

Evaluation of the efficiency of classical and spatial approaches in estimating genotypic effects and selecting maize hybrids in preliminary multi-environment trials

Mohammadreza Shiri 

*Corresponding Author: Associate Professor, Department of Maize and Forage Crops Research, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO): Karaj, Iran. Email address: mohammadrezashiri52@gmail.com

Afshar Estakhr 

Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Shiraz, Iran. Email address: afshar_estakhr@yahoo.com

Morteza Eshraghi-Nejad 

Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, South Kerman Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Jiroft, Iran. Email address: m.eshraghi@areeo.ac.ir

Abstract

Objective

This study was conducted to evaluate the efficiency of different spatial correction methods and their impact on multi-environment analyses in maize breeding programs. Maize, as one of the most strategic crops, plays a crucial role in food security and livestock feed supply. Therefore, the selection of high-yielding and stable hybrids is a primary objective in breeding programs. However, spatial heterogeneity in field experiments can increase experimental error and reduce the accuracy of genotype effect estimation, an issue that becomes even more critical in multi-environment analyses.

Materials and Methods

In this study, 102 new maize hybrids along with three check cultivars were evaluated across three environments (Karaj, Jiroft, and Shiraz) using an alpha-lattice design with two replications. Data analysis was performed using a two-stage approach, in which weights derived from the inverse

of the prediction error variance of the spatial models were incorporated into the multi-environment analysis to account for heterogeneity in observation precision. In the first stage, to address spatial heterogeneity, data from each environment were analyzed separately using three models: SpATS (Spatial Analysis of Trials with Splines), the first-order separable autoregressive model ($AR1 \times AR1$), and their combination (SpATS + $AR1 \times AR1$). In the second stage, multi-environment analysis was conducted using the Factor Analytic model to investigate the structure of genotype $\times$ environment interaction (GEI). Additionally, WAASB and WASSBY indices were calculated to assess genotype stability and performance.

Results

The results showed that the SpATS model, due to its high ability to capture large-scale spatial variation, significantly reduced prediction error compared to raw data and other models. In contrast, the $AR1 \times AR1$ model provided only limited improvement, and its combination with SpATS did not show a significant advantage over using SpATS alone. Although the alpha-lattice design partially controlled spatial variation, the application of spatial models, particularly SpATS, resulted in greater improvement in estimation accuracy and genotype ranking.

Multi-environment analysis revealed that the GEI exhibited a structured, interpretable pattern, and that the environments differed in their ability to discriminate among genotypes. Based on the WASSBY index, which integrates yield and stability, hybrids H31, H23, H22, H27, and H53 were identified as superior genotypes. Despite the superiority of these five hybrids, to maintain genetic diversity and provide opportunities for future breeding, approximately 20% of the top-performing genotypes based on yield and stability indices were advanced to the next stage of the breeding program.

Conclusion

Overall, the findings of this study indicate that the use of spatial models, particularly SpATS, combined with multi-environment analysis based on the factor analytic model provides a precise and reliable framework for improving genotype selection. This approach can significantly enhance decision-making efficiency in maize breeding programs.

Keywords: Spatial analysis of trials with splines, First-order autoregressive model ($AR1 \times AR1$), Linear mixed models, Factor analytic model, Genetic gain

Paper Type: Research Paper.

Citation: Shiri M, Estakhr A, Eshraghi-Nejad A (2025) Evaluation of the efficiency of classical and spatial approaches in estimating genotypic effects and selecting maize hybrids in preliminary multi-environment trials. *Journal of Genetics and Plant Breeding* 2 (3), 111-138.

Journal of Genetics and Plant Breeding 2 (3), 111-138.

DOI: 10.22103/gpb.2025.5695

Received: June 5, 2025.

Received in revised form: August 9, 2025.

Accepted: August 10, 2025.

Published online: September 25, 2025.

Publisher: Research and Technology Institute of Plant Production,
Afzalipour Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman and
Iranian Genetics Society.



© the authors

بررسی کارایی رویکردهای کلاسیک و مکانی در برآورد اثر ژنوتیپی و انتخاب هیبریدهای ذرت در آزمایش‌های چندمحیطی مقدماتی

محمد رضا شبیری

*نویسنده مسئول: دانشیار، بخش تحقیقات اصلاح ذرت و گیاهان علوفه‌ای، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران. رایانامه: mohammadrezashiri52@gmail.com

افشار استخر

استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، شیراز، ایران. رایانامه: afshar_estakhr@yahoo.com

مرتضی اشراقی نژاد

استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی جنوب کرمان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، جیرفت، ایران. رایانامه: m.eshraghi@areeo.ac.ir

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۳/۱۵ تاریخ دریافت فایل اصلاح شده نهایی: ۱۴۰۴/۰۵/۱۸ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۵/۱۹

چکیده

هدف: این پژوهش با هدف بررسی کارایی روش‌های مختلف تصحیح مکانی و تأثیر آن‌ها بر تحلیل‌های چندمحیطی در برنامه‌های به‌نژادی ذرت انجام شد. ذرت به‌عنوان یکی از محصولات استراتژیک کشاورزی، نقش مهمی در تأمین امنیت غذایی و خوراک دام دارد و انتخاب هیبریدهای پرمحصول و پایدار از اهداف اصلی برنامه‌های به‌نژادی آن است. با این حال، ناهمگنی‌های مکانی در آزمایش‌های مزرعه‌ای می‌توانند موجب افزایش خطا و کاهش دقت برآورد اثرات ژنوتیپی شوند، که این مسئله به‌ویژه در تحلیل‌های چندمحیطی اهمیت بیشتری پیدا می‌کند.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه، ۱۰۲ هیبرید جدید ذرت به‌همراه سه رقم شاهد در سه محیط کرج، جیرفت و شیراز در قالب طرح آلفا-لاتیس با دو تکرار ارزیابی شدند. تحلیل داده‌ها در قالب یک رویکرد دو مرحله‌ای انجام گرفت. در مرحله اول، برای تصحیح ناهمگنی‌های مکانی، داده‌های هر محیط به‌طور جداگانه با استفاده از سه مدل شامل (Spatial Analysis of Trials with

SpATS (Splines)، مدل خودرگرسیو $AR1 \times AR1$ و ترکیب این دو تحلیل شدند. در مرحله دوم، به منظور بررسی ساختار برهم کنش ژنوتیپ $\times$ محیط، تحلیل چندمحیطی با استفاده از مدل Factor Analytic انجام شد و شاخص‌های WAASB و WASSBY برای ارزیابی پایداری و عملکرد ژنوتیپ‌ها محاسبه گردید.

نتایج: نتایج نشان داد که مدل SpATS با توانایی بالا در مدل‌سازی تغییرات مکانی بزرگ‌مقیاس، نسبت به داده‌های خام و سایر مدل‌ها باعث کاهش قابل توجه خطای پیش‌بینی شد. در مقابل، مدل $AR1 \times AR1$ بهبود محدودی ایجاد کرد و ترکیب آن با SpATS نیز برتری معنی‌داری نسبت به استفاده از SpATS به‌تنهایی نداشت. همچنین مشخص شد که اگرچه طرح آلفا-لاتیس بخشی از تغییرات مکانی را کنترل می‌کند، اما استفاده از مدل‌های مکانی به‌ویژه SpATS موجب بهبود بیشتر دقت برآوردها و رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها می‌شود. تحلیل چندمحیطی نشان داد که برهم کنش ژنوتیپ $\times$ محیط دارای ساختاری منظم و قابل تفسیر است و محیط‌ها از نظر توان تفکیک ژنوتیپ‌ها متفاوت هستند. بر اساس شاخص WASSBY که ترکیبی از عملکرد و پایداری است، هیبریدهای H31، H23، H22، H27 و H53 را به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر معرفی کرد. با وجود برتری این پنج هیبرید، به‌منظور حفظ تنوع ژنتیکی و ایجاد فرصت‌های اصلاحی در مراحل بعدی، حدود ۲۰ درصد از ژنوتیپ‌های برتر بر اساس عملکرد و شاخص‌های پایداری به ادامه برنامه به‌نژادی وارد شدند.

نتیجه‌گیری: در مجموع، نتایج این پژوهش نشان داد که استفاده از مدل‌های مکانی به‌ویژه SpATS در کنار تحلیل چندمحیطی مبتنی بر مدل Factor Analytic، چارچوبی دقیق و قابل اعتماد برای بهبود انتخاب ژنوتیپ‌ها فراهم می‌کند و می‌تواند کارایی تصمیم‌گیری در برنامه‌های به‌نژادی ذرت را به‌طور قابل توجهی افزایش دهد.

کلیدواژه‌ها: تحلیل مکانی آزمایش‌ها با اسپلاین‌ها، مدل خودرگرسیو مرتبه اول دوبعدی ($AR1 \times AR1$)، مدل‌های خطی آمیخته، مدل Factor Analytic، پیشرفت ژنتیکی
نوع مقاله: پژوهشی.

استناد: شیری محمدرضا، استخر افشار، اشراقی‌نژاد مرتضی (۱۴۰۴) بررسی کارایی رویکردهای کلاسیک و مکانی در برآورد اثر ژنوتیپی و انتخاب هیبریدهای ذرت در آزمایش‌های چندمحیطی مقدماتی. *مجله ژنتیک و به‌نژادی گیاهی*، ۲(۳)، ۱۱۱-۱۳۸.

Publisher: Research and Technology Institute of Plant Production,

Afzalipour Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman and

Iranian Genetics Society

© the authors



ذرت (*Zea mays* L.) یکی از مهم‌ترین گیاهان زراعی جهان است که نقش اساسی در تأمین امنیت غذایی، تولید خوراک دام و صنایع وابسته ایفا می‌کند. سازگاری وسیع این گیاه با شرایط اقلیمی متنوع و جایگاه ویژه آن در نظام‌های زراعی، ضرورت توسعه ارقام و هیبریدهای پرمحصول و پایدار را بیش از پیش آشکار کرده است. بنابراین افزایش دقت ارزیابی‌های مزرعه‌ای و بهبود کارایی روش‌های انتخاب ژنوتیپ‌ها از اولویت‌های اصلی برنامه‌های به‌نژادی ذرت به‌شمار می‌رود (Shiri et al. 2025; Ebrahimi 2023). در فرایند به‌نژادی، ارزیابی مزرعه‌ای جمعیت‌ها، لاین‌های اینبرد، هیبریدها و سایر مواد ژنتیکی انجام می‌شود. این ارزیابی‌ها نقش کلیدی در پیش‌بینی دقیق ارزش‌های ژنوتیپی نامزدهای انتخاب دارند و مستلزم طراحی و تحلیل آماری مناسب برای برآورد و اعتبارسنجی خطای آزمایشی هستند (Piepho et al. 2008; Resende & Alves 2020; Resende & Duarte 2007; Casler 2015).

در آزمایش‌های مزرعه‌ای که تعداد تیمارها محدود و ناهمگنی مزرعه قابل کنترل است، معمولاً از طرح بلوک‌های کامل تصادفی استفاده می‌شود. با این حال، در بسیاری از برنامه‌های به‌نژادی، به‌ویژه در مراحل مقدماتی که تعداد زیادی ژنوتیپ مورد ارزیابی قرار می‌گیرند و مقدار بذر در دسترس محدود است، استفاده از این طرح عملی نیست. در چنین شرایطی، طرح‌های بلوک ناقص، از جمله طرح‌های لاتیس و طرح بلوک‌های حجیم شده (Augmented Block Design)، به‌عنوان گزینه‌های رایج برای مدیریت ناهمگنی مزرعه و افزایش کارایی آزمایش مورد استفاده قرار می‌گیرند (Ramalho et al. 2012; Zystro et al. 2018). با وجود کارایی طرح‌های آزمایشی در کاهش بخشی از ناهمگنی مزرعه، تغییرات مکانی در مقیاس ریز که ناشی از ویژگی‌های خاک، توپوگرافی و عملیات زراعی هستند، اغلب به‌طور کامل مهار نمی‌شوند. این تغییرات می‌توانند باعث ایجاد همبستگی مکانی شده و دقت برآورد اثرات ژنوتیپی را کاهش دهند (Resende & Sturion 2003; Burgueño 2018). در این راستا، مدل‌های آماری مکانی که اطلاعات موقعیت مکانی کرت‌ها را در تحلیل لحاظ می‌کنند، به‌طور گسترده برای تعدیل این همبستگی‌ها به‌کار گرفته شده‌اند. یکی از رایج‌ترین این رویکردها، استفاده از ساختارهای خودرگرسیو مرتبه اول (First-order autoregressive; AR1) در جهت ردیف و ستون است. در حالت دوبعدی، این ساختارها می‌توانند به‌صورت جداپذیر مدل‌سازی شوند. در ساختار جداپذیر $AR1 \otimes AR1$ ، فرض می‌شود که همبستگی مکانی در جهت ردیف و ستون مستقل از یکدیگر بوده و ساختار کوواریانس کلی به‌صورت حاصل‌ضرب کرونکر دو ماتریس کوواریانس یک‌بعدی تعریف می‌شود. به بیان دیگر، همبستگی بین دو کرت به‌صورت حاصل‌ضرب همبستگی آن‌ها در جهت ردیف و در جهت ستون مدل‌سازی می‌شود. این فرض باعث ساده‌تر شدن مدل و کاهش تعداد پارامترهای قابل برآورد می‌گردد. استفاده از ساختارهای خودرگرسیو مرتبه اول در راستای ردیف‌ها و ستون‌ها یا به‌صورت جداپذیر ($AR1$ و $AR1 \otimes AR1$) در بسیاری از مطالعات موجب بهبود برازش مدل و افزایش دقت پیش‌بینی اثرات ژنوتیپی شده است (Cullis & Gleeson 1991; Gilmour et al. 1997).

کاربرد مدل‌های مکانی کلاسیک در گونه‌های زراعی مختلف، از جمله جو، پنبه، ذرت، نخودفرنگی، سیب‌زمینی، سویا و گندم، نتایج موفقیت‌آمیزی در کاهش خطای آزمایشی و بهبود وراثت‌پذیری صفات نشان داده است (Smith et al. 2001; Stefanova et al. 2009; Arief et al. 2019; Cowling et al. 2015; Andrade et al. 2020; Bernardeli et al. 2019; Borges et al. 2021). با این حال، در بسیاری از موارد، این مدل‌ها فرض می‌کنند که همبستگی مکانی به‌صورت گسسته و منظم در شبکه آزمایشی تعریف می‌شود و ممکن است در شرایط وجود روندهای پیچیده یا ناهمسانگرد مکانی (تفاوت شدت و الگوی همبستگی مکانی در جهات مختلف مانند ردیف و ستون)، کارایی محدودی داشته باشند.

در سال‌های اخیر، روش‌های هموارسازی مکانی مبتنی بر اسپلاین‌ها به‌عنوان رویکردی انعطاف‌پذیر برای مدل‌سازی و تصحیح تغییرات مکانی پیچیده و غیرخطی معرفی شده‌اند. اسپلاین‌های P دوبعدی که در چارچوب مدل‌های خطی آمیخته فرموله می‌شوند، امکان برآورد سطوح مکانی هموار را همراه با کنترل بیش‌برازش فراهم می‌کنند (Eilers & Marx 2003). در این زمینه، مدل SpATS (Spatial Analysis of Trials with Splines) که توسط Rodríguez-Álvarez et al. (2016a) توسعه داده شده است، قادر است روندهای کلی و موضعی مزرعه را به‌طور هم‌زمان تعدیل کند. این مدل با تجزیه سطح مکانی به مؤلفه‌های یک‌بعدی و برهم‌کنش دوبعدی و تخصیص پارامترهای هموارسازی مجزا به هر مؤلفه، امکان هموارسازی ناهمسانگرد و تفسیرپذیری بهتر اثرات مکانی را فراهم می‌سازد. مطالعات متعدد نشان داده‌اند که استفاده از این رویکرد می‌تواند دقت تحلیل داده‌های مزرعه‌ای را به‌طور قابل توجهی افزایش دهد (Bernal-Vasquez et al. 2014; Rodríguez-Álvarez et al. 2018).

در چارچوب راجع تحلیل داده‌های به‌نژادی، ابتدا اثرات ژنوتیپی در هر محیط به‌صورت جداگانه برآورد شده و سپس این برآوردها در تحلیل‌های چندمحیطی مورد استفاده قرار می‌گیرند. با این حال، در بسیاری از مطالعات، تصحیح تغییرات مکانی با استفاده از روش‌های کلاسیک نظیر طرح‌های بلوکی یا مدل‌های ساده رگرسیونی انجام می‌شود که توانایی محدودی در مدل‌سازی الگوهای مکانی پیچیده، ناهمسانگرد و غیرخطی دارند. این محدودیت می‌تواند منجر به باقی‌ماندن ساختار مکانی در باقیمانده‌ها، کاهش دقت برآورد اثرات ژنوتیپی و در نهایت ایجاد تورش در برآورد برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط گردد.

از آنجا که برآوردهای به‌دست‌آمده از مرحله تک‌محیطی به‌عنوان ورودی تحلیل‌های چندمحیطی مورد استفاده قرار می‌گیرند، هرگونه خطا یا تعدیل ناکافی تغییرات مکانی در این مرحله می‌تواند به مرحله بعد منتقل شده و دقت تحلیل‌های چندمحیطی را تحت تأثیر قرار دهد. با وجود توسعه روش‌های پیشرفته تصحیح مکانی، بررسی نظام‌مند تأثیر انتخاب رویکردهای مختلف (کلاسیک در مقابل روش‌های انعطاف‌پذیر مبتنی بر اسپلاین) بر نتایج تحلیل‌های چندمحیطی همچنان محدود است.

بر این اساس، هدف این پژوهش مقایسه کارایی رویکردهای کلاسیک و پیشرفته تصحیح مکانی در برآورد اثرات ژنوتیپی و تحلیل‌های چندمحیطی مبتنی بر مدل تحلیل عاملی در آزمایش‌های چندمحیطی مقدماتی ذرت است. انتظار می‌رود نتایج این مطالعه به بهبود دقت شناسایی هیبریدهای برتر ذرت و افزایش کارایی تصمیم‌گیری در مراحل اولیه برنامه‌های به‌نژادی کمک کند.

مواد و روش‌ها

مجموعه داده‌ها: در این مطالعه، تعداد ۱۰۲ ترکیب جدید حاصل از تلاقی لاین‌های جدید با لاین‌های والدینی هیبریدهایی

تجارتی موجود، به همراه سه رقم شاهد شامل سینگل کراس ۴۱۰، سینگل کراس کرج ۶۴۷ و سینگل کراس کرج ۷۰۴، در سال ۱۴۰۱ در سه منطقه مورد ارزیابی قرار گرفتند. مناطق اجرای آزمایش شامل کرج با عرض جغرافیایی ۳۵/۴۹ درجه شمالی و طول ۵۱/۰۰ درجه شرقی، جیرفت با عرض ۲۸/۴۰۲۸ درجه شمالی و طول ۵۷/۴۴ درجه شرقی و شیراز با عرض ۲۵/۴۶ درجه شمالی و طول ۵۲/۴۳ درجه شرقی بودند. این مناطق نماینده شرایط اقلیمی متفاوت، از جمله شرایط معتدل و گرمسیری، بوده و در مجموع تنوع محیطی مناسبی را برای ارزیابی دقیق ژنوتیپ‌ها فراهم کردند. آزمایش‌ها در قالب طرح آلفا-لاتیس با دو تکرار و پنج بلوک ناقص در هر تکرار اجرا شدند. هر تلاقی در هر کرت در دو ردیف شامل ۲۰ کپه با فاصله ۳۵ سانتی‌متر بین کپه‌ها کشت شد. به منظور اطمینان از سبز شدن، در هر کپه چهار بذر کاشته شد و در مرحله ۴ تا ۵ برگی، پس از انجام تنک‌کردن، دو بوته در هر کپه حفظ گردید. در این مطالعه، صفت عملکرد دانه (تن در هکتار) به عنوان صفت مورد بررسی برای تحلیل‌های مکانی مورد استفاده قرار گرفت.

مدل اسپالین دوبعدی مکانی (SpATS): مدل SpATS که برای تحلیل اثرات مکانی در کرت‌های آزمایشی طراحی

شده است. در این مدل، فرض بر این است مشاهدات هر آزمایش از کرت‌هایی با آرایش مستطیلی به دست آمده‌اند، به طوری که موقعیت هر کرت با مختصات ردیف (r) و ستون (c) مشخص می‌شود. در مدل SpATS، روندهای مزرعه‌ای به وسیله یک تابع هموار دوبعدی از مختصات مکانی $f(r, c)$ مدل‌سازی می‌شوند که با استفاده از P-اسپالین‌های دوبعدی نمایش داده می‌شود. این روش با اعمال جریمه، از بیش‌برازش سطح مکانی جلوگیری می‌کند. شدت هموارسازی توسط پارامترهای هموارسازی تعیین می‌شود که تعادل بین همواری سطح برازش‌شده و انطباق با داده‌های مکانی را کنترل می‌کنند؛ به طوری که مقادیر بزرگ‌تر این پارامترها منجر به روندهای مکانی هموارتر و مقادیر کوچک‌تر موجب برازش‌های ناصاف‌تر می‌شوند.

بر اساس رویکرد Rodríguez-Álvarez (2016a)، برای در نظر گرفتن سایر منابع تغییرات محیطی و همچنین اثرات

ژنوتیپی، اجزای اضافی به مدل SpATS افزوده شد. در نتیجه، مدل خطی آمیخته SpATS برای هر آزمایش به صورت زیر بیان می‌شود:

$$y = X\beta + X_s\beta_s + Z_s s + Z_u u + Z_g g + e$$

در این مدل: y ، بردار مشاهدات فنوتیپی (عملکرد دانه)؛ β ، بردار اثرات ثابت شامل عرض از مبدأ، اثر رقم شاهد و اثر بلوک

قابل تفکیک بوده و X ماتریس طراحی متناظر با آن است؛ جزء $X_s\beta_s + Z_s s$ نمایش مدل خطی آمیخته سطح هموار مکانی

$f(r, c)$ است، به طوری که β_s شامل مؤلفه‌های ثابت و s شامل اثرات تصادفی مکانی با ماتریس کوواریانس S می‌باشد؛ بردار

u شامل اثرات تصادفی مستقل ردیف و ستون برای ثبت تغییرات ناپیوسته مزرعه‌ای است؛ بردار g بیانگر اثرات ژنوتیپی تصادفی ژنوتیپ‌ها است؛ e خطای باقیمانده مستقل مکانی با توزیع نرمال در نظر گرفته شده است.

ساختار توزیع اثرات تصادفی به صورت زیر فرض شد:

$$g \sim N(0, \sigma_g^2 I)$$

$$u \sim N(0, \sigma_u^2 I)$$

$$s \sim N(0, \sigma_s^2 S)$$

$$e \sim N(0, \sigma_e^2 I)$$

که در آن S ماتریس کوواریانس (یا جریمه) ناشی از پایه‌های P -اسپلین است.

بر این اساس، ساختار واریانس-کوواریانس مدل به صورت زیر بیان می‌شود:

$$Var(y) = Z_g G Z_g' + Z_u U Z_u' + Z_s S Z_s' + R$$

که در آن، ماتریس‌های G ، U ، S و R به ترتیب بیانگر ساختار واریانس-کوواریانس اثرات ژنوتیپی، اثرات ردیف و ستون، مؤلفه‌های مکانی مبتنی بر P -اسپلین و خطای باقیمانده هستند، به طوری که:

$$G = \sigma_g^2 I, U = \sigma_u^2 I, R = \sigma_e^2 I$$

برآورد پارامترهای مدل با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدودشده (REML) انجام شد.

مدل SpATS از فرم‌بندی ANOVA مبتنی بر P -اسپلین (PS-ANOVA) معرفی شده توسط Lee et al. (2013) برای نمایش P -اسپلین‌های دوبعدی در چارچوب مدل‌های خطی آمیخته استفاده می‌کند. بر اساس این فرم‌بندی، سطح مکانی $f(r, c)$ به مجموعی از روندهای خطی، مؤلفه‌های هموار یک‌بعدی و برهم‌کنش‌های هموار دوبعدی تجزیه می‌شود:

$$f(r, c) = \beta_{s1}r + \beta_{s2}c + \beta_{s3}rc + f_1(r) + f_2(c) + h_3(r)c + rh_4(c) + f_5(r, c)$$

این تجزیه امکان تفسیر دقیق‌تر الگوهای مکانی و اعمال هموارسازی ناهمسانگرد را فراهم می‌کند.

مدل SpATS با هموارسازی ناهمسانگرد و بر اساس رویکرد PS-ANOVA با استفاده از بسته SpATS در نرم‌افزار

R پیاده‌سازی شد (Rodríguez-Álvarez et al. 2016b). در جهت ستون‌ها و ردیف‌ها به ترتیب از ۲۱ و ۱۰ تقسیم‌بندی با فاصله‌های مساوی استفاده شد. این انتخاب انعطاف‌پذیری کافی برای برازش سطح مکانی را فراهم می‌کند و مطابق با اصول روش- P اسپلین، پس از عبور از حداقل تعداد گره، حساسیت مدل به تعداد دقیق گره‌ها کاهش می‌یابد. برای توضیحات جامع‌تر و جزئیات فنی، به مطالعه Rodríguez-Álvarez et al. (2016a) ارجاع داده می‌شود.

مدل خودرگرسیون جداپذیر مرتبه اول ($AR1 \otimes AR1$): علاوه بر مدل SpATS برای مدل‌سازی اثرات مکانی

کرت‌های مجاور، از مدل خودرگرسیون جداپذیر مرتبه اول ($AR1 \otimes AR1$) نیز استفاده شد تا وابستگی مکانی همزمان در جهت ردیف و ستون کرت‌ها لحاظ گردد. ساختار $AR1$ برای یک بردار گاوسی به صورت زیر تعریف می‌شود:

$$x_1 \sim N\left(0, \frac{\sigma_x^2}{1-\rho^2}\right), x_i | x_{i-1} \sim N(\rho x_{i-1}, \sigma_x^2)$$

که در آن $1 < \rho$ اضریب همبستگی سلسله‌مراتبی در جهت مشخص است. برای در نظر گرفتن وابستگی مکانی هم‌زمان در دو جهت، ساختارهای AR1 در هر جهت با یکدیگر ترکیب شده و مدل زوج‌ضریب $AR1 \otimes AR1$ به‌دست می‌آید:

$$x \sim N(0, \Sigma_x), \Sigma_x = \Sigma_r \otimes \Sigma_c$$

که Σ_r و Σ_c ماتریس‌های کوواریانس AR1 در جهت ردیف و ستون هستند و $\otimes$ ضرب کرونکر را نشان می‌دهد.

به‌طور مشخص، ساختار ماتریس‌های کوواریانس در هر جهت به‌صورت زیر تعریف می‌شود:

$$\Sigma_r = \sigma_x^2 [\rho_r^{\{i-j\}}]$$

$$\Sigma_c = \sigma_x^2 [\rho_c^{\{i-j\}}]$$

پارامترهای این مدل شامل ضریب همبستگی مکانی در جهت ردیف (ρ_r)، ضریب همبستگی مکانی در جهت ستون (ρ_c)

و واریانس کل اثرات مکانی (σ_x^2) هستند (Selle et al. 2019).

ساختار کلی واریانس-کوواریانس مدل به‌صورت زیر بیان شد:

$$Var(y) = Z_g G Z_g' + Z_r R_r Z_r' + Z_c R_c Z_c' + Z_x (\sigma_x^2 (\Sigma_r \otimes \Sigma_c)) Z_x' + R$$

که در آن G ماتریس واریانس اثرات ژنوتیپی، R_r و R_c به‌ترتیب واریانس اثرات تصادفی ردیف و ستون، $\Sigma_r \otimes \Sigma_c$ ساختار AR1 دو بعدی و R ماتریس واریانس خطا را نشان می‌دهد.

برازش مدل $AR1 \otimes AR1$ در چارچوب بیزی با استفاده از روش INLA در نرم‌افزار R انجام شد. برای اثرات ثابت،

توزیع نرمال با میانگین صفر و واریانس بزرگ در نظر گرفته شد و برای ابر پارامترهای واریانس و ضرایب همبستگی مکانی از توزیع‌های پیش‌فرض بسته استفاده گردید. در این مدل، اثرات ژنوتیپی، اثرات مستقل ردیف و ستون و ساختار خودهمبستگی مکانی به‌طور هم‌زمان لحاظ شدند (Selle et al. 2019).

پس از برازش مدل‌های مکانی کرت‌های مجاور شامل SpATS، مدل خودرگرسیون جدپذیر مرتبه اول ($AR1 \otimes AR1$)

و مدل ترکیبی $SpATS + AR1 \otimes AR1$ ، روندهای مکانی هر مدل ترسیم شد تا الگوهای مکانی موجود در مزرعه به‌صورت بصری ارزیابی گردد.

به‌منظور مقایسه کمی عملکرد مدل‌ها، از معیار ریشه میانگین مربعات خطا (RMSE; Root Mean Square Error)

بین مقادیر مشاهده‌شده به‌منظور مقایسه کمی عملکرد مدل‌ها، معیار RMSE بین مقادیر مشاهده‌شده و مقادیر پیش‌بینی‌شده برای هر مدل محاسبه شد. این معیار به‌عنوان شاخصی مستقل از چارچوب مدل (کلاسیک یا بیزی)، امکان مقایسه مستقیم دقت پیش‌بینی بین مدل‌های مختلف را فراهم می‌کند.

علاوه بر این، به‌منظور ارزیابی پایداری و قابلیت تعمیم‌پذیری مدل‌ها، از اعتبارسنجی متقابل مکانی (Spatial Cross-

Validation) استفاده شد. در این روش، داده‌ها بر اساس ساختار مکانی مزرعه به پنج بلوک مجزا تقسیم شدند؛ به‌طوری‌که در هر

تکرار، یکی از بلوک‌ها به عنوان مجموعه آزمون و چهار بلوک دیگر به عنوان مجموعه آموزش در نظر گرفته شدند. این فرآیند برای تمامی بلوک‌ها تکرار شد و در هر مرحله، RMSE بر روی داده‌های آزمون محاسبه گردید. در نهایت، میانگین RMSE در بین فولدهای مختلف به عنوان معیار نهایی ارزیابی عملکرد هر مدل گزارش شد. بر اساس مقایسه مقادیر RMSE (در هر فولد و به صورت میانگین) و همچنین بررسی الگوی باقیمانده‌های مکانی، مدل دارای بهترین عملکرد به عنوان مدل منتخب تعیین گردید. بررسی باقیمانده‌ها شامل ارزیابی وجود الگوهای مکانی باقی‌مانده و میزان کاهش خودهمبستگی مکانی پس از برازش مدل بود.

نتایج گرافیکی مربوط به مدل منتخب در بخش نتایج ارائه شد. این نمایش‌ها شامل نقشه حرارتی داده‌های خام مزرعه، نقشه داده‌های برازش‌شده، نقشه مکانی باقیمانده‌ها، روند مکانی برآوردشده و هیستوگرام توزیع مقادیر پیش‌بینی‌شده ژنوتیپی بود. این نمودارها به منظور ارزیابی میزان اصلاح ناهمگنی مکانی، کاهش خودهمبستگی مکانی در باقیمانده‌ها و بررسی نحوه توزیع مقادیر ژنوتیپی پس از اعمال مدل منتخب مورد استفاده قرار گرفتند. در نهایت، بر اساس مدل منتخب، مقادیر پیش‌بینی‌شده ژنوتیپی محاسبه شد؛ به طوری که با در نظر گرفتن اثر ژنوتیپ به صورت تصادفی، مقادیر BLUP (بهترین پیش‌بینی‌های خطی ناریب) و با فرض اثر ژنوتیپ به صورت ثابت، مقادیر BLUE برآورد گردید. این برآوردها مبنای رتبه‌بندی و تحلیل‌های بعدی ژنوتیپ‌ها قرار گرفتند.

به منظور لحاظ کردن تفاوت در دقت برآوردها پس از تصحیح مکانی، از رویکرد تحلیل دو مرحله‌ای همراه با وزن‌دهی مبتنی بر دقت در مرحله دوم استفاده شد. وزن‌های استخراج‌شده از مدل‌های مکانی به صورت نرمال‌شده ($w_i = W_i/W$) محاسبه و به هر مشاهده اختصاص داده شد، به طوری که W_i معکوس واریانس خطای پیش‌بینی (Prediction Error Variance; PEV) حاصل از مدل‌های مکانی (SpATS) در هر محیط است. این وزن‌ها در برازش مدل‌های خطی آمیخته چندمحیطی و تحلیل برهم‌کنش ژنوتیپ $\times$ محیط ($G \times E$) وارد شده و به عنوان وزن معکوس واریانس خطا به کار رفتند، به گونه‌ای که مشاهدات با دقت بالاتر اثر بیشتری در برآورد پارامترهای ژنتیکی داشتند. این رویکرد در چارچوب تحلیل‌های دو مرحله‌ای داده‌های آزمایشی و مدل‌های آمیخته چندمحیطی به طور گسترده مورد استفاده قرار گرفته و موجب بهبود کارایی و دقت برآوردهای ژنتیکی در حضور ناهمسانی دقت مشاهدات می‌شود (Smith et al. 2001; Rodríguez-Álvarez et al. 2018).

مدل Factor Analytic (FA): برای مدل‌سازی ساختار واریانس-کوواریانس ژنتیکی ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف

و بررسی برهم‌کنش ژنوتیپ $\times$ محیط ($G \times E$)، از مدل Factor Analytic (FA) با رتبه کاهش‌یافته استفاده شد (Thompson et al. 2003). برخلاف تحلیل فاکتوری کلاسیک که صرفاً برای کاهش ابعاد داده‌ها و شناسایی متغیرهای پنهان به کار می‌رود، مدل FA در چارچوب مدل آمیخته به طور مستقیم ماتریس واریانس-کوواریانس ژنتیکی محیط‌ها را مدل‌سازی می‌کند و امکان برآورد اثر ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها را فراهم می‌سازد.

ابتدا یک مدل قطری (Diagonal model) با اثرات تصادفی ژنوتیپ و تکرار برازش داده شد تا ماتریس اولیه برهم‌کنش

ژنوتیپ $\times$ محیط استخراج شود. مدل قطری به شکل زیر است (Thompson et al. 2003; Smith et al. 2001):

$$y = Xb + Zu + e$$

که در آن y بردار پاسخ‌ها، X و Z ماتریس‌های Incidence برای اثرات ثابت و تصادفی هستند، یعنی ماتریس‌هایی که مشخص می‌کنند هر مشاهده مربوط به کدام اثر است. برای اثرات ثابت و تصادفی، u بردار اثرات تصادفی ژنوتیپ با توزیع چندمتغیره نرمال $u \sim MVN(0, \Sigma)$ و e بردار خطاهای باقی‌مانده است. در این مدل واریانس ژنوتیپ‌ها در هر محیط مستقل فرض شده و هیچ کوواریانس بین محیط‌ها لحاظ نمی‌شود. ماتریس Σ در این حالت به شکل یک ماتریس قطری است:

$$\Sigma = \begin{bmatrix} \sigma_{e1,e1}^2 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{e2,e2}^2 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{e3,e3}^2 \end{bmatrix}$$

$\sigma_{e1,e1}^2$ واریانس ژنوتیپ‌ها در محیط i است و t تعداد محیط‌ها را نشان می‌دهد. مزیت این مدل در سادگی آن است، زیرا تعداد پارامترهای قابل برآورد بسیار کم است و احتمال بروز مشکلات تکین ماتریس واریانس-کوواریانس (Singularity) کاهش می‌یابد. برای مدل FA با nPC مؤلفه اصلی، ماتریس واریانس-کوواریانس ژنتیکی محیط‌ها به صورت زیر پارامترسازی شد (Thompson et al. 2003):

$$\Sigma = \Gamma\Gamma' + \Psi$$

که در آن Γ ماتریس بارهای عاملی محیط‌ها، Ψ ماتریس واریانس‌های ویژه محیط‌ها و nPC تعداد مؤلفه‌های اصلی انتخاب‌شده بر اساس درصد واریانس توضیح داده شده است. در مدل رتبه کاهش‌یافته، اثرات ویژه Ψ برابر صفر فرض شده و مدل ساده می‌شود. این مدل امکان بررسی ساختار ژنتیکی محیط‌ها و برهم کنش ژنوتیپ $\times$ محیط با تعداد پارامترهای کمتر نسبت به مدل غیرساختاری را فراهم می‌کند و محیط‌ها به صورت بردار و ژنوتیپ‌ها به صورت نقاط در بای‌پلات دو مؤلفه اصلی FA نمایش داده شدند.

شاخص‌های پایداری و انتخاب ژنوتیپ: به‌منظور ارزیابی همزمان عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌ها در شرایط چندمحیطی،

از شاخص‌های WAASB و WAASBY مبتنی بر مقادیر BLUP حاصل از مدل FA استفاده شد. شاخص WAASB (Weighted Average of Absolute Scores from BLUP) شاخصی برای اندازه‌گیری پایداری ژنوتیپ‌ها است که بر اساس امتیازات مؤلفه‌های اصلی حاصل از تجزیه برهم کنش ژنوتیپ $\times$ محیط (IPCA) محاسبه می‌شود. فرمول محاسبه WAASB برای ژنوتیپ i به‌صورت زیر است:

$$WAASB_i = \frac{\sum_{k=1}^p |IPCA_{ik} \times EP_k|}{\sum_{k=1}^p EP_k}$$

که در آن $IPCA_{ik}$ نمره ژنوتیپ i در k -امین محور مؤلفه اصلی برهم کنش، و EP_k مقدار واریانس توضیح داده شده توسط k -امین IPCA است. ژنوتیپ با کمترین مقدار WAASB، پایدار در نظر گرفته می‌شود (Olivoto et al. 2019).

انتخاب همزمان برای عملکرد و پایداری با شاخص (Weighted Average of Absolute Scores and BLUP)

WAASBY (Yield) انجام شد که در آن میانگین عملکرد دانه (GY) و شاخص پایداری (WAASB) وزن داده می‌شوند:

$$WAASBY_i = \frac{\left\{ W_Y \times \left[\left(\frac{GY_i}{GY_{max}} \right) \times 100 \right] \right\} + \left[W_S \times \left(100 - \frac{WAASB_i}{WAASB_{min}} \right) \right]}{W_Y + W_S}$$

که در آن، $WAASBY_i$ ، میانگین وزنی پایداری (WAASB) و عملکرد دانه (GY) برای ژنوتیپ i ؛ W_Y ، وزن داده شده به متغیر پاسخ (عملکرد دانه)؛ GY_i ، میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ i ؛ W_S ، وزن نسبت داده شده به شاخص پایداری (شاخص WAASB)؛ $WAASB_i$ ، میانگین وزنی نمرات مطلق ژنوتیپ i ؛ $WAASB_{min}$ ، کمترین مقدار WAASB مشاهده شده در بین ژنوتیپ‌ها است. در این رابطه برای عملکرد وزن ۰/۷ و پایداری وزن ۰/۳ در نظر گرفته شد. ژنوتیپ‌هایی با مقادیر بالاتر WAASBY، تعادل بهتری بین عملکرد و پایداری دارند. وزن‌های مورد استفاده (۰/۷ برای عملکرد و ۰/۳ برای پایداری) بر اساس اهداف برنامه به‌نژادی و با تأکید بر شناسایی ژنوتیپ‌های پرمحصول در مراحل مقدماتی به‌نژادی تعیین شدند. با این حال، این ضرایب ماهیت هدف‌محور داشته و می‌توانند بر اساس استراتژی و اهداف هر برنامه به‌نژادی به‌صورت انعطاف‌پذیر تنظیم و تعدیل شوند. بر اساس مقادیر WAASBY، ژنوتیپ‌ها رتبه‌بندی شدند و ۲۰ درصد برتر به‌عنوان ژنوتیپ‌های منتخب برای ورود به ادامه برنامه به‌نژادی انتخاب شدند. این رویکرد امکان انتخاب ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا و پایداری مناسب در شرایط محیطی متغیر را فراهم می‌کند.

نرم‌افزارها و بسته‌های مورد استفاده: کلیه تحلیل‌های آماری و ترسیم نمودارها در محیط نرم‌افزار R (نسخه ۴.۳.۱)

انجام شد. برای برازش مدل‌های خطی آمیخته و مدل FA از بسته lme4breeding استفاده گردید (Covarrubias-Pazarán et al. 2024). مدل‌های تصحیح مکانی با استفاده از بسته SpATS (برای مدل اسپلاین) (Rodríguez-Álvarez et al. 2016b) و بسته INLA (برای مدل خودرگرسیون دو بعدی $AR1 \times AR1$) پیاده‌سازی شدند (Selle et al. 2019). برای ترسیم نقشه‌های حرارتی و نمایش الگوهای مکانی، بسته fields برای محاسبه و نمایش داده‌های مکانی به‌کار گرفته شد و تمامی گرافیک‌ها و نمودارهای نهایی با استفاده همزمان از بسته‌های ggplot2 و viridis در محیط نرم‌افزار R رسم و ویرایش شدند، تا نمایش بصری نتایج مدل‌های مکانی به شکل واضح و یکپارچه ارائه شود (Nychka et al. 2017; Wickham et al. 2016; Garnier et al. 2024).

نتایج و بحث

در این مطالعه، تحلیل داده‌های آزمایش‌های مزرعه‌ای براساس یک رویه دو مرحله‌ای انجام شد. در مرحله نخست، داده‌های هر آزمایش به‌طور جداگانه با استفاده از مدل‌های تصحیح مکانی اصلاح شدند تا ناهمگنی‌های مکانی و اثرات محیطی سیستماتیک

(مانند گرادیان حاصلخیزی خاک، شیب زمین یا الگوی آبیاری) حذف گردد. در مرحله دوم، داده‌های تصحیح‌شده در تحلیل چندمحیطی برای مدل‌سازی برهم‌کنش ژنوتیپ $\times$ محیط و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد و پایداری به کار رفتند.

تصحیح مکانی آزمایش‌ها: برای اصلاح اثرات مکانی در آزمایش‌های ناحیه‌ای، از مدل خودرگرسیو جدپذیر مرتبه اول

($AR1 \times AR1$)، مدل SpATS مبتنی بر اسپلاین دوبعدی و مدل ترکیبی $SpATS + AR1 \times AR1$ استفاده شد. نتایج نشان داد که مدل SpATS در هر سه ایستگاه کرج، جیرفت و شیراز کمترین مقدار خطای پیش‌بینی (RMSE) را نسبت به داده‌های خام و سایر مدل‌ها ایجاد کرد. بیشترین کاهش RMSE در ایستگاه شیراز مشاهده شد، به‌طوری‌که مقدار RMSE از ۲/۵۵ در داده‌های خام به ۰/۹۵ کاهش یافت (بهبود ۶۲/۸۸ درصد). در ایستگاه جیرفت، RMSE از ۲/۸۶ به ۱/۱۸ (بهبود ۵۸/۰۳ درصد) و در ایستگاه کرج از ۲/۶۹ به ۱/۴۸ (بهبود ۴۵/۰۵ درصد) کاهش یافت (جدول ۱).

مدل $AR1 \times AR1$ در صورت برآزش مستقیم بر داده‌های خام کاهش کمتری در RMSE ایجاد کرد (کرج: ۲/۶۸؛ شیراز:

۰/۹۵؛ جیرفت: ۲/۳۵). همچنین، برآزش مدل $AR1 \times AR1$ بر داده‌های تصحیح‌شده با SpATS موجب کاهش بیشتر RMSE نسبت به SpATS به‌تنهایی نشد (جدول ۱).

به‌منظور ارزیابی پایداری و قابلیت تعمیم‌پذیری مدل‌ها، نیز از اعتبارسنجی متقابل مکانی استفاده شد. نتایج نشان داد که

برتری مدل SpATS در تمامی ایستگاه‌ها و در تمام تکرارهای اعتبارسنجی حفظ شده است؛ به‌طوری‌که این مدل در تمامی حالت‌ها کمترین مقدار میانگین RMSE را در بین فولدهای مختلف به خود اختصاص داد. این موضوع بیانگر آن است که عملکرد برتر SpATS صرفاً ناشی از برآزش درون‌نمونه‌ای نبوده، بلکه از پایداری بالایی در مواجهه با تغییر ساختار داده برخوردار است. همچنین، تغییرات RMSE بین فولدها نسبتاً اندک بود که نشان‌دهنده ثبات عملکرد مدل در زیرنمونه‌های مختلف داده است. در مقابل، مدل‌های $AR1 \times AR1$ و مدل ترکیبی $SpATS + AR1 \times AR1$ در اغلب فولدها عملکردی مشابه یا ضعیف‌تر از SpATS داشتند و بهبود قابل توجهی در میانگین خطای اعتبارسنجی ایجاد نکردند. این نتایج تأیید می‌کند که استفاده از اسپلاین‌های دوبعدی در قالب SpATS، مؤثرترین و پایدارترین رویکرد برای اصلاح ناهمگنی مکانی در داده‌های مورد مطالعه است (جدول ۱).

به‌طورکلی، نتایج این پژوهش نشان داد که ناهمگنی‌های مکانی تأثیر قابل توجهی بر تغییرات عملکرد دانه در محیط‌های

آزمایشی دارند و عدم تصحیح این ناهمگنی‌ها می‌تواند منجر به کاهش دقت برآورد اثرات ژنوتیپی شود. برتری مدل SpATS نسبت به ساختار خودهمبستگی $AR1 \times AR1$ بیانگر آن است که تغییرات مکانی موجود در مزارع آزمایشی عمدتاً ماهیتی هموار و بزرگ‌مقیاس داشته‌اند. یافته‌های مشابهی در مطالعات پیشین گزارش شده است که نشان می‌دهد مدل‌های مبتنی بر اسپلاین، در مقایسه با مدل‌های خودرگرسیو، توانایی بیشتری در تصحیح گرادیان‌های پیوسته مزرعه‌ای دارند و منجر به کاهش خطای پیش‌بینی و افزایش دقت برآورد عملکرد می‌شوند (Rodríguez-Álvarez et al. 2018; Velazco et al. 2017).

جدول ۱. مقایسه عملکرد مدل‌های مکانی (SpATS، AR1×AR1، و SpATS + AR1×AR1) بر اساس

RMSE در اعتبارسنجی متقابل مکانی در سه ایستگاه مورد مطالعه

Table 1. Comparative performance of spatial models (SpATS, AR1×AR1, and SpATS + AR1×AR1) based on RMSE under spatial cross-validation across three locations

منطقه Region	روش Method	اعتبارسنجی متقابل Cross Validation					میانگین Mean	درصد بهبود نسبت به داده‌های خام Improvement over Raw Data (%)
		Fold 1	Fold 2	Fold 3	Fold 4	Fold 5		
کرج Karaj	Raw data داده خام	-	-	-	-	-	2.69	-
	SpATS	1.39	1.61	1.30	1.71	1.39	1.48	45.05
	AR1×AR1	2.86	2.59	2.65	2.54	2.77	2.68	0.23
	AR1×AR1 + Spline	1.37	1.61	1.30	1.70	1.40	1.48	45.07
جیرفت Jiroft	Raw data داده خام	-	-	-	-	-	2.86	-
	SpATS	1.03	1.14	1.32	1.15	1.28	1.18	58.03
	AR1×AR1	2.29	2.21	2.61	2.04	2.63	2.36	17.46
	AR1×AR1 + Spline	1.05	1.15	1.31	1.17	1.32	1.20	57.37
شیراز Shiraz	Raw data داده خام	-	-	-	-	-	2.55	-
	SpATS	1.07	0.85	0.81	0.98	1.03	0.95	62.88
	AR1×AR1	1.02	0.87	0.86	1.00	1.00	0.95	62.74
	AR1×AR1 + Spline	1.07	0.85	0.82	0.99	1.02	0.95	62.71

عملکرد محدود مدل AR1×AR1 در این مطالعه با گزارش‌هایی همخوان است که بیان می‌کنند این نوع ساختارها عمدتاً برای همبستگی‌های کوتاه‌برد بین کرت‌های مجاور مناسب هستند و در شرایطی که ناهمگنی مکانی ناشی از روندهای بزرگ‌مقیاس باشد، کارایی کمتری دارند (Gilmour et al. 1997; Cullis & Gleeson 1987). در نتیجه، نتایج حاضر از این دیدگاه حمایت می‌کند که انتخاب مدل مکانی باید بر اساس ماهیت واقعی تغییرات مکانی انجام شود و نه صرفاً پیچیدگی آماری مدل.

به‌منظور بررسی کارایی تصحیح مکانی، نتایج مدل SpATS با شاخص‌های مربوط به طرح آلفا-لاتیس مقایسه شد. مقدار ضریب تغییرات (CV) در طرح آلفا-لاتیس به‌ترتیب در ایستگاه‌های کرج، جیرفت و شیراز برابر ۱۰/۹۲، ۱۰/۶۵ و ۱۰/۰۰ درصد بود، در حالی که مقادیر متناظر حاصل از مدل SpATS به‌ترتیب ۶/۳۱، ۵/۱۳ و ۵/۰۴ درصد به‌دست آمد. این مقایسه نشان می‌دهد که مدل مکانی SpATS توانسته ناهمگنی‌های باقیمانده مزرعه‌ای را که در طرح آلفا-لاتیس برطرف نشده‌اند، بهتر کنترل کند و دقت برآورد عملکرد ژنوتیپ‌ها را افزایش دهد. لذا می‌توان گفت اگرچه طرح‌های بلوکی ناقص تا حدی قادر به کنترل تغییرات مزرعه‌ای هستند، اما نمی‌توانند تمامی الگوهای مکانی باقی‌مانده را حذف کنند. این نتیجه با مطالعاتی که بر برتری رویکردهای مبتنی بر مدل نسبت به طرح‌های آزمایشی سنتی تأکید دارند، هم‌راستا است، به‌ویژه در آزمایش‌های بزرگ و ناهمگن که استفاده از اطلاعات دقیق مختصات مکانی می‌تواند منجر به بهبود معنی‌دار دقت آماری شود (Piepho et al. 2015; Stefanova et al. 2009).

در مجموع، یافته‌ها نشان می‌دهند که استفاده از SpATS به‌عنوان گام اولیه در تصحیح مکانی، می‌تواند خطای پیش‌بینی را به‌میزان قابل‌توجهی کاهش داده و نیاز به به‌کارگیری مدل‌های پیچیده‌تر را کمتر سازد. بنابراین، این روش به‌عنوان رویکردی مؤثر و کارآمد برای داده‌های آزمایش‌های ناحیه‌ای ذرت قابل‌توصیه است. بر این اساس، مدل‌های $AR1 \times AR1$ و مدل ترکیبی $SpATS + AR1 \times AR1$ از ادامه تحلیل‌ها کنار گذاشته شدند.

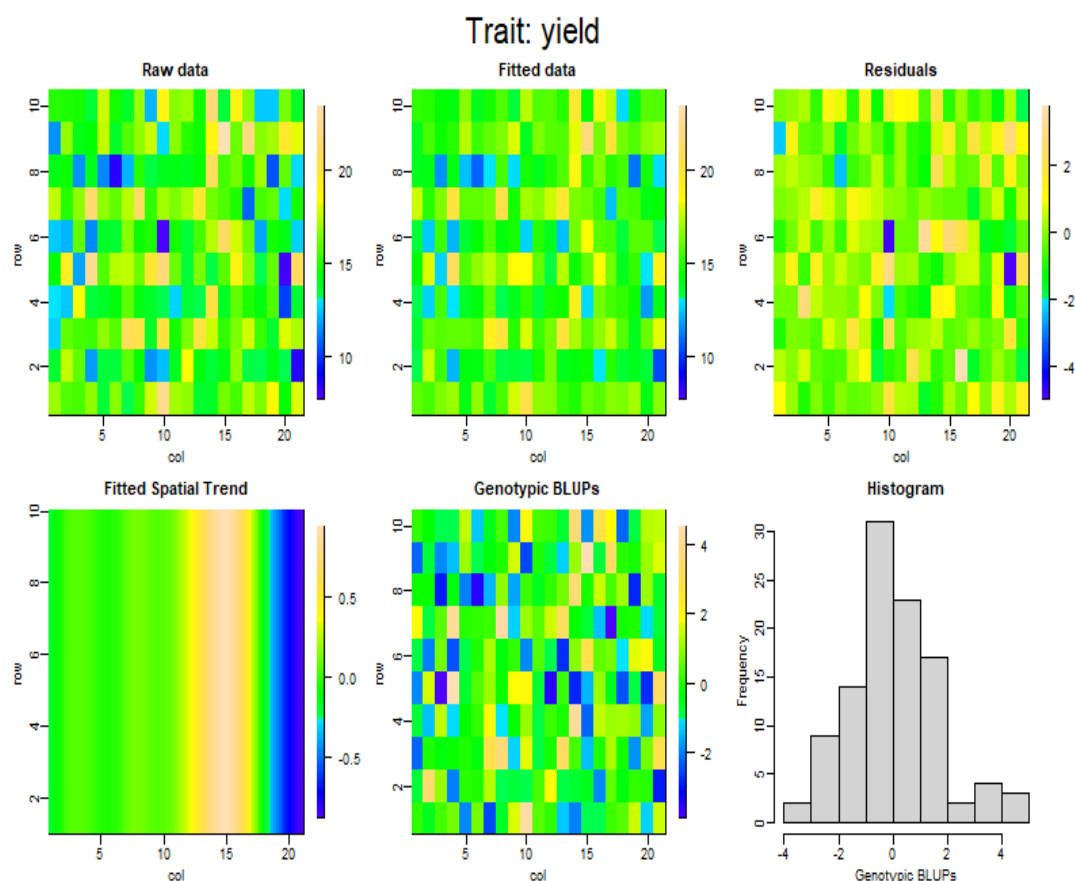
به‌منظور ارزیابی دقیق‌تر عملکرد مدل SpATS، الگوهای مکانی داده‌ها و نحوه تفکیک تغییرات محیطی و ژنتیکی به‌صورت بصری بررسی شد. بدین منظور، نقشه‌های حرارتی داده‌های خام، مقادیر برازش‌شده، باقیمانده‌ها، روند مکانی برازش‌شده و BLUPها (بهترین پیش‌بینی‌های خطی نااریب) برای هر سه ایستگاه کرج، جیرفت و شیراز ترسیم گردید.

نقشه حرارتی داده‌های خام در ایستگاه کرج (شکل ۱- Raw data) وجود ناهمگنی مکانی قابل توجه در سطح مزرعه را نشان می‌دهد. دامنه رنگ‌ها از آبی (کمترین مقادیر) تا زرد (بیشترین مقادیر) متغیر است و در برخی ردیف‌ها و ستون‌ها نوسانات شدید و موضعی مشاهده می‌شود، به‌گونه‌ای که مقادیر بسیار بالا یا پایین گاه در مجاورت مقادیر متوسط قرار گرفته‌اند. این الگو بیانگر تغییرپذیری مکانی داده‌های خام در سطح مزرعه است.

نقشه داده‌های برازش‌شده توسط مدل آماری (شکل ۱- Fitted data) الگوی کلی داده‌های خام را بازتولید کرده است. در این نقشه، شدت نوسانات موضعی کاهش یافته و الگوهای مکانی به‌صورت هموارتر و پیوسته‌تر مشاهده می‌شوند. لکه‌های حدی موجود در داده‌های خام تضعیف شده‌اند و در عین حال، گرادیان‌ها و روندهای مکانی پایدار در سطح مزرعه حفظ شده‌اند. همچنین دامنه تغییرات مقادیر در داده‌های برازش‌شده نسبت به داده‌های خام محدودتر است. نقشه باقیمانده‌ها (داده‌های خام منهای داده‌های برازش‌شده؛ (شکل ۱- Residuals) پراکندگی مقادیر مثبت و منفی را بدون الگوی مکانی مشخص نشان می‌دهد. نقاط با رنگ‌های آبی و زرد در سراسر مزرعه پراکنده‌اند و خوشه‌بندی یا گرادیان منظم مشاهده نمی‌شود.

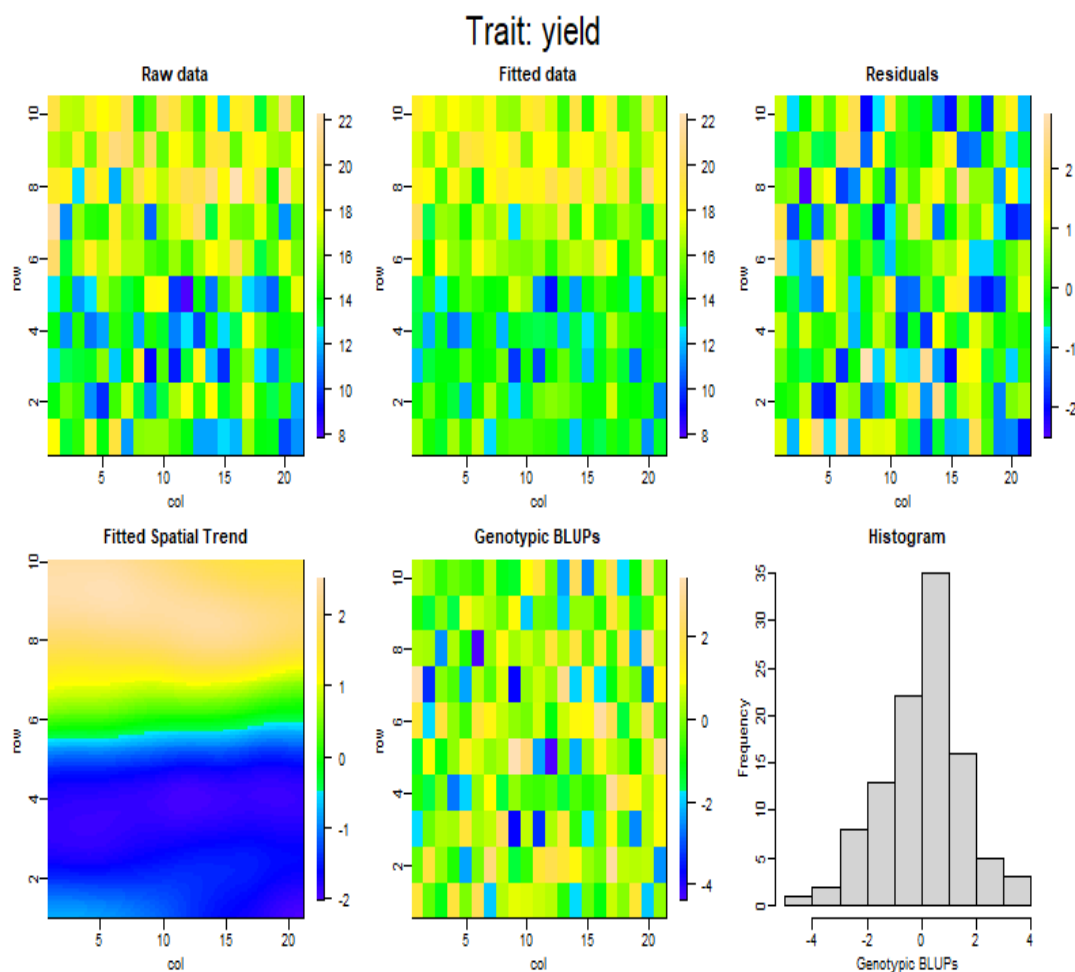
نقشه روند مکانی برازش‌شده (شکل ۱- Fitted spatial trend) سطحی هموار از تغییرات مکانی را نمایش می‌دهد که تفاوت‌های مکانی در بازده را به‌صورت گرادیان‌های پیوسته نشان می‌دهد. نواحی با مقادیر بالاتر و پایین‌تر در سطح مزرعه قابل تشخیص هستند.

نقشه BLUPهای ژنتیکی (شکل ۱- Genotype BLUPs) اثرات ژنتیکی هیبریدها را پس از حذف اثرات محیطی و مکانی نمایش می‌دهد. دامنه رنگ‌ها حدود ۳- تا ۳+ را پوشش می‌دهد؛ مقادیر کمتر و بیشتر اثر ژنتیکی با رنگ‌های متفاوت مشخص شده‌اند. هیستوگرام BLUPها (شکل ۱- Histogram) توزیع اثرات ژنتیکی را نشان می‌دهد. بیشتر مقادیر BLUP در نزدیکی صفر قرار دارند و تعدادی مقادیر مثبت یا منفی با دامنه بیشتر نیز مشاهده می‌شود. الگوهای مشابهی در ایستگاه‌های جیرفت و شیراز نیز مشاهده شد (شکل‌های ۲ و ۳)، به‌طوری‌که نقشه‌های داده‌های خام، داده‌های برازش‌شده، باقیمانده‌ها، روند مکانی و BLUPها در این دو ایستگاه ساختاری همسو با نتایج ایستگاه کرج نشان دادند.



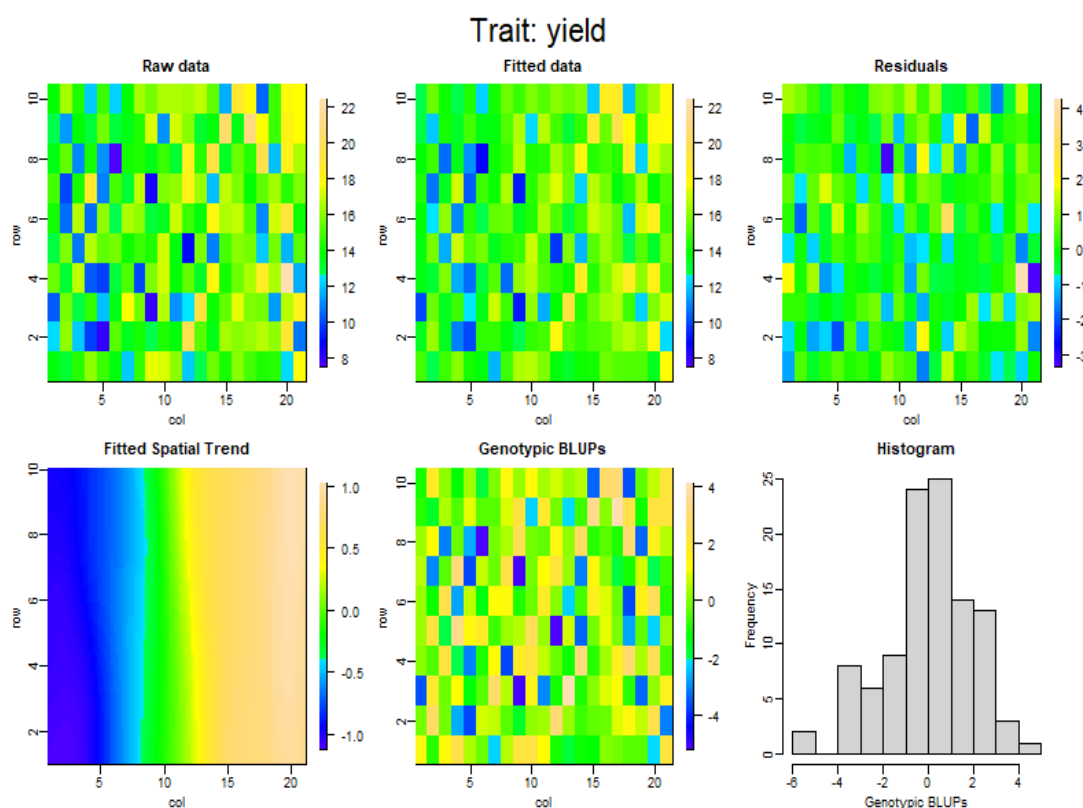
شکل ۱. نقشه‌های حرارتی و هیستوگرام حاصل از داده‌های ایستگاه کرج با استفاده از مدل P-spline. زیرشکل‌ها مقادیر مربوط به داده‌های خام مزرعه و همچنین، مطابق با عناوین هر بخش، داده‌های برازش‌شده، نقشه مکانی باقیمانده‌ها، روند مکانی برازش‌شده، بهترین پیش‌بینی‌های خطی نااریب (BLUP) برای ژنوتیپ‌ها و توزیع BLUP ها را نشان می‌دهند.

Figure 1. Heatmaps and histogram derived from the Karaj region dataset using the P-spline model. The subfigures display spatial trend plots of the raw field data and, as indicated in the headings, the fitted data, spatial distribution of residuals, fitted spatial trend surface, best linear unbiased predictions (BLUPs) for genotypes, and the distribution of BLUPs.



شکل ۲. نقشه‌های حرارتی و هیستوگرام حاصل از داده‌های ایستگاه جیروفت با استفاده از مدل P-spline. زیرشکل‌ها مقادیر مربوط به داده‌های خام مزرعه و همچنین، مطابق با عناوین هر بخش، داده‌های برازش‌شده، نقشه مکانی باقیمانده‌ها، روند مکانی برازش‌شده، بهترین پیش‌بینی‌های خطی نااریب (BLUP) برای ژنوتیپ‌ها و توزیع BLUP ها را نشان می‌دهند.

Figure 2. Heatmaps and histogram derived from the Jiroft region dataset using the P-spline model. The subfigures display spatial trend plots of the raw field data and, as indicated in the headings, the fitted data, spatial distribution of residuals, fitted spatial trend surface, best linear unbiased predictions (BLUPs) for genotypes, and the distribution of BLUPs.



شکل ۳. نقشه‌های حرارتی و هیستوگرام حاصل از داده‌های ایستگاه شیراز با استفاده از مدل P-spline. زیرشکل‌ها مقادیر مربوط به داده‌های خام مزرعه و همچنین، مطابق با عناوین هر بخش، داده‌های برازش‌شده، نقشه مکانی باقیمانده‌ها، روند مکانی برازش‌شده، بهترین پیش‌بینی‌های خطی نااریب (BLUP) برای ژنوتیپ‌ها و توزیع BLUP ها را نشان می‌دهند.

Figure 3. Heatmaps and histogram derived from the Shiraz region dataset using the P-spline model. The subfigures display spatial trend plots of the raw field data and, as indicated in the headings, the fitted data, spatial distribution of residuals, fitted spatial trend surface, best linear unbiased predictions (BLUPs) for genotypes, and the distribution of BLUPs.

تجزیه و تحلیل چند محیطی: برای تکمیل تحلیل دو مرحله‌ای، پس از تصحیح داده‌ها از طریق حذف اثرات مکانی و ناهمگنی‌های مزرعه‌ای در مرحله نخست، مرحله دوم ساختار برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط با استفاده از مدل FA بررسی شد تا ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد، پایداری و سازگاری محیطی شناسایی شوند. بر اساس سهم عامل‌ها در مدل تحلیل عاملی (FA)، عامل اول ۵۳/۶ درصد و عامل دوم ۲۴/۸ درصد از واریانس ژنتیکی کل را تبیین کردند. این نتایج نشان می‌دهد که بخش عمده

تغییرات ناشی از برهم‌کنش ژنوتیپ $\times$ محیط توسط دو عامل اصلی قابل توصیف است. نتایج حاصل از تحلیل داده‌های چندمحیطی با استفاده از FA نشان داد که این مدل ساختار کلی برهم‌کنش ژنوتیپ‌ها با محیط‌ها را به‌خوبی نشان می‌دهد و امکان تفکیک ژنوتیپ‌ها بر اساس عملکرد، سازگاری با محیط و پایداری را فراهم می‌آورد (شکل ۴).

محیط‌های آزمایشی نقش کلیدی در شناسایی و تمایز ژنوتیپ‌ها دارند. در این مطالعه، در چارچوب مدل تحلیل عاملی (FA)، قدرت تفکیک محیط‌ها بر اساس بزرگی واریانس ژنتیکی برآورده شده و طول بردار محیط‌ها در بای‌پلات قابل تفسیر است (شکل ۴). بر این اساس، ایستگاه کرج (E1) با بیشترین میزان واریانس ژنتیکی ($V_g = 4.5$) و بلندترین بردار، به‌عنوان محیطی با قدرت تفکیک بسیار بالا شناخته شد که برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بسیار کارآمد است. ایستگاه جیرفت (E2) نیز با برخورداری از واریانس ژنتیکی نسبتاً بالا ($V_g = 3.3$)، توان تفکیک مناسبی در تمایز هیبریدها نشان داد. در مقابل، ایستگاه شیراز (E3) با کمترین میزان واریانس ژنتیکی ($V_g = 2.5$) و بردار کوتاه‌تر، از توان تفکیک پایین‌تری برخوردار بود. به‌طور کلی، الگوی پراکنش محیط‌ها بیانگر تفاوت معنی‌دار در قدرت تفکیک آن‌ها و ساختار ساده و قابل تفسیر برهم‌کنش ژنوتیپ $\times$ محیط است.

ژنوتیپ‌هایی که در امتداد یا نزدیکی بردار محیط جیرفت (E2) قرار گرفته‌اند، از جمله H100، H14، H34، H79، H72، H27، H97، H85، H20، H32، H82، H27 و H97، سازگاری خصوصی بیشتری با این محیط داشته و واکنش‌پذیری بالاتری نسبت به شرایط خاص آن نشان دادند. نقش حد واسطی در تفکیک ژنوتیپ‌ها ایفا کرد. به‌دلیل قرارگیری محیط E3 در مجاورت خوشه مرکزی ژنوتیپ‌ها، ژنوتیپ‌های واقع در ناحیه مرکزی-بالایی نمودار از جمله H92، H88، H19، H64، H73، H75، H67، H69، H42، H66 و H93 هم‌راستایی بیشتری با این محیط نشان داده و عملکرد آن‌ها بیشتر تحت تأثیر شرایط محیطی این محیط قرار گرفت (شکل ۴).

ژنوتیپ‌های واقع در امتداد بردار محیط E1، شامل H21، H17، H102، H94، H55، H96، H11 و H98، سازگاری بیشتری با شرایط این محیط نشان داده و عملکرد آن‌ها بیشتر متأثر از ویژگی‌های محیطی E1 بود. ژنوتیپ‌هایی که در نزدیکی مرکز مختصات قرار گرفته‌اند، از جمله H1، H7، H9، H80، H63، H83، H61، H104، H94، H59 و H62، به‌دلیل فاصله کم از مبدأ مختصات، برهم‌کنش ژنوتیپ $\times$ محیط کمتری داشته و از پایداری عمومی و سازگاری وسیع در محیط‌های مختلف برخوردار بودند. در مقابل، ژنوتیپ‌های دورتر از مرکز مانند H24، H28، H30، H25، H105، H51، H52 و H44 برهم‌کنش بیشتری با محیط‌ها نشان داده و عملکرد آن‌ها وابستگی بیشتری به شرایط محیطی داشت (شکل ۴).

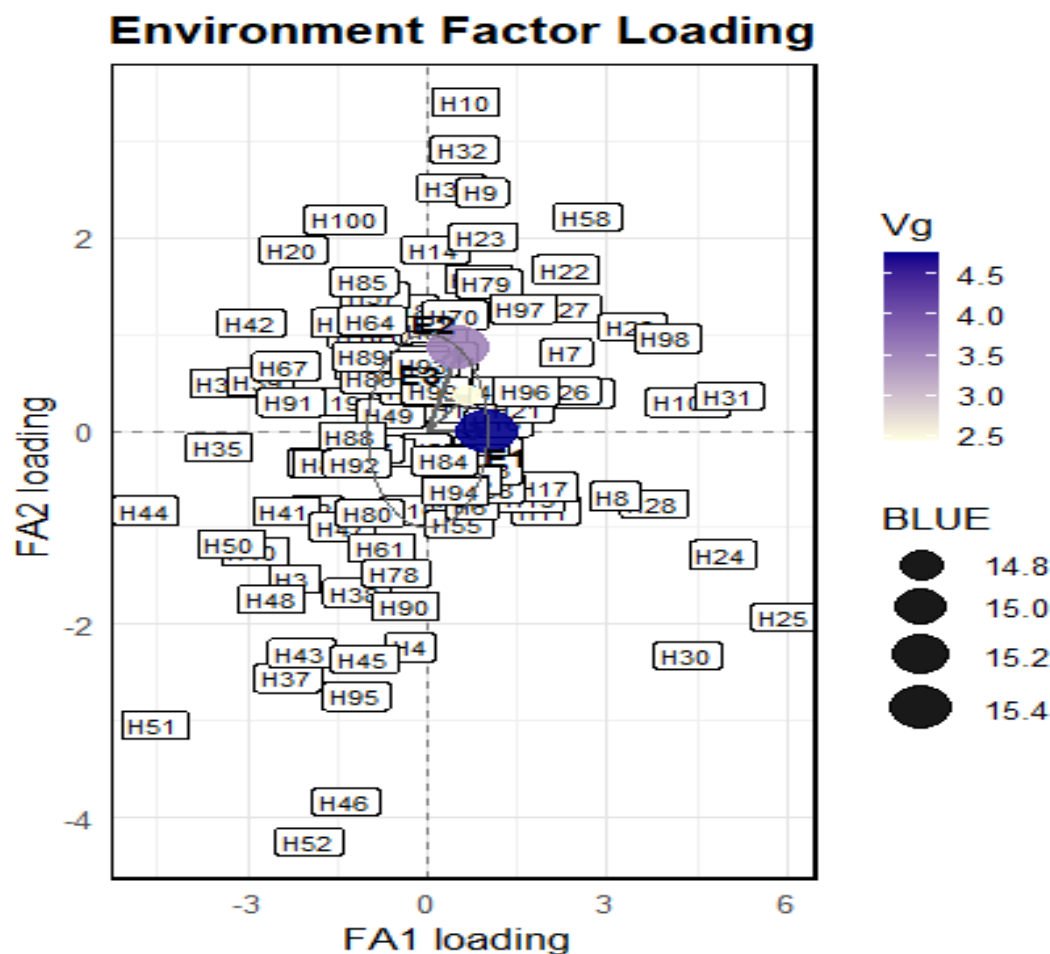
در مجموع، نتایج نشان داد که محیط E2 بیشترین کارایی را در تمایز و شناسایی اختلافات ژنوتیپی دارد، در حالی که محیط E3 نقش متوسطی ایفا کرده و محیط E1 کمترین توان تفکیک ژنوتیپ‌ها را نشان می‌دهد. این یافته‌ها اهمیت استفاده از محیط E2 را در آزمایش‌های چندمحیطی برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر و پایدار برجسته می‌سازد (شکل ۴).

نتیجه‌گیری کلی نشان می‌دهد که انتخاب ژنوتیپ‌ها باید همزمان عملکرد بالا، پایداری و سازگاری محیطی را مدنظر قرار دهد. ژنوتیپ‌های FA1 مثبت برای افزایش عملکرد، ژنوتیپ‌های مرکزی برای پایداری و ژنوتیپ‌های FA2 مثبت برای سازگاری با محیط‌های خاص مناسب هستند. ایستگاه‌های E3 و E2 به دلیل قدرت تفکیک بالای ژنوتیپ‌ها، بهترین ایستگاه برای ارزیابی و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر است و نقش تعیین‌کننده‌ای در برنامه‌های بهبود چندمحیطی دارد.

بر اساس مقادیر مؤلفه‌های FA1 و FA2، آماره پایداری WAASB و شاخص تلفیقی عملکرد-پایداری (WASSBY)، میانگین BLUP حاصل از مدل FA برای هیبریدهای ذرت برآورد شد. سپس ۲۰ درصد برتر ژنوتیپ‌ها بر اساس مقادیر شاخص WASSBY شناسایی و به همراه سه ژنوتیپ شاهد (H103، H104 و H105) در جدول ۲ ارائه شدند. نتایج محاسبه شاخص‌های عملکرد و پایداری نشان داد که مقادیر WASSBY در میان ژنوتیپ‌ها دامنه متفاوتی داشت. بر این اساس، هیبریدهای H31، H23، H22، H27 و H53 بالاترین مقادیر WASSBY را در میان ژنوتیپ‌های بررسی شده نشان دادند. هیبرید H31 با مقدار WASSBY برابر ۰/۷۸۰ و میانگین BLUP بالا، رتبه نخست شاخص WASSBY را به خود اختصاص داد، در حالی که مقدار WAASB آن نسبتاً زیاد بود. ژنوتیپ‌های H23 و H22 به ترتیب با مقادیر WASSBY برابر ۰/۷۵۶ و ۰/۷۵۴ در رتبه‌های بعدی قرار گرفتند. هیبرید H27 نیز با مقدار WASSBY معادل ۰/۷۴۴ در گروه ژنوتیپ‌های با مقادیر بالای این شاخص قرار داشت. ژنوتیپ H53 با مقدار WAASB برابر ۰/۴۵ و WASSBY = 0.742، از کمترین مقادیر WAASB در میان ژنوتیپ‌های منتخب برخوردار بود.

در مقابل، برخی ژنوتیپ‌ها با وجود مقادیر نسبتاً بالای میانگین BLUP، مقادیر WASSBY پایین‌تری نشان دادند که با مقادیر بالاتر WAASB همراه بود. به عنوان مثال، هیبرید شاهد H105 با وجود میانگین BLUP بالا، به دلیل مقدار WAASB برابر ۲/۸۳، در رتبه ۲۳ شاخص WASSBY قرار گرفت. هیبرید شاهد H103 به دلیل میانگین BLUP پایین و مقادیر بالای WAASB، مقدار WASSBY پایینی نشان داد. در مقابل، شاهد H104 با مقدار WAASB پایین‌تر و مقدار WASSBY متوسط، در مقایسه با دو شاهد دیگر وضعیت متفاوتی داشت.

به طور کلی، مقایسه مقادیر میانگین BLUP، WAASB و WASSBY نشان داد که رابطه یکنواختی بین عملکرد و پایداری وجود ندارد و شاخص WASSBY امکان تلفیق همزمان اطلاعات عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌ها را فراهم می‌کند. تحلیل چندمحیطی مبتنی بر مدل عاملی (FA) نشان داد که برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط ساختاری نظام‌مند دارد و می‌توان آن را با تعداد محدودی مؤلفه نهفته تبیین کرد. این نتیجه با پژوهش‌های متعددی در محصولات زراعی مختلف، از جمله ذرت، هم‌خوانی دارد که کارایی بالای مدل FA را در مقایسه با روش‌های کلاسیک‌تر مانند AMMI در توصیف الگوهای $G \times E$ گزارش کرده‌اند (Smith et al. 2001; Burguño et al. 2008). تفاوت محیط‌ها از نظر قدرت تفکیک ژنوتیپ‌ها نیز پدیده‌ای رایج در آزمایش‌های چندمحیطی است و معمولاً به تفاوت شرایط اقلیمی، خاکی و مدیریتی نسبت داده می‌شود (Yan & Kang 2003).



شکل ۴. بای پلات هیبریدها و محیط‌ها بر اساس مدل آمیخته با ساختار کوواریانس مدل FA برای عملکرد دانه تصحیح‌شده با اسپلاین (FA1 در مقابل FA2)

Figure 4. Biplot of hybrids and environments based on a mixed model with a factor analytic covariance structure for spline-corrected grain yield (FA1 vs. FA2)

موقعیت ژنوتیپ‌ها در فضای FA نشان داد که برخی ژنوتیپ‌ها واکنش‌پذیری کمتری نسبت به تغییرات محیطی دارند، درحالی‌که برخی دیگر به‌شدت تحت تأثیر شرایط محیطی قرار می‌گیرند. این الگو با تفسیرهای ارائه‌شده در مطالعات پیشین هم‌خوان است که ژنوتیپ‌های نزدیک به مرکز نمودار FA را به‌عنوان ژنوتیپ‌های با سازگاری عمومی و ژنوتیپ‌های دورتر از مرکز را به‌عنوان ژنوتیپ‌های با سازگاری اختصاصی معرفی کرده‌اند (Smith et al. 2005; Crossa et al. 2017).

شاخص WAASB به‌طور مؤثری میزان مشارکت ژنوتیپ‌ها در برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط را کمی‌سازی کرد و نشان داد که پایداری عملکرد بین ژنوتیپ‌ها تفاوت قابل توجهی دارد. رفتار این شاخص در این مطالعه با گزارش‌های پیشین که WAASB

را به عنوان معیاری قابل اعتماد برای سنجش پایداری معرفی کرده‌اند، مطابقت دارد (Olivoto et al. 2019). با این حال، همان گونه که در مطالعات دیگر نیز مشاهده شده است، ژنوتیپ‌های پایدار لزوماً بالاترین عملکرد را ندارند و بین عملکرد و پایداری نوعی مبادله وجود دارد.

جدول ۲. رتبه‌بندی هیبریدهای برتر ذرت از نظر عملکرد دانه (واقعی و BLUP)، پایداری (WAASB) و شاخص تلفیقی WASSBY

Table 2. Ranking of top-performing maize hybrids based on grain yield (observed and BLUP), stability (WAASB), and the composite WASSBY index

هیبریدها Hybrids	میانگین واقعی (رتبه) Real_Mean (Rank)	میانگین BLUP (رتبه) Mean_BLUP(Rank)	WAASB (رتبه) WAASB(Rank)	WASSBY (رتبه) WASSBY(Rank)
H31	19.68(1)	4.18(1)	3.28(101)	0.780(1)
H23	17.47(12)	2.10(13)	1.33(60)	0.756(2)
H22	18.15(7)	2.74(7)	2.07(82)	0.754(3)
H27	17.87(9)	2.49(10)	1.94(80)	0.744(4)
H53	16.40(27)	1.13(27)	0.45(12)	0.742(5)
H29	18.39(3)	2.98(3)	2.541(95)	0.739(6)
H26	17.40(15)	2.07(15)	1.60(71)	0.735(7)
H10	17.46(14)	2.07(14)	1.67(72)	0.730(8)
H12	17.31(16)	1.99(16)	1.74(75)	0.719(9)
H32	17.05(18)	1.71(18)	1.48(66)	0.716(10)
H79	16.76(21)	1.46(21)	1.21(56)	0.715(11)
H104	16.03(34)	0.80(33)	0.50(15)	0.714(12)
H33	16.07(32)	0.85(32)	0.57(19)	0.713(13)
H21	16.53(25)	1.27(25)	1.04(48)	0.712(14)
H16	16.24(28)	1.01(28)	0.78(32)	0.710(15)
H28	18.04(8)	2.68(8)	2.64(96)	0.710(16)
H70	16.20(30)	0.95(31)	0.76(29)	0.709(17)
H98	18.26(5)	2.86(5)	2.86(99)	0.709(18)
H7	17.16(17)	1.84(17)	1.75(76)	0.707(19)
H34	16.64(23)	1.33(23)	1.19(54)	0.707(20)
H65	16.20(31)	0.98(29)	0.80(35)	0.707(21)
H103(Check)	14.69(68)	-0.44(69)	1.20(55)	0.57(71)
H104(Check)	16.03(34)	0.81(33)	0.50(15)	0.71(12)
H105(Check)	18.17(6)	2.79(6)	2.83(97)	0.71(23)

اعداد داخل پرانتز نشان‌دهنده رتبه در میان ۱۰۵ ژنوتیپ مورد بررسی است. ژنوتیپ‌های ارائه‌شده در این جدول، ۲۰ درصد ژنوتیپ‌های برتر انتخابی بر اساس

شاخص تلفیقی پایداری و عملکرد (WASSBY) می‌باشند.

شاخص WASSBY با ادغام اطلاعات عملکرد (BLUP) و پایداری (WAASB) امکان ارزیابی متوازن تری از ژنوتیپ‌ها

فراهم کرد. مزیت این شاخص نسبت به معیارهای تک‌بعدی در مطالعات مختلف بر روی ذرت و سایر محصولات گزارش شده است

و نتایج حاضر نیز این کارایی را تأیید می‌کند (Olivoto & Lúcio 2020; Olivoto et al. 2021). بنابراین، استفاده از شاخص‌های تلفیقی مانند WASSBY می‌تواند به تصمیم‌گیری دقیق‌تر در برنامه‌های به‌نژادی چندمحیطی کمک کند. به‌طور کلی، هم‌خوانی نتایج این پژوهش با یافته‌های مطالعات پیشین نشان می‌دهد که ترکیب تصحیح مکانی پیشرفته با تحلیل چندمحیطی مبتنی بر مدل‌های عاملی، چارچوبی قابل اتکا برای تحلیل آزمایش‌های ناحیه‌ای فراهم می‌کند. این رویکرد می‌تواند دقت برآورد اثرات ژنتیکی را افزایش داده و تفسیر واقع‌بینانه‌تری از برهم‌کنش ژنوتیپ $\times$ محیط ارائه دهد.

نتیجه‌گیری: نتایج این پژوهش نشان داد که به‌کارگیری مدل مکانی SpATS در آزمایش‌های چندمحیطی ذرت، منجر به اصلاح مؤثر ناهمگنی‌های مکانی و بهبود دقت برآورد عملکرد ژنوتیپ‌ها شد. کاهش خطای پیش‌بینی و افزایش پایداری برآوردها بیانگر کارایی بالای این مدل در تصحیح تغییرات مکانی سیستماتیک بود، به‌گونه‌ای که استفاده از ساختارهای مکانی پیچیده‌تر پس از تصحیح داده‌ها با SpATS بهبود معنی‌داری در دقت مدل ایجاد نکرد. پس از تصحیح مکانی داده‌ها، تحلیل چندمحیطی بر پایه مدل FA امکان مدلسازی دقیق‌تر برهم‌کنش ژنوتیپ $\times$ محیط را فراهم کرد. نتایج این تحلیل نشان داد که محیط‌های آزمایشی از نظر توان تفکیک ژنوتیپ‌ها و سهم آن‌ها در بروز برهم‌کنش ژنوتیپ $\times$ محیط متفاوت بوده و این تفاوت‌ها نقش مهمی در الگوهای سازگاری عمومی و خصوصی ژنوتیپ‌ها ایفا می‌کنند. برآورد شاخص پایداری WAASB و شاخص تلفیقی WASSBY که از ادغام هم‌زمان عملکرد میانگین ژنوتیپ‌ها و مقادیر WAASB مشتق‌شده از مؤلفه‌های استخراج‌شده از مدل FA به‌دست آمدند، اختلاف قابل توجهی بین ژنوتیپ‌ها از نظر میزان مشارکت در برهم‌کنش ژنوتیپ $\times$ محیط نشان داد. با توجه به این‌که پایداری بالا لزوماً با عملکرد بالا همراه نیست، شاخص تلفیقی WASSBY ابزار مناسب‌تری برای رتبه‌بندی متوازن ژنوتیپ‌ها فراهم کرد. بر اساس این شاخص، هیبریدهای H31، H23، H22، H27 و H53 به‌عنوان هیبریدهای برتر شناسایی شدند که ترکیب مطلوبی از عملکرد بالا و ثبات محیطی را نشان دادند. در میان آن‌ها، هیبرید H31 بالاترین مقدار WASSBY را به خود اختصاص داد و هیبرید H53 با کمترین مقدار WAASB، بیشترین پایداری عملکرد را نشان داد. به‌طور کلی، نتایج این مطالعه نشان می‌دهد که ترکیب مدل مکانی SpATS با تحلیل چندمحیطی مبتنی بر مدل FA و به‌کارگیری شاخص‌های پایداری و عملکرد مشتق‌شده از این مدل، رویکردی کارآمد و قابل اعتماد برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در برنامه‌های به‌نژادی ذرت فراهم می‌کند و می‌تواند دقت انتخاب و کارایی تصمیم‌گیری را به‌طور معنی‌داری افزایش دهد.

سپاسگزاری

مقاله بر اساس داده‌های پروژه تحقیقاتی مصوب ۰۱۰۶۹۶-۰۶۷-۰۳-۰۳-۰۰، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر تهیه و نگارش شده است. نگارندگان بدینوسیله از پشتیبانی مالی و مساعدت‌های موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر و مراکز تحقیقاتی همکار تشکر می‌کنند.

References

- Andrade, M. H. M. L., Filho, C. C. F., Fernandes, M. O., Bastos, A. J. R., Guedes, M. L., Marçal, T. S., Gonçalves, F. M. A., Pinto, C. A. B. P., & Zotarelli, L. (2020). Accounting for spatial trends to increase the selection efficiency in potato breeding. *Crop Science*, 60(5), 2354-2372. <https://doi.org/10.1002/csc2.20226>
- Arief, V. N., Desmae, H., Hardner, C., DeLacy, I. H., Gilmour, A., Bull, J. K., & Basford, K. E. (2019). Utilization of multiyear plant breeding data to better predict genotype performance. *Crop Science*, 59(2), 480–490. <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.03.0182>
- Bernal-Vasquez, A. M., Möhring, J., Schmidt, M., Schönleben, M., Schön, C. C., & Piepho, H. P. (2014). The importance of phenotypic data analysis for genomic prediction: A case study comparing different spatial models in rye. *BMC Genomics*, 15, 646. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-646>
- Bernardeli, A., Rocha, J. R. A. S. C., Borém, A., Lorenzoni, R., Aguiar, R., Silva, J. N. B., Bueno, R. D., Alves, R. S., Jarquin, D., Ribeiro, C., & Costa, M. D. L. (2021). Modeling spatial trends and enhancing genetic selection: An approach to soybean seed composition breeding. *Crop Science*, 61(2), 976–988. <https://doi.org/10.1002/csc2.20364>
- Borges, A., González Reymundez, A., Ernst, O., Cadenazzi, M., Terra, J., & Gutiérrez, L. (2019). Can spatial modeling substitute for experimental design in agricultural experiments? *Crop Science*, 59(1), 44–53. <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.03.0177>
- Burgueño, J. (2018). Spatial analysis of field experiments. In B. Glaz & K. M. Yeater (Eds.), *Applied statistics in agricultural, biological, and environmental sciences* (pp. 319–344). ASA, CSSA, & SSSA. <https://doi.org/10.2134/appliedstatistics.2016.0011.c12>
- Burgueño, J., Crossa, J., & Vargas, M. (2008). Analysis of genotype $\times$ environment interaction using mixed models. *Crop Science*, 48(1), 124–135. <https://doi.org/10.2135/cropsci2007.11.0632>
- Casler, M. D. (2015). Fundamentals of experimental design: Guidelines for designing successful experiments. *Agronomy Journal*, 107(2), 692–705. <https://doi.org/10.2134/agronj2013.0114>
- Covarrubias-Pazaran, G. (2024). lme4breeding: a fast linear mixed model for multi-trait/multi-environment experiments. bioRxiv, 2024-05. <https://doi.org/10.1101/2024.05.17.594795>
- Cowling, W. A., Stefanova, K. T., Beeck, C. P., Nelson, M. N., Hargreaves, B. L. W., Sass, O., Gilmour, A. R., & Siddique, K. H. M. (2015). Using the animal model to accelerate response to selection in a self-pollinating crop. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 5(7), 1419–1428. <https://doi.org/10.1534/g3.115.018838>

- Crossa, J., Pérez-Rodríguez, P., Cuevas, J., Montesinos-López, O., Jarquín, D., de los Campos, G., Burgueño, J., González-Camacho, J. M., Pérez-Elizalde, S., Beyene, Y., Dreisigacker, S., Singh, R., Zhang, X., Gowda, M., Roorkiwal, M., Rutkoski, J., & Varshney, R. K. (2017). Genomic selection in plant breeding: Methods, models, and perspectives. *Trends in Plant Science*, 22(11), 961–975. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2017.08.011>
- Cullis, B. R., & Gleeson, A. C. (1987). Residual maximum likelihood (REML) estimation of a neighbour model for field experiments. *Biometrics*, 43(2), 277–287. <https://doi.org/10.2307/2531812>
- Cullis, B. R., & Gleeson, A. C. (1991). Spatial analysis of field experiments: An extension to two dimensions. *Biometrics*, 47(4), 1449–1460. <https://doi.org/10.2307/2532398>
- Ebrahimi, L. (2023). ‘Genotype by yield*trait’ (GYT) biplot approach to evaluate resistance of soybean cultivars to *Helicoverpa armigera* Hübner under natural infestation conditions. *Phytoparasitica*, 51(4), 909–918. <https://doi.org/10.1007/s12600-023-01078-7>
- Eilers, P. H. C., & Marx, B. D. (2003). Multivariate calibration with temperature interaction using two-dimensional penalized signal regression. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, 66(2), 159–174. [https://doi.org/10.1016/S0169-7439\(03\)00029-7](https://doi.org/10.1016/S0169-7439(03)00029-7)
- Garnier, S., Ross, N., Rudis, R., Camargo, A. P., Sciaini, M., & Scherer, C. (2024). *viridis: Colorblind-friendly color maps for R* (R package version 0.6.5). Zenodo. <https://doi.org/10.5281/zenodo.5281>
- Gilmour, A. R., Cullis, B. R., & Verbyla, A. P. (1997). Accounting for natural and extraneous variation in the analysis of field experiments. *Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics*, 2(3), 269–293. <https://doi.org/10.2307/1400446>
- Lee, D. J., Durbán, M., & Eilers, P. H. C. (2013). Efficient two-dimensional smoothing with P-spline ANOVA mixed models and nested bases. *Computational Statistics & Data Analysis*, 61, 22–37. <https://doi.org/10.1016/j.csda.2012.11.013>
- Nychka, D., Furrer, R., Paige, J., & Sain, S. (2017). *fields: Tools for spatial data* (R package version 9.0). <https://doi.org/10.5065/D6W957CT>
- Olivoto, T., & Lúcio, A. D. (2020). metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution*, 11(6), 783–789. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>
- Olivoto, T., Lúcio, A. D. C., Silva, J. A. G., Marchioro, V. S., Souza, V. Q., & Jost, E. (2019). Mean performance and stability in multi-environment trials I: Combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*, 111(6), 2949–2960. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220>

- Olivoto, T., Nardino, M., Meira, D., Meier, C., Follmann, D. N., Souza, V. Q., Konflanz, V. A., & Baretta, D. (2021). Multi-trait selection for mean performance and stability in maize. *Agronomy Journal*, 113(5), 3968–3974. <https://doi.org/10.1002/agj2.20741>
- Piepho, H. P., Möhring, J., Melchinger, A. E., & Büchse, A. (2008). BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*, 161(1–2), 209–228. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9449-8>
- Piepho, H. P., Williams, E. R., & Fleck, M. (2015). A note on the analysis of designed experiments with complex treatment structure. *The Journal of Agricultural Science*, 153(1), 1–8.
- Ramallo, M. A. P., Ferreira, D. F., & Oliveira, A. C. (2012). Experimentation in genetics and plant breeding (3rd ed.). Editora UFPA.
- Resende, M. D. V., & Alves, R. S. (2020). Linear, generalized, hierarchical, Bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. *Functional Plant Breeding Journal*, 2, 1–31. <https://doi.org/10.35418/2526-4117/v2n2a1>
- Resende, M. D. V., & Duarte, J. B. (2007). Precision and quality control in variety trials. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37(3), 182–194.
- Resende, M. D. V., & Sturion, J. A. (2003). Spatial statistical analysis of experiments via individual mixed models with errors modeled by ARIMA processes in two dimensions. *Revista de Matemática e Estatística*, 21, 7–33.
- Rodríguez-Álvarez, M. X., Boer, M. P., van Eeuwijk, F. A., & Eilers, P. H. C. (2016a). Spatial models for field trials. *Spatial Statistics*, 16, 46–60.
- Rodríguez-Álvarez, M. X., Boer, M. P., van Eeuwijk, F. A., & Eilers, P. H. C. (2016b). *SpATS: Spatial analysis of field trials with splines* (R package version 1.0–4). Retrieved from <https://cran.r-project.org/package=SpATS>
- Rodríguez-Álvarez, M. X., Boer, M. P., van Eeuwijk, F. A., & Eilers, P. H. C. (2018). Correcting for spatial heterogeneity in plant breeding experiments with P-splines. *Spatial Statistics*, 23, 52–71. <https://doi.org/10.1016/j.spasta.2017.10.003>
- Selle, M. L., Steinsland, I., Hickey, J. M., & Gorjanc, G. (2019). Flexible modelling of spatial variation in agricultural field trials with the R package INLA. *Theoretical and Applied Genetics*, 132(12), 3277–3293. <https://doi.org/10.1007/s00122-019-03424-y>
- Shiri, M., Estakhr, A., Fareghi, S., Najafinezhad, H., Khavari Khorasani, S., Eshraghi-Nejad, M., Afarinesh, A., Anvari, K., & Ebrahimi, L. (2025). Evaluating the efficiency of AMMI, GGE biplot, and HO-AMMI stability analysis models for selecting high-yielding and stable maize hybrids in multi-environment trials. *Advanced Environmental Sciences*, 23(2), 461–476. <https://doi.org/10.48308/envs.2024.1421>

- Smith, A. B., Cullis, B. R., & Gilmour, A. (2001). The analysis of crop variety evaluation data in Australia. *Australian & New Zealand Journal of Statistics*, 43(2), 129–145. <https://doi.org/10.1111/1467-842X.00163>
- Smith, A. B., Cullis, B. R., & Thompson, R. (2005). The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: An overview of current mixed model approaches. *The Journal of Agricultural Science*, 143(6), 449–462. <https://doi.org/10.1017/S0021859605005587>
- Stefanova, K. T., Smith, A. B., & Cullis, B. R. (2009). Enhanced diagnostics for the spatial analysis of field trials. *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics*, 14(4), 392–410. <https://doi.org/10.1198/jabes.2009.07098>
- Thompson, R., Cullis, B., Smith, A., & Gilmour, A. (2003). A sparse implementation of the average information algorithm for factor analytic and reduced rank variance models. *Australian & New Zealand Journal of Statistics*, 45(4), 445–459. <https://doi.org/10.1111/1467-842X.00297>
- Velazco, J. G., Rodríguez-Álvarez, M. X., Boer, M. P., Jordan, D. R., Eilers, P. H. C., Malosetti, M., & van Eeuwijk, F. A. (2017). Modelling spatial trends in sorghum breeding field trials using a two-dimensional P-spline mixed model. *Theoretical and Applied Genetics*, 130(7), 1375–1392. <https://doi.org/10.1007/s00122-017-2894-4>
- Wickham, H., Chang, W., Henry, L., Pedersen, T. L., Takahashi, K., Wilke, C., Woo, K., & Yutani, H. (2016). *ggplot2: Elegant graphics for data analysis*. Springer.
- Yan, W., & Kang, M. S. (2003). *GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. CRC Press. <https://doi.org/10.1201/9781420040371>
- Zystro, J., Colley, M., & Dawson, J. (2018). Alternative experimental designs for plant breeding. In I. Goldman (Ed.), *Plant breeding reviews* (Vol. 42, pp. 87–117). Wiley. <https://doi.org/10.1002/9781119521358.ch3>