

## كفاءة بعض معادلات تحليل التداخل الوراثي × البيئي

عمر حازم الراوي  
قسم المحاصيل الحقلية  
كلية الزراعة - جامعة الأنبار

مدحت مجيد الساهوكي  
قسم علوم المحاصيل الحقلية  
كلية الزراعة - جامعة بغداد

## المستخلص

تعد صفة حاصل الصنف والصفات الكمية الأخرى من بين أكثر الصفات أهمية ودراسة في تحديد صلاحية الصنف المزروع في بيئة معينة. تختلف الصفات الكمية للأصناف لما تزرع في عدة بيئات فتظهر درجات متباينة لصفة الصنف من بيئة لأخرى. إن الزراعة الحديثة تتطلب تشخيص الصنف الثابت المتطبع لبيئة معينة، علماً أن الصنف الثابت قلما يمكن الحصول عليه عبر البيئات. تم في هذا البحث إلقاء الضوء على نتائج معادلات شائعة بين الباحثين لتحديد ثبات الصنف عبر البيئات بتحليل التداخل الوراثي × البيئي. كانت هنالك ثلاثة نقاط هامة جديدة في البحث، الأولى تعريف الصنف المثالي (Ideal) بأنه الصنف الذي يعطي أعلى قيمة للصفة المدروسة التي اعطاها أعلى صنف أو تركيب مع ثبات 100% في كل البيئات! ثم وضع قيم افتراضية لصنف آخر الأمثل (Optimum) الذي نبحت عنه في الاختبار والذي هو الأقرب إلى المثالي، لأن قيمه عالية وشبه ثابتة عبر البيئات، ويمكن تشخيصه بمجرد النظر إلى قيمه، والنقطة الثالثة وضع صنف ثالث يأتي بالمرتبة الأولى بعد الصنف الأمثل (Optimum) وبالمرتبة الثالثة بعد المثالي (Ideal). استخدمت عدة معادلات إحصائية شائعة بين الباحثين طبقت على بيانات افتراضية لثلاثة عشر تركيباً وراثياً مزروعة في ثمان بيئات. كانت أفضل معادلة لتشخيص الصنف الأمثل والذي يليه من حيث الثبات والأداء هي  $GR = (1 - S.D / \bar{X}_i) \times (\bar{X}_i / \bar{X}..)$  و  $Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum \lambda_n \zeta_{gn} \eta_{en} + \rho_{ge} + \epsilon_{ger}$  فيما كانت المعادلة  $Stability \% = (1 - S.D / \bar{X}_i) \times 100$  هي الأفضل والأبسط لتشخيص ثبات الصنف من دون التطرق لأدائه. أما بقية المعادلات فقد فشلت جميعها في تحقيق هدف التحليل المقصود لبيانات التداخل الوراثي × البيئي. إذ فشلت معادلات Shukla و Wricke و Eberhart and Russell و Lin وآخرون. أما في تشخيص الصنف المثالي أو الذي يليه، وبذا فهي ذات دوال إحصائية لا تناسب تحليل بيانات التداخل الوراثي × البيئي.

The Iraqi Journal of Agricultural Sciences 42 (6) : 1 – 18 , 2011

Elsahookie & Al-Rawi

## EFFICIENCY OF SOME EQUATIONS TO ANALYZE GENOTYPE×ENVIRONMENT INTERACTIONS

M. M. Elsahookie  
Dept. of Field Crop Sci.  
Coll. of Agric.  
Univ. of Baghdad

Omar. H. Al-Rawi  
Dept. of Field Crop Sci.  
Coll. of Agric.  
Univ. of Al-Anbar

### ABSTRACT

Yield and other quantitative traits of crop plants, are among the most important in studying genotypes grown in multi-environments. In this kind of studies, it is important to differentiate the best genotype in term of performance and stability across environments. For the minor and multi- genes controlling quantitative traits, the traits of genotypes will be different from environment to another. Modern agriculture requires determining the stable and high performance genotype. Such kind of studies requires analyzing data according to a specific equation or model. In this article, ten known equations were applied on simulated data of 13 genotypes grown in eight environments. These equations were of those published and well-known in literature. There were three important attributes defined in this article. The first, is defining the Ideal genotype as the one of highest performance and 100% stability, the second is the Optimum genotype: the one gets closer to the Ideal in performance and stability, and it was given clear values to be visually identified, and the third is next Optimum genotype that comes after the Optimum. The simplest equation to identify stable genotype was:  $Stability \% = (1 - S.D / \bar{X}_i)$  while only two equations succeeded to identify high performance and high stability genotype 1- Genotypic Resultant ( $GR = (1 - S.D / \bar{X}_i) \times (\bar{X}_i / \bar{X}..)$ ), 2- AMMI:  $Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum \lambda_n \zeta_{gn} \eta_{en} + \rho_{ge} + \epsilon_{ger}$ . Other equations, either failed to identify the Ideal or the Optimum, or next genotype to Optimum. Accordingly, the equations of Shukla, Wricke, Eberhard and Russell, Lin et al, and others, were of statistical approaches that do not fit G×E interaction analyses.

## المقدمة

تخضع أية صفة للكائن الحي أساساً لتأثير عوامل البيئة بدرجة أو بأخرى. إن الصفات الكمية ومنها بالدرجة الأساس حاصل النبات معرضة بدرجة كبيرة لتأثير عوامل البيئة أكثر بكثير من تأثير الصفات النوعية (1,9)، وبذا تكون صفات الصنف منها ما هو شبه ثابت أو ثابت مثل الصفات النوعية ومنها ما هو غير ثابت مثل الصفات الكمية (11,14). إن دراسة ثبات الصفات الكمية يقع أساساً ضمن دراسة تداخلات الوراثة  $\times$  البيئة. إن قابلية التركيب الوراثي على إظهار الصفة مرتبط بالأنوع الوراثي (9, 21). لقد قسم Allard و Bradshaw (2) تأثير البيئة إلى عوامل يمكن السيطرة عليها وهي التربة وموعد الزراعة والكثافة النباتية والأسمدة، وعوامل أخرى لا يمكن السيطرة عليها وتشمل الأمطار والحرارة والإضاءة والرطوبة النسبية، وكلها ذات علاقة بأداء الصنف وتغاير صفاته.

إن التداخل الوراثي  $\times$  البيئي ( $GEI = Genotype \times Environment Interaction$ ) هو معيار إحصائي هام يستخدم عندما تزرع عدة تراكيب وراثية في عدة بيئات، وقد تُدرس هذا الموضوع من قبل عدة باحثين في هذا المجال (6,15,16). هنالك عدة مفاهيم للثبات وللطرائق الإحصائية المستخدمة في تحليله والتي دعمت بمصادر لعدد من الباحثين (12,16,19,20,21). إن العديد من المراجع والبحوث وصفت نماذج مختلفة للتداخل المذكور منها ما هو خطي ومنها ما هو غير خطي (3,19).

هنالك ثلاثة تعاريف للثبات أوردها Lin وآخرون (16) وهي 1 - يعد التركيب الوراثي ثابتاً إذا كان تباين الصفة من بيئة لأخرى صغيراً 2 - يعد التركيب الوراثي ثابتاً إذا كانت الاستجابة للبيئات مساوية لمعدل استجابة كل التراكيب الوراثية في التجربة 3 - يعد التركيب الوراثي ثابتاً إذا كان معدل مربعات الخطأ عن الانحدار في البيئة المحددة صغيراً، فيما حدد كل من Becker و Leon (4) مفهومين مختلفين للثبات وهما: 1 - الثبات الإحصائي. 2- الثبات الديناميكي، ولكل منهما تعاريفه.

هناك عدة طرائق إحصائية استخدمت لتحديد عوامل البيئة وكذلك تحديد الأصناف الثابتة في تجارب تعدد البيئات (Multiple Environment Trials = MET) وذلك لأن التراكيب الوراثية الثابتة الأداء ربما ليست ذات حاصل عالٍ لذا فإن استخدام الطرائق التي تجمع بين أداء الحاصل العالي والثبات أصبحت مهمة في الوقت الحاضر لأجل اختيار التركيب الوراثي الملائم لتلك البيئة (14). يقال عن الصنف بأنه ثابت عندما يعطي حاصلًا أفضل من غيره في البيئات الضعيفة وحاصلًا أعلى نسبيًا في البيئات المناسبة (9). أما الصنف المثالي (Ideal) فهو الصنف الذي يعطي حاصلًا أعلى في الظروف الجيدة مع أعلى درجة ثبات في كل البيئات المدروسة أو بمعنى آخر هو ذلك الصنف الذي يملك أعلى أداء مع قيمة انحراف للصفة عبر البيئات بمعدل  $\pm 5\%$  (9)، وهذا قلما يكون في واقع الحال.

كان الغرض من هذا البحث هو لأجل اختيار أفضل طريقة لتحديد الصنف الأمثل (Optimum) الذي يعطي أعلى حاصل عن معدل الأصناف وأعلى درجة ثبات، وإن أي صنف أو تركيب وراثي تصل أو تقترب قيمته من قيم الصنف المثالي (Ideal) هو الذي يعد ثابتاً (الصنف الأمثل). عليه فقد تم وضع أفق جديد في هذا البحث يتلخص في نقطتين لتحديد الصنف المثالي والأمثل وذلك من خلال أولاً - وضع فكرة الصنف المثالي (Ideal) الذي حدد ضمن التعريف الجديد بأنه ذلك الصنف الذي يكون ثباته للصفة 100% ومعدل حاصله يساوي حاصل أعلى صنف من الأصناف قيد البحث وليس أعلى من المعدل فقط وبذا فهو معيار نظري بحت. ثانياً - وضع تعريف للصنف الأمثل (Optimum) بأنه ذلك الصنف الذي يقترب معدل حاصله عبر البيئات من حاصل الصنف المثالي مع أعلى قيمة ثبات بين الأصناف المدروسة. وضعت بيانات افتراضية لعدة تراكيب وراثية واقعة تحت تأثير عدة بيئات، وتم اختيار بعض المعادلات الإحصائية المعتمدة أكثر في المراجع وقورنت فيما بينها لتحديد الصنف الأمثل من بين الأصناف المدروسة، وذلك بحسب اعتبارات معالم كل معادلة، وبالاستناد إلى تشخيص الصنف الأمثل الذي

## الساهوكي والراوي .

### المواد والطرائق

تم وضع مثال عددي لقيم التداخل الوراثي × البيئي، إذ ضم المثال بيانات لحاصل الحبوب (طن/هـ) لثلاثة عشر تركيباً وراثياً من محصول ما مزروع في ثمان بيئات (جدول ١)، حيث ان  $X_{ij}$  = معدل صفة التراكيب الوراثية ضمن البيئات ،  $i$  = تمثل التراكيب الوراثية genotype و  $j$  = تمثل البيئات environment و  $\bar{X}_i$  = معدل الصفة للتركيب الوراثي عبر البيئات المدروسة و  $\bar{X} \cdot j$  = معدل الصفة لبيئة واحدة عبر التراكيب الوراثية و  $\bar{X} \cdot \cdot$  = المعدل العام للصفة لجميع التراكيب الوراثية في جميع البيئات ، ولجميع المعادلات المتضمنة لهذه الرموز. بعد أن وضعت البيانات الافتراضية ، تم تحليل التغيرات التجميعي لها بحسب تصميم القوالب الكاملة المعشاة وبمكررين (جدول 2) . اعتمدت عدة معادلات إحصائية وقورنت نتائجها فيما بينها للحصول على أفضلها في تشخيص الصنف الأمثل (جدول 3)، فيما تم رسم أداء وثبات كل تركيب وراثي بالاعتماد على نقطتين هما معدل الأداء وقيمة الثبات وبحسب كل معادلة ، والمعادلات هي:

١- التباين  $Si^2$  : التي وضعها . Lin واخرون (16)

$$Si^2 = \sum (X_{ij} - \bar{X}_i)^2 / q - 1 , q = \text{environment}$$

٢-  $Stability \%$  : التي وضعها Elsahookie (١٠)

$stability \% = (1 - S.D / \bar{X}_i) \times 100$  والتي اشترط فيها ان قيمة الثبات يجب أن تكون مساوية أو أكثر من 85% وإلا فان التركيب الوراثي يعد غير مستقر.

٣- مربع الانحرافات  $Si^2$ : التي وضعها Elsahookie (١٠)

$$Si^2 = \sum (X_{ij} - \bar{X} \cdot j)^2 / q - 1 , q = \text{environment}$$

تشير المعادلة إلى إن الصنف الثابت يجب ان يكون التباين له اقل من 15% .

٤- معامل الانحدار b : المعادلة التي وضعها

$$b = \sum (X_{ij} - \bar{X}_i) (\bar{X} \cdot j - \bar{X} \cdot \cdot) / \sum (X_{ij} - \bar{X}_i)^2 \quad \text{Elsahookie (10)}$$

حيث يعد التركيب ثابتاً عندما تكون قيمة (b) مساوية الى واحد ويقل الثبات عندما تتعد عن واحد سلماً او إيجاباً .  
٥- مجموع مربع الانحرافات  $Wi^2$  : المعادلة التي وضعها Wricke (20):

$W^2 i = \sum (X_{ij} - \bar{X}_i - \bar{X} \cdot j + \bar{X} \cdot \cdot)^2$  والتي تشير إلى إن التركيب الوراثي الثابت هو الذي يمتلك اقل قيمة انحراف عن المعدل.

٦- تباين الثبات  $\delta^2 i$ : المعادلة التي وضعها Shukla (17)

$$\delta^2 i = \frac{P}{(P-2)(q-1)} \sum (X_{ij} - \bar{X}_i - \bar{X} \cdot j + \bar{X} \cdot \cdot)^2 - \frac{\sum \sum (X_{ij} - \bar{X}_i - \bar{X} \cdot j + \bar{X} \cdot \cdot)^2}{(P-1)(P-2)(q-1)}$$

تشير المعادلة إلى إن التركيب الوراثي المستقر هو الذي تكون قيمة التباين له ( $\delta^2 i$ ) اقل ما يمكن فيكون الأكثر ثباتاً ويأخذ الترتيب الأول حيث إن  $p = \text{genotype}$  و  $q = \text{environment}$  .

٧- معامل الانحدار b: المعادلة التي وضعها Finlay

$$b = \sum (X_{ij} - \bar{X}_i) (\bar{X} \cdot j - \bar{X} \cdot \cdot) / \sum (\bar{X} \cdot j - \bar{X} \cdot \cdot)^2 \quad \text{Wilkinson \& (12)}$$

والتي تمثل قيمة معامل الانحدار للتركيب الوراثي الذي يرتد على معدل التراكيب في البيئات، والتي تعني استجابة التركيب الوراثي للتغيرات عبر البيئات حيث تعد مقياساً للاستجابة وليس للثبات. تكون قيم معامل الانحدار ممثلة للمعاني التالية 1- قيمة b تقترب من واحد تعني ثباتاً جيداً للصنف ضمن المعدل 2- قيمة b اقل من واحد تعني ثباتاً أعلى من المعدل 3- قيمة b أكثر من واحد تعني ثباتاً اقل من المعدل .

٨- المحصلة الوراثية : المعادلة التي وضعها

$$GR = (1 - S.D / \bar{X}_i) \times (\bar{X}_i / \bar{X} \cdot \cdot) \quad \text{Elsahookie (9)}$$

والتي تشير الى ان قيمة هذا المقياس كلما كانت أكثر من واحد ( بصورة أعلى ) فإنها تعني إن الصنف يمتلك ثباتاً عالياً وحاصلاً عالياً . ان هذه المعادلة هي الوحيدة من بين المعادلات المستخدمة في المراجع التي تجمع بين مستوى

الأداء للصف ونسبة الثبات للصفة . من الجدير بالذكر ان قيمة الثبات المستخدمة في هذه المعادلة هي الناتجة من

المعادلة الثانية التي ذكرت آنفا (10) والمبينة كذلك في جدول3.

$\alpha g$  = متوسط انحراف التركيب الوراثي ،  $\beta e$  = متوسط انحراف البيئات و  $N$  = عدد القيم المفردة المحللة المتبقية في المحاور و  $\lambda n$  = القيمة المفردة للمكون الرئيسي  $n$  و  $\zeta gn$  = قيم اعمدة المصفوفة بالنسبة للتركيب الوراثي و  $n$  من المكونات و  $\eta en$  = قيم اعمدة المصفوفة بالنسبة للبيئة و  $n$  من المكونات و  $\rho ge$  = المتبقي و  $\epsilon ger$  = الخطأ .  
تم وضع أداء التراكمات الوراثية في أربع مجاميع (مخطط 1) وذلك بالمقارنة مع الصنف المثالي (Ideal) الذي يمتلك أعلى حاصل و 100% ثبات. كما يوضح جدول 1 متوسطات الصفة للتراكيب الوراثية النامية في البيئات ، وتحليلها الإحصائي (جدول 2) .

٩- الانحراف عن خط الانحدار  $\delta^2 i$  : التي وضعها Eberhart and Russell (7) :

$$\delta^2 i = \frac{1}{E-1} \sum (X_{ij} - \bar{X}_{i.})^2 - \beta i^2 \sum (\bar{X}_{.j} - \bar{X}_{..})^2$$

$\beta i = \sum (X_{ij} - \bar{X}_{i.} - \bar{X}_{.j} + \bar{X}_{..}) (\bar{X}_{.j} - \bar{X}_{..}) / \sum (\bar{X}_{.j} - \bar{X}_{..})^2$  ،  $q = \text{environment}$   
والتي تنص على ان ترتيب التراكمات الوراثية يكون على أساس ان التركيب الذي تكون قيمته ( $\delta^2 i$ ) اقل ضمن التراكمات هو الأكثر ثباتا .

١٠- Gauch & Zobel (13)

$Y_{ger} = \mu + \alpha g + \beta e + \sum \lambda n \zeta gn \eta en + \rho ge + \epsilon ger$   
حيث ان :  $Y_{ger}$  = الحاصل للتركيب الوراثي  $e g e$  في البيئة  $e$  والتكرار  $r$  و  $\mu$  = المتوسط العام ،

جدول 1. قيم متوسطات حاصل الحبوب (طن/هكتار) لثلاثة عشر تركيبا وراثيا نامية في ثمان بيئات

	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	$\bar{X}_{i.}$
G1	3	2.5	2.5	1.5	2.5	2	1.5	2.5	2.25
G2	2.5	2.5	1.5	1.5	3.5	2.5	2.5	1.5	2.25
G3	2	2	3	2.5	3	2.5	3.5	1.5	2.5
G4	9	8.5	9.5	10.5	5.5	11	8.5	13.5	9.5
G5	6.5	10.5	8.5	13	7.5	10.5	9	11	9.56
G6	6	6.5	11.5	5	13.5	9.5	14.5	9.5	9.5
G7	4	3.5	3.5	3.5	3.5	4	3.5	3.5	3.62
G8	4.5	4.5	4.5	5.5	4.5	4.5	4.5	5.5	4.75
G9	3.5	3.5	3.5	3	3.5	3.5	4	4	3.56
G10	13.5	13.5	13.5	14.5	14.5	13.5	14.5	14.5	14
G11	11.5	11.5	11	12	11.5	11	11	11.5	11.37
G12	12	13	12.5	13.5	13.5	12.5	13.5	13.5	13
G13	15.1	15	15.2	15.3	15.1	15.25	15	15.15	15.13

TOTAL	93.1	97	100.2	101.3	101.6	102.25	105.5	107.15	
$\bar{X}^{-.j}$	7.16	7.5	7.7	7.8	7.81	7.86	8.11	8.24	7.77

جدول 2 . تحليل التباين للتداخل الوراثي  $\times$  البيئي (ANOVA)

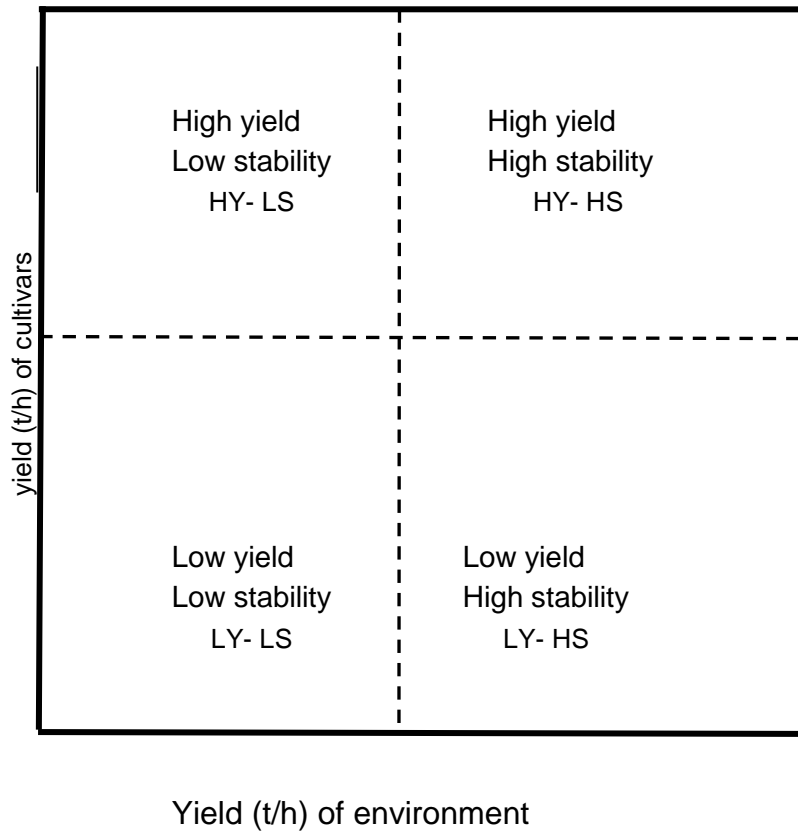
s.o.v	d.f	s.s	m.s
G	12	4405.75	367.14
E	7	21.39	3.05
GE	84	321.18	3.82
Error	104	64.5	0.62
Total	207	4812.82	

جدول 3 . المعادلات الإحصائية المستخدمة في البحث

No.	Equations (E)	Author/ User
E1	$S_i^2 = \sum (X_{ij} - \bar{X}_i.)^2 / q - 1$ , q = environment	Lin et al ( 16 )
E2	$stability \% = ( 1 - S.D / \bar{X}_i.) \times 100$	Elsahookie(10)
E3	$S_i^2 = \sum (X_{ij} - \bar{X}.j)^2 / q - 1$	Elsahookie (10)
E4	$b = \sum (X_{ij} - \bar{X}_i.) (\bar{X}.j - \bar{X}..) / \sum (X_{ij} - \bar{X}_i.)^2$	Elsahookie (10)
E5	$W^2_i = \sum (X_{ij} - \bar{X}_i. - \bar{X}.j + \bar{X}..) ^2$	Wricke ( 20 )
E6	$\delta^2_i = \frac{P}{(P-2)(q-1)} \sum (X_{ij} - \bar{X}_i. - \bar{X}.j + \bar{X}..) ^2 - \frac{\sum \sum (X_{ij} - \bar{X}_i. - \bar{X}.j + \bar{X}..) ^2}{(P-1)(P-2)(q-1)}$ P = genotype q= environment	Shukla ( 17 )
E7	$b = \sum (X_{ij} - \bar{X}_i.) (\bar{X}.j - \bar{X}..) / \sum (\bar{X}.j - \bar{X}..) ^2$	Finly & Wilkinson (12)
E8	$GR = ( 1 - S.D / \bar{X}_i.) \times (\bar{X}_i. / \bar{X}.)$	Elsahookie (9)
E9	$\delta^2_i = \frac{1}{E-1} \sum (X_{ij} - \bar{X}_i.) ^2 - \beta^2 \sum (\bar{X}.j - \bar{X}..) ^2$ $\beta_i = \sum (X_{ij} - \bar{X}_i. - \bar{X}.j + \bar{X}..) (\bar{X}.j - \bar{X}..) / \sum (\bar{X}.j - \bar{X}..) ^2$ q= environment	Eberhart and Russell (7)

E10	AMMI $Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum \lambda n \zeta_{gn} \eta_{en} + \rho_{ge} + \epsilon_{ger}$	Gauch and Zobel( 13 )
-----	---	-----------------------

### The Ideal Cultivar



مخطط 1. تقسيم التراكيب الوراثية بحسب الثبات في المجاميع الأربعة التي تحتل كل منها ربعاً من أرباع المربع.

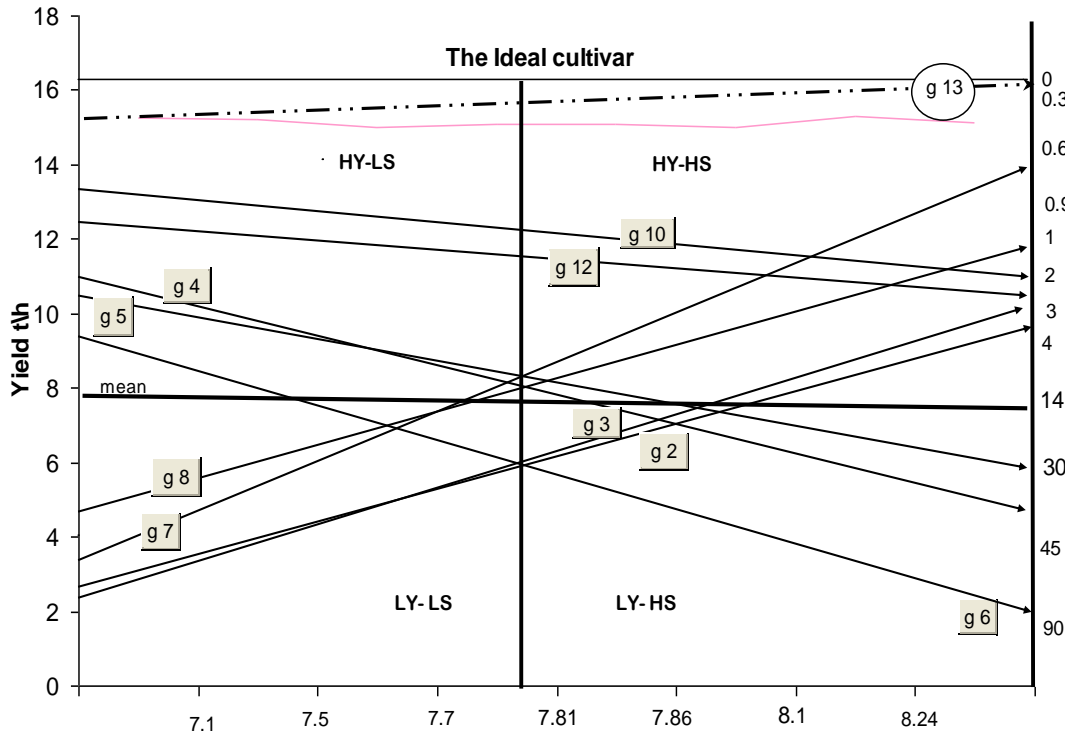
#### النتائج والمناقشة

تطرق هذا البحث إلى نقطتين هامتين جديدتين لم يسبق إليهما أي من الباحثين من قبل، الأولى وضع تعريف جديد للصفة المثالية ( Ideal ) بأنه ذلك الصنف الذي يمتلك أعلى قيمة للصفة مساوية لما أعطاهها أعلى أصناف البحث ومتماثلة عبر البيئات ، أي ان الثبات 100% ، والثانية وضع قيم افتراضية للصفة الأمثل (Optimum) من بين

الأصناف المدروسة في البحث بإعطائه حاصلًا عاليًا متماثلًا عبر البيئات و يقع مباشرة تحت الصنف المثالي، بحيث يمكن تشخيصه بمجرد النظر الى قيمه وهو المشار إليه بالرمز G13 ، وان المعادلة التي تعتمد وتشخص هذا الصنف الافتراضي الواضح التميز بأنه الأمثل هي المعادلة التي يوصى باستخدامها في تشخيص الصنف الأمثل (عالي الحاصل والثبات) .

تم حساب مكونات التباين للصفة المدروسة، إذ أوضح جدول 2 معنوية التداخل الوراثي  $\times$  البيئي مما يدل على وجود تأثيرات معنوية للبيئة في ثبات تلك الصفة، أو استجابات متباينة للأصناف عبر بيئات البحث. انه من المعلوم أن المعادلات المستخدمة في تحليل الثبات تختلف من حيث طريقة تطبيقها واستنتاجاتها لوصف الصنف الثابت مع أدائه الأعلى، لذا فقد اعتمدت عدة طرائق لتحديد

الصنف الأمثل في هذا البحث منها ما اعتمد على قياس التباين واخرى على مجموع انحرافات المربعات وكذلك تحليل معامل الانحدار (جدول 3). إن قيم نتائج المعادلات قد وضعت في جدول 4 حيث يوضح قيم تلك المعادلات مع تسلسل كل تركيب شخصته كل معادلة، وفيما يلي مناقشة نتيجة لمعادلة:



متوسط الحاصل (طن/ هكتار) للبيئات

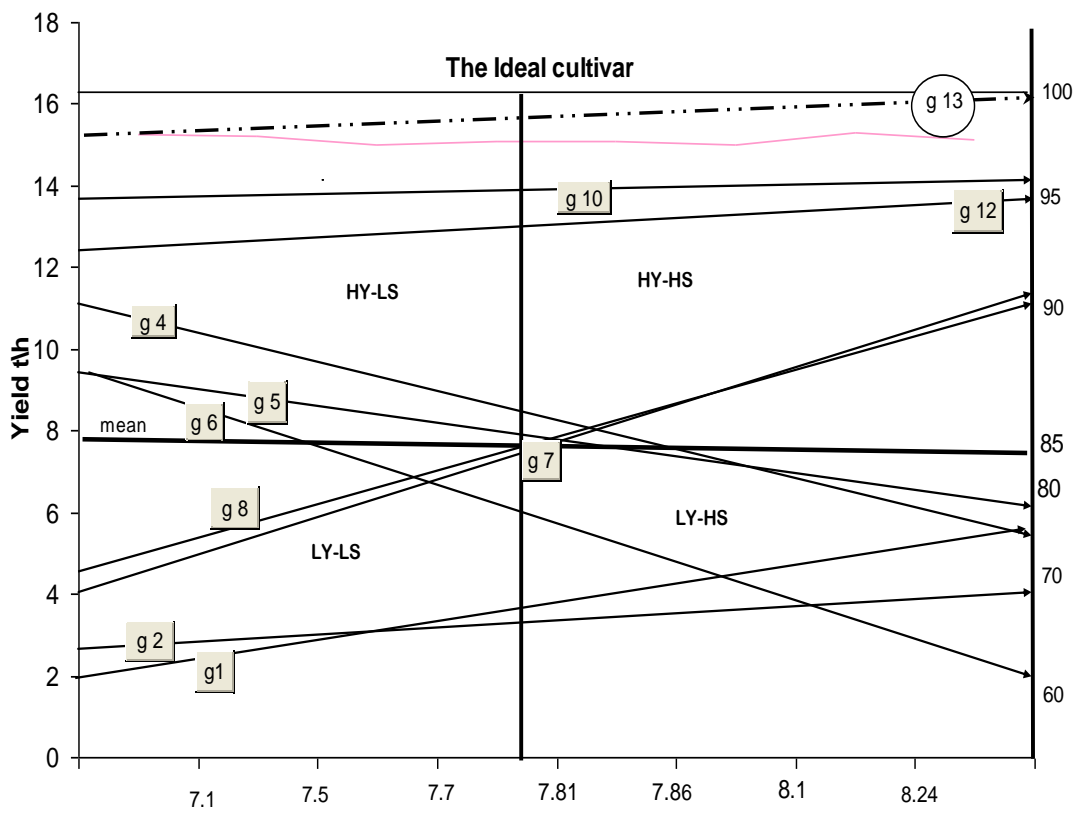
شكل 1 . تشخيص سلوك الأصناف باعتماد المعادلة التي وضعها Lin و آخرون (16) .

G13 أقل قيمة للتباين بلغت 0.01 وكان حاصل هذا التركيب اعلى حاصل ضمن التركيب الوراثية واقتربت قيمته في الثبات المظهري من قيمة الصنف المثالي ضمن المخطط الموضوع. لقد نجحت هذه المعادلة بتشخيص التركيب الأمثل الذي يقترب من المثالي . يلاحظ من الشكل ان التركيب الثاني بعد التركيب الامثل كان التركيب G7

الشكل القيم التي تعطيها المعادلة لتشخيص الصنف. معادلة 1 : التباين  $S_i^2$  اعتمدت المعادلة على قيمة مربعات الانحرافات عن المعدل لقياس الثبات المظهري، حيث يعد التركيب الوراثي ثابتا إذا كان تباينه أقل ما يمكن مقارنة بالتركيب الأخرى . أعطى التركيب الوراثي

بينما هو التركيب G10 وبذا فان هذا ضعف واضح في هذه المعادلة من حيث التشخيص لان حاصله أوطأ من المعدل العام ، وبذا فهي تصلح لتشخيص الصنف الأمثل لكنها (المعادلة) اقل دقة بالمقارنة مع المعادلات الاخرى

لان التباين في المعادلة ينسب القيمة لمعدل الصنف فتشخص الأصناف الثابتة (9,1) بهذه الطريقة من دون تشخيص دقيق لتسلسل الأصناف بحسب أدائها للصفة الكمية المدروسة.



متوسط الحاصل (طن / هكتار) للبيئات

شكل 2 . تشخيص سلوك الأصناف باعتماد معادلة Elsahookie ( 10 )

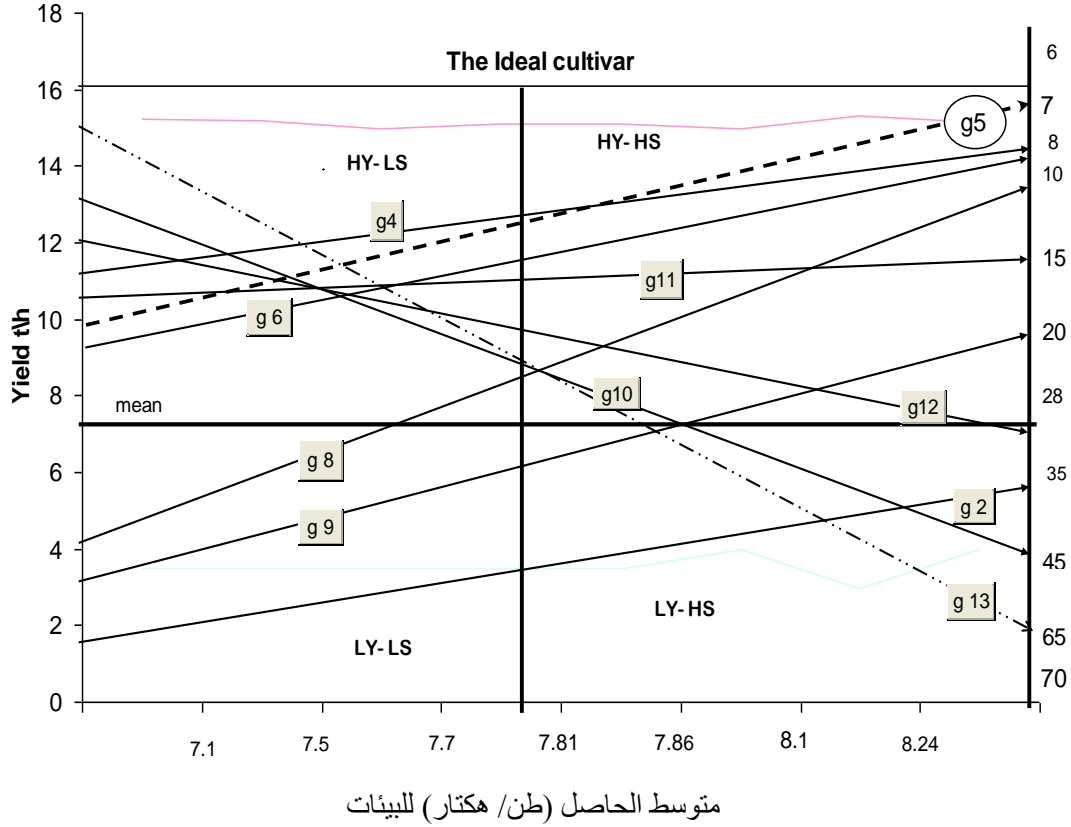
( 99.27% ) واقتربت قيمة هذا التركيب من قيمة الصنف المثالي الذي يمتلك درجة ثبات 100%. لقد نجحت هذه المعادلة في تشخيص التركيب الأمثل ويلاحظ من شكل 2 ان التركيب الثاني الذي يلي التركيب الأمثل كان التركيب G10 حيث كان حاصل هذا التركيب يأتي بعد التركيب الامثل واعلى من المعدل العام (14 طن/هكتار) ، وهذا ما

$stability\% = (1 - S.D / \bar{X}_i) \times 100$  يمثل العمود الأيمن في الشكل القيم التي تعطيها المعادلة لتشخيص ثبات الصنف . معادلة 2 : (Stability %) تنص على أن التركيب الوراثي يعد ثابتا اذا كانت قيمه تساوي أو أكثر من 85% ، وقد أعطى التركيب الوراثي G13 أعلى قيمة للثبات



وذلك من خلال إعطائها النتائج على شكل نسبة مئوية تسهل على القارئ تشخيص الصنف الثابت بدلا من القيم الأخرى التي تمتاز بالتعقيد نظرا لكون تلك القيم مطلقة.

أكده الساهوكي ( 9 ) من أن تلك المعادلة تعد من بين أفضل المعادلات في دقتها وفي تحديدها للصنف الأمثل وما بعده، وتميزت هذه المعادلة بالسهولة في التطبيق والوضوح



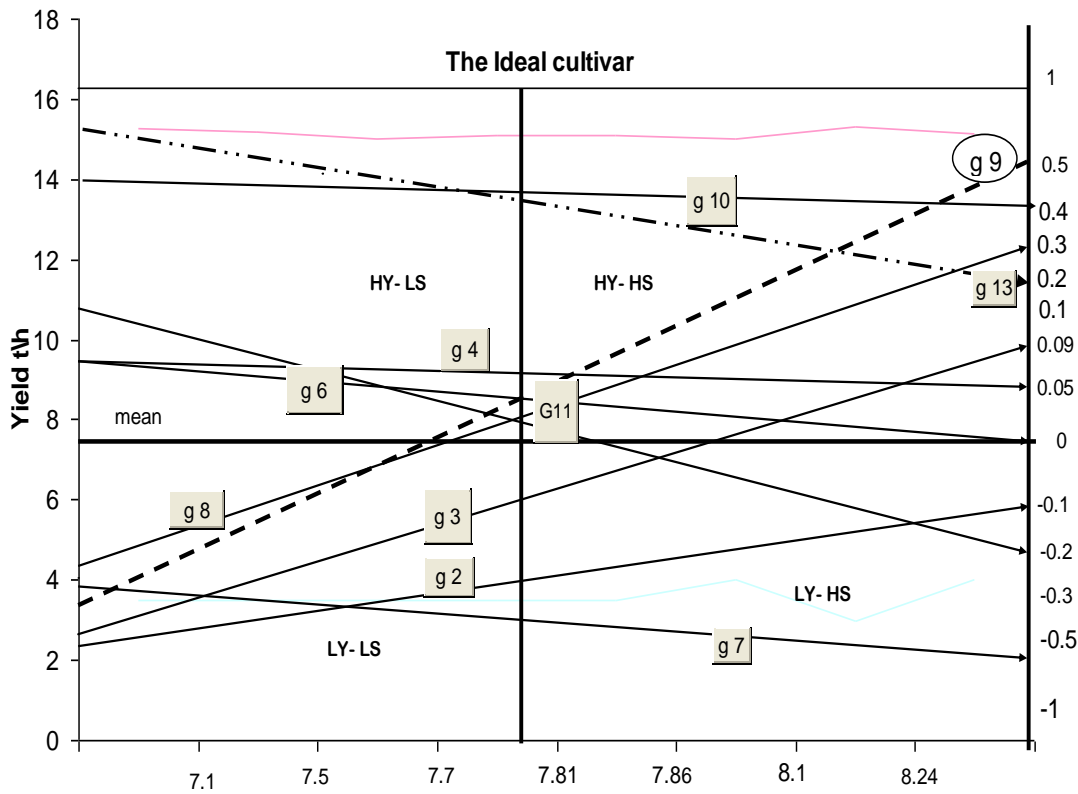
شكل 3. تشخيص سلوك الأصناف باعتماد المعادلة التي وضعها Elshookie (10)

قيمة انحراف ( 7.51 ) الا أن هذا التركيب كان معدل حاصله ( 9.56 طن/ه) وهو أعلى من المعدل العام إلا أن حاصله لم يقترب من قيمة حاصل الصنف المثالي او الذي يلي المثالي وكما في الشكل 3. لم تنطبق نتائج هذه المعادلة مع التعريف الموضوع للصنف المثالي والأمثل وكذلك لم

يمثل العمود الأيمن في  $S_i^2 = \sum (X_{ij} - \bar{X}_{.j})^2 / q - 1$  الشكل القيم التي تعطيها المعادلة لتشخيص ثبات الصنف . معادلة 3 : تعتمد هذه المعادلة مجموع مربعات الانحراف  $S_i^2$  حيث يعد التركيب ثابتا إذا امتلك اقل قيمة انحراف عن المعدل العام للأصناف . أعطى التركيب الوراثي G5 اقل

تقع قيمه ضمن المخطط الموضوع . لقد أكد الباحث المذكور ( 9 ) ان تلك المعادلة كانت من المعادلات الضعيفة في اختبار الثبات من بين العديد من المعادلات المطبقة في البحث وبذا فان هذه المعادلة غير مناسبة لتقدير الثبات ، ولا تصلح لتشخيص الصنف الأمثل الذي هو

موضوع البحث لأنها اعتمدت معايير إحصائية بحتة تعتمد في قيمتها على مربعات المتغيرات بين متوسطات أداء الصنف ومتوسط الأصناف ، وبذا فكلما زاد معدل أداء الصنف كلما ابتعد عن متوسط الأصناف فترتفع قيمة المربعات.



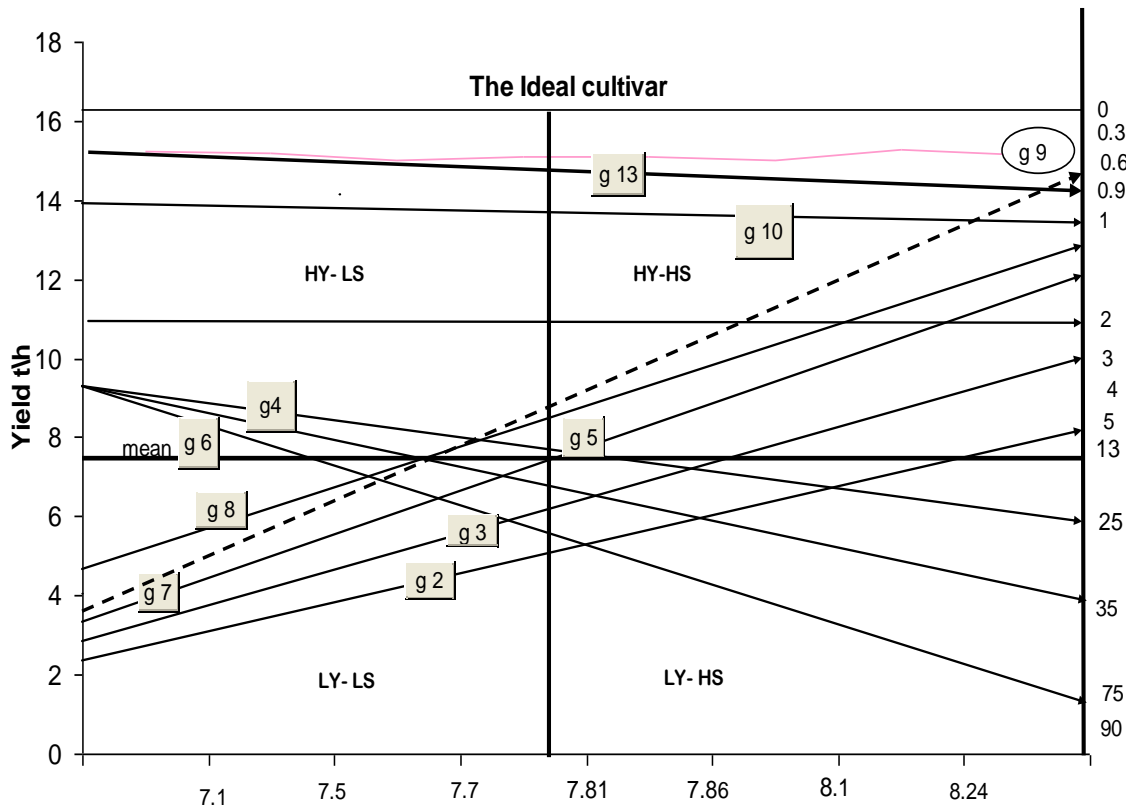
متوسط الحاصل (طن/ هكتار) للبيانات

شكل 4 . تشخيص سلوك الأصناف معادلة Elshahookie (10)

الصفة الأمثل، لقد ذكر نفس الباحث (9) ان تلك المعادلة تأتي في المرتبة الثانية من بين العديد من المعادلات في اختبار الثبات وهي اقل دقة في تحديد الصنف الأمثل، فيما ذكر Al-Rawi و Elshookie (1) أيضا أن من مميزات هذه المعادلة هو ان الثبات المظهري للتركيب الوراثي يكون معتمدا على سلوكه في البيئات المختلفة بمعزل عن قيم سلوك التراكيب الأخرى، وبذا فهي لا تصلح لتقدير الصنف الأمثل ولكنها تصلح لتقدير الثبات مثل المعادلات الأخرى كونها ذات معايير إحصائية بحتة.

$$b = \frac{\sum (X_{ij} - \bar{X}_i)(\bar{X}_j - \bar{X}_{..})}{\sum (X_{ij} - \bar{X}_i)^2}$$
 يمثل العمود الأيمن في الشكل القيم التي تعطيها المعادلة لتشخيص ثبات الصنف .

معادلة 4 : تعتمد معامل الانحدار b ، بينت المعادلة أن التركيب الوراثي G9 أعطى قيمة انحدار 0.538 ( شكل 4 ) في حين ان حاصل هذا التركيب الوراثي منخفض عن المعدل العام لجميع التراكيب ولم تقترب قيمته من قيمة الصنف المثالي، فيما نجحت هذه المعادلة بتشخيص الصنف الذي يلي الصنف الأمثل وهو التركيب الوراثي G10 الذي كان معدل حاصله اعلى من المعدل العام ويقترب من حاصل



متوسط الحاصل (طن/ هكتار) للبيئات

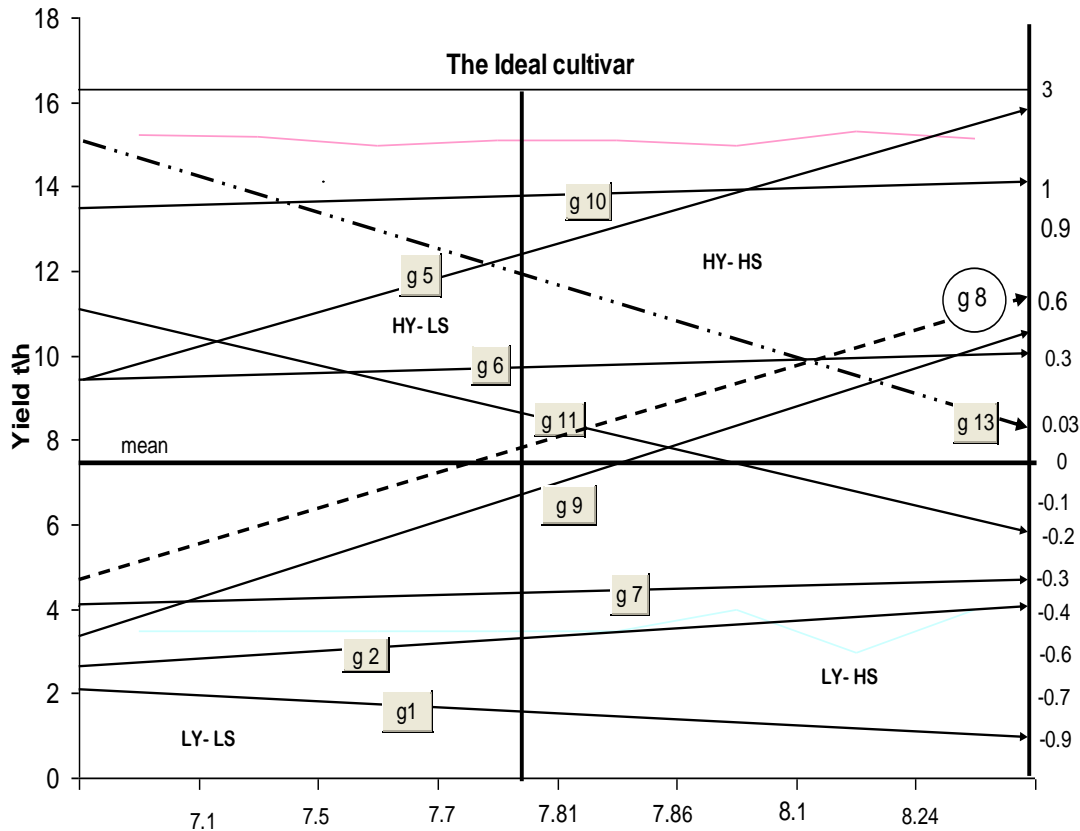
شكل 5 . تشخيص سلوك الأصناف باعتماد معادلة Wricke (20)

$W^2i = \sum (Xij - \bar{X}i. - \bar{X}.j + \bar{X}..) ^2$  يمثل العمود الأيمن في الشكل القيم التي تعطىها المعادلة لتشخيص ثبات الصنف .

معادلة 5 : تعتمد مجموع مربعات الانحرافات (  $W^2i$  ) وأن التركيب الوراثي الذي يمتلك اقل قيمة للانحراف عبر البيانات يعد ثابتاً . أعطى التركيب الوراثي G9 اقل قيمة لمجموع مربعات الانحرافات ( 0.738 ) ( شكل 5 ) إلا أن هذا التركيب ذو حاصل منخفض عن المعدل العام لجميع التراكيب ولم تقترب قيمته من قيمة الصنف المثالي ، وبذا فقد شخصت المعادلة الصنف الذي يلي الصنف المثالي وهي بذلك لا تصلح لتشخيص الصنف الأمثل G13 بسبب جعلها الصنف الأمثل في المرتبة الثانية بعد صنف اخر اقل منه في الحاصل اذ جاء تسلسل G13 بعد G9 ، وهو خطأ ظاهر من دون الحاجة إلى اعتماد تلك المعادلة .

معادلة 6 : تعتمد على قيمة تباين الثبات  $\delta^2i$  ( 17 ) ، إن تباين

الثبات للتركيب الوراثي عبر البيانات يكون بعد إزالة التأثير الرئيسي للبيانات وبما ان التأثير الرئيسي للتركيب الوراثي هو مقدار ثابت فان تباين الثبات لهذه المعادلة سوف يعتمد على GE+eij وهذا ما يطلق عليه تباين الثبات ، وان التركيب يكون ثابتاً إذا كان تباينه مساوٍ لتباين الخطاء التجريبي والذي يساوي صفرأ . ان تباين الثبات لمعادلة Shukla ومجموع مربعات الانحراف في معادلة ( Wricke ) هما متماثلين ومتطابقين إحصائياً في تحديد رتب الثبات (أي ان الشكل 6 هو مثل الشكل 5 ولهذا لم يرسم ) حيث ان نفس الرتب التي تحتلها التراكيب في معادلة Wricke نفسها في معادلة Shukla (21) . فشلت هذه المعادلة في تشخيصها للصنف الأمثل والذي يليه حيث شخصت G9 هو الأقل تبايناً وهو الأقرب إلى الصنف المثالي والذي يليه وهو G13 وهذا خطأ واضح في تشخيص الصنف الأمثل والذي يليه في هذه المعادلة .

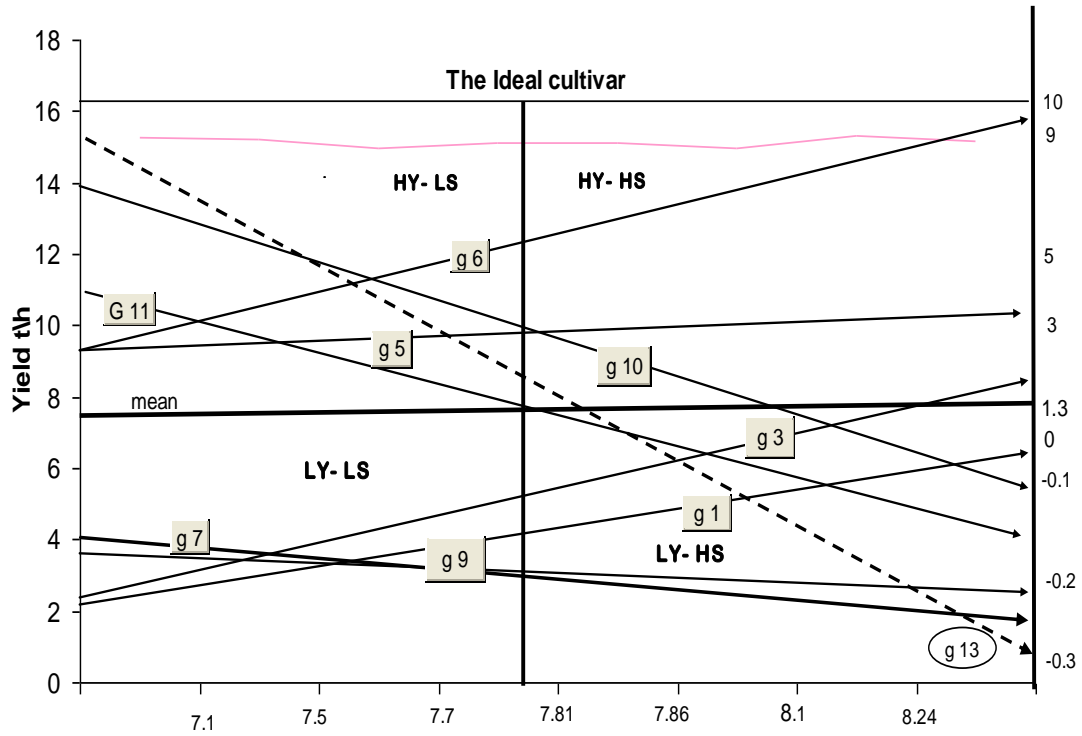




شكل 8 . تشخيص سلوك الأصناف باعتماد معادلة Elsahookie (9)

للأصناف (شكل 8). لقد نجحت هذه المعادلة كذلك في تشخيص التركيب الذي يلي الأمثل G10 وهذا يدل على دقة المعادلة في تشخيص الصنف الأمثل والصنف الذي يليه ، ولو قمنا برسم بيانات بقية الأصناف في البحث لأصبحت لدينا صورة واضحة لموقع كل تركيب وراثي في الرتب الأربع المبينة في شكل 8 . نجد الآن أن التركيبات G10 و G12 هما ضمن المربع HY-HS والتركيبات G5 و G6 ضمن HY-LS و G7 و G8 ضمن LY-HS و G2 و G3 ضمن LY-LS وهي مطابقة للبيانات الموضحة في مخطط 1 .

( $\bar{X}i. / \bar{X}..$ )  $\times$  ( $1 - S.D / \bar{X}i.$ ) يمثل العمود الأيمن في الشكل القيم التي تعطيها المعادلة لتشخيص ثبات الصنف .  
معادلة 8 : تعتمد المحصلة الوراثية GR التي تشير إلى أن الصنف الثابت يجب ان يمتلك المحصلة الوراثية الأكبر، وهي عادة أكثر من واحد، وبذا فانا نجد أن الصنف الأمثل بحسب المعادلة هو G13 الذي أعطى أعلى قيمة (1.93) وأعلى حاصل (15.13 طن/هـ) واقتربت قيمة هذا التركيب من قيمة الصنف المثالي ، لذا فان هذه المعادلة مميزة وفعاله وبسيطة في تشخيص الثبات



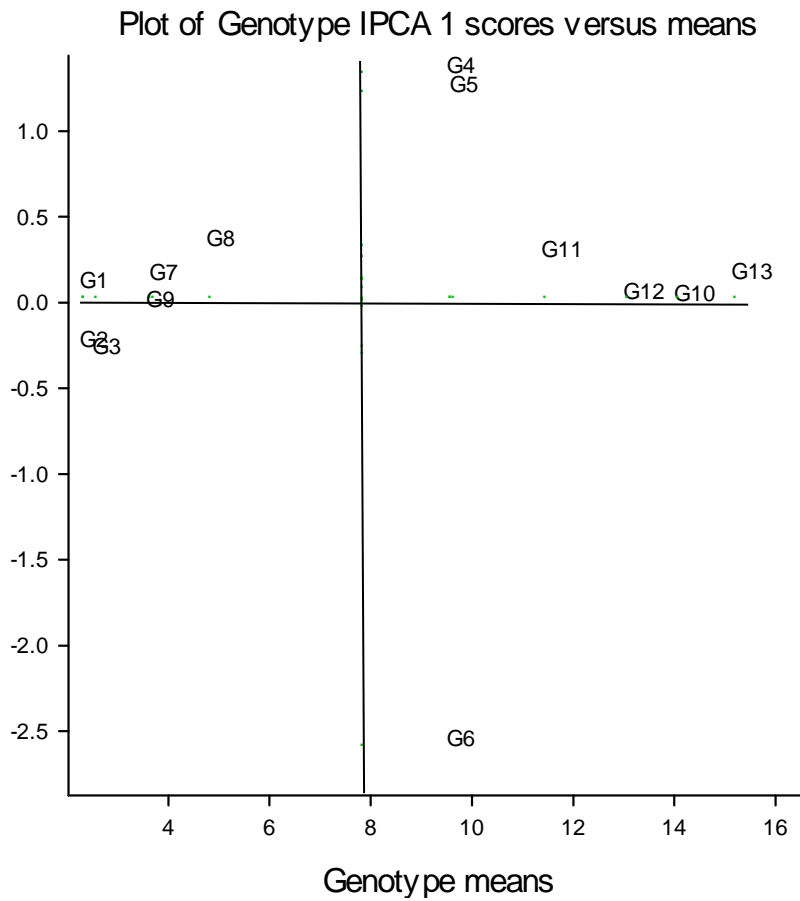
متوسط الحاصل (طن/ هكتار) للبيئات

شكل 9 . تشخيص سلوك الأصناف باعتماد معادلة Russell و Eberhart (7)

المعادلة في تشخيص الصنف الأمثل لكنها فشلت في تشخيص الصنف الذي يليه (شكل 9). ان استخدام هذه المعادلة واجه انتقادات من بعض الباحثين (10 و 16) وذلك لضعف المعادلة في تشخيص الصنف الذي يلي الصنف الثابت اذ أنها معادلة إحصائية بحثة لاستخراج قيمة الانحدار . إذ يبين الشكل 9 أن الصنف الأمثل كان التركيب G13 ثم الذي يليه و هو التركيب G7 ثم التركيب G9 ، بينما الذي يلي الصنف الأمثل هو G10 إذ ان حاصل كلا التركيبين كان اقل من المعدل العام لجميع التركيب الداخلة ضمن البحث.

العمود الايمن في الشكل القيم التي تعطيها المعادلة لتشخيص ثبات الصنف .

معادلة 9 : الانحراف عن معامل الانحدار  $\delta^2_i$  والتي تعد من بين أقدم الطرائق المستخدمة في تقدير الثبات مع كثرة شيوعها بين الباحثين ، حيث اعتمادا على قيمة الانحراف عن خط الانحدار لقياس الثبات . إذ يعد التركيب الوراثي ثابتا إذا كانت قيمة الانحراف له اقل ما يمكن ضمن التركيب الداخلة في الدراسة . أعطى التركيب الوراثي G13 اقل قيمة انحراف (- 0.296) وبذا فقد نجحت



شكل 10 . تشخيص سلوك الأصناف باعتماد معادلة Zobel و Gauch (13)

$$Y_{ger} = \mu + \alpha g + \beta e + \sum \lambda_n \eta_{en} + \rho_{ge} + \epsilon_{ger}$$

جدول 5 . التراكيب الوراثية الأربعة المتميزة في البيئات الثمان بحسب أنموذج AMMI (١٣) .

Env.	First	four	AMMI	selections
E7	G13	G10	G12	G11
E8	G13	G10	G12	G4
E3	G13	G10	G12	G11
E4	G13	G10	G12	G11
E1	G13	G10	G12	G11
E2	G13	G10	G12	G6
E6	G13	G6	G10	G12
E5	G13	G10	G6	G12



هذه المعادلة في تشخيص الصنف الأمثل والذي يليه بصورة جيدة جدا و واضحة .

يتضح من مناقشة البيانات والأشكال حول كل معادلة لتشخيص الصنف الأمثل ثم الذي يليه ، ان المعادلتين :

$$stability\% = (1 - S.D / \bar{X}_i) \times 100$$

$$GR = (1 - S.D / \bar{X}_i) \times (\bar{X}_i / \bar{X}_{..})$$

وأنموذج AMMI فقط قد شخصت الصنف الأمثل ثم الصنف الذي يليه، بينما نجحت المعادلة التاسعة (  $\delta^2_i$  ) في تشخيص ثبات الصنف بغض النظر عن حاصله ، وبذا فهي تصلح لتشخيص الثبات من دون تشخيص الصنف الأمثل الذي وضعت معاييرها بصورة واضحة في هذا البحث. عليه نوصي من خلال هذا البحث باعتماد أي من المعادلات الثلاث قيد البحث .

ان نتائج تحليل انموذج AMMI = additive main effects and multiplicative interactions وهي للتأثيرات المضيفة الرئيسية والتداخلات المتعددة ، تكون على أساس بيانات الأصناف وليس على أساس بيانات البيئات . ان أنموذج تحليل AMMI يعطي قيم التراكيب الوراثية على شكل محاور الرسم البياني والتراكيب الوراثية التي تقترب قيمها من الصفر تعد الأكثر ثباتاً . من الشكل 10 نجد ان التركيب الوراثي G13 قد أعطى قيمة موجبة وتقترب من الصفر ثم التركيبان G10 و G12 . كذلك يبين الجدول 5 ان التركيب الوراثي G13 قد تميز في كل البيئات ثم الذي يليه وهو G10 وذلك في كل البيئات ، وهذا تأكيد على ما تم وضعه من تعريف للصنف الأمثل والذي يليه. لقد نجحت

جدول 4 . تسلسل التراكيب الوراثية في الثبات بحسب المعادلات المستخدمة في البحث

Geno.	yield	Eq.1	rank	Eq.2	rank	Eq.3	rank	Eq.4	rank	Eq.5	rank	Eq.6	rank	Eq.7	rank	Eq.8	rank	Eq.9	rank
G1	2.25	0.285	7	76.22	9	35.45	9	-0.34	12	4.22	9	0.539	9	-0.897	10	0.22	13	-0.073	8
G2	2.25	0.5	10	68.57	12	35.57	10	-0.11	10	5.06	10	0.68	10	-0.483	9	0.198	12	0.251	10
G3	2.5	0.428	9	73.8	11	67.8	13	0.098	6	3.02	8	0.336	8	0.37	4	0.237	11	0.176	9
G4	9.5	5.357	12	75.68	10	8.27	3	0.056	8	34.05	12	5.575	12	2.65	12	0.925	6	5.159	12
G5	9.56	4.388	11	78.13	8	7.51	1	0.074	7	26.96	11	4.378	11	2.85	13	0.961	5	3.832	11
G6	9.5	12.35	13	62.94	13	7.99	2	0.003	9	78.24	13	13.03	13	0.326	5	0.769	7	9.559	13
G7	3.62	0.054	2	93.61	5	19.9	6	-0.69	13	1.69	6	0.112	6	-0.328	8	0.436	9	-0.251	2
G8	4.75	0.214	5	90.31	7	10.62	4	0.33	4	1.30	5	0.046	5	0.621	1	0.552	8	-0.101	7
G9	3.56	0.102	3	91.01	6	20.36	7	0.538	1	0.74	1	-0.05	1	0.486	2	0.416	10	-0.214	3
G10	14	0.285	6	96.21	3	44.47	11	0.435	2	1.05	3	0.004	3	1.09	3	1.733	2	-0.129	5
G11	11.37	0.128	4	96.48	2	15.11	5	-0.18	11	1.99	7	0.162	7	-0.203	7	1.411	4	-0.158	4
G12	13	0.357	8	95.38	4	31.13	8	0.416	3	1.21	4	0.031	4	1.304	11	1.595	3	-0.105	6
G13	15.13	0.011	1	99.27	1	62.11	12	0.284	5	0.83	2	-0.03	2	0.035	6	1.933	1	-0.296	1

## المصادر

12. Finlay, K.W., and G.N.Wilkinson. 1963. The analysis of adaptation in plant breeding program. Aust.J. Agric. Res. 14: 742- 754
13. Gauch, H. G., and R.W.Zobel. 1996. AMMI analysis of yield trials. . in M.S Kang and H.G.Gauch. Genotype by Environment Interactin. CRC Press, Boca Raton, FL, p. 85-122.
14. Kenga, M. S. and X. M. Fan. 2007. Yield stability of maize hybrids evaluated in multi-environment trial in Yunnan,China. Agron.J.Statistics. 99: 220-228
15. Kang, M. S. 1990 . Genotype by environment interaction and plant breeding . Agron. J. 83: 161-165.
16. Lin, C.S., M.R.Binns, and L.P.Lefkovitch. 1986. Stability analysis: Where do we stand? Crop Sci. 26: 894-900.
17. Shukla, G. K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype – environmental components of variability. Heredity 29: 237-245.
18. Snijders, C. H. A., and F. A. Van Eeuwijk. 1991. Genotype× strain interactions for resistance to Fusarium head blight caused by *Fusarium culmorum* in winter wheat. Theor. Appl. Genet. 81: 239-244.
19. Van Eeuwijk, F. A. 1995. Linear and bilinear model for the analysis of multi – environment trials I.An inventory of model . *Euphytica* 84:1-7.
20. Wricke, G. 1962 . Übereine methode zur erfassung der ökologischen Streubreite in Feldversuchen Z. Pflanzenzuecht. 47: 92 – 96
21. Yan, W. and M. S. Kang. 2003. GGE Biplot Analysis:A Graphical Tool for Geneticsts, Breeders and Agronomists, CRC Press, Boca Raton, USA, FL., pp. 271.
1. Al – Rawi, W.M. and M. M. Elsahookie. 2004 .Genotype - environment interaction and phenotype stability of sunflower cultivars. The Iraqi. J.Agric.Sci. 35 (5) : 53 – 60.
2. Allard, R. W. and A.D.Bradshaw. 1964. Implication of genotype – environmental interaction in plant breeding . Crop Sci. 4: 503-508
3. Annichiarico, P. 2002. Genotype × Environment Interaction: Challenges and Opportunities for Plant Breeding and Cultivar Recommendations. FAO Plant Production and Protection 174. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, pp.79.
4. Becker, H. C. and J. Leon. 1988. Stability analysis in plant breeding. Plant Breeding. 101: 1-23
5. Cotes, J. M. and N. Estrada. 2002. Analyzing genotype by environment interaction in potato using yield- stability index. Amer. J. of Potato Res. 97: 211- 218.
6. Cooper, M., and G.L. Hammer.1996. Plant Adaptation and Crop Improvement. CAB International, Wallingford, UK, ICRISAT, Patancheru, India, and IRRI, Manila, Philippines, pp. 165
- 7.Eberhart, S.A. and W.A. Russell. 1966. Stability parameters for comparing varieties. Crop Sci. 6: 36-40.
8. Elsahookie, M. M. 1985. Homeostasis estimation for crop germplasm adaptation. J.Agric. Water Reso. Res.( special issue) 2(1) : 10 - 15
- 9.Elsahookie, M. M. 1990. Maize Production and Breeding. Mosul Press. Iraq. pp. 299
10. Elsahookie, M. M. 1996. Application on stability analysis of genotype . The Iraqi. J. Agric. Sci. 27(2) : 11-20.
- 11.Flores, F., M. T. Moreno and J.I.Cubero. 1998. A comparison of univariate and multivariate methods to analyze G×E interaction. Field Crops Research. 56: 271-286.

