار با عملکرد معنی‌داری شد. آماره‌های  $S_1^{(1)}$ ،  $S_1^{(2)}$  و  $NP_1^{(1)}$  در یک گروه قرار داشتند و با توجه به این آماره‌ها ژنوتیپ‌های G5 و G12 ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا می‌باشند. بر اساس نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی مقدس زاده و همکاران (Moghaddaszadeh et al., 2018) نیز آماره‌های  $S_1^{(3)}$ ،  $S_1^{(6)}$ ،  $NP_1^{(2)}$ ،  $NP_1^{(3)}$  و  $NP_1^{(4)}$  در یک گروه قرار داشتند و آماره‌های  $S_1^{(1)}$ ،  $S_1^{(2)}$  و  $NP_1^{(1)}$  در یک گروه بودند. گروه سوم شامل TOP، MID و میانگین عملکرد بود و همبستگی مثبت و معنی‌دار میان TOP و میانگین عملکرد مشاهده شد. بر اساس آماره‌های TOP و MID ژنوتیپ‌های G5 و G9 ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا تشخیص داده شد. در گروه چهارم نیز آماره‌های کانگ RS و LOW قرار داشتند و دارای همبستگی



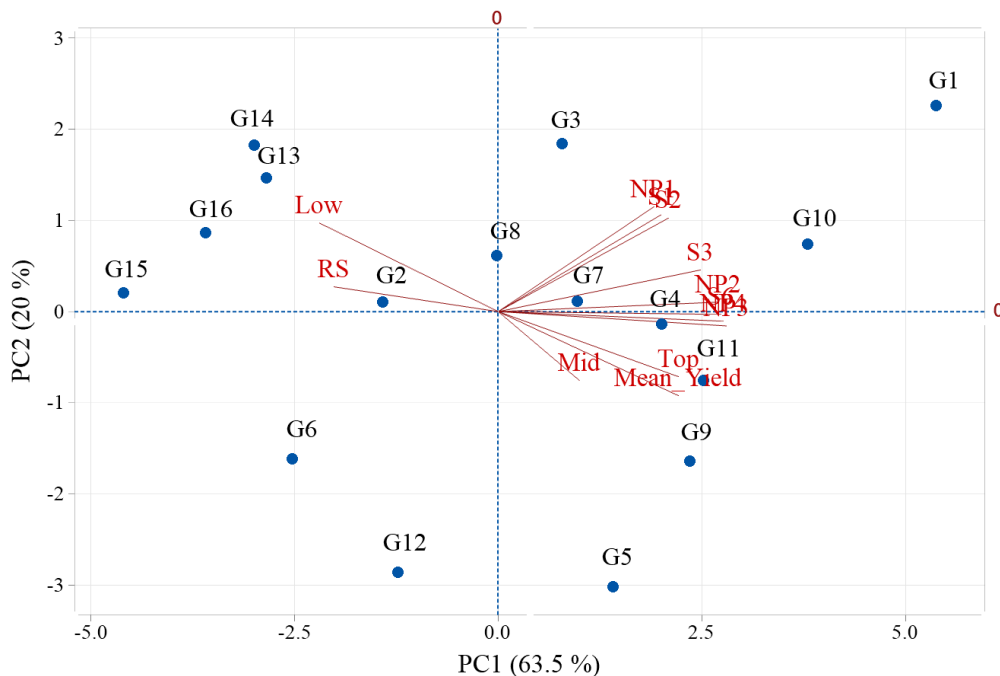
شکل ۲- بای پلات مؤلفه اصلی اول در مقابل مؤلفه اصلی دوم بر اساس میانگین عملکرد و آماره‌های پایداری ناپارامتری ۱۶ ژنوتیپ عدس ۴ سال. Figure 2. Biplot (PC<sub>1</sub>.vs.PC<sub>2</sub>) of non-parametric stability procedures based on the rank correlation matrix with yield of 16 lentil genotypes in four years.

(S<sub>i</sub><sup>(1)</sup>, S<sub>i</sub><sup>(2)</sup>, S<sub>i</sub><sup>(3)</sup> و S<sub>i</sub><sup>(6)</sup>): آماره‌های هان، نصار و هان؛ (NP<sub>i</sub><sup>(1)</sup>, NP<sub>i</sub><sup>(2)</sup>, NP<sub>i</sub><sup>(3)</sup> و NP<sub>i</sub><sup>(4)</sup>): آماره‌های تنازوه؛ (TOP و MID, LOW):

آماره‌های فوکس؛ RS: مجموع رتبه کانگ

(S<sub>i</sub><sup>(1)</sup>, S<sub>i</sub><sup>(2)</sup>, S<sub>i</sub><sup>(3)</sup> and S<sub>i</sub><sup>(6)): (Nessar and Huehn ,1987); (NP<sub>i</sub><sup>(1)</sup>, NP<sub>i</sub><sup>(2)</sup>, NP<sub>i</sub><sup>(3)</sup> and NP<sub>i</sub><sup>(4)): (Thennarasu ,1995);</sup></sup>

(LOW, MID and TOP): (Fox *et al.*, 1990); RS: Kang's Rank-Sum (Kang, 1998)



شکل ۳- بای پلات مؤلفه اصلی اول در مقابل مؤلفه اصلی دوم برای ۱۶ ژنوتیپ عدس در ۴ سال بر اساس میانگین عملکرد و آماره‌های پایداری ناپارامتری.

Figure 3. Biplot of PC<sub>1</sub> VS PC<sub>2</sub> for 16 lentil genotypes in four years based on mean yield and non-parametric stability procedures.

(S<sub>i</sub><sup>(1)</sup>, S<sub>i</sub><sup>(2)</sup>, S<sub>i</sub><sup>(3)</sup> و S<sub>i</sub><sup>(6)</sup>): آماره‌های هان، نصار و هان؛ (NP<sub>i</sub><sup>(1)</sup>, NP<sub>i</sub><sup>(2)</sup>, NP<sub>i</sub><sup>(3)</sup> و NP<sub>i</sub><sup>(4)</sup>): آماره‌های تنازوه؛ (TOP و MID, LOW):

آماره‌های فوکس؛ RS: مجموع رتبه کانگ

(S<sub>i</sub><sup>(1)</sup>, S<sub>i</sub><sup>(2)</sup>, S<sub>i</sub><sup>(3)</sup> and S<sub>i</sub><sup>(6)): (Nessar and Huehn ,1987); (NP<sub>i</sub><sup>(1)</sup>, NP<sub>i</sub><sup>(2)</sup>, NP<sub>i</sub><sup>(3)</sup> and NP<sub>i</sub><sup>(4)): (Thennarasu ,1995);</sup></sup>

(LOW, MID and TOP): (Fox *et al.*, 1990); RS: Kang's Rank-Sum (Kang, 1998)

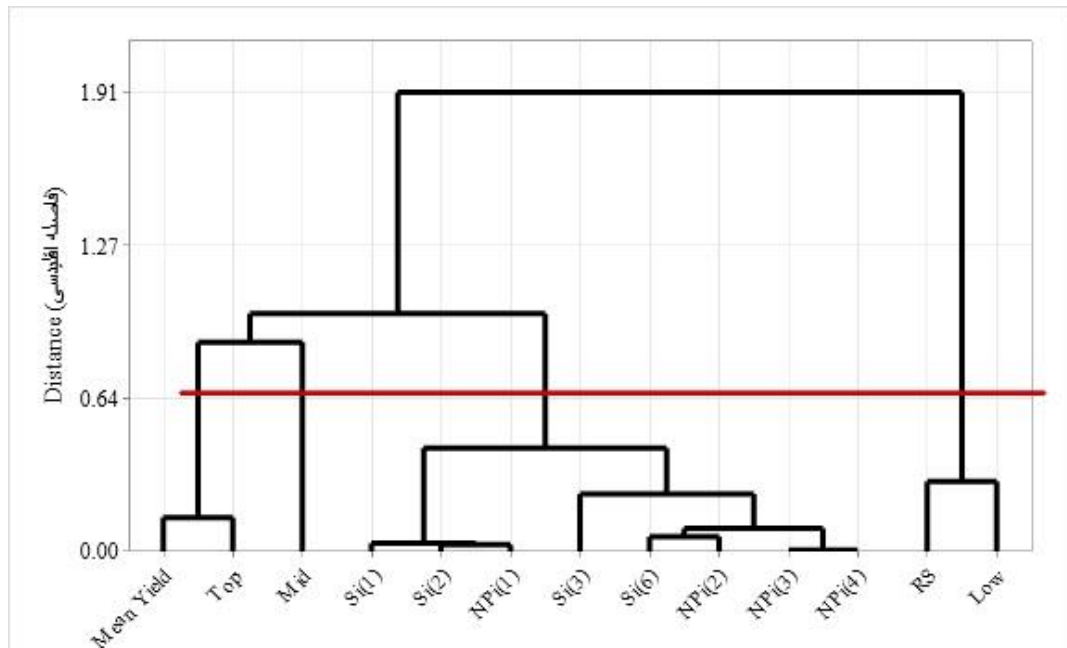
داشتند. ژنوتیپ‌های G15 و G16 بر اساس آماره‌های  $S_1^{(3)}$ ،  $S_1^{(6)}$ ،  $NP_1^{(2)}$ ،  $NP_1^{(3)}$  و  $NP_1^{(4)}$  به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار شناسایی شدند و ژنوتیپ G14 بر اساس آماره‌های  $S_1^{(3)}$ ،  $S_1^{(6)}$ ،  $NP_1^{(3)}$  و  $NP_1^{(4)}$  ژنوتیپ پایدار شناسایی شد. خوشه سوم شامل ژنوتیپ‌های G4، G5، G9، G10 و G11 بود. ژنوتیپ G5 بر اساس آماره‌های  $S_1^{(1)}$ ،  $S_1^{(2)}$ ،  $S_1^{(1)}$  و  $NP_1^{(1)}$  به‌عنوان ژنوتیپ پایدار با عملکرد بالا تشخیص داده شد. در پژوهش مقدس زاده و همکاران (Moghaddaszadeh *et al.*, 2018) نیز ژنوتیپ‌های پایدار تشخیص داده شده بر اساس آماره‌های  $S_1^{(1)}$ ،  $S_1^{(2)}$  و TOP در یک خوشه و ژنوتیپ‌های پایدار شناسایی شده بر اساس آماره‌های  $S_1^{(3)}$ ،  $S_1^{(6)}$ ،  $NP_1^{(2)}$  و  $NP_1^{(3)}$  در یک گروه قرار داشتند. بیشترین فاصله از نظر پارامترهای پایداری میان گروه دوم و سوم مشاهده شد. برای برنامه‌های اصلاحی که هدف افزایش عملکرد دانه به‌همراه پایداری بالا است، ژنوتیپ‌های خوشه اول پیشنهاد می‌شوند. تقسیم شدن ژنوتیپ‌ها در چند گروه مختلف نشان‌دهنده تنوع بالای این ژنوتیپ‌هاست و به‌معنای تنوع پایداری متفاوت در بین ژنوتیپ‌های عدس حاضر در این پژوهش می‌باشد.

**وراثت‌پذیری عمومی:** وراثت‌پذیری عمومی صفت عملکرد بر پایه میانگین پلات‌ها به روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده به میزان ۰/۶۱ با خطای استاندارد ۰/۱۸ برآورد گردید که حاکی از معنی‌داری وراثت‌پذیری عمومی برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود. وراثت‌پذیری عمومی بالا بیانگر قابلیت انتخاب و بهبود ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از طریق انتخاب بود. تنوع ژنوتیپی در تجزیه خوشه‌ای و وراثت‌پذیری بالای عملکرد دانه نشان از قابلیت انتخاب ژنوتیپ برتر و استفاده از آن‌ها برای برنامه‌های اصلاحی داشت.

با توجه به نتایج به‌دست آمده در این پژوهش، روش‌های پایداری ناپارامتری روش‌های کارا و مفید در جهت شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد می‌باشند. ژنوتیپ‌های پایدار گزینش شده بر اساس آماره‌های  $S_1^{(6)}$ ، RS،  $NP_1^{(3)}$ ،  $NP_1^{(4)}$  و مجموع رتبه کانگ دارای میانگین عملکرد بالایی نبودند.

در خوشه دوم MID قرار داشت. خوشه سوم شامل دو زیر خوشه بود که در زیر خوشه اول پارامترهای  $S_1^{(1)}$ ،  $S_1^{(2)}$  و  $NP_1^{(1)}$  قرار داشتند و این آماره‌ها در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نیز در یک گروه بودند. همچنین همبستگی مثبت و معنی‌داری میان هر سه آماره وجود داشت و ژنوتیپ G5 و G12 بر اساس این آماره‌ها به‌عنوان ژنوتیپ پایدار با عملکرد بالا معرفی گردید. زیر خوشه دوم شامل آماره‌های  $S_1^{(3)}$ ،  $S_1^{(6)}$ ،  $NP_1^{(2)}$ ،  $NP_1^{(3)}$  و  $NP_1^{(4)}$  بود که بر اساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نیز در یک گروه قرار داشتند. همچنین همبستگی مثبتی نیز بین این آماره‌ها مشاهده شد. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای آماره‌های ناپارامتری عزیززاده و همکاران (Alizadeh *et al.*, 2020) آماره‌های  $S_1^{(3)}$ ،  $S_1^{(6)}$ ،  $NP_1^{(2)}$ ،  $NP_1^{(3)}$  و  $NP_1^{(4)}$  در یک گروه بودند. همچنین بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای مقدس‌زاده و همکاران (Moghaddaszadeh *et al.*, 2018) آماره‌های  $S_1^{(3)}$ ،  $S_1^{(6)}$ ،  $NP_1^{(2)}$ ،  $NP_1^{(3)}$  و  $NP_1^{(4)}$  در یک گروه و آماره TOP و Mean yield در یک گروه جای داشتند. خوشه چهارم شامل آماره‌های Low و آماره کانگ RS بود که در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی هم در یک دسته جای گرفتند. (شکل ۴). نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای آماره‌های ناپارامتری در توافق با نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای پژوهش مقدس‌زاده و همکاران (Moghaddaszadeh *et al.*, 2018) می‌باشد.

**تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های عدس بر اساس میانگین عملکرد دانه و آماره‌های پایداری ناپارامتری:** بر اساس نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها به روش Ward و فاصله اقلیدوسی ژنوتیپ‌ها می‌توانند در سه خوشه اصلی جای گیرند (شکل ۵). در خوشه اول ژنوتیپ‌های G1، G2، G3، G6، G7، G8 و G12 قرار داشتند. ژنوتیپ G2 بر اساس آماره کانگ به‌عنوان ژنوتیپ پایدار شناخته شد هرچند که میانگین عملکرد پایینی داشت. ژنوتیپ‌های G6 و G12 بر اساس آماره‌های  $S_1^{(1)}$ ،  $S_1^{(2)}$ ،  $NP_1^{(1)}$  و  $NP_1^{(2)}$  به‌عنوان ژنوتیپ پایدار معرفی شدند که ژنوتیپ G6 میانگین عملکرد پایینی داشت. ژنوتیپ‌های G13، G14، G15 و G16 در خوشه دوم قرار

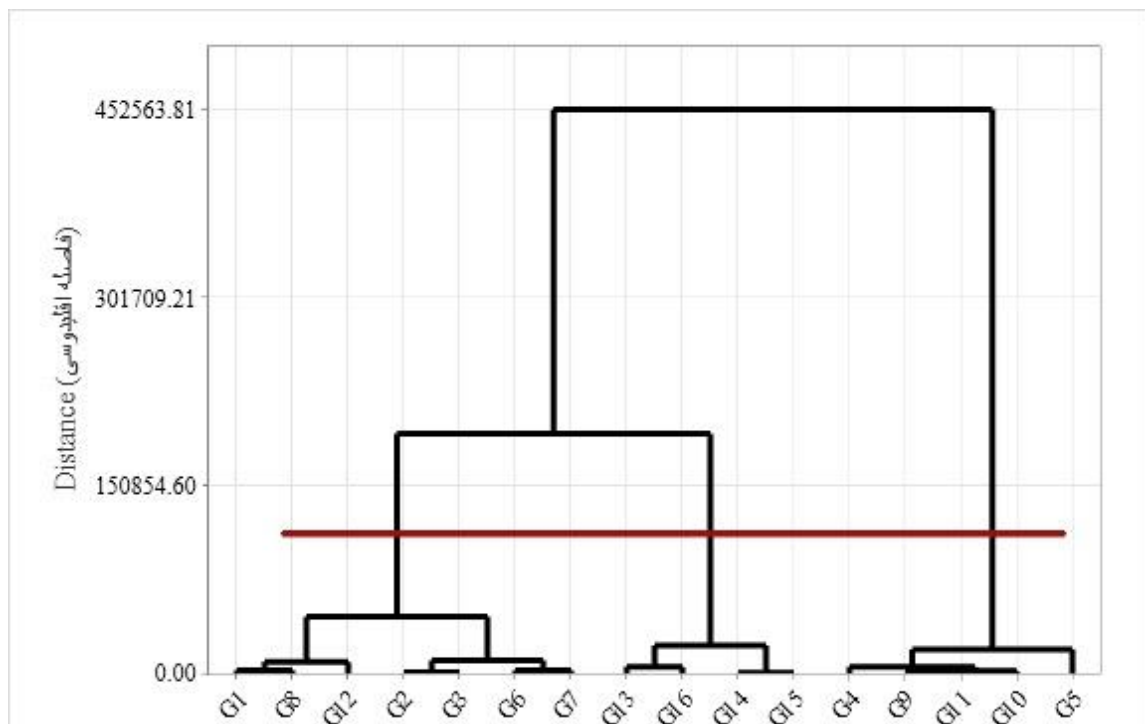


شکل ۴- تجزیه خوشه‌ای آماره‌های پایداری ناپارامتری و میانگین عملکرد ۱۶ ژنوتیپ عدس در چهار سال

Figure 4. Cluster analysis of non-parametric stability procedures and mean yield of 16 lentil genotypes in four years  
: (TOP و MID ,LOW): آماره‌های تنازوز؛  $(S_1^{(1)}, S_1^{(2)}, S_1^{(3)}, S_1^{(6)})$ : آماره‌های هان، نصار و هان؛  $(NP_1^{(1)}, NP_1^{(2)}, NP_1^{(3)}, NP_1^{(4)})$ : آماره‌های تنازوز؛

آماره‌های فوکس؛ RS: مجموع رتبه کانگ

$(S_1^{(1)}, S_1^{(2)}, S_1^{(3)}, S_1^{(6)})$ : (Nessar and Huehn ,1987);  $(NP_1^{(1)}, NP_1^{(2)}, NP_1^{(3)}, NP_1^{(4)})$ : (Thennarasu ,1995);  
(LOW, MID and TOP): (Fox *et al.*, 1990); RS: Kang's Rank-Sum (Kang, 1998)



شکل ۵- تجزیه خوشه‌ای ۱۶ ژنوتیپ عدس بر اساس میانگین عملکرد و آماره‌های پایداری ناپارامتری در چهار سال

Figure 5. Cluster analysis 16 lentil genotypes based on mean yield and non-parametric measures of stability in four years.

محور عمودی Distance یا میزان فاصله ژنوتیپ‌ها و محور افقی کد ژنوتیپ‌ها

Vertical axis is genotypes distance and horizontal axis is the code of genotypes

میان گروه اول به‌عنوان والدین با عملکرد و پایداری بالا جهت تلاقی در برنامه‌های اصلاحی، پیشنهاد می‌شود. تنوع ژنتیکی برای اصلاح گیاهان زراعی بسیار با اهمیت است و تنوع بالاتر ژنوتیپ‌ها شانس بیشتری برای تولید انواع گیاهان مطلوب را فراهم می‌کند. میزان وراثت‌پذیری بر اساس میانگین پلات برای صفت عملکرد در چهار سال نشان دهنده قابلیت انتخاب و بهبود صفت عملکرد دانه برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود. به این ترتیب بر اساس نتایج کلی حاصل از این پژوهش، ژنوتیپ (FLIP2014-032L) G5 با میانگین عملکرد دانه ۱۵۷۴/۶۸ کیلوگرم در هکتار و ژنوتیپ (ILL8006) G12 با میانگین عملکرد دانه ۱۳۳۳/۶ کیلوگرم در هکتار به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار معرفی شدند و می‌توان آن‌ها را برای کشت در محیط‌های مختلف مشابه با اقلیم مورد مطالعه توصیه نمود.

ژنوتیپ‌های G5 (FLIP2014-032L) و G12 (ILL8006) بر اساس آماره‌های  $S_1^{(1)}$ ،  $S_1^{(2)}$  و  $NP_1^{(1)}$  ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا معرفی شدند. همچنین همبستگی مثبت و معنی‌داری میان این آماره‌ها مشاهده شد. بر اساس آماره‌های  $S_1^{(3)}$  و  $NP_1^{(2)}$ ، ژنوتیپ (ILL8006) G12 به‌عنوان ژنوتیپ پایدار با عملکرد بالا شناسایی شد. همبستگی مثبتی نیز میان این دو آماره وجود داشت. با توجه به این نتایج می‌توان چنین استنباط نمود که برای گزینش ژنوتیپ پایدار استفاده از همگی این آماره‌ها چندان نیاز نیست و آماره‌هایی که از همبستگی بالایی برخوردار هستند همدیگر را تأیید می‌کنند. بر اساس آماره TOP که همبستگی مثبت و بالایی با میانگین عملکرد داشت، ژنوتیپ‌های (FLIP2014-032L) G5 و G9 (FLIP2012-240L) به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا تشخیص داده شدند. انتخاب ژنوتیپ‌ها از

## References

- Abdulahi, A., Mohammadi, R. and Pourdard, S.S.** (2007). Evaluation of safflower (*Carthamus spp.*) genotypes in multi-environment trials by nonparametric methods. *Asia Journal of Plant Sciences*, **6(5)**: 827-832.
- Adugna, W. and Labuschagne, M.T.** (2003). Parametric and nonparametric measures of phenotypic stability in linseed (*Linum usitatissimum L.*). *Netherlands Journal of Plant Breeding*, **129**: 211-218.
- Akbarpour, O.A., Dehghani, H., Sorkheh Lalelu, B. and Kang, M.S.** (2016). A SAS macro for computing statistical tests for two-way table and stability indices of nonparametric method from genotype-by-environment interaction. *Acta Scientiarum Agronomy*, **38(1)**: 35-50.
- Akcura, M., Kaya, Y., Taner, S. and Ayranci, R.** (2006). Parametric stability analyses for grain yield of durum wheat. *Plant Soil Environment*, **52**: 254-261.
- Alizadeh, B., Rezaizad, A., Yazdandoost Hamedani, M., Shiresmaeili, G., Nasserghadimi, F. and Khademhamzeh, H.** (2020). Investigation of genotype  $\times$  environment interaction and seed yield stability of rapeseed genotypes in cold and mild cold regions of Iran. *Plant Genetic Researches*, **7(2)**: 65-82 (In Persian).
- Alizadeh, B., Rezaizad, A., Yazdandoost Hamedani, M., Shiresmaeili, G., Nasserghadimi, F., Khademhamzeh, H. and Gholizadeh, A.** (2020). Evaluation of seed yield stability of winter rapeseed (*Brassica napus L.*) genotypes using non-parametric methods. *Journal of Crop Breeding*, **35**: 202-212.
- Azizi Chakherchaman, S., Mostafae, H., Hasanpanah, D., Kazemiarbat, H. and Yarniya, M.** (2009). Path coefficient analysis of yield and yield components in promising Lentil (*Lens culinaris L.*) genotypes under dry land conditions. *Agroecology Journal*, **5(4)**: 45-56 (In Persian).
- Bredenkamp, J.** (1974). Nonparametrische prufung von wechsew-irkungen. *Psychology Beitrage*, **16**: 398-416.
- Chakherchaman, S., Mostafae, H., Hasanpanah, D., Kazemiarbat, H. and Yarniya, M.** (2009). Path coefficient analysis of yield and yield components in promising Lentil (*Lens*



- culinaris* L.) genotypes under dry land conditions. *Agroecology Journal*, **5(4)**: 45-56 (In Persian).
- De Kroon, J. and Van Der Laan, P.** (1981). Distribution free test procedures in two-way layouts: A concept of rank interaction. *Statistica Neerlandica* **35**: 189-213.
- Ebadi Segherloo, A., Sabaghpour, S.H., Dehghani, H. and Kamrani, M.** (2008). Non-parametric measures of phenotypic stability in chickpea genotypes (*Cicer arietinum* L.). *Euphytica*, **162**: 221-229.
- Eberhart, S.A. and Russell, W.A.** (1966). Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, **6**:36-40.
- Elias, A.A., Robbins, K.R., Doerge, R.W. and Tuinstra, M.R.** (2016). Half a century of studying genotype  $\times$  environment interactions in plant breeding experiments. *Crop Science*, **58**: 2090-2105.
- Farshadfar, E., Sabaghpour, S.H. and 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.
- Flores, F., Moreno, M.T. and Cubero, J.I.** (1998). A Comparison of univariate and multivariate methods to analyze  $G \times E$  interaction. *Field Crop Research*, **56**: 271-286.
- Fox, P.N., Skovmand, B., Thompson, B.K., Braun, H.J. and Cormier, R.** (1990). Yield and adaptation of hexaploid spring triticale. *Euphytica*, **47**: 57-64.
- Hildebrand, H.** (1980). Asymptotisch verteilungsfreie rangtests in linearen modellen. *Medical Informatics Statistics*, **17**: 344-349.
- Holland, J., Nyquist, W. and Cervantes-Martínez, C.T.** (2003). Estimating and interpreting heritability for plant breeding: an update. *Plant Breeding Reviews*, **22**: 9-112.
- Huehn, M.** (1979). Beitrage zur Erfassung der phanotypischen Stabilita t. I. Vorschlag einiger auf Rang informationen beruhenden Stabilitä tparameter. *EDV in Medizin ünd Biologie*, **10**: 112–117.
- Huehn, M.** (1996). Non-parametric analysis of genotype  $\times$  environment interactions by ranks, In: Kang, M.S. and Gauch, H. G., Eds., *Genotype By Environment Interaction*. CRC Press, BocaRaton, FL, USA.
- Huehn, M. and Leon, J.** (1995). Nonparametric analysis of cultivar performance trials : Expermental results and comparison of different procedures based on ranks. *Agronomy Journal*, **87**: 627-632.
- Jamshidimoghaddam, M. and Pourdad, S.S.** (2013). Evaluation of seed yield adaptability of spring safflower genotypes using nonparametric parameters and GGE biplot method in rain-fed conditions. *Seed and Plant Improvement Journal*, **19(1)**: 45-63 (In Persian).
- Kang, M.S.** (1988). A rank-sum method for selecting high-yielding, stable corn genotypes. *Cereal Research Communicationsn*, **16**: 113-115.
- Karimizadeh, R. and Mohammadi, M.** (2011). Determining the interaction of genotypes environment using parametric and non parametric methods of phenotypic stability in lentil genotypes. *Modern Genetics Journal*, **6**: 75-86 (In Persian).
- Kaya, Y. and Taner, S.** (2003). Estimating genotypic ranks by nonparametric stability analysis bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Central European Agriculture*, **4**: 47-53.
- Kaya, Y. and Turkoz, M.** (2016). Evaluation of genotype by environment interaction for grain yield in durum wheat using non-parametric stability statistics. *Turkish Journal of Field Crops*, **21**: 51-59.
- Kubinger, K.D.** (1986). A note on non-parametric tests for the interaction on two- way layouts. *Biometrical Journal*, **28**: 67-72.
- Moghaddaszadeh, M., Asghari Zakaria, R., Hassanpanah, D. and Zare, N.** (2018). Non-parametric stability analysis of tuber yield in potato (*Solanum tuberosum* L.) genotypes. *Journal of Crop Breeding*, **10(28)**: 50-63 (In Persian).

- Mohammadi, R. and Amri, A.** (2008) Comparison of parametric and non-parametric methods for selecting stable and adapted durum wheat genotypes in variable environments. *Euphytica*, **159**: 419-432.
- Mohammadi, R., Abdulahi, A., Haghparast, R., Aghae, M. and Rostaee, M.** (2007). Nonparametric methods for evaluating of winter wheat genotypes in multi-environment trial. *World journal of Agricultural Science*, **3**: 137-142.
- Mohammadi, R., Abdulahi, A., Haghparast, R. and Armion, M.** (2007). Interpreting genotype  $\times$  environment interactions for durum wheat grain yields using nonparametric methods. *Euphytica*, **157**: 239-251.
- Mohammadi, R., Armion, M., Zadhasan, E., Ahmadi, M.M. and Sadeghzadeh Ahari, D.** (2012). Genotype  $\times$  environment interaction for grain yield of rainfed durum wheat using the GGE Biplot model. *Seed Plant Improvement Journal*, **28-1(3)**: 503-518 (In Persian).
- Mohtasham, M., Karimizadeh, R., Hosseinpour, T., Ghojogh, H., Shahbazi, K. and Sharifi, P.** (2017). Use of parametric and non-parametric methods for genotype  $\times$  environment interaction analysis in bread wheat genotypes. *Plant Genetic Researches*, **4(2)**: 75-88.
- Mortazavian, S.M.M. and Azizzinia, S.H.** (2014). Nonparametric stability analysis in multi-environment trial of canola. *Turkish Journal of Field Crops*, **19(1)**: 108-117.
- Mut, Z., Gulumser, A. and Sirat, A.** (2010). Comparison of stability statistics for yield in barley (*Hordeum vulgare* L.). *African Journal of Biotechnology*, **9**: 1610-1618.
- Nassar, R. and Huehn, M.** (1987). Studies on estimation of phenotypic stability: Tests of significance for non-parametric measures of phenotypic stability. *Biometrics*, **43**: 45-53.
- Pawar, I.S. and Singh, S.** (2010). *Theory and Application of Biometrical Genetics*. CBS Publisher & Distributors Pvt. Ltd., (2010). Softcover, 1<sup>st</sup> edition. New Delhi, IND.
- Pourdard, S., Jamshidmoghaddam, M., Faraji, A. and Naraki, H.** (2014). Study on different nonparametric stability methods on seed yield of spring rapeseed varieties and hybrids. *Iranian Journal of Field Crop Science*, **44**: 539-548 (In Persian).
- Sabaghnia, N., Dehghani, H. and Sabaghpour, S.H.** (2006). Nonparametric methods for interpreting genotype  $\times$  environment interaction of Lentil genotypes. *Crop Science*, **46**: 1100-1106.
- Sabaghnia, N., Sabaghpour, S.H. and Dehghani, H.** (2008). The use of an AMMI model and its parameters to analyze yield stability in multi-environment trials. *Journal of Agricultural Science*, **146(5)**: 571-581.
- Sabaghpour, S.H., Safihkni, M. and Sarker, A.** (2004). Present status and future prospects of lentil cultivation in Iran. Proceedings of the Fifth European Conference on Grain Legume, 7-11 June, Dijon, France.
- Shukla, G.K.** (1972). Some statistical aspects of partitioning genotype - environmental components of variability. *Heredity*, **29**: 237-245.
- Syukur, M., Sujiprihati, S., Yuniarti, R. and Kusumah, D.A.** (2014). Non parametric stability analysis for yield of hybrid chili pepper (*Capsicum annum* L.) across six different environments. *Journal Agronomi Indonesia*, **42**: 32-38.
- Tahir, N.A.R. and Omer, D.A.** (2017). Genetic variation in lentil genotypes by morpho-agronomic traits and RAPD-PCR. *The Journal of Animal and Plant Sciences*, **27(2)**: 468-480.
- Thennarasu, K.** (1995). On certain non-parametric procedures for studying genotype - environment interactions and yield stability. New Dehli, IN: PJ School; Iari.
- Vaezi, B., Pour-Aboughadareh, A., Mehraban, A., Hossein-Pour, T., Mohammadi, R., Armion, M. and Dorri, M.** (2018). The use of parametric and non-parametric measures for selecting stable and adapted barley lines. *Archives of Agronomy and Soil Science*, **64**: 597-611.
- Yong-jian, L., Chuan, D., Meng-liang, T., Er-liang1, H.U. and Yu-bi, H.** (2010). Yield stability of maize hybrids evaluated in maize regional trials in southwestern China using nonparametric methods. *Agricultural Sciences in China*, **9**: 1413-1422.

**Zaker Tavallaie, F., Ghareyazie, B., Bagheri, A. and Sharma, K.** (2017). Genetic transformation of Lentil (*Lens culinaris* M.) and production of transgenic fertile plants. *Iranian Journal Pulses Research*, **7(2)**: 215-229 (In Persian).

**Zali, H., Farshadfar, E. and Sabaghpour, S.H.** (2011). Non-parametric analysis of phenotypic Stability in chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes in Iran. *Crop Breeding Journal*, **1**: 89-100.

## Evaluation of Genetic Variation and Grain Yield Stability of Lentil Genotypes Using Non-Parametric Methods

Samaneh Akbari<sup>1</sup>, OmidAli Akbarpour<sup>2,\*</sup> and Payam Pezeshkpour<sup>3</sup>

- 1- M.Sc. Student, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agriculture, Lorestan University, Khorramabad, Iran
- 2- Assistant Professor, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agriculture, Lorestan University, Khorramabad, Iran
- 3- Assistant Professor, Department of Crop and Horticultural Science Research, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Khorramabad, Iran

(Received: January 3, 2021 – Accepted: June 22, 2021)

### Abstract

The challenge of the interaction of genotype  $\times$  environment is one of the main issues in plant breeding. Various statistical methods to estimate the interaction of genotype  $\times$  environment and choice the stable and productive genotype(s) have been introduced. In this study, 14 lentil genotypes along with two controls (Sepehr and Gachsaran cultivars) were evaluated during four growing seasons (2016-2020). The experiments were conducted in a randomized complete blocks design in three replications at Sarab Changai Agricultural Research Station, Khorramabad (Iran). The combined analysis of variance was used to investigate the interaction of genotype  $\times$  environment, and results of the analysis showed significant effects for genotype, year, and genotype  $\times$  environment interaction. Genotypes G5 (FLIP2014-032L) and G12 (ILL8006) were introduced based on  $S_i^{(1)}$ ,  $S_i^{(2)}$ , and  $NP_i^{(1)}$  statistics as stable and high-yielding genotypes. Based on various non-parametric statistics, genotypes G5 (FLIP2014-032L) with a mean grain yield of 1574.68 kg.ha<sup>-1</sup> and G12 (ILL8006) with a mean grain yield of 1333.6 kg.ha<sup>-1</sup> were introduced as stable genotypes. The heritability rate was estimated on the plot mean basis for yield trait in four years ( $0.61 \pm 0.18$ ) which indicated the capability of the studied genotypes to be selected and improved for grain yield. Based on the results of cluster analysis, the genotypes were divided into three main clusters. The highest distance was observed between the second and third groups. The first cluster included highly stable genotypes.

**Keywords:** Genetic variety, Cluster analysis, Non-parametric, Yield

---

\* Corresponding Author, E-mail: akbarpour.oa@lu.ac.ir