نشریهٔ پژوهش‌های حبوبات ایران
جلد۵ شمارهٔ۲، صفحهٔ ۱۳۰-۱۱۹، نیمهٔ دوم ۱۳۹۳

Iranian Journal of Pulses Research
Vol. 5, No. 2, 2014, p. 119-130

بررسی پایداری ژنوتیپ‌های لوبیا به بیماری سوختگی باکتریایی معمولی با عامل *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* با روش‌های رگرسیونی، امی (AMMI) و مویر (Muir)

حمیدرضا دری[۱]، محمدرضا لک[۲*] و بهروز اسدی[۳]

۱- عضو هیأت علمی مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان مرکزی، ایستگاه لوبیا خمین
۲- عضو هیأت علمی مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان مرکزی، اراک
۳- کارشناس ارشد مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان مرکزی، ایستگاه لوبیا خمین

تاریخ دریافت: ۱۳۹۰/۱۰/۰۵
تاریخ پذیرش: ۱۳۹۳/۰۴/۰۳

چکیده

بیماری سوختگی باکتریایی معمولی با عامل *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* یکی از مهمترین بیماری‌های لوبیا در ایران و جهان محسوب می‌شود. استفاده از سموم شیمیایی تأثیری در کنترل بیماری ندارد. بهترین روش کنترل بیماری، استفاده از ارقام مقاوم با تولید محصول پایدار می‌باشد. در این پژوهش، ۲۶ ژنوتیپ لوبیا جهت ارزیابی پایداری و سازگاری عملکرد در شرایط آلودگی مصنوعی و غیرآلوده به بیماری سوختگی باکتریایی معمولی لوبیا طی سال‌های ۱۳۸۶ و ۱۳۸۷ در مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان مرکزی ارزیابی شد. پایداری ژنوتیپ‌های لوبیا به روش‌های رگرسیونی، تجزیه اثرات اصلی جمع‌پذیر و اثرات متقابل ضرب‌پذیر (AMMI) و مویر انجام گردید. در روش رگرسیون باتوجه به سه عامل عملکرد، ضریب زاویه و انحراف از رگرسیون، ژنوتیپ ۲۱۴۰۷ مناسب‌ترین ژنوتیپ انتخاب شد. در تجزیه امی دو مؤلفه اصلی اول و دوم جمعاً ۹۰ درصد تغییرات اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط را توجیه می‌کنند. نمودار دو طرفه میانگین عملکرد و مؤلفه اصلی اول نشان داد ژنوتیپ‌های ۲۱۴۰۷ و ۲۱۲۷۵ از عملکرد بالا و پایداری مناسب برخوردار بودند. بر اساس تجزیه واریانس مویر، ۲۱ درصد اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط مربوط به واریانس هتروژن (HV) و ۷۹ درصد مربوط به اثر متقابل غیر همبسته (IC) می‌باشد. در این روش ژنوتیپ ۲۱۴۱۰ کمترین درصد مجموع مربعات اثرات متقابل ژنوتیپ در محیط و بیشترین پایداری را نشان داد. در مجموع، براساس سه شاخص پایداری، عملکرد و مقاومت به بیماری، لاین ۲۱۴۰۷ مناسب‌ترین ژنوتیپ شناسایی گردید.

واژه‌های کلیدی: امی، پایداری، رگرسیون، لوبیا، مویر

مقدمه

سوختگی باکتریایی معمولی لوبیا در اثر *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap) از بیماری‌های مهم لوبیا در اکثر مناطق کشت این محصول به‌ویژه در نواحی گرم و مرطوب می‌باشد (Gilbertson & Maxwell, 1992) . بیماری سوختگی باکتریایی معمولی لوبیا در اثر Xap اولین بار در سال ۱۸۹۲ میلادی توسط Beach از نیویورک گزارش شد (Gilbertson & Maxwell, 1992) و امروزه در اکثر کشورهای توسعه‌یافته خسارت ناشی از این بیماری گاهی به بیش از ۴۰٪ می‌رسد (Opio *et al*., 1996). در سال ۱۳۷۷ در ایران برای اولین بار وقوع بیماری سوختگی باکتریایی معمولی لوبیا در اثر Xap از مزارع لوبیای شهرستان اراک گزارش گردید (Lak *et al*., 2000). تاکنون روش شیمیایی مؤثری برای کنترل بیماری توصیه نشده است (Mohamed & Coyne, 1995). استفاده از ارقام مقاوم که از پایداری و سازگاری مناسب برخوردار باشند به‌عنوان روش مبارزه درازمدت تأکید بسیار شده است (Valladares-Sanchez *et al*., 1983; Aggour & Goyne, 1989). ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها صرفاً به مکان‌های مختلف محدود نمی‌شود. بررسی پایداری ارقام در واکنش به انواع محیط‌ها با تنش زنده و غیرزنده از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. Mulusew *et al.* (2010) در بررسی ۱۶ ژنوتیپ نخود در شرایط آلودگی به بیماری‌های سفیدک دروغی، سفیدک پودری و برق‌زدگی نخود، دو ژنوتیپ IFPI-1523 و IFPI- 2711 را به‌عنوان ژنوتیپ‌های با پایداری بالا گزارش کردند. آن‌ها با مطالعه ارتباط شدت بیماری با عملکرد و پارامترهای پایداری نشان دادند تغییرات شدت بیماری در محیط‌های مختلف یکی از عوامل مهم در پایداری عملکرد دانه است.

* **نویسنده مسئول:** اراک، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان مرکزی، تلفن: ۳۶۷۵۵۷۱-۰۸۶۱، rezalak2000@yahoo.com

بررسی پایداری و سازگاری ارقام و ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های اصلاحی اهمیت زیادی دارد. ازاین‌رو تعداد زیادی از روش‌های آماری به‌منظور افزایش درک اصلاح‌گرها از اثر متقابل ژنوتیپ و محیط و پایداری به‌کار برده می‌شود. Yates & Cochran (1938) اولین بار تجزیه و تحلیل رگرسیون در صفات ظاهری گیاهان زراعی و تأثیر عوامل محیطی روی آن را شرح دادند، که سپس توسط Finlay & Wilkinson (1963) و Eberhart & Russell (1966) اصلاح شدند.

در روش رگرسیونی اثر متقابل به دو جزء رگرسیون و باقیمانده (انحراف از رگرسیون) تجزیه می‌شود. بر اساس مدل رگرسیونی $Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \vartheta_g\beta_e + \rho_{ge}$ ابتدا اثرات جمع‌پذیر ژنوتیپ (α_g) و محیط (β_e) به روش معمول به‌دست می‌آید و سپس شیب ژنوتیپ θ_g برآورد می‌شود. در این روش دو عامل شیب رگرسیون و انحراف از خط رگرسیون به‌عنوان پارامترهای پایداری استفاده می‌شوند. در روش امی، ابتدا اثرات اصلی جمع‌پذیر ژنوتیپ × محیط با استفاده از تجزیه واریانس اندازه‌گیری می‌شود و سپس با استفاده از تجزیه مؤلفه‌های اصلی مقدار باقیمانده از مدل تجزیه واریانس مورد تجزیه و تحلیل قرار می‌گیرد (Pereira *et al*., 2009; Gauch & Zobel, 1996). اجزاء فرمول امی به شرح ذیل است:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{n=1}^{N} \lambda_n \xi_{in} \eta_{jn} + \delta_{ij}$$

Y_{ij}: عملکرد ژنوتیپ iام در محیط jام، μ: میانگین کل، α_i: میانگین ژنوتیپ iام در همه محیط‌ها، β_j: ضریب رگرسیون ژنوتیپ iام روی شاخص محیطی، λ_n: ریشه مربع مقدار ویژه n محور PCA، ξ_{in} و η_{jn}: مقیاس محیط و ژنوتیپ در محور PCA، N: شماره محورPCA باقیمانده در مدل و δ_{ij} باقیمانده مدل می‌باشد.

براساس تجزیه واریانس پیشنهادی مویر اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط را می‌توان به دو گروه اصلی تقسیم نمود: ۱- حالتی که اثر متقابل ژنوتیپ × محیط وجود دارد اما رتبه ژنوتیپ‌ها تغییر نمی‌کند. ۲- حالتی که اثر متقابل ژنوتیپ × محیط منجر به تغییر رتبه ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف می‌شود (کراس اور). این وضعیت بدترین نوع اثر متقابل بوده و شرایطی است که تصمیم‌گیری برای محقق را مشکل می‌کند. لذا به صرف وجود اثر متقابل نمی‌توان نوع آن را تشخیص داد. مویر، روشی را ابداع نمود که به‌وسیله آن مجموع مربعات اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط[1] (SSGE) را به دو قسمت اثر متقابل واریانس هتروژن[2] (SSHV) و اثر متقابل عدم همبسته محیطی[3] (SSIC) تقسیم کرد. واریانس هتروژن، آن بخش از مجموع مربعات اثر متقابل را نشان می‌دهد که تغییر رتبه در ژنوتیپ ایجاد نمی‌شود. اما اثر متقابل عدم همبسته محیطی، آن بخش از مجموع اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط را نشان می‌دهد که تغییر رتبه برای ژنوتیپ در محیط‌های مختلف ایجاد می‌شود. لذا هر چه سهم اثر متقابل عدم همبسته محیطی از اثر متقابل کمتر و به همان نسبت سهم واریانس هتروژن بیشتر باشد، ژنوتیپ‌ها از پایداری بیشتری برخوردارند (Muir *et al*., 1992). هدف از اجرای این پژوهش، شناسایی ژنوتیپ‌های مقاوم به بیماری سوختگی باکتریایی معمولی لوبیا در اثر *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* با پایداری و سازگاری مناسب بود.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش، ۲۶ ژنوتیپ لوبیا (جدول۱) شامل ۲۴ ژنوتیپ لوبیای معمولی به‌همراه دو شاهد متحمل به بیماری سوختگی باکتریایی معمولی لوبیا دریافتی از CIAT[4] (مرکز تحقیقات بین المللی گیاهان حاره) مورد ارزیابی قرار گرفتند. آزمایش طی سال‌های ۱۳۸۶ و ۱۳۸۷ در مزرعه مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان مرکزی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در دو شرایط آلوده و غیرآلوده به بیماری سوختگی باکتریایی اجرا گردید. آبیاری مزارع به روش بارانی و آلودگی به بیماری سوختگی باکتریایی به‌صورت مصنوعی انجام شد. به این منظور از جدایه Xap موجود در آزمایشگاه تحقیقات گیاهپزشکی اراک استفاده شد. این جدایه که قدرت بیماری‌زایی بالایی داشت بر روی محیط کشت آگار غذایی به تعداد کافی کشت گردید. پس از ۴۸ ساعت، درون هر ظرف پتری ۵ میلی‌لیتر آب مقطر استریل ریخته و با یک لام تمیز و ضدعفونی شده با شعله، کلنی‌های باکتری خراشیده و سوسپانسیون حاصل درون یک ارلن استریل جمع‌آوری شد. سپس غلظت سوسپانسیون تهیه شده در حدود 10^7 سلول باکتری در میلی‌لیتر تنظیم گردید. سوسپانسیون آماده شده باکتری قبل از مرحله گلدهی با استفاده از سم‌پاش پشتی با فشار، روی برگ‌های لوبیا اسپری شد.

1- Sum of squares of genotype by environment interaction
2- Sum of squares of heterogeneous variances
3- Sum of squares of imperfect correlation
4- Centro Internacional de Agrucultura Tropical

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های مورد استفاده در آزمایش

Table1. Characteristics of genotypes in the experiments

Genotype NO. شماره ژنوتیپ	Genotype code کد ژنوتیپ	Seed type نوع بذر	Plant type تیپ بوته	Origin/Source منشأ
1	31115	Red	2	CIAT
2	31117	Red	2	CIAT
3	31118	Red	2	CIAT
4	21362	Chitti	3	Iran
5	21313	Chitti	1	CIAT
6	21405	Chitti	1	CIAT
7	21399	Chitti	3	CIAT
8	21400	Chitti	3	CIAT
9	21234	Chitti	1	CIAT
10	21269	Chitti	2	CIAT
11	21275	Chitti	1	CIAT
12	21461	Chitti	3	CIAT
13	31161	Red	2	CIAT
14	21174	Chitti	2	CIAT
15	21334	Chitti	2	CIAT
16	21426	Chitti	2	CIAT
17	21421	Chitti	2	CIAT
18	21320	Chitti	3	CIAT
19	21407	Chitti	2	CIAT
20	21410	Chitti	3	CIAT
21	21417	Chitti	2	CIAT
22	21425	Chitti	3	CIAT
23	21389	Chitti	3	CIAT
24	51103	Cream	1	CIAT
25	CIAT 1 (Check)	Pinto	4	CIAT
26	CIAT 2 (Check)	Pinto	4	CIAT

بذرها قبل از کشت به مدت دو دقیقه در هیپوکلریت سدیم تجارتی ۱۰ درصد ضدعفونی و سپس به‌وسیله آب مقطر استریل شسته شدند. هر ژنوتیپ با تراکم ۴۰ بوته در متر مربع در سه خط دو متری با فاصله پشته‌ها از یکدیگر ۵۰ سانتی‌متر و فاصله بوته‌ها روی ردیف ۵ سانتی‌متر کشت شد. در زمان رسیدگی فیزیولوژیک ژنوتیپ‌ها، کل بوته‌ها برداشت و پس از خشک شدن و خرمنکوبی، دانه‌ها توزین شد.

مقیاس پیشرفت بیماری با نمره‌دهی از ۱ تا ۵ به شرح ذیل انجام گردید (Webster *et al*., 1983):

۱= بدون علائم (ایمن)، ۲= لکه‌ها کمتر از ۲۵٪ سطح برگ‌ها را در کمتر از ۱۰٪ برگ‌ها می‌پوشاند (مقاوم)، ۳= لکه‌ها کمتر از ۲۵٪ سطح برگ‌ها را در ۵۰-۱۰٪ برگ‌ها می‌پوشاند (نیم مقاوم)، ۴= لکه‌ها بیش از ۲۵٪ سطح برگ‌ها را در ۵۰-۱۰٪ برگ‌ها می‌پوشاند (نیم‌حساس) و ۵= لکه‌ها بیش از ۲۵٪ سطح برگ‌ها را در بیش از ۵۰٪ برگ‌ها می‌پوشاند (حساس).

برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌های لوبیا در محیط‌های آلوده و غیرآلوده به بیماری از روش رگرسیونی (Finlay & Wilkinson, 1963)، تجزیه اثرات اصلی جمع‌پذیر و اثرات متقابل ضرب‌پذیر (Chahal & Gosal, 2002) و روش موبر (Muir *et al.*, 1992) استفاده گردید.

تجزیه واریانس مرکب با نرم افزار SAS نسخه ۹، تجزیه رگرسیون به روش Hardwick & Wood (1972) و تجزیه AMMI با نرم افزار Genstat نسخه ۱۲ انجام گرفت.

نتایج و بحث

تجزیه مرکب ژنوتیپ‌ها بر اساس عملکرد نشان داد اثر سال معنی‌دار نبود اما اثرات اصلی محیط و ژنوتیپ معنی‌دار بودند. اثرات متقابل ژنوتیپ× محیط و همچنین اجزاء تشکیل‌دهنده آن‌ها یعنی سال × ژنوتیپ، سال × مکان و سال × ژنوتیپ × مکان اختلاف معنی‌دار داشتند (جدول۲). لذا با توجه به اهمیت اثرات متقابل و تأثیر آن‌ها در انتخاب ژنوتیپ‌هایی که علاوه بر مقاومت به بیماری، از نظر پایداری نیز در سطح قابل قبول باشند، اهمیت دارد.

جدول۲- تجزیه واریانس مرکب عملکرد ژنوتیپ‌های لوبیا در شرایط آلوده و غیرآلوده به بیماری سوختگی باکتریایی معمولی
Table 2. The combined analysis of variance of bean genotypes yield in presence and absence of common bacterial blight (CBB)

منابع تغییرات Source of variation	DF درجه آزادی	SS مجموع مربعات	MS میانگین مربعات	F
سال Year (Y)	1	3212.992	3212.99	.3526^{ns}
محیط Environment (E)	1	2838625.248	2838625.24	311.572**
سال× محیط Y×E	1	46521.693	46521.69	5.105**
تکرار×سال× محیطE×Y×R	8	166349.579	20793.69	2.282**
ژنوتیپ Genotypes (G)	25	10418600.114	416744.01	45.737**
سال×ژنوتیپ Y×G	25	3212069.515	128482.78	14.101**
محیط×ژنوتیپ E×G	25	373277.770	14931.11	1.638**
محیط×سال×ژنوتیپ P×E×G	25	518473.777	20738.95	2.276**
خطا Error	199	1813211.374	9111.61	

** و ns به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪ و غیر معنی‌دار
** and ns are significant at the 1% level of probability and no significant, respectively

جدول ۳ مجموع مربعات انحراف از میانگین اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط (SSGE) را براساس تجزیه مرکب، روش رگرسیون، روش امی و روش موبر نشان می‌دهد. در تجزیه مرکب مجموع مربعات انحراف از میانگین کل (SS کل) را می‌توان به سه بخش اصلی محیط (مجموع سال و مکان)، ژنوتیپ و اثر متقابل سال در محیط تقسیم کرد. بر این اساس۲۷ درصد تغییرات کل مربوط به محیط، ۵۳ درصد مربوط به ژنوتیپ و ۲۰ درصد از تغییرات کل در تجزیه واریانس مربوط به اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط می‌باشد. این مقدار نشان‌دهنده اهمیت زیاد اثرات متقابل در مجموع واریانس کل است. در روش تجزیه مرکب اثرات متقابل به‌صورت کلی بیان می‌شود و ماهیت آن و همچنین جایگاه ژنوتیپ‌ها در اثر متقابل نامشخص است (Khalifa *et al*., 2013). برای تفسیر اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط، روش‌های رگرسیون، امی و موبر مورد بررسی قرار گرفت. از کل اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط، ۱۰/۲ درصد از طریق روش رگرسیون توجیه می‌گردد. اما در روش امی ۹۰ درصد تغییرات مربوط به اثرات متقابل توجیه می‌گردد (جدول ۳).

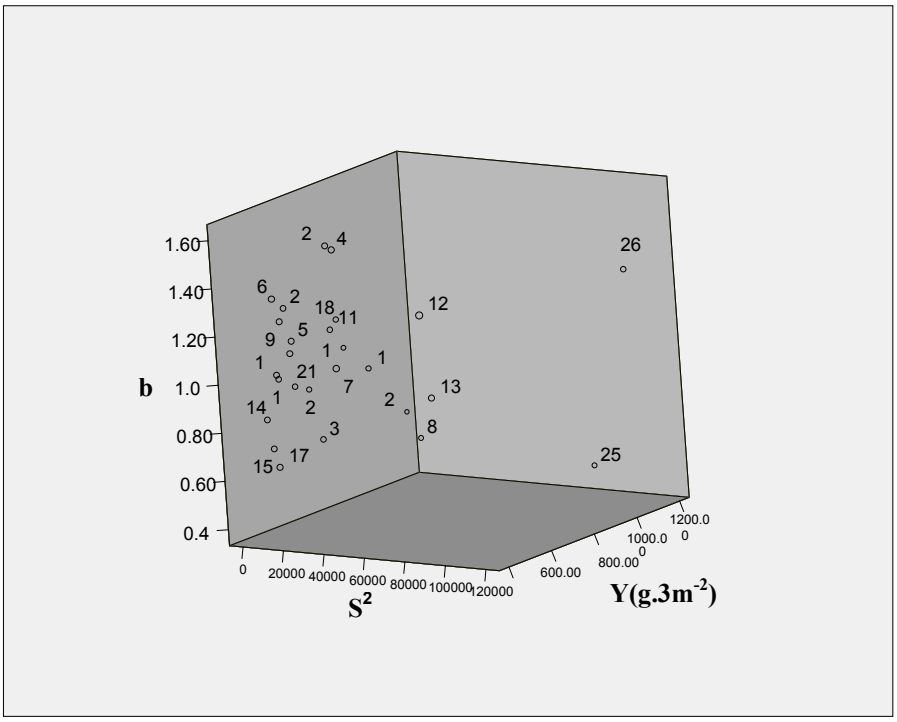
بررسی پایداری و سازگاری ژنوتیپ‌ها به روش رگرسیون با درنظر گرفتن سه عامل ضریب رگرسیون (b)، انحراف از رگرسیون (S^2_i) و عملکرد انجام شد (نمودار ۱). بر اساس ضریب رگرسیون، ژنوتیپ‌های (۱۰) ۲۱۲۶۹، (۱۹) ۲۱۴۰۷، (۱۶) ۲۱۴۲۶، (۱) ۳۱۱۱۵ و (۷) ۲۱۳۹۹ به‌ترتیب کمترین فاصله را با ضریب زاویه ۱ داشتند. لذا از نظر پایداری دینامیکی جزء پایدارترین ژنوتیپ‌ها محسوب می‌شوند. اما از نظر عملکرد و ضریب رگرسیون، ژنوتیپ (۱۹) ۲۱۴۰۷ سازگارترین ژنوتیپ بود. بررسی پایداری ژنوتیپ‌ها براساس انحراف از رگرسیون و ضریب رگرسیون نشان داد ژنوتیپ‌های (۱۶) ۲۱۴۲۶، (۱۹) ۲۱۴۰۷ و (۱۰) ۲۱۲۶۹ علاوه بر مقدار پایین واریانس انحراف از رگرسیون دارای ضریب رگرسیون حدود ۱ می‌باشند. درنهایت در روش رگرسیون باتوجه به سه عامل عملکرد، ضریب رگرسیون و انحراف از رگرسیون، ژنوتیپ (۱۹) ۲۱۴۰۷ مناسب‌ترین ژنوتیپ محسوب می‌شود (نمودار ۱).

در روش امی دو مؤلفه اصلی اول (IPCA1) و دوم (IPCA2) جمعاً ۹۰ درصد تغییرات اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط را توجیه می‌کنند که ۷۸ درصد آن مربوط به مؤلفه اصلی اول است. نمودار دو طرفه عملکرد و مؤلفه اصلی اول (نمودار ۲) نشان می‌دهد ژنوتیپ‌های (۱۹) ۲۱۴۰۷، (۲) ۳۱۱۱۷، (۲۰) ۲۱۴۱۰ و (۱۱) ۲۱۲۷۵ نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها کمترین فاصله را با مقدار صفر (مرکز نمودار) داشته و از پایداری بیشتری برخوردار هستند. اما با توجه به عملکرد، ژنوتیپ‌های (۱۹) ۲۱۴۰۷ و (۱۱) ۲۱۲۷۵ از عملکرد بالا و پایداری مناسب برخوردار هستند که ژنوتیپ (۱۹) ۲۱۴۰۷ دارای پایداری و سازگاری مناسب در محیط‌های مختلف می‌باشد. میزان پایداری ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف آزمایشی به روش امی توسط بسیاری از محققین از جمله Gauch & Zobel (1996) و Yan & Rajcan (2002) تأکید شده است. Zobel *et al.* (1988) و Mulusew *et al.* (2008) دو مؤلفه اصلی اول و دوم امی را مناسب‌ترین روش تفسیر اثر متقابل ژنوتیپ × محیط گزارش کردند. Mulusew *et al.*, (2010). به روش امی، دو ژنوتیپ از میان ۱۶ ژنوتیپ نخود مورد بررسی در حضور بیماری‌های سفیدک دروغی، سفیدک پودری و برق‌زدگی نخود را به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار معرفی کردند.

جدول۳- تجزیه واریانس عملکرد در مدل‌های پایداری رگرسیون، امی و مویر در شرایط آلوده و غیرآلوده به بیماری سوختگی باکتریایی معمولی لوبیا

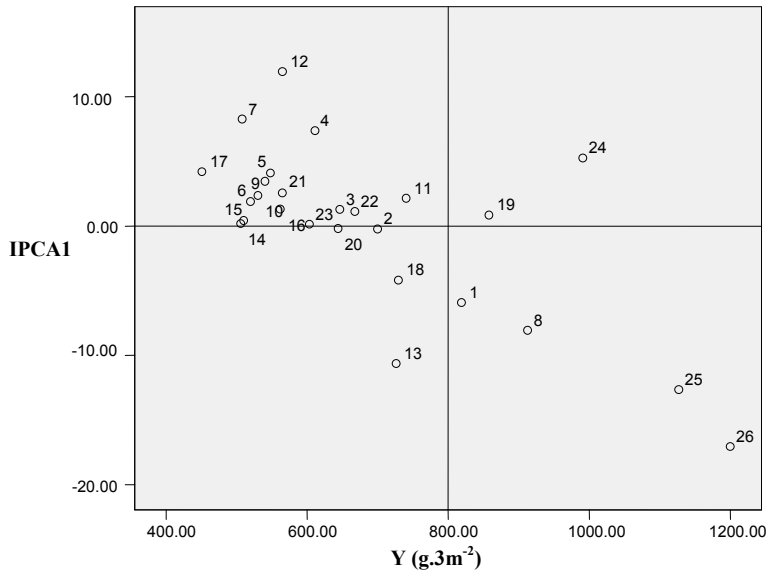
Table 3. Component of variance of bean genotypes yield in presence and absence of CBB

Source منبع	DF درجه آزادی	Sum of squares مجموع مربعات	SS% درصد مجموع مربعات
Variance analysis تجزیه واریانس			
Environment (E) محیط	3	2888360	27
Genotype (G) ژنوتیپ	25	10418600	53
G×E ژنوتیپ ×محیط	75	41038210	20
Regression model روش رگرسیونی			
G×E ژنوتیپ ×محیط	75	41038210	
G×E(Linear) ژنوتیپ ×محیط(خطی)	25	4183795	10.2
Residual باقیمانده	50	36854415	89.8
AMMI model روش امی			
G×E ژنوتیپ ×محیط	75	41038210	
IPCA1 مؤلفه اصلی اول	27	32009800	78
IPCA2 مؤلفه اصلی دوم	25	4990240	12
Residual باقیمانده	23	4038170	10
Muir model روش مویر			
G×E ژنوتیپ ×محیط	75	41038210	
HV واریانس هتروژن	-	820764	20
IC واریانس عدم همبسته	-	3283056	80



نمودار ۱- نمودار سه طرفه میانگین عملکرد (Y)، ضریب رگرسیون (b) و انحراف از رگرسیون (S^2)

Fig. 1. Triplot of mean yield (Y), Regression coefficient (b) and Deviation from regression (S^2)



نمودار ۲- نمودار دو طرفه میانگین عملکرد (Y) و مؤلفه اصلی اول امی (IPCA1)

Fig. 2. Biplot of mean yield (Y) and the first interaction principal component axis

جدول۴- تجزیه واریانس اثرمتقابل ژنوتیپ× محیط به روش موير

Table 4. Muir Analysis of variance of genotypes and environment interaction

		مجموع مربعات SS			مجموع مربعات SS			مجموع مربعات SS		
Genotype NO. شماره ژنوتیپ	Genotype code کد ژنوتیپ	HV واریانس هتروژن	Grade رتبه	درصد %	IC واریانس غیر همبسته	Grade رتبه	درصد %	GE اثر متقابل ژنوتیپ و محیط	Grade رتبه	درصد %
1	31115	5864	7	2.02	39069	18	3.58	44934	17	3.25
2	31117	10413	17	3.59	17556	4	1.61	27969	3	2.02
3	31118	10468	18	3.60	31942	15	2. 92	42411	16	3.07
4	21362	14600	23	5.03	48614	20	4.45	63215	21	4.57
5	21313	5584	2	1.62	31849	14	2.91	37433	13	2.71
6	21405	6100	9	2.10	29127	11	2.67	35227	11	2.55
7	21399	6851	11	2.36	55808	21	5.11	62659	20	4.53
8	21400	6341	10	2.18	57287	22	5.24	63628	22	4.60
9	21234	5609	4	1.93	28400	10	2.60	34010	10	2.46
10	21269	2781	1	2.51	22952	7	2.10	30234	7	2.19
11	21275	5633	5	1.94	30208	12	2.76	35841	12	2.59
12	21461	21007	25	7.23	81339	24	7.44	102347	24	7.40
13	31161	8310	13	2.86	77478	23	7.09	85788	23	6.20
14	21174	12873	22	4.43	15402	1	1.41	28276	4	2.04
15	21334	15631	24	5.38	16637	2	1.52	32269	8	2.33
16	21426	8370	14	2.88	19398	5	1.78	27768	2	2.01
17	21421	12040	21	4.15	30240	13	2.77	42281	15	3.06
18	21320	5688	6	1.96	35100	16	3.21	40789	14	2.95
19	21407	7521	12	2.59	21229	6	1.94	28751	5	2.08
20	21410	10091	16	3.48	16975	3	1.55	27067	1	1.96
21	21417	5876	8	2.02	28124	9	2.57	34001	9	2.46
22	21425	11278	19	3.88	41462	19	3.79	52740	19	3.81
23	21389	5584	3	1.92	24354	8	2.23	29939	6	2.16
24	51103	8608	15	2.96	38497	17	3.52	47105	18	3.41
25	CIAT1	11542	20	3.97	118473	25	10.84	130015	25	9.40
26	CIAT2	61213	26	21.08	135137	26	12.37	196351	26	14.20
Total		290388		21.00	1092671		79.00	1383060		100.00

براساس روش موير، ۲۱ درصد مجموع مربعات اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط، مربوط به واریانس هتروژن و ۷۹ درصد مجموع مربعات اثرمتقابل مربوط به اثرمتقابل غیرهمبسته می‌باشد (جداول۳ و ۴). در مجموع مربعات اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط، ژنوتیپ (۲۰) ۲۱۴۱۰ با ۱/۹۶ درصد کمترین و ژنوتیپ‌های (۱۶) ۲۱۴۲۶ با ۲/۰۱ درصد و (۲) ۳۱۱۱۷ با ۲/۰۲ درصد در اولویت‌های بعدی قرار دارند. لذا این ژنوتیپ‌ها کمترین تغییرات مربوط به اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط را داشته و از این لحاظ جزء ژنوتیپ‌های پایدار از نوع استاتیک محسوب می‌شوند. تجزیه واریانس اثرمتقابل غیرهمبسته و واریانس هتروژن نشان داد کمترین مقدار اثر متقابل غیرهمبسته مربوط به ژنوتیپ‌های (۱۴) ۲۱۱۷۴، (۱۵) ۲۱۳۳۴ و (۲۰) ۲۱۴۱۰ بود. از مجموع واریانس هتروژن، کمترین مقادیر مربوط به ژنوتیپ‌های (۱۰) ۲۱۲۶۹، (۵) ۲۱۳۱۳ و (۲۳) ۲۱۳۸۹ بود. این وضعیت نشان می‌دهد که مقدار اثرمتقابل ژنوتیپ (۲۰) ۲۱۴۱۰ عمدتاً مربوط به واریانس هتروژن است که بر این اساس کمترین اثر متقابل از نوع غیرهمبسته (کراس اور) می‌باشد.

ضرایب همبستگی بین عملکرد، شاخص‌های پایداری و مقیاس بیماری (جدول ۵) نشان داد عملکرد با شاخص‌های اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، واریانس هتروژن، واریانس عدم همبسته و انحراف از رگرسیون همبستگی مثبت و معنی‌دار دارد. یعنی ژنوتیپ‌ها با عملکرد بالا از ناپایداری بیشتری برخوردار هستند. ژنوتیپ‌های شاهد سیات ۱ و سیات ۲ که بیشترین عملکرد را داشتند، ناپایدارترین ژنوتیپ محسوب شدند که تأییدی بر همبستگی مزبور دارد. همبستگی عملکرد با مقیاس بیماری اگرچه معنی‌دار نبود اما مقدار آن منفی بود. به‌عبارت دیگر ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا از مقاومت بیشتری برخوردار بودند. Mulusew *et al.* (2010) همبستگی معنی‌دار و منفی بین بیماری‌های مهم نخود با عملکرد و شاخص‌های پایداری گزارش کردند.

نمودار دو طرفه میانگین عملکرد و مقیاس بیماری (نمودار۳) نشان داد ژنوتیپ‌های (۸) ۲۱۴۰۰، (۱۹) ۲۱۴۰۷، شاهد سیات ۱ و شاهد سیات ۲ که دارای بیشترین عملکرد هستند جزء ژنوتیپ‌های مقاوم محسوب می‌شوند. ژنوتیپ (۲۴) ۵۱۱۰۳ اگرچه از عملکرد بالایی برخوردار است اما میزان مقاومت آن به بیماری اندک است. همچنین ژنوتیپ‌های (۳) ۳۱۱۱۸ و (۲۲) ۲۱۴۲۵ از مقاومت بالایی برخوردار هستند اما عملکرد آن‌ها از میانگین کمتر است. بررسی رابطه بین مقیاس بیماری و شاخص‌های پایداری نشان داد مقیاس بیماری با شاخص IPCA1 همبستگی مثبت و معنی‌دار و با IPCA2 همستگی منفی معنی‌دار داشت. همچنین رابطه مقیاس بیماری با شاخص ضریب رگرسیون (b) همبستگی نشان نداد.

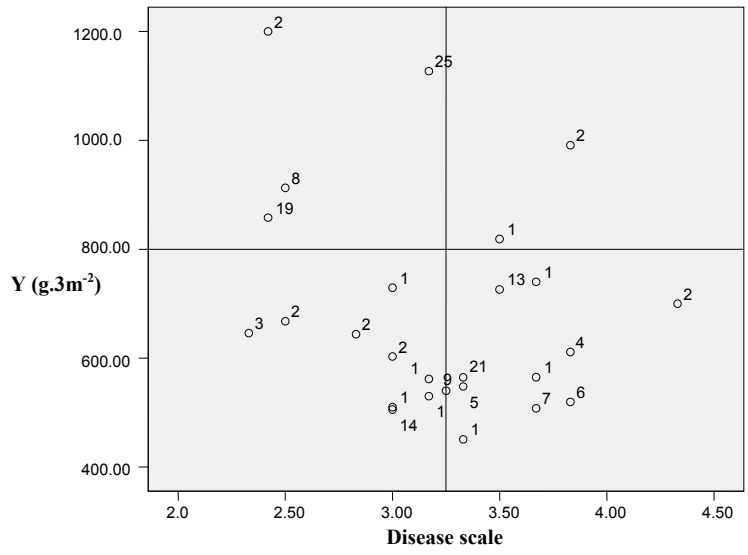
جدول ۵- ضرایب همبستگی بین مقیاس بیماری، عملکرد و شاخص‌های پایداری ژنوتیپ‌های لوبیا

Table 5. The correlation coefficients between disease scale, yield and stability indexes of bean genotypes

	HVSS واریانس هتروژن	ICSS واریانس عدم همبستگی	GESS اثر متقابل ژنوتیپ ×محیط	b ضریب رگرسیون	Y عملکرد	Disease scale مقیاس بیماری	S^2_i انحراف از رگرسیون	IPCA1 مؤلفه اصلی اول امی
HVSS واریانس هتروژن	1							
ICSS واریانس عدم همبستگی	.664**	1						
GESS اثر متقابل ژنوتیپ ×محیط	.807**	.977**	1					
b ضریب رگرسیون	.181ns	.017ns	.065ns	1				
Yعملکرد	.469*	.674**	.663**	-.221ns	1			
Disease scale مقیاس بیماری	-.269ns	-.114ns	-.167ns	.104ns	-.252ns	1		
S^2_i انحراف از رگرسیون	.666**	.992**	.971**	-.005ns	.630**	-.081ns	1	
IPCA1 مؤلفه اصلی اول امی	-.416*	-.556**	-.557**	.287ns	-.712**	.402*	-.506**	1
IPCA2 مؤلفه اصلی دوم امی	.416*	.040ns	.152ns	.425*	.025ns	-.501**	.020ns	.000

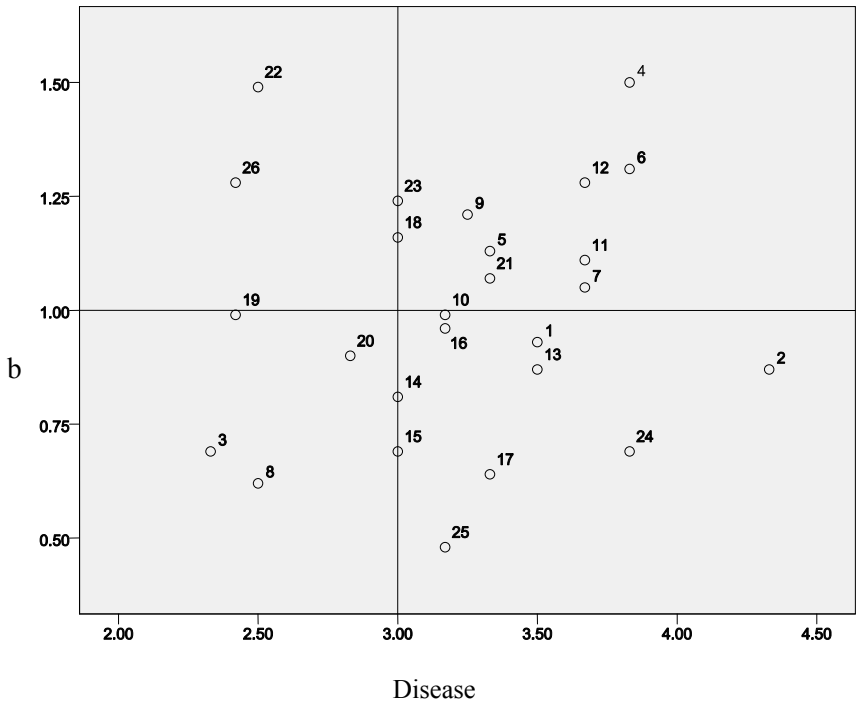
**، * و ns به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪، ۵٪ و غیر معنی‌دار

**, * and ns are: significant at the 1% and 5% levels of probability and not significant, respectively.



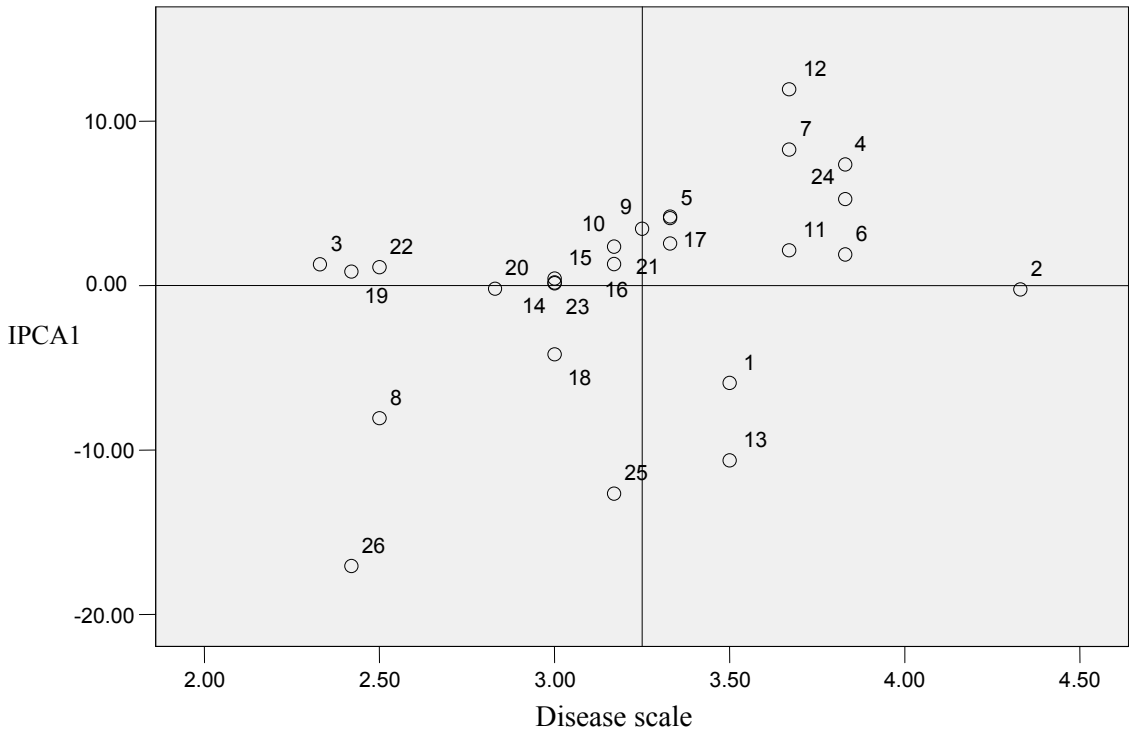
نمودار ۳- نمودار دو طرفه میانگین عملکرد (Y) و مقیاس بیماری (Disease scale)

Fig. 3. Biplot of mean yield (Y) and disease scale



نمودار ۴- نمودار دو طرفه مقیاس بیماری و ضریب رگرسیون (b)

Fig.4. Biplot of disease scale and regression coefficient (b)



نمودار ۵- نمودار دو طرفه مقیاس بیماری و مؤلفه اصلی اول امی (IPCA1)

Fig. 5. Biplot of disease scale the first interaction principal component axis (IPCA1)

رابطه بین پایداری ژنوتیپ‌ها (براساس ضریب رگرسیون) و میزان مقاومت آن‌ها به بیماری سوختگی باکتریایی (نمودار ۴) نشان داد ژنوتیپ‌های (۱۹) ۲۱۴۰۷ و (۲۰) ۲۱۴۱۰ کمترین مقدار مقیاس خسارت و کمترین فاصله از خط رگرسیون را دارد. لذا این دو ژنوتیپ از نظر پایداری و مقاومت شرایط مناسبی دارند. همچنین بررسی رابطه بین مقیاس بیماری و پایداری براساس شاخص IPCA1 امی (نمودار ۵) نشان داد ژنوتیپ‌های (۳) ۳۱۱۱۸، (۱۹) ۲۱۴۰۷، (۲۲) ۲۱۴۲۵ و (۲۰) ۲۱۴۱۰ مقیاس بیماری کمتر از ۳ (مقاوم) و مقدار IPCA1 نزدیک صفر برخوردار هستند. لذا این ژنوتیپ‌ها از نظر شاخص امی جزء ژنوتیپ‌های پایدار و مقاوم محسوب می‌شوند. در مجموع، ژنوتیپ (۱۹) ۲۱۴۰۷ از نظر همه شاخص‌های پایداری جزء ژنوتیپ پایدار، از نظر عملکرد در گروه ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و از نظر مقاومت نیز جزء ژنوتیپ‌های مقاوم محسوب می‌شود. لذا می‌توان این ژنوتیپ را به‌عنوان یک ژنوتیپ پایدار با سازگاری مناسب و مقاوم به بیماری سوختگی باکتریایی معمولی لوبیا معرفی نمود.

نتیجه‌گیری

اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط به‌ویژه در محیط‌های تنش‌دار از عوامل مهم محدودکننده در معرفی ارقام جدید محسوب می‌شود. لذا شناخت نوع و ماهیت اثر متقابل و دستیابی به ارقامی که کمترین واکنش را نسبت به اثرات متقابل نشان دهند از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. روش‌های مختلفی برای ارزیابی اثرات متقابل معرفی شده است که هریک ماهیت اثر متقابل را از دیدگاه مشخصی بررسی می‌کند. نتایج روش‌های مختلف ممکن است با هم یکسان نباشند، اما بهترین نتیجه زمانی حاصل می‌شود که یک ژنوتیپ با روش‌های مختلف ارزیابی، نتیجه مشابهی از نظر پایداری نشان دهد. در این تحقیق نیز ۲۶ ژنوتیپ لوبیا در شرایط تنش و غیر تنش به بیماری سوختگی باکتریایی معمولی لوبیا طی دو سال با سه روش مهم پایداری مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج ارزیابی‌ها، مقاومت ژنوتیپ (۱۹) ۲۱۴۰۷ به بیماری سوختگی باکتریایی معمولی را به‌عنوان ژنوتیپ پایدار معرفی نمود.

منابع

1. Aggour, A.R., and Goyne, D.P. 1989. Heritability, phenotypic correlations and associations of the common blight disease reactions in beans. Journal of American Society of Horticultural Science 114 (5): 828-833.
2. Chahal, G.S., and Gosal, S.S. 2002. Principles and procedures of plant breeding. Alpha Science. New Dehli. India.
3. Eberhart, S.A., and Russell, W.A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. Crop Science 6: 36-40.
4. Finlay, K.W., and Wilkinson, G.N. 1963. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. Australian Journal of Agricultural Research 14: 742-754.
5. Gauch, H.G., and Zobel, R.W. 1996. AMMI analysis of yield trials. In: M. S. Kang & H. G. Gauch (Eds.). Genotype by Environment Interaction, Boca Raton, FI: CRC Press. p. 85-120.
6. Gilbertson, R.L., and Maxwell, D.P. 1992. Common bacterial blight of bean. In: H. C. Chaub, J.Kumar, & U.S.Singh (Eds.). Plant Diseases of International Importance. Prentice Hall, New Jersey, P. 18-39.
7. Hardwick, R.C., and Wood, J.T. 1972. Regression methods for studying genotype-environment interactions. Heredity 28: 209-222.
8. Khalifa, G.H., Eljack, A.E., Mohammed, M.I., Elamin, O.M., and Mohamed, E.S. 2013. Yield stability in common bean genotypes (*Phaseolus vulgaris*) in the Sudan. Journal of Plant Breading and Crop Science 5:203-208.
9. Lak, M.R., Shamsbakhsh, M., and Bahar, M. 2000. Occurance of common bacterial blight of bean in Markazi province. Proceeding of the 14th Iranian Plant Protection Congress. Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran. P. 285 (Abst.)
10. Mohamed, M.F., and Coyne, D.P. 1995. Photoperiod sometimes influences common bacterial blight disease of common beans. Hortscience 30 (3): 551-553.
11. Muir, W., Nyquist, W.E., and Xu, S. 1992. Alternative partitioning of the genotype by environment interaction. Theoretical & Applied Genetics 84: 193-200.

12. Mulusew, F., Tadele, T., and Tesfaye, L. 2008. Genotype environment interactions and stability parameters for grain yield of faba bean (*Vacia faba* L.) genotypes grown in South eastern Ethiopia. International Journal of Sustainable Crop Production 3 (6): 80- 87.
13. Mulusew, F., Tadele, T., Setegn, G., and Bekele, H. 2010. Agronomic performances, disease reaction and yield stability of field pea (*Pisum sativum* L.) genotypes in Bale Highlands, Ethiopia. Australian Journal of Crop Science 4 (4): 238-246.
14. Opio, A.F., Allen, D.J., and Teri, J.M. 1996. Pathogenic variation in *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*, the causal agent of common bacterial blight in Phaseolus beans. Plant Pathology 45: 1126-1133.
15. Pereira, H.S., Melo, L.C., Faria, L.C., Cabrera Díaz, J.L., Peloso, M.J., Costa, J.G. and Wendland, A. 2009. Stability and adaptability of carioca common bean genotypes in states of the central South Region of Brazil. Crop Breeding and Applied Biotechnology 9: 181-188.
16. Valladares-Sanchez, N.E., Coyne, D.P. and Mumm, R.F. 1983. Inheritance and associations of leaf, external and internal pod reaction to common blight bacterium in *phaseolus vulgaris*. Journal of American Society of Horticultural Science 108 (2): 272-278.
17. Webster, D.M., Temple, S.R. and Galvez, G.E. 1983. Expression of resistance to *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* in *phaseolus vulgaris* under tropical conditions. Plant Disease 67 (4): 394-396.
18. Yan, W., and Rajcan, I. 2002. Biplots analysis of the test sites and trait relations of soybean in Ontario. Crop Science 42: 11-20.
19. Yates, F., and Cochran, W.F. 1938. The analysis of groups of experiments. Journal of Agricultural Science 28: 556-580.
20. Zobel, R.W., Wright, M.S. and Gauch, H.G. 1988. Statistical analysis of a yield trial. Agronomy Journal 80: 388-393.

Iranian Journal of Pulses Research
Vol. 5, No. 2, 2014, p. 119-130

Stability of bean (*Phaseoulus vulgaris* L.) genotypes in common bacterial blight condition using regression analysis, the additive main effects and multiplicative interactions (AMMI) and Muir methods

Dorri[1], H.R., Lak[2*], M.R. & Assadi[3], B.

1- Member of Scientific Board of Khomein Bean Research Station, Khomein, Iran
2- Member of Scientific Board of Agricultural & Natural Resources Research Center of Markazi Province, Arak, Iran
3- MSc. of Plant Breeding, Khomein Bean Research Station, Khomein, Iran

Received: 26 December 2011
Accepted: 24 June 2014

Abstract

Common bacterial blight (CBB) caused by *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* is a serious disease of bean fields in Iran and the world. Chemical control of CBB is inefficient, therefore the use of resistant genotypes with stability production is the most suitable alternative. Stability and adaptability of 26 bean genotypes yield in the presence and absence of CBB were evaluated in Agricultural Research and Natural Resources Center of Markazi Province, in 2007 and 2008 using regression analysis, the additive main effects and multiplicative interactions (AMMI) and muir methods. The best genotype in regression analysis, based on yield, regression coefficient and deviation from regression was 21407. In AMMI analysis, the first two interaction principal component axes (IPCA1 & IPCA12) explained 90% of the genotype×environment interaction. Biplot of yield mean and IPCA1 showed that genotypes 21407 and 21275 were the most stable with high yield. In muir method, 21% and 79% of the genotype×environment interaction belonged to heterogeneous variance (HV) and imperfect correlation (IC), respectively. In this method the genotype 21410 had the least total sum of squares of genotype × environment interaction, so it was the most stable genotype. According to all results, the best genotype was 21407 based on stability, yield and resistant to CBB.

Key words: AMMI, Bean, Muir, Regression, Stability

*** Corresponding Author:** rezalak2000@yahoo.com, Tel: 0861-3675571-3