

## دراسة نمط التداخل الوراثي-البيئي باستخدام تقانة GGE-Biplot لعدد من التراكيب الوراثية لزهرة الشمس

ماجد شايح حمدالله\* رياض جبار منصور\*\* فوزي عبد الحسين\*

### الملخص

حللت بيانات حاصل ستة تراكيب وراثية من زهرة الشمس مختبرة في ست بيئات في الموسمين 2007 و 2008 باستخدام تقانة GGE-Biplot بهدف (1) دراسة التداخل الوراثي- البيئي لستة تراكيب وراثية من زهرة الشمس في اربع بيئات وسط العراق، (2) تحديد التراكيب المتفوقة التي يمكن ان تسهم في تحسين صفات اصناف زهرة الشمس، (3) تحديد التركيب الوراثي الملائم لكل بيئة مدروسة، (4) تحديد التركيب الوراثي المثالي، (5) التعريف بتقانة GGE-Biplot التي تستخدم لأول مرة في العراق من خلال هذا البحث. أظهرت النتائج ان التغير الوراثي والتداخل الوراثي-البيئي اسهم بنسبة 71.2% و 11.9% على التوالي. كان اول مكونين اساسين (PC1&PC2) كافيين لتفسير التداخل الوراثي- البيئي اذ فسرت مانسبته 85.7% و 11.4% من تباير GGE. صنفت التراكيب الوراثية على انما عالية الحاصل عندما تمتلك قيم PC1 اكبر من الصفر والتراكيب منخفضة الحاصل عندما تمتلك قيم PC1 اقل من الصفر. كذلك فالتراكيب ذات قيم PC2 القريبة من الصفر تعد ثابتة، في حين تشير قيم PC2 العالية (بغض النظر عن الإشارة) الى عدم الثباتية. بناء عليه ، فالتركيب شموس يعد مثاليا على اساس الحاصل والثباتية العالية، بينما امتاز التركيبيان كوبان ويوروفلور بالثباتية العالية الأهمما منخفضة الحاصل. امتلكت البيئات المدروسة جميعها قيم PC1 اكبر من الصفر وبذلك فالبيئات تمثل نوع non- crossover. أعد كوت 2 والديوانية بيئات مفضلة على اساس تمثيلها لبقية البيئات ومقدرتها العالية على تصنيف التراكيب.

### المقدمة

يعد محصول زهرة الشمس (*Helianthus annuus L.*) احد أهم المحاصيل الزيتية في العالم. إذ أنه يتصف بنوعية زيت عالية ، كما أنه يستخدم في تغذية الحيوانات وفي العديد من الصناعات. يزرع في 22 مليون هكتار حول العالم وينتج 27 مليون طن حاصل بذور (7). ان تجارب البيئات المتعددة MEYT ( Multi Environment Yield Trails) تستخدم بشكل واسع من قبل مربو النبات لتقويم الأداء النسبي للتراكيب الوراثية المدروسة في البيئات. ان هذه العملية ليست بالسهلة كون التباير المظهري هو خليط من التباير الوراثي G والبيئي E والبيئي-الوراثي G.E، والأخير يقلل من الارتباط بين التركيب المظهري والوراثي وبالتالي تعقيد عملية الانتخاب للتراكيب الوراثية المتميزة (11،5). ستكون المعدلات في البيئات كافية للتعبير عن الأداء الوراثي فقط في حالة غياب G.E، اما في حالة وجود هذا التداخل فأن استخدام المعدلات في البيئات سيتجاهل حقيقة ان التركيب الوراثي سيختلف ادائه في البيئات المختلفة (14). لقد تم تطوير طرائق عدة لدراسة G.E في تجارب MEYT منها joint regreesion (8،6،12) و AMMIA (Additive Main Multiplicative Interaction Analysis) من قبل Gauch (10) و genetic correlation type B (1، 15). أقترح Gabriel (9) طريقتة تدعى Biplot التي تمت مناقشتها وتطويرها من قبل Yan وجماعته (21). تساعد هذه الطريقة او التقانة بفحص بياني لنمط التداخل في تجارب

\*كلية الزراعة -جامعة بغداد-بغداد،العراق.

\*\* كلية الزراعة -جامعة واسط-كوت،العراق.

MEYT. من اهم اهداف هذه التقنية هو تحليل تباين mega-environment وتقويم التركيب الوراثي من حيث ادائه وثباتيته وتقويم البيئة من حيث قدرتها على تصنيف التراكيب الوراثية. تركز تقنية GGE-Biplot على مفهومين، الأول هو العرض البياني (9)، والثاني هو تقدير تأثيرات G و G.E. (21). استخدم تحليل GGE-Biplot بشكل واسع في تحليل بيانات G.E. للأبحاث الزراعية (13، 18، 4). اجري هذا البحث بهدف (1) دراسة غط التداخل G.E. لحاصل البذور لستة تراكيب وراثية من زهرة الشمس في اربع بيئات باستخدام تقنية GGE-Biplot و(2) عمل مقارنة بيانية بين التراكيب الوراثية المدروسة وكذلك بين البيئات وتحليل ثباتيتها و(3) تحديد التركيب الملائم لكل بيئة و(3) تحديد التركيب المثالي والبيئة المثالية و(4) التعريف باستخدام هذه التقنية التي تطبق لأول مرة في العراق من خلال هذا البحث.

### المواد وطرائق البحث

نفذت تجارب حقلية في اربعة مواقع وسط العراق واسط هي: موقع الأحرار (S1) ومركز الكوت (S2)، المسافة بين الموقعين 80 كم ومحافظة بابل/ قضاء الهاشمية (S3) ومحافظة الديوانية/ قضاء الدغارة (S4) اثناء الموسمين الربيعين 2007 و 2008 لدراسة تأثير التداخل الوراثي - البيئي فيحاصل ستة تراكيب وراثية من زهرة الشمس. طبقت التجربة وفق تصميم القطاعات الكاملة المعشاة بثلاثة مكررات. جدول (1) يبين تفاصيل التراكيب الوراثية المستخدمة من زهرة الشمس. كانت مساحة الوحدة التجريبية 5×3 م، تضمنت اربعة مروز بطول 5م والمسافة بينها 75 سم. زرعت البذور بواقع 2-3 بذرة بمسافة 25 سم بين جوررة واخرى وخفت عند مرحلة 3-4 اوراق. اضيف سماد السوبر فوسفات بمعدل 240 كغم/ هكتار عند الحراثة و اضيف سماد اليوريا بمعدل 280 كغم/ هكتار بدفعين، الأولى عند مرحلة 3-4 اوراق، والثانية عند بداية تكوين البراعم الزهرية. اجريت عمليات العزق والتعشيب كلما دعت الحاجة لذلك. تم اختيار عشرة نباتات عشوائية وتغليفها بواسطة اكياس وذلك بعد تمام عملية التلقيح وذبول الأوراق التوجيهية لضمان حمايتها من الطيور وتم حصاها عند النضج. استخراج معدل الحاصل للستين 2007 و 2008.

جدول 1: اسماء التراكيب الوراثية المدروسة ورموزها وتصنيفها ومنشأها

التركيب الوراثي	الرمز	التصنيف	المنشأ
كوبان	V1	زيتي	هجين تركي
شموس	V2	كرزات	صنف معتمد
اقمار	V3	زيتي	صنف معتمد
زهرة العراق	V4	زيتي	هجين محلي
فلامي	V5	زيتي	هجين امريكي
يوروفلور	V6	زيتي	هجين فرنسي

### التحليل الأحصائي

ترتكز تقنية GGE-Biplot على مفهومين، الأول هو ان G و G.E. فقط هما اللذان يستخدمان في تقويم التراكيب الوراثية (ومن هنا جاءت التسمية GGE)، والمفهوم الثاني هو ان تقنية Biplot توظف لعرض GGE في تجارب MEYT. ينشئ GGE-Biplot بالاعتماد على التأثيرين الأولي والثانوي للمكونات الأساس pc1 و pc2 (Principle Components Analysis) الناتجان عن تعريض بيانات حاصل البيئة المركزية environment centered yield الى تحليل مفرد اولي (21) اللذان يستخدمان لتحليل تأثير التداخل من النموذج التجميعي وبالتالي

تجميع التراكيب الوراثية في مجاميع بناء على التشابه في الأداء في البيئات المتضادة. ان نموذج تحليل GGE-Biplot حسب Yan (16) يبنى على تحليل القيمة المفردة (SVD) لأول مكونين اساسين هما:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{j1} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{j2} + \epsilon_{ij} \quad (1)$$

اذ ان  $Y_{ij}$ : قياس لأداء التركيب  $i$  في البيئة  $j$ ،  $\mu$ : المعدل العام،  $\beta_j$ : التأثير الرئيس للبيئة  $j$ ،  $\mu + \beta_j$ : معدل حاصل التراكيب جميعها في البيئة  $j$ ،  $\lambda_1$  و  $\lambda_2$ : القيم المفردة (SV) للمكونين الأساسين الأول والثاني (PC1 و PC2) على التوالي،  $\xi_{i1}$  و  $\xi_{i2}$  هي eigenvectors للتركيب  $i$  للمكونين الأساسين الأولين،  $\eta_{j1}$  و  $\eta_{j2}$  هي eigenvectors للبيئة  $j$  للمكونين الأساسين الأولين،  $\epsilon_{ij}$ : هو الخطأ للتركيب  $i$  في البيئة  $j$ .  
تم تجزأة القيمة المفردة بواسطة:

$$g_{i1} = \lambda_1 \xi_{i1} \text{ and } e_{1j} = \lambda_1^{-1} \eta_{1j} \quad (2)$$

اذ ان  $f_1$ : هو معامل التجزئة لقيم PC1 والتي تنحصر قيمها بين 0 و 1.

لأجل توليد GGE-Biplot فإن المعادلة (1) ستكتب كالتالي:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = g_{i1} e_{1j} + g_{i2} e_{2j} + \epsilon_{ij} \quad (3)$$

عند تعديل البيانات، فإن المعادلة الأخيرة تصبح:

$$(Y_{ij} - \mu - \beta_j) s_j = \sum_{i=1}^k g_{i1} e_{1j} + \epsilon_{ij} \quad (4)$$

اذ ان  $s_j$ : الانحراف القياسي في البيئة  $j$ ،  $i = 1, 2, \dots, k$ ،  $g_{i1}$  و  $e_{1j}$  هي قيم PC1 للتركيب  $i$  والبيئة  $j$  على التوالي.

تم استخدام المعادلة (4) لتكوين شكل (2)، والمعادلة (3) لتقويم العلاقة بين التركيب والبيئة. تم التحليل والرسم البياني باستخدام برنامج GGEbiplot (19).

## النتائج والمناقشة

يبين تحليل ANOVA التجميعي التأثير المعنوي للبيئات والتراكيب الوراثية والتداخل بينهما في حاصل البذور بنسبة 16.5%، 71.2% و 12.3% على التوالي (جدول 2). يبين تحليل biplot ان المكونين الأساسين PC1 و PC2 كانا معنويين وشرحا مانسبته 85.7% و 11.4% من التباين الكلي على التوالي (جدول 3). امتلكت التراكيب الوراثية جميعها، باستثناء التركيب أقمار، اعلى حاصل في بيئة كوت 1 (جدول 4) وكان افضلها التركيب فلامي الذي اعطى 3.62 طن/هـ في هذه البيئة. ان عدم اختلاف ترتيب او رتب (rank) التراكيب في معظم البيئات قد يدل على ان التراكيب المدروسة ربما تكون من النوع non-crossover تحت ظروف البيئات المدروسة. تفوق التركيب شمس على بقية التراكيب المدروسة على اساس المعدل في البيئات جميعها وبلغت نسبة تفوقه على اوطأ التراكيب (يوروفلور) بنسبة 67%.

تم تمثيل بيانات GGEbiplot بيانيا بالاعتماد على genotypes - focused scaling لكي تتم دراسة العلاقة بين التراكيب الوراثية والبيئات. صنفت التراكيب التي امتلكت قيم PC1 اعلى من الصفر على انها عالية الحاصل و/او متكيفة، بينما صنفت التراكيب التي امتلكت قيم PC1 اقل من الصفر على انها واطنة الحاصل و/او غير متكيفة (شكل 1). بهذا تكون التراكيب التي تقع على يمين الشكل هي التراكيب المهمة التي قسمت الى مجموعتين،

الأولى تضم التركيب شموسالذي يوصف بأنه ثابت وحاصل عالي لأن قيمة PC2 منخفضة نسبياً، والمجموعة الثانية تضم التركيب فلامبي الذي يوصف بأنه منخفض الثباتية إلا أنه عالي الحاصل لأن قيمة PC2 له كبيرة نسبياً (بغض النظر عن الإشارة) كما يتضح من (شكل 1). يبين تقدير انحاط البيئات المدروسة بالاعتماد على قيم **environments-focused scaling** ان البيئات المدروسة امتلكت قيم موجبة لل PC1 فقط وهذا يدل على ان قيم PC1 تمثل اختلافات الحاصل في البيئات وعلى هذا الأساس يمكن القول ان التراكيب ذات قيم PC1 العالية يمكن ان تشخص بسهولة في البيئات ذات قيم PC1 العالية (21).

جدول 2: التحليل التجميعي لتباين حاصل البذور لستة تراكيب وراثية من زهرة الشمس في اربع بيئات

S.O.V.	d.f.	s.s.	m.s.	f-cal.	f-tab.	% s.s.	model
Env.	3	3.355	1.11	54.15	**	16.5	عشوائي
Reps./env.	8	0.165	0.02	-	-	-	-
Gen.	5	14.492	2.89	265.91	**	71.2	ثابت
Gen.×Env.	15	2.497	0.16	15.27	**	11.9	عشوائي
Error	40	0.436	0.01	-	-	-	-
Total	71	20.945	-	-	-	-	-

جدول 3: تحليل GGEbiplot لصفة حاصل البذور لستة تراكيب وراثية من زهرة الشمس في اربع بيئات

المكونات الأساسية	Singular value	% of total eigen value	% of eigen values cumulative
PC1	2.243	85.7	85.7
PC2	0.819	11.4	97.1
PC3	0.408	2.8	99.9
PC4	0.073	0.1	100

جدول 4: معدل حاصل البذور (طن/هـ) لستة تراكيب وراثية من زهرة الشمس في اربع بيئات كمعدل للستين 2007 و 2008

التراكيب	البيئات				المعدل
	S1	S2	S3	S4	
V1	2.39	1.98	2.21	1.56	2.03
V2	3.41	2.96	2.99	3.09	3.11
V3	2.39	2.61	2.32	2.31	2.40
V4	2.68	2.17	2.30	2.49	2.41
V5	3.62	2.63	3.25	2.46	2.99
V6	2.34	1.68	1.97	1.47	1.86
المعدل	2.8	2.34	2.50	2.23	2.47

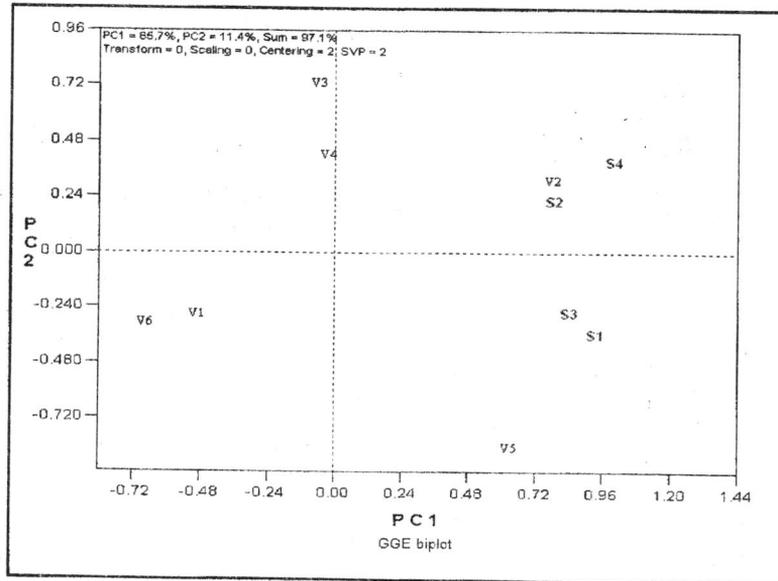
S1: الكوت 1، S2: كوت 2، S3: الديوانية، S4: الحلة، V1: كوبان، V2: شموس، V3: أقمار، V4: زهرة العراق، V5: فلامبي، V6: يورولور.

يبين (جدول 5) معامل الارتباط للبيئات المدروسة، ويتضح ان البيتين كوت 2 وديوانية قد ارتبطتا مع بعضهما والبيتين كوت 1 وديوانية مع بعضهما طردياً، ( $r=0.81$  و  $0.97$  على التوالي). بلغت اقل قيمة للارتباط  $0.72$  بين البيتين كوت 1 وحلة. ان الارتباط العالي بين اية بيتين يقترح امكان ازالة احدى البيئات المرتبطة مع بعضها دون التأثير في بقية البيانات وهذا ينطبق على البيتين. يمكن تقدير قيم الارتباط من شكل (1)، اذ تدعى الخطوط الواصلة بين نقطة

الأصل ومواقع البيئات بال environment vectors وان جيب تمام الزاوية بين اي vectors لأية بيئتين تناظر قيمة الارتباط بينهما. كذلك فإن طول environment vectors يمثل الانحراف القياسي ويعبر عن قابلية البيئة على تصنيف التراكيب الوراثية ، فكلما ازداد طول الvectors عبر عن قدرة اكبر للبيئة على تصنيف التراكيب (discriminative). يلاحظ من (شكل 1) ان الزوايا جميعها بين vectors للبيئات كافة كانت اقل من 90 درجة (شكل 6) وهذا يدل على ان معامل الارتباط كافة كانت موجبة. يعد عدم حصول ارتباط سالب بين البيئات دليلا عن عدم حصول تغيير كبير في ترتيب (rank) التراكيب في البيئات. ان الانتخاب غير المباشر (الانتخاب في بيئة واعمام النتائج على بيئات اخرى) يمكن ان يطبق عندما لا توجد ارتباطات لتأثيرات الخطأ بين البيئات ، اذ يمكن استخدام الانتخاب على الأساس المظهري بين البيئات للتحقق من الاستجابة غير المباشرة للانتخاب ( 3) وهذا ما حصل في هذه الدراسة ، اذ يمكن استخدام الانتخاب غير المباشر لصفة حاصل البذور في هذه البيئات، فمثلا ان التركيب الوراثي شمس المتكيف وذو الحاصل العالي في البيئة كوت 2 يمكن ان يظهر استجابة مشابهة في البيئة حلة، كذلك فان التركيب الوراثي فلامبي يكون ذو اداء متمائل في البيئتين كوت 1 و ديوانية. تمتاز البيئات المفضلة بأنها ذات قدرة عالية على تصنيف التراكيب الى مجاميع حسب ادائها (بدلالة قيم PC1 العالية) ومثلة للبيئات المدروسة جميعها (بدلالة قيم PC2 التي تقترب من الصفر) (20) ومن خلال (شكل 1) يتضح ان البيئتين كوت 2 وديوانية هما الأكثر تمثيلا لمعدل البيئات والبيئتان كوت 1 وحلة تمتلكان قدرة عالية على تصنيف التراكيب المدروسة.

جدول 5: معامل الارتباط بين البيئات المدروسة

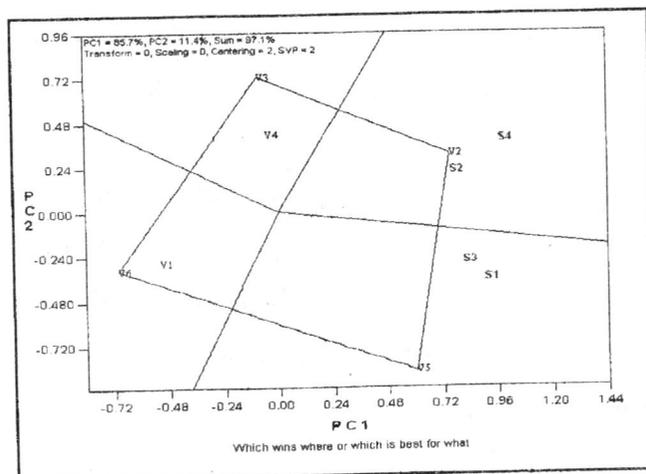
S4	S3	S2	S1	
			*1.0	S1
		*1.0	*0.72	S2
	*1.0	*0.81	*0.97	S3
*1.0	*0.73	*0.89	*0.72	S4



شكل 1: العلاقة بين التراكيب الوراثية والبيئات المدروسة.

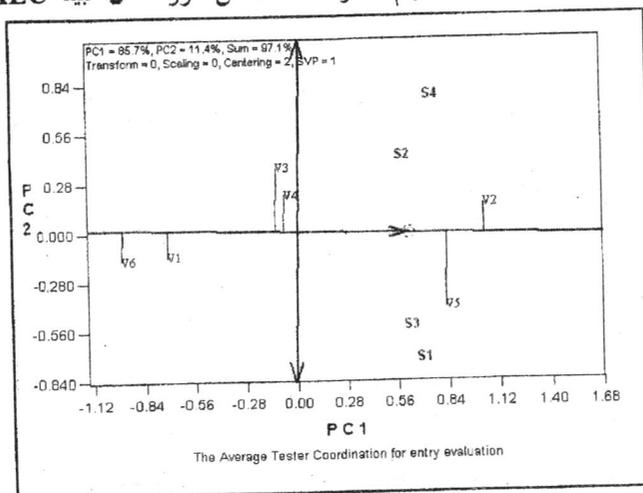
من الأهداف المهمة لمربي النبات هو تحديد التراكيب الملائمة لكل بيئة مدروسة. يبين (الشكل 2) التراكيب المفضلة لكل بيئة ويعتمد الشكل على تكوين مخطط متعدد الاضلاع (polygon) وذلك بأبصال نقاط التراكيب

البعيدة عن نقطة الأصل لل biplot بحيث تضم بداخلها التراكيب الأخرى جميعها. يتضح من (الشكل 2) يمتلك التركيب شموس حاصل عال في بيئة كوت 2 والحلة والتركيب فلامبي في البيتين كوت 1 وديوانية، كذلك يقترح الشكل 2 وجود بيئتين كبيرتين Mega-environments، الأولى ضمت البيتان كوت 2 والحلة، والثانية ضمت البيتان كوت 1 والديوانية.



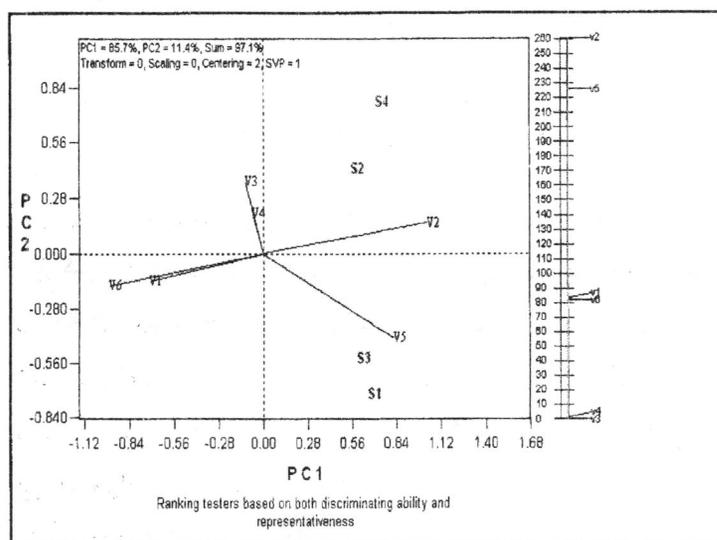
شكل 2: التراكيب الوراثية المفضلة لكل بيئة.

تمت دراسة اداء وثباتية الحاصل للتراكيب الوراثية باستخدام طريقة احداثي معدل البيئة AEC (Average Environment Coordination) حسب Hunt, Yan (22) و Yan (16). في هذه الطريقة فإن معدل البيئة يحدد بمعدل قيم PC1 و PC2 للبيئات جميعها وتمثل بدائرة صغيرة (شكل 3) ثم يرسم خط يمر في معدل البيئة ونقطة الأصل ويدعى هذا الخط بمحور البيئة AEC وبعد كاحداثي سيني لمحور معدل البيئة، كما يرسم خط يمر بنقطة الأصل ويكون قائم على AEC وبعد الاحداثي الصادي. يلاحظ من شكل (4) وجود سهم على المحور السيني يشير الى التأثير الأعظم في التركيب الوراثي، ان AEC يقسم التراكيب الوراثية الى مجموعتين، الأولى التي تقع الى اليمين وهي عالية الحاصل، والثانية الى اليسار وهي منخفضة الحاصل، بناء عليه فإن التركيبين شموس وفلامبي ذوا حاصل اعلى من المعدل العام وبقية التراكيب اقل من المعدل العام (شكل 3 وجدول 4)، اما الاحداثي الصادي فيحتوي على سهمين يشير كل منهما الى التأثير الأعظم في التداخل (G.E.) وانخفاض الثباتية بالابتعاد عن نقطة الأصل لذلك تعد التراكيب شموس وكوبان ويوروفلور ذو ثباتية عالية لامتلاكهم اقصر vector عن محور معدل البيئة AEC (اقل قيم PC2).

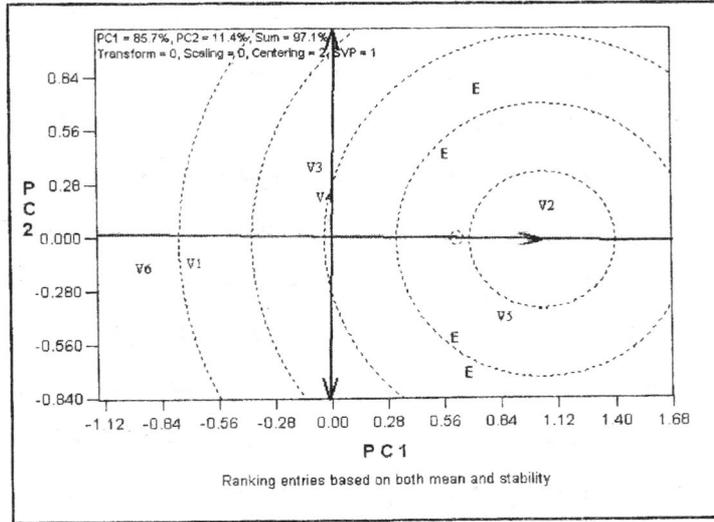


شكل 3: ثباتية التراكيب المدروسة.

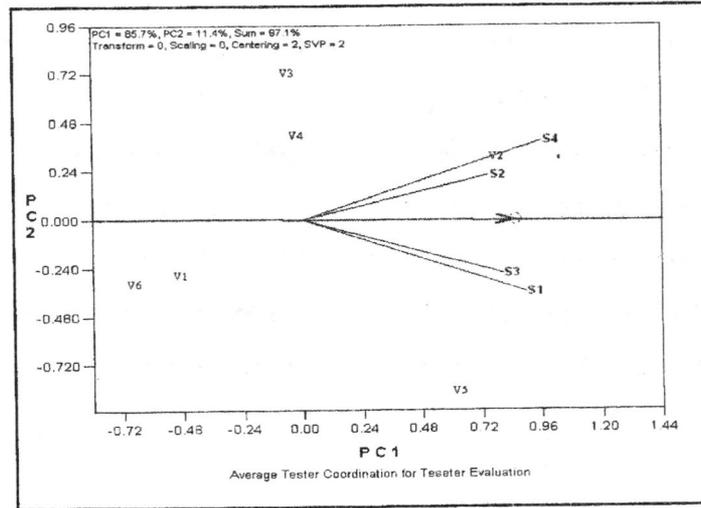
يشرح الشكل (4) طبيعة العلاقة بين التراكيب المدروسة، ان طول **vector** الواصل بين موقع التركيب الوراثي ونقطة الأصل يقيس اختلاف التركيب عن المعدل العام، لذلك فالتركيب الذي يمتلك **vector** طويل اما يكون الأفضل (شموس) او الأسوأ (يوروفلور) في بيئة واحدة او اكثر (الشكل 4 وجدول 4). ان التراكيب الواقعة بالقرب من نقطة الأصل تكون ذات معدلات حاصل قريبة من المعدل العام ( أقمار وزهرة العراق). أن جيب تمام الزاوية بين اي **vector** لأي تركيبين يقيس درجة التشابه للاستجابة للتداخل لذلك فاداء التركيبين اقمار وزهرة العراق متشابه وكذلك اداء التركيبين كوبان ويوروفلور، بينما اداء التركيبين شموس ويوروفلور مختلف جدا. يجب ان يمتاز التركيب المثالي (**ideal**) بالحاصل العالي والثباتية الجيدة ضمن البيئات المدروسة كافة وعادة يمتلك التركيب المثالي قيمة **G.E.** تقترب من الصفر الذي يستدل عليه من اتجاه السهم على المحور السيني للـ **AEC** ويقع في مركز الدائرة (شكل 5) ويمتلك اطول **vector** (شكل 4)، لذلك فالتركيب شموس يعد تركيبا مثاليا، اما التركيب يوروفلور فهو الأبعد عن المثالية. ان التركيب المثالي قد لا يكون موجودا في الواقع إلا انه يمكن ان يستخدم كفاحص لتقويم بقية التراكيب. يعد التركيب مرغوبا (**desirable**) اذا وقع بالقرب من التركيب المثالي ( قرب مركز الدائرة ) ، ويتضح من الشكل (5) ان التركيب فلامبي يعد تركيبا مرغوبا. يجب ان تمتاز البيئة المثالية بمقدرتها العالية على تصنيف التراكيب وان تكون ممثلة للبيئات جميعا وهذا يمكن الكشف عنه من خلال امتلاكها لقيم **PC1** عالية ( الدالة على القابلية العالية على تصنيف التراكيب) وقيم **PC2** واطنة (الدالة على المقدرة على تمثيل البيئات المدروسة كافة) (شكل 6) ، وبالرغم من ان البيئات المثالية قد لا توجد في الواقع إلا انها يمكن ان تستخدم كمرجع للانتخاب في تجارب **MEYT**. تعد البيئة المثالية اذا وقعت في مركز الدائرة على المحور السيني للـ **AEC** وتكون مرغوبة عندما تقع بالقرب من البيئة المثالية (17،21). يتضح من (شكل 6) ان البيتين كوت 2 وحلة الأقرب الى مركز الدائرة وبذا يمكن عددهما البيئة المرغوبة. كذلك يمكن بقية البيئات مرغوبة وممثلة لبعضها. لذا يمكن الاعتماد على القيم المظهرية لصفة الحاصل للانتخاب للتعبير عن كفاءة الحاصل في البيئة الهدف وان معنوية الارتباط الطردي بين البيئات دليل على ذلك (2) (جدول 5).



شكل 4: العلاقة بين التراكيب الوراثية المدروسة.



شكل 5: التركيب المثالي.



شكل 6: العلاقة بين النباتات المدروسة.

هناك العديد من المصطلحات التي يمكن ان تستخدم لتفسير طبيعة التداخل الوراثي- البيئي ومن اهمها الثباتية والتركيب المثالي والتركيب المرغوب. ان التركيب المثالي ( التركيب الذي يمتلك اقل انحراف عن معدله في البيئات المدروسة وعن المعدل العام) يكون دائما هدفا لمربي النبات لأمتلاكه توازنا بين الحاصل والثباتية الأ ان الحصول عليه امر غير مؤكد بسبب تعقيد عمل الجينات وتفاعلها مع البيئة وصعوبة تجميعها لذلك يلجأ مربو النبات الى البحث عن التركيب المرغوب (التركيب الذي يمتلك اقل انحراف عن التركيب المثالي). ان الثباتية صفة مرغوبة لكل من المربي والمزارع على حد سواء، الا انها يجب ان تكون مصحوبة بالحاصل العالي. ان التركيب كوبان ايسدى اعلى ثباتية (شكل 3)، الا ان حاصله كان منخفضا وهذا يوضح ان الانتخاب لجينات الثباتية قد يؤدي الى تظليل مربي النبات ان لم يكن مصحوبا بالحاصل العالي.

### المصادر

- 1- Burdon, R.D. (1977). Genetic correlation as a concept for studying genotype- environment interaction in forest tree breeding.

- 2- Cooper, M., R. Stucker; H. Delacy and B. Harch (1997). Wheat breeding nurseries, target environments, and indirect selection for grain yield. *Crop Sci.*, 37: 1168-1176.
- 3- Cooper, M. and H. Delacy (1994). Relationships among analytical methods used to study genotypic variation and genotype by-environment interaction in plant breeding multi-environment experiments. *Theor. Appl. Genet.* 88: 561-572.
- 4- Dehghani, H.; A. Ebadi and A. Yousefi (2006). Biplot analysis of genotype by environment interaction for Barley yield in Iran. *Agron. J.*, 98: 388-393.
- 5- Delacy, H.; K. Basford; M. Cooper and P. Fox (1996). Retrospective analysis of historical data sets from multi-environment trials-theoretical development. In: Cooper M, Hammer GL (eds) *Plant adaptation and crop improvement*. CAB International, Wallingford, UK, pp:243-267.
- 6- Eberhart, S.A. and W.A. Russel (1966). Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science.* 6:36-40. environment interaction for Barley yield in Iran. *Agron. J.*, 98: 388-393.
- 7- FAO STAT DATABASE (<http://faostat.fao.org>)
- 8- Finlay, K.W. and G.N. Wilkinson (1963). The analysis of adaptation in a plant breeding program. *Aust. J. Agri. Res.*, 14:742-754.
- 9- Gabriel, K.R. (1971). The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrics*, 58: 453-467.
- 10- Gauch, H.G. (1992). *Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs*. Elsevier, Amsterdam, Netherlands.
- 11- Kaya, Y.; M. Akcura and S. Taner (2006). GGE-biplot analysis of multi-environment yield trials in bread wheat. *Turk J. Agric. For.* 26:275-279.
- 12- Perkins, J.M. and J.L. Jinks (1968). Environmental and genotype-environmental interactions and physical measures of the environment. *Heredity* 25:29-40. 2006. relations of soybean in Ontario. *Crop Sci.*, 42: 11-20.
- 13- Samonte, S.O.; L. Wilson; A.M. McClung and J.C. Medley (2005). Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMIA and SREG GGE biplot analysis. *Crop Sci.*, 45:2414-2424.
- 14- Voltas, J.L.; F. Eeuwijk; E. Igartua; L.F. Garoia del; J.L. Molina and I. Ramagosa (2002). Genotype by environment interaction and adaptation in barley breeding: basic concepts and methods of analysis .In: *Barley science recent advances from molecular biology to agronomy of yield and quality* (Eds.: G.A. Slaver, J.L. Molina, R. Savin, J.L. Araus and I. Romagosa). The Haworth Press, NY. Pp.205-241.
- 15- Yamada, Y. (1962). Genotype  $\times$  environment interaction and genetic correlation of the same trait under different environments. *Jap. J. Genetics*, 37:498-509.
- 16- Yan, W. (2002). Singular value partitioning for biplot analysis of multi-environment trial data. *Agron. J.*, 94:990-996.

- 17- Yan, W. and I. Rajcan (2002). Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Can. J. Plant Sci.*, 42:11-20.
- 18- Yan, W. and B.L. Ma. (2006). Model diagnosis and GGE biplot analysis, pp. 39. Eastern Cereal and Oilseed Research Centre, Agriculture and Agri-food Canada.
- 19- Yan, W. and N.A. Tinker (2005). An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting and exploring genotype X environment interaction. *Crop Sci.*, 45:1004-1016.
- 20- Yan, W.; P.L. Cornelius; J. Crossa and L.A. Hunt (2001). Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data. *Crop Sci.*; 41: 656-663.
- 21- Yan, W.; L. Hunt; Q. Sheng and Z. Szlavnyics (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci.*, 40:597-605.
- 22- Yan, W. and L.A. Hunt (2001). Interaction of genotype x environment for winter wheat yield in Ontario. *Crop Sci.*, 41:19-25.

## ANALYSIS OF G.E. INTERACTION BASED ON GGE-BIPLLOT TECHNIQUE FOR SOME GENOTYPES OF SUNFLOWER

M. Sh. Hamdalla\*

R.J. Mansour\*\*

F.A. Kadhem\*

### ABSTRACT

Yield data of six sunflower genotypes tested across four Iraqi environments during 2007 and 2008 growing season were analyzed using the GGE-biplot method. Aims of this study were: (1) Analyze G.E.I. for six sunflower genotypes across four Iraqi environments by GGE-Biplot, (2) definition superior genotypes that could be valuable for sunflower improvement or variety release, (3) specification the suitable genotype for each environment, (4) determination the ideal and favorable genotypes in terms of high yield and stability, (5) Demonstration the GGE biplot which is used for the first time in Iraq. The G and G.E. interpreted 71.2% and 11.9% of the total respectively. The first two principal (PC1 & PC2) components were sufficient to interpret G.E.I that explained 85.7% and 11.4% of GGE sum of square respectively. The adaptable and / or higher-yielding genotypes had PC1 scores  $\leq 0$ , and PC2  $\leq 0$  scores defined the non-adaptable and / or lower-yielding ones. The genotypes which had PC2 scores near zero identified as a stable, while absolute larger PC2 scores detected the unstable ones. Shimows was the ideal genotype in terms of higher yielding ability and stability, while the genotypes Cuban and Youroflore were stable but poor. On the other hand, all tested environments had PC1 scores  $> 0$  and that suggest non-crossover type G.E.I. The Kut2 and Dywanya were the desirable environments.

\* College of Agric.- Baghdad Univ. - Baghdad, Iraq.

\*\*College of Agric.- Al-Kut Univ.- Kut, Iraq.