



Investigating the Stability of Promising Bread Wheat Genotypes in Cold Climate Using AMMI and GGE Biplot Analysis

Ashkboos Amini^{1✉} | Ali Akbar Asadi² | Mehrdad Chaichi³ | Masoud Ezat-Ahmadi⁴ | Marefat Gasemi Kalkhoran⁵ | Ali Reza Eivazi⁶ | Seyied Karim Hosseinibay⁷ | Parviz Salehi⁸ | Tagi Babaei⁹ | Masoud Godsi¹⁰ | Nader Mirfakhraee¹¹

1. Corresponding Author, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran. Email: ashkamin@spii.ir
2. Zanjan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Zanjan, Iran.
3. Hamedan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Hamedan, Iran.
4. Razavi Khorasan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Mashhad, Iran.
5. Ardabil Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Ardabil, Iran.
6. West Azarbaijan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Urmia, Iran.
7. Gazvin Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Gazvin, Iran.
8. Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Shiraz, Iran.
9. Markazi Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Arak, Iran.
10. Razavi Khorasan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Mashhad, Iran.
11. East Azarbaijan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Tabriz, Iran.

Article Info

Article type:

Research Article

Article history:

Received: September 14, 2022

Received in revised form: April 03, 2023

Accepted: April 21, 2023

Published online:

September 23, 2023

Keywords:

Genotype×environment, ideal genotype, interaction, stability.

ABSTRACT

Studying the nature of the genotype×environment interaction provides the possibility of identifying stable and compatible genotypes for breeders, and it has always been one of the important issues in the production and release of new stable and high-yield cultivars in breeding projects. The current research was conducted with the aim of identifying the response of genotypes in each of the studied areas, based on AMMI and GGE biplot models and better understanding of the genotype×environment interaction and determining the level of public and private stability of cultivars. Twenty facultative and winter wheat genotypes were cultivated and evaluated in nine regions (18 environments) during the two crop years of 2017 to 2019 in a randomized complete block design with three replications. In order to analyze the compatibility and stability of genotypes, AMMI and GGE biplot models were used. The results of AMMI analysis showed that the main effect of genotype, genotype×environment interaction effect and the first six principal components were significant at the 1% probability level. The first and second principal components explained about 51% of the sum of squares of the genotype×environment interaction effect. Based on SSiASV and SSiWAAS simultaneous selection indices, genotypes G13, G1, G3, G2, G6, G16, and G7 were identified as the best genotypes. Biplot analysis showed that the genotypes G1, G3, and G6 with average yield had the highest general stability compared to other genotypes. None of the genotypes can be considered as desirable genotypes that have high average yield and high yield stability, but genotype G16 and in the next stage the genotypes G1 and G13 were close to the ideal genotype. Polygon biplot model divided environments into two environmental groups (macro environment) and genotypes into four groups. The first environmental group included Kar1, Kar2, Qaz1, Qaz2, Ham1, Ham2, Mia2, Egl1, Jol2, Ard2, and Ara1 environments, with G16, G17, and G4 genotypes having the highest yield. The second environmental group included Mas1, Mas2, Mia1, Ard1, Jol1, Ara1, and Egl2 environments, and in this macro environment G2, G11, G7, and G12 genotypes had the highest yield. Finally, the examination of the relationships among the environments showed a very high correlation among the investigated environments, which indicated the similar behavior of the genotypes in the most of the tested environments.

Cite this article: Amini, A., Asadi, A.A., Chaichi, M., Ezz-Ahmadi, M., Ghasemi Kalkhoran, M., Eivazi, A.R., Hosseinibay, S.K., Salehi, P., Babaei, T., Godsi, M., & Mirfakhraee, N. (2023). Investigating the stability of promising bread wheat genotypes in cold climate using AMMI and GGE biplot analysis. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 54(3), 119-134. DOI: 10.22059/ijfcs.2023.348569.654940.





انتشارات دانشگاه تهران

علوم گیاهان زراعی ایران

شاپا الکترونیکی: ۸۰۸۲-۲۴۲۳

Homepage: <https://ijfcs.ut.ac.ir/>

بررسی پایداری ژنوتیپ‌های امیدبخش گندم نان در اقلیم سرد با استفاده از تجزیه AMMI و GGE بای پلات

اشکبوس امینی^۱ | علی اکبر اسدی^۲ | مهرداد چایچی^۳ | مسعود عزت احمدی^۴ | معرفت قاسمیکلخوران^۵ | علیرضا عیوضی^۶ | سیدکریم حسینی بای^۷ | پرویز صالحی^۸ | تقی بابایی^۹ | مسعود قدسی^{۱۰} | نادر میرفخرایی^{۱۱}

۱. نویسنده مسئول، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران. رایانامه: ashkamin@spii.ir
۲. مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان زنجان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، زنجان، ایران.
۳. مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان همدان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، همدان، ایران.
۴. مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان خراسان رضوی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مشهد، ایران.
۵. مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان اردبیل، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، اردبیل، ایران.
۶. مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان آذربایجان غربی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ارومیه، ایران.
۷. مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان قزوین، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، قزوین، ایران.
۸. مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، شیراز، ایران.
۹. مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مرکزی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، اراک، ایران.
۱۰. مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان خراسان رضوی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مشهد، ایران.
۱۱. مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان آذربایجان شرقی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تبریز، ایران.

چکیده

اطلاعات مقاله

مطالعه ماهیت اثر متقابل ژنوتیپ×محیط، امکان شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و سازگار را برای به‌نژادگران فراهم می‌آورد و همواره یکی از موضوعات مهم در تولید و آزادسازی ارقام جدید پایدار و پرمحصول در طرح‌های به‌نژادی بوده است. پژوهش حاضر با هدف شناسایی چگونگی واکنش ژنوتیپ‌ها در هر یک از مناطق مورد بررسی بر اساس مدل‌های AMMI و GGE بای پلات و درک بهتر از موضوع اثر متقابل ژنوتیپ×محیط و تعیین میزان پایداری عمومی و خصوصی ژنوتیپ‌ها انجام شد. تعداد ۲۰ ژنوتیپ گندم پاییزه و بینابین طی دو سال زراعی ۱۳۹۷ تا ۱۳۹۹ در نه منطقه (۱۸ محیط) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار ارزیابی شد. به‌منظور تجزیه و تحلیل سازگاری و پایداری ژنوتیپ‌ها، از مدل AMMI و GGE بای پلات استفاده شد. نتایج تجزیه AMMI نشان داد که اثر اصلی ژنوتیپ، اثر متقابل ژنوتیپ×محیط و شش مؤلفه اصلی اول در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند. مؤلفه‌های اصلی اول و دوم حدود ۵۱٪ از مجموع مربعات اثر متقابل ژنوتیپ×محیط را تبیین کردند. بر اساس شاخص‌های گزینش هم‌زمان SSiASV و SSiWAAS، ژنوتیپ‌های G1، G13، G1، G3، G2، G6، G16، G7 و G6 به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند. تجزیه بای پلات نشان داد که ژنوتیپ‌های G1، G3، G6 و G6 با عملکرد متوسط، بیشترین پایداری عمومی را نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها دارا هستند. هیچ‌کدام از ژنوتیپ‌ها را نمی‌توان به‌عنوان ژنوتیپ‌های مطلوب که دارای میانگین عملکرد بالا و نیز پایداری عملکرد بالایی باشند، در نظر گرفت؛ ولی ژنوتیپ G16 در مرحله بعد ژنوتیپ‌های G1 و G13 نسبت به ژنوتیپ ایده‌آل قرار داشتند. الگوی چندضلعی بای پلات محیط‌ها را به دو گروه محیطی (محیط کلان) و ژنوتیپ‌ها را به چهار گروه تقسیم کرد. اولین گروه محیطی شامل محیط‌های Kar₁، Kar₂، Qaz₁، Qaz₂، Ham₁، Ham₂، Mia₂، Egl₁، Jol₂، Ard₂ و Ara₁ بود که در این محیط‌ها به‌طور میانگین ژنوتیپ‌های G16، G17، G4 و G4 دارای بیشترین عملکرد بودند. دومین گروه محیطی شامل محیط‌های Mas₁، Mas₂، Ara₁، Jol₁، Ard₁، Mia₁، G2 و Egl₂ بودند که در این محیط کلان نیز ژنوتیپ‌های G2، G11، G7 و G12 بیشترین عملکرد را داشتند. بررسی روابط بین محیط‌ها، همبستگی بسیار بالایی را بین محیط‌های مورد بررسی نشان داد که حاکی از رفتار مشابه ژنوتیپ‌ها در اغلب محیط‌های مورد آزمایش بود.

نوع مقاله: مقاله پژوهشی

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۶/۲۳

تاریخ بازنگری: ۱۴۰۲/۰۱/۱۴

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۲/۰۱

تاریخ انتشار: ۱۴۰۲/۰۷/۰۱

کلیدواژه‌ها:

اثر متقابل،

پایداری،

ژنوتیپ×محیط،

ژنوتیپ ایده‌آل.

استناد: امینی، ا.، اسدی، ع.، چایچی، م.، عزت احمدی، م.، قاسمی کلخوران، م.، عیوضی، ع.، حسینی بای، س. ک.، صالحی، پ.، بابایی، ت.، قدسی، م.، و میرفخرایی، ن. (۱۴۰۲). بررسی پایداری ژنوتیپ‌های امیدبخش گندم نان در اقلیم سرد با استفاده از تجزیه AMMI و GGE بای پلات. *علوم گیاهان زراعی ایران*، ۵۴(۳)، ۱۱۹-۱۳۴. DOI: 10.22059/ijfcs.2023.348569.654940



© نویسندگان

ناشر: موسسه انتشارات دانشگاه تهران.

۱. مقدمه

وجود تنش‌های محیطی همچون گرما، سرما و خشکی و خسارت‌های زیاد آن‌ها در تولید گیاهان زراعی مانند محصول گندم سبب روی‌آوری پژوهشگران به بررسی واکنش ژنوتیپ‌ها به محیط‌های گوناگون و ارزیابی عملکرد دانه و پایداری آن به‌عنوان معیار مهمی در گزینش و معرفی رقم شده است (Tretowan & Reynolds, 2007). ارقام دارای عملکرد بالاتر در محیط‌های تنش و توانایی حفظ عملکرد در سال‌ها و مکان‌ها، ارقام برتر هستند (Sharifi *et al.*, 2017). اثرهای ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ×محیط^۱ GEI تعیین‌کننده عملکرد یک ژنوتیپ هستند (Yan *et al.*, 2007). ارزیابی دقیق ژنوتیپ‌ها با هدف معرفی ارقام جدید با عملکرد بالا و پایداری عملکرد و نیز سازگار به شرایط محیطی مستلزم برآورد اثر ژنوتیپ و نیز اثر متقابل ژنوتیپ×محیط به‌طور هم‌زمان می‌باشد (Yan *et al.*, 2000; Yan & Kang, 2003). ارزیابی ژنوتیپ‌های مورد نظر در چندین محیط مختلف، برآورد اثر متقابل ژنوتیپ×محیط را میسر می‌سازد (Cooper & Hammer, 1996; Kang, 1998; Brancourt-Hulmel & Iecomte, 2003; Yan & Kang, 2003; Fan *et al.*, 2007).

عملکرد دانه تا حدود زیادی تحت تاثیر شرایط محیطی قرار می‌گیرد. از این رو اصلاح‌گران، قبل از معرفی یک رقم، پایداری ژنوتیپ‌های دارای عملکرد بالا را در محیط‌های مختلف ارزیابی و تعیین می‌کنند. روش‌های مختلفی برای بررسی اثر متقابل ژنوتیپ×محیط و تعیین ژنوتیپ‌های پایدار ارائه شده که شامل روش‌های تک‌متغیره، چندمتغیره و ناپارامتری می‌باشند (Dehghanpour *et al.*, 2007).

روش گرافیکی GGE بای پلات و روش اثرات اصلی جمع‌پذیر و اثر متقابل ضرب‌پذیر AMMI از مهم‌ترین روش‌های چندمتغیره تجزیه پایداری به شمار می‌روند (Gauch & Zobel, 1997). از روش تجزیه AMMI برای بررسی پایداری ژنوتیپ‌های مختلف استفاده زیادی شده است. روش تجزیه AMMI توسط محققان مختلفی مورد استفاده قرار گرفته و مشخص شده است که این روش می‌تواند برای تعیین ژنوتیپ‌های دارای سازگاری عمومی و خصوصی برای مکان‌های مختلف مورد استفاده قرار گیرد (Mohammadi & Amri, 2013; Esmailzadeh Moghaddam *et al.*, 2011; Elakhdar *et al.*, 2017). در این روش مؤلفه‌های افزایشی برای اثرهای اصلی (ژنوتیپ و محیط) و مؤلفه‌های ضرب‌پذیر برای اثر متقابل ژنوتیپ×محیط ترکیب می‌شوند (Sadiyah & Hadi, 2016). Akbarpour *et al.* (2011) از روش AMMI در بررسی پایداری عملکرد لاین‌های امیدبخش جو استفاده کرده و نشان دادند که با استفاده از این روش می‌توان علاوه بر شناسایی ژنوتیپ‌هایی با سازگاری عمومی، ژنوتیپ‌هایی با سازگاری خصوصی را نیز برای مناطق مختلف شناسایی کرد. Amini *et al.* (2021) نیز برای بررسی اثرات متقابل ژنوتیپ×محیط بر عملکرد گندم تحت تنش شوری، از آماره پایداری ASV^2 و فاصله AMMI استفاده کرده و لاین‌های پایدار گندم در شرایط تنش شوری را شناسایی و معرفی کردند.

مدل GGE بای پلات، به‌طور هم‌زمان عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌ها را ارزیابی کرده، محیط‌های مطلوب برای ژنوتیپ‌های خاص را تعیین کرده و محیط‌ها را به یک یا چند ناحیه بزرگ (Mega-Environments) دسته‌بندی می‌کند. یک محیط بزرگ به گروهی از محیط‌ها گفته می‌شود که یک یا چند ژنوتیپ در آن محیط بهترین عملکرد یا بالاترین واکنش محیطی را داشته باشند (Yan & Tinker, 2006). روش GGE بای پلات توسط محققان متعددی در گیاهان زراعی مختلف برای تجزیه داده‌های آزمایش‌های ناحیه‌ای مفید و کاربردی تشخیص داده شده است (Jamshidi Moghaddam & Pourdad, 2012; Farshadfar *et al.*, 2012; Mortazavian *et al.*, 2014). پژوهش‌های متعدد نشان داده است که در اکثر آزمایش‌های تجزیه پایداری، اثر اصلی محیط زیاد است، درحالی‌که تغییرات توجیه‌شده به‌وسیله اثر اصلی ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ×محیط که قابل تفسیر می‌باشند، کم است. از آنجایی که محیط عاملی غیرقابل کنترل است، از این رو در روش GGE بای پلات از منابع تغییرات ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ×محیط استفاده می‌شود تا بتوان نتایج قابل اعتمادی را به‌دست آورد (Yan *et al.*, 2007). با توجه به مزیت‌های روش GGE بای پلات، استفاده از این مدل برای تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ×محیط پیشنهاد شده است (Crossa *et al.*, 2002).

فوق در آزمایش‌های ناحیه‌ای عملکرد، بیشترین کارایی را در توجیه تغییرات داشته و کاربرد آن نتایج بهتر و مؤثری داشته است. هدف از انجام این پژوهش، بررسی اثر متقابل ژنوتیپ×محیط در آزمایش‌های چندمحیطی، تعیین ژنوتیپ‌های برتر و معرفی پایدارترین آن‌ها از طریق روش‌های تجزیه پایداری AMMI و GGE بای‌پلات در شرایط نرمال آبیاری اقلیم سرد کشور بود.

۲. روش‌شناسی پژوهش

در این پروژه تحقیقاتی که در سال‌های زراعی ۱۳۹۷ تا ۱۳۹۹ به اجرا درآمد، تعداد ۱۷ لاین گندم آبی (منتخب آزمایش‌های مقایسه عملکرد پیشرفته سراسری اجرا شده در موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر در سال زراعی ۱۳۹۷-۱۳۹۶) که دارای تیپ رشد زمستانه و بینابین^۱ بودند به همراه ارقام شاهد میهن، حیدری و زرینه (جمعاً به تعداد ۲۰ ژنوتیپ) در شرایط آبیاری نرمال در قالب طرح آماری بلوک‌های کامل تصادفی (RCBD) با سه تکرار در ایستگاه‌های تحقیقاتی کرج، همدان، مشهد، جلگه رخ، میاندوآب، اردبیل، اراک، اقلید فارس و قزوین مورد بررسی قرار گرفتند (جدول ۱). عملیات تهیه زمین شامل شخم، دیسک، دو بار لولر عمودبرهم، کودپاشی و ایجاد فارو (عرض ۶۰ سانتی‌متر) بود. کود پتاس از منبع سولفات پتاس، کود فسفره از منبع فسفات آمونیم به صورت پایه و کود ازته از منبع اوره در دو نوبت پایه و سرک به مصرف رسید. هر ژنوتیپ در یک کرت به مساحت شش متر مربع کشت شد. میزان بذر مصرفی بر اساس ۴۵۰ بذر در متر مربع و با در نظر گرفتن وزن هزاردانه برای هر ژنوتیپ تعیین شد. بذور آزمایشی قبل از کاشت به منظور جلوگیری از سیاهک پنهان با قارچ‌کش کاربوکسین تیرام به نسبت دو در هزار ضدعفونی شدند. برای مبارزه با علف‌های هرز پهن‌برگ و باریک‌برگ مخلوطی از علف‌کش‌های گرانستار و پوماسوپر به ترتیب به مقدار ۲۰ گرم و یک لیتر در هکتار در مرحله پنجه‌زنی تا ساقه‌رفتن استفاده شد. بقیه عملیات زراعی در ایستگاه‌های مختلف تا حدود زیادی یکسان انجام شد.

پس از تعیین عملکرد دانه هر ژنوتیپ، تجزیه واریانس ساده در هر سال و هر مکان انجام شد. سپس با انجام آزمون بارتلت و اثبات یکنواختی واریانس خطاها، تجزیه واریانس مرکب و مقایسه میانگین مرکب عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها انجام پذیرفت. آزمون F منابع تغییر بر اساس امید ریاضی میانگین مربعات و با فرض تصادفی بودن سال‌ها و ثابت بودن مکان‌ها و ژنوتیپ‌ها انجام شد. برای بررسی پایداری ژنوتیپ‌ها، از روش اثرات اصلی جمع‌پذیر و اثر متقابل ضرب‌پذیر AMMI و تجزیه GGE-biplot استفاده شد. ضمن انجام تجزیه واریانس AMMI مقادیر مؤلفه‌های اصلی برای هر ژنوتیپ و محیط استخراج و با ترسیم بای‌پلات‌های مربوطه، سازگاری عمومی و خصوصی ژنوتیپ‌ها تعیین شد (Rodriguez et al., 2007).

برای محاسبه آماره پایداری AMMI، (ASV)، از رابطه زیر استفاده شد (Purchase et al., 2000):

$$ASV = \sqrt{\frac{(SSIPCA 1)}{(SSIPCA 2)} (IPCA 1)^2 + (IPCA 2)^2}$$

در این فرمول عبارت است از ارزش پایداری AMMI، SSIPCA1 مجموع مربعات مؤلفه اصلی اول و SSIPCA2 مجموع مربعات مؤلفه اصلی دوم می‌باشد. آماره ASV به دلیل اینکه آثار دو مؤلفه اول اثر متقابل را به طور هم‌زمان مورد بررسی قرار می‌دهد نقش مهمی در تفسیر نتایج تجزیه امی دارد. ژنوتیپ و محیط‌های با مقادیر کم پارامتر ASV پایدار و با مقادیر بیشتر ناپایدار خواهند بود (Purchase et al., 2000). همچنین شاخص میانگین وزنی نمرات مطلق (WAAS_i)^۲ نیز با استفاده از رابطه زیر برآورد شد (Olivoto, 2019):

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

در این رابطه، $IPCA_{ik}$ نمره ژنوتیپ i در k امین محور مؤلفه اصلی برهمکنش (IPC) و EP_k واریانس توجیه شده به وسیله k امین IPC است. ژنوتیپ با کمترین مقدار WAAS به عنوان ژنوتیپ پایدار در نظر گرفته شد (Olivoto, 2019). علاوه بر دو شاخص

1. Facultative

2. Weighted Average of Absolute Scores

بالا، شاخص گزینش هم‌زمان (SSI^۱) نیز برای هریک از این دو شاخص محاسبه شد که حاصل جمع رتبه ژنوتیپ‌ها بر پایه هریک از شاخص‌های پایداری AMMI و رتبه میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها در تمام محیط‌ها است (Farshadfar *et al.*, 2012). تجزیه واریانس مرکب با استفاده از نرم‌افزار SAS و تجزیه‌های آماری تجزیه AMMI و GGE-biplot با استفاده از بسته تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی با نام Metan^۲ در نرم‌افزار R انجام شد (Olivoto, 2019).

جدول ۱. مشخصات ژنوتیپ‌های گندم مورد بررسی در مناطق مختلف اقلیم سرد کشور

Genotype Code	Genotype
G1	Mihan
G2	Haydari
G3	Zarrineh
G4	Ghk"s"/Bow"s"//90Zhong87/3/Shiroodi/4/55.174/P101//Maya/3/Snb
G5	Ghk"s"/Bow"s"//90Zhong87/3/Shiroodi/4/55.174/P101//Maya/3/Snb
G6	Vorona/Milan/Sha7/3/MV17/4/Pehlivan
G7	Tam113
G8	Unknown/Zolotava/6/Jup/4/Clf/3/II1453/Odin//Ci134431/Sel6425/Wa00477*2/5/Croc-1/Ae.Squarro1 (213)//Pgo
G9	Charger//CMH80A.768/3*Cno79
G10	MV35-13
G11	MV-Pantalika
G12	Zander//Attila/3*Bcn
G13	Boh4/7/Wa476/3/391//Num/5/W22/5/Ana/6/Tam200/Kasyan
G14	Car422/Ana/Yaco/3/Kauz*2/Trap//Kauz/4/Bucur/5/Bucur
G15	Rumeli
G16	Id80628/3/Cer/Ymh//Hys/4/Cer/Ymh//Hys/5/Tjb368.251/Buc//Anb/Buc
G17	Charger//CMH80A.768/3*Cno79
G18	BEZ1//PBW343*2/KUKUNA (code:1005)
G19	GRK79//INQALAB 91*2/TUKURU(Code:1015)
G20	kalyam (Rus 2005)(code:Rus 2005)

۳. یافته‌های پژوهشی و بحث

معنی‌دار شدن آزمون بارتلت با میزان آماره کای اسکوئر برابر با $10/63$ با درجه آزادی ۱۷، نشان‌دهنده یکنواختی واریانس خطا در آزمایش‌های انجام‌شده در ایستگاه‌های مختلف و سال‌های انجام آزمایش بود. در تجزیه واریانس مرکب عملکرد ژنوتیپ‌ها، اختلاف معنی‌دار برای اثر سال، مکان، اثر متقابل سال×مکان و همچنین اثر ژنوتیپ، اثر متقابل ژنوتیپ×سال، اثر متقابل ژنوتیپ×مکان و ژنوتیپ×سال×مکان در سطح یک درصد مشاهده شد (جدول ۲). در متوسط مکان‌ها ژنوتیپ‌های G4، G16، G17، G2 و G7 به ترتیب با داشتن عملکردهای $7/671$ ، $7/678$ ، $7/685$ ، $7/691$ و $7/694$ تن در هکتار بیشترین و ژنوتیپ‌های G15، G20 و G8 به ترتیب با داشتن عملکردهای $6/44$ ، $6/469$ و $6/885$ تن در هکتار کمترین مقدار عملکرد دانه را در بین ژنوتیپ‌ها دارا بودند (جدول ۴). معنی‌دار شدن اثر ژنوتیپ نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر عملکرد متفاوت از هم بوده و از این نظر دارای تنوع ژنتیکی هستند. معنی‌دار بودن اثرات متقابل ژنوتیپ×سال، ژنوتیپ×مکان و ژنوتیپ×سال×مکان به دلیل تغییرات زیاد ژنوتیپ‌ها در سال‌ها و مکان‌های مورد بررسی می‌باشد. این معنی‌دار شدن نشان می‌دهد که پاسخ ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف یکسان نبوده و در محیط‌های مختلف، ژنوتیپ‌های متفاوتی دارای بیشترین عملکرد بوده‌اند؛ از طرف دیگر اثر اصلی محیط (مجموع سال، مکان و سال×مکان) و اثر متقابل ژنوتیپ×محیط (مجموع ژنوتیپ×سال، ژنوتیپ×مکان و ژنوتیپ×سال×مکان) به ترتیب با $48/48$ درصد و $28/4$ درصد بیشترین سهم و ژنوتیپ با 6 درصد کمترین سهم را در مجموع مربعات کل واریانس مشاهده‌شده در آزمایش‌ها داشتند. بالاتر بودن سهم اثر محیط نشان‌دهنده دامنه گسترده‌تر اثر اصلی محیط نسبت به اثر اصلی ژنوتیپ است. پژوهشگران زیادی نیز چنین سهم بالایی را برای محیط گزارش کرده‌اند (Aghaee Sarbezeh *et al.*, 2012; Mohammadi *et al.*, 2015; Ghaedrahmati *et al.*, 2017). سهم اندک ژنوتیپ در توجیه تنوع می‌تواند به این دلیل باشد که در برنامه‌های اصلاحی گندم، ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد انتخاب شده و این ژنوتیپ‌ها نقش کمتری در توجیه تنوع در آزمایش‌های چندمحیطی نسبت به

محیط و اثر متقابل ژنوتیپ×محیط داشته‌اند (Fan et al., 2007; Mohammadi et al., 2016). تفاوت بین محیط‌ها می‌تواند به دلیل تفاوت‌های اقلیمی، خاک و مدیریت زراعی طی سال‌ها و مکان‌های انجام آزمایش در طی دوره رشدی گیاه باشد. در ارتباط با معنی‌دار شدن اثرات متقابل دوگانه و سه‌گانه ژنوتیپ با مکان و سال علاوه بر تفاوت ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها، تفاوت واکنش آن‌ها به عوامل جغرافیایی و اقلیمی هم مؤثر بوده است؛ بنابراین صرفاً بر اساس مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها نمی‌توان ژنوتیپ با عملکرد بیشتر را تعیین کرد، بلکه باید تجزیه پایداری انجام شود تا ژنوتیپ‌های سازگار با شرایط منطقه که ضمن داشتن عملکرد دانه بالا، نوسانات عملکرد آن‌ها نیز در سال‌های مختلف کمتر باشد، شناسایی شوند. به این ترتیب، تجزیه پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها و ارقام شاهد با روش‌های مختلف انجام شد تا ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه بالا و پایدار شناسایی شوند.

جدول ۲. تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه لاین‌های امیدبخش گندم در مکان‌های مختلف طی دو سال در اقلیم سرد کشور

S.O.V.	Degree of freedom	Sum of square	Mean square	Percentage change from the total sum of squares
Year	1	184.66	184.66**	8.9
Place	8	668.69	83.59**	32.28
Year × Place	8	151.48	18.93**	7.3
R/PY (Ea)	36	86.79	2.41	4.2
Genotype	19	125.89	6.66**	6
Genotype × Year	19	33.36	1.76**	1.6
Genotype × Place	152	236.24	1.55**	11.4
Genotype × Year × Place	152	194.16	1.28**	9.4
RG/PY (Eb)	684	389.99	0.57	18.8
Total	1079	2071.26		
CV%	10.38			

** و *: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال یک و پنج درصد.

۱-۳. تجزیه AMMI

تجزیه واریانس AMMI (جدول ۳) نشان داد که شش مؤلفه اصلی اول معنی‌دار هستند و در مجموع نزدیک به ۸۴٪ از تغییرات اثر متقابل ژنوتیپ×محیط را توجیه کردند. اولین و دومین مؤلفه اصلی بیشترین سهم (۵۱٪) را در بیان اثر متقابل ژنوتیپ×محیط داشتند و مؤلفه‌های دیگر در درجات بعدی اهمیت قرار گرفتند. بزرگی درصد توجیه واریانس کل توسط هر یک از مؤلفه‌ها در تفکیک بهتر ژنوتیپ‌ها و اعتبار روابط مشاهده‌شده مؤثر است. در روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، ترکیب خطی متغیرها برای تبیین بیشترین مقدار واریانس آن‌ها به گونه‌ای برآورد می‌شود که اولین مؤلفه بیشترین مقدار واریانس مؤلفه‌ها را تبیین کند و مؤلفه دوم بیشترین مقدار واریانس باقیمانده را بعد از مؤلفه اول توضیح می‌دهد که توسط مؤلفه اول بیان نشده است (Sharifi, 2020; Karimizadeh et al., 2020). در تطابق با نتایج این تحقیق (Aghaee Sarbezeh et al., 2012) و (Karimizadeh et al., 2020) نیز سهم پایین دو مؤلفه اصلی را در توجیه تغییرات اثر متقابل ژنوتیپ×محیط را در گندم دوروم گزارش کردند. در مقابل سهم بالای مؤلفه اصلی اول در توجیه اثر متقابل ژنوتیپ×محیط توسط محققان دیگری گزارش شده است که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت نداشت (Najafi Mirak et al., 2019 and 2021). معنی‌داری تعداد مؤلفه‌ها می‌تواند معیاری از پیچیدگی اثر متقابل ژنوتیپ×محیط باشد و این مورد به تعداد محیط‌ها، مواد ژنتیکی و شرایط آنها بستگی دارد (Farayedi et al., 2021). به‌عنوان نمونه، در پژوهشی که ۱۵ ژنوتیپ بومی نخود در ۱۲ محیط بررسی شده بودند، تعداد پنج مؤلفه در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار شدند (Pouresmael et al., 2018).

ژنوتیپ‌های دارای مقادیر بزرگ (مثبت یا منفی) مؤلفه اصلی اول (IPC1) اثر متقابل بالایی با محیط دارند؛ در مقابل، ژنوتیپ‌های دارای مقادیر نزدیک به صفر اثر متقابل پایینی دارند. بر این اساس ژنوتیپ‌های G18 و G13، G6، G1، G20، G3 دارای کمترین مقادیر IPC1 بودند؛ ولی تنها ژنوتیپ‌های G1، G3 و G13 دارای عملکرد اندکی بالاتر از میانگین عملکرد کل بودند و به همین دلیل می‌توانند به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار با سازگاری عمومی بالا معرفی شوند (جدول ۴). از آنجایی که مؤلفه اصلی اول

فقط در حدود ۲۸/۷ درصد از تغییرات اثر متقابل ژنوتیپ×محیط را توجیه کرد؛ از این رو، شاخص ارزش پایداری AMMI^۱، میانگین وزنی نمرات مطلق^۲ و شاخص انتخاب هم‌زمان بر پایه این دو شاخص نیز محاسبه و ژنوتیپ‌های برتر بر اساس آن شناسایی شدند. شاخص ارزش پایداری امی، ژنوتیپ‌های G1، G3، G6 و G20 را با کمترین نمره به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها معرفی کرد. بر اساس شاخص میانگین وزنی نمرات مطلق، ژنوتیپ‌های G1، G3، G6 و G14 و G18 پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. پژوهشگران دیگری نیز از شاخص ارزش پایداری امی و میانگین وزنی نمرات مطلق به‌عنوان روش‌های مفید و مؤثری در شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار استفاده کرده‌اند (Karimzadeh *et al.*, 2020, 2012; Mohammadi *et al.*, 2015).

جدول ۳. تجزیه AMMI برای عملکرد دانه لاین‌های امیدبخش گندم نان در اقلیم سرد

S.O.V.	Degree of freedom	Sum of square	Mean square	Percentage change from the total sum of squares
Environment	17	1004.84	59.11**	
Environment × Replication	36	86.78	2.41	
Genotype	19	125.88	6.63**	
Environment × Genotype	323	463.76	1.43**	
IPCA 1	35	133.23	3.81**	28.7
IPCA 2	33	102.99	3.12**	22.2
IPCA 3	31	63.66	2.05**	13.7
IPCA 4	29	44.56	1.54**	9.6
IPCA 5	27	32.68	1.21**	7
IPCA 6	25	22.71	0.91**	4.9
Noise	143	63.9	0.447	13.9
Residual	684	390.01	0.57	
Total	1401	2535.04	1.8	

** و *: به ترتیب معنی‌دار در سطح یک و پنج درصد.

از آنجایی که در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با هر کدام از شاخص‌های پایداری محاسبه‌شده، فقط بر جنبه پایداری ژنوتیپ‌ها تأکید شده است، بنابراین ژنوتیپ‌های G6، G20 و G14 با عملکردی کمتر از متوسط عملکرد کل (۷/۲۷۵ تن در هکتار) به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر گزینش شدند. جهت اجتناب از گزینش چنین ژنوتیپ‌هایی به‌عنوان ژنوتیپ برتر، شاخص انتخاب هم‌زمان SSi (Farshadfar *et al.*, 2013) برآورد شد. مزیت آماره‌های SSi این است که در برآورد آن‌ها به هر دو جنبه پایداری و متوسط عملکرد یک ژنوتیپ توجه شده است؛ بنابراین با استفاده از این شاخص‌ها، امکان گزینش ژنوتیپ‌های پایدار اما با عملکرد پایین، کاهش می‌یابد (Farshadfar *et al.*, 2013). بر این اساس به ترتیب ژنوتیپ‌های G1، G13، G1، G3، G2، G6، G16 و G7 بر اساس شاخص SSiASV و ژنوتیپ‌های G2، G16، G1، G3، G13، G6 و G7 بر مبنای شاخص SSiWAAS به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند (جدول ۴).

از مهم‌ترین کاربردهای روش AMMI، تعیین سازگاری خصوصی ژنوتیپ‌ها و معرفی یک یا چند ژنوتیپ برای یک یا چند مکان ویژه است. محققان دیگر نیز با استفاده از روش AMMI ژنوتیپ‌های پایدار را معرفی کردند (Karimzadeh *et al.*, 2011; Karimzadeh *et al.*, 2020). روش AMMI در هر محیط، چهار ژنوتیپ برتر را از نظر عملکرد و پایداری معرفی کرد که نتایج آن در جدول ۵ نشان داده شده است. ژنوتیپ G2 شش بار به‌عنوان ژنوتیپ برتر، سه بار به‌عنوان ژنوتیپ دوم و چهار بار به‌عنوان ژنوتیپ چهارم انتخاب شد و در مجموع با ۱۳ بار قرارگیری در بین چهار ژنوتیپ برتر به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ انتخاب شد. به‌همین ترتیب ژنوتیپ‌های G16 با ۱۲ بار، G4 با ۱۱ بار، G7 و G17 با نه بار و ژنوتیپ G12 با هفت بار قرارگیری در بین ژنوتیپ‌های برتر می‌توانند به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار معرفی شوند. محیط‌های Eq1، Ara2، Ham2، Jol2 و Eq2 دارای کمترین مقدار در اولین محور مؤلفه اصلی (IPCA1) و اثر متقابل ژنوتیپ×محیط بودند و نسبت به محیط‌های دیگر پایداری عملکرد بهتری داشتند؛ ولی از بین این محیط‌ها، بجز محیط Jol2 سایر محیط‌ها میانگین عملکرد کمتری نسبت به میانگین کل داشتند.

جدول ۴. مؤلفه‌های اصلی اول تا ششم، شاخص‌های پایداری، رتبه ژنوتیپ‌ها و شاخص انتخاب هم‌زمان برای ژنوتیپ‌های امیدبخش گندم.

Genotype	Yield	IPCA1	IPCA2	IPCA3	IPCA4	IPCA5	IPCA6	rY	ASV	rASV	SSi ASV	WAAS	rWAAS	SSi WAAS
G1	7.298	-0.07	0.39	-0.38	0.52	-0.23	-0.02	11	0.399	3	14	0.263	3	14
G2	7.661	0.62	0.05	-0.26	0.23	-0.41	-0.27	4	0.799	11	15	0.333	6	10
G3	7.282	.02	0.26	-0.02	-0.88	-0.19	0.1	12	0.263	2	14	0.198	2	14
G4	7.685	-0.95	-0.69	-0.24	-0.33	-0.31	-0.21	1	1.411	18	19	0.606	17	18
G5	7.371	-0.55	-0.72	-0.2	0.26	-0.32	0.43	8	1.012	15	23	0.48	14	22
G6	7.222	0.18	0.01	-0.11	0.43	0.16	0.21	15	0.23	1	16	0.151	1	16
G7	7.534	0.6	0.53	-0.1	0.35	-0.27	0.19	5	0.937	12	17	0.423	11	16
G8	6.885	-0.53	0.24	0.79	-0.1	-0.28	-0.72	18	0.723	10	28	0.438	12	30
G9	7.16	-0.65	-0.9	0.69	-0.04	0.33	0.07	16	1.235	17	33	0.595	16	32
G10	7.077	-0.32	0.57	0.03	0.35	-0.47	0.9	17	0.707	8	25	0.388	9	26
G11	7.356	1.15	-0.33	0.72	0.22	0.18	0.1	9	1.526	19	28	0.629	18	27
G12	7.478	0.81	-0.31	0.47	0.28	-0.03	-0.45	6	1.085	16	22	0.481	15	21
G13	7.392	0.28	0.4	0.3	-0.68	-0.15	-0.25	7	0.544	5	12	0.347	7	14
G14	7.251	0.39	-0.44	-0.03	-0.31	0.18	0.45	14	0.671	7	21	0.323	5	19
G15	6.44	0.59	-0.64	-1.31	0.12	0.39	-0.46	20	0.991	13	33	0.639	19	39
G16	7.678	-0.48	-0.79	0.06	0.18	0.01	0.06	2	1.003	14	16	0.398	10	12
G17	7.671	-0.95	0.93	0.07	0.79	0.84	-0.34	3	1.542	20	23	0.743	20	23
G18	7.276	0.26	0.48	0.41	-0.21	0.07	0.16	13	0.586	6	19	0.313	4	17
G19	7.317	-0.35	0.56	-0.61	-0.4	-0.55	-0.29	10	0.721	9	19	0.464	13	23
G20	6.469	-0.03	0.41	-0.3	-0.77	1.04	0.32	19	0.409	4	23	0.351	8	27

IPCA: محور مؤلفه اصلی اثر متقابل، rY: رتبه عملکرد، ASV: شاخص پایداری AMMI، rASV: رتبه شاخص پایداری AMMI، SSi ASV: شاخص گزینش هم‌زمان بر پایه شاخص پایداری AMMI، WAAS: شاخص میانگین وزنی نمرات مطلق، rWAAS: رتبه شاخص میانگین وزنی نمرات مطلق، SSiWAAS: شاخص گزینش هم‌زمان بر پایه شاخص میانگین وزنی نمرات مطلق.

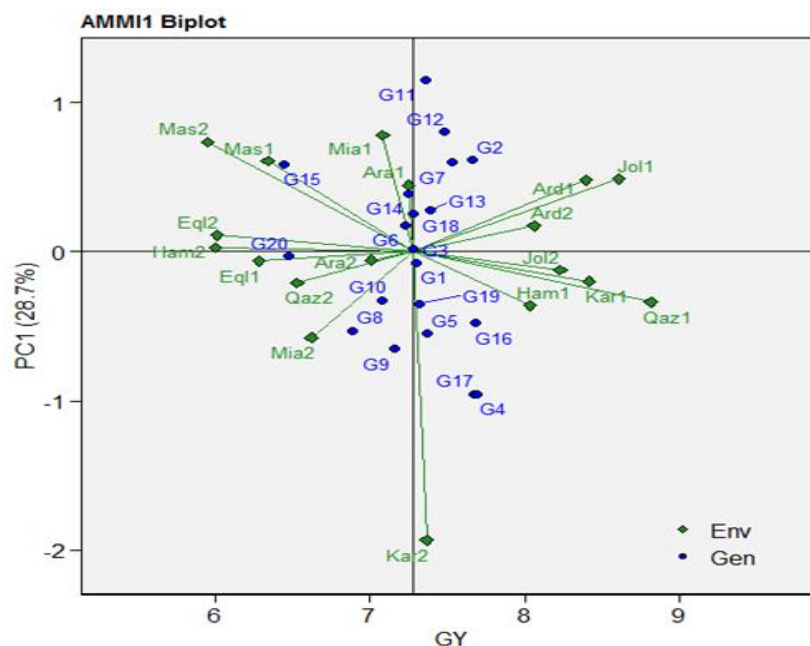
جدول ۵: مؤلفه‌های اصلی اول تا ششم برای محیط‌های مورد مطالعه و چهار ژنوتیپ انتخابی در هر محیط با استفاده از روش AMMI.

Environment	Yield	IPCA1	IPCA2	IPCA3	IPCA4	IPCA5	IPCA6	Selected Genotypes			
								1	2	3	4
Ara1	7.247	0.447	-0.808	-0.743	-0.79	-0.594	0.606	G2	G11	G12	G7
Ara2	7.005	-0.056	0.403	-0.08	0.181	-0.046	0.161	G4	G17	G16	G2
Ard1	8.395	0.481	0.305	0.822	0.294	0.479	-0.389	G2	G11	G7	G12
Ard2	8.058	0.174	-0.234	1.243	-0.722	0.179	0.29	G2	G7	G12	G16
Eql1	6.27	-0.062	-0.365	-0.575	-0.022	-0.102	0.09	G4	G17	G16	G2
Eql2	6.008	0.11	-0.084	-0.352	-0.366	0.27	-0.328	G2	G16	G7	G4
Ham1	8.03	-0.36	1.37	0.109	0.35	-0.587	0.136	G4	G17	G16	G5
Ham2	5.998	0.029	0.556	-0.19	-0.232	0.753	0.518	G2	G4	G16	G7
Jol1	8.806	0.487	-0.502	0.253	0.129	0.111	-0.031	G2	G11	G12	G7
Jol2	8.227	-0.124	0.699	-0.318	-0.216	0.012	-0.183	G4	G17	G16	G2
Kar1	8.413	-0.199	-0.327	0.808	0.281	-0.777	0.204	G4	G17	G16	G2
Kar2	7.364	-1.934	-0.633	0.179	0.355	0.321	0.137	G4	G17	G16	G5
Mas1	6.337	0.61	-0.741	0.339	0.627	0.153	0.082	G11	G2	G12	G7
Mas2	5.948	0.736	0.243	-0.438	0.51	0.619	0.426	G11	G2	G12	G7
Mia1	7.079	0.784	0.232	0.082	0.227	-0.672	-0.47	G11	G2	G12	G7
Mia2	6.621	-0.576	0.309	-0.406	0.081	-0.294	0.258	G4	G17	G16	G5
Qaz1	8.814	-0.338	0.274	0.174	-1.072	0.129	-0.675	G4	G17	G16	G5
Qaz2	8.528	-0.209	-0.698	-0.607	0.385	0.03	-0.832	G4	G17	G16	G5

Ara1: اراک سال اول، Ara2: اراک سال دوم، Ard1: اردبیل سال اول، Ard2: اردبیل سال دوم، Eql1: اقلید سال اول، Eql2: اقلید سال دوم، Ham1: همدان سال اول، Ham2: همدان سال دوم، Jol1: جلگه‌رخ سال اول، Jol2: جلگه‌رخ سال دوم، Kar1: کرکج سال اول، Kar2: کرکج سال دوم، Mas1: مشهد سال اول، Mas2: مشهد سال دوم، Mia1: میان‌دوب سال اول، Mia2: میان‌دوب سال دوم، Qaz1: قزوین سال اول، Qaz2: قزوین سال دوم.

در نمودار AMMI1 محور افقی نشان‌دهنده اثرات اصلی جمع‌پذیر یا میانگین عملکردها و محور عمودی اثرات متقابل ضرب‌پذیر یا مقادیر اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل می‌باشد (شکل ۱). خط عمود میانه این نمودار از میانگین کل آزمایش می‌گذرد، ژنوتیپ‌ها و مکان‌هایی که در سمت راست این خط قرار می‌گیرند، دارای عملکردی بالاتر از میانگین کل (۷/۲۷۴ تن در هکتار) می‌باشند. محور افقی مرکز این نمودار (IPCA1) نشان‌دهنده نبود اثر متقابل ژنوتیپ×محیط می‌باشد. هر چه ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها به خط افقی

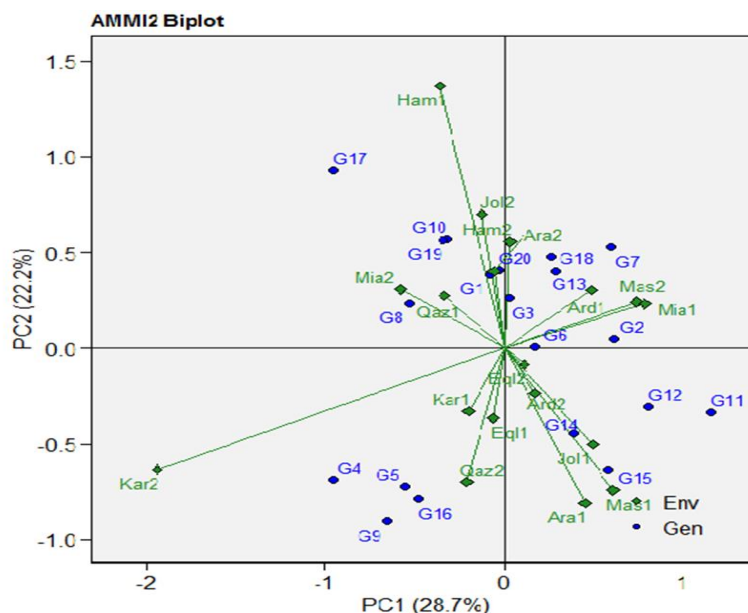
نزدیک‌تر باشند، اثرات متقابل کم‌تری دارند (Yan & Hunt, 2002). همان‌طور که گفته شد ژنوتیپ‌ها و محیط‌هایی که اثر متقابل بالایی را نشان می‌دهند دارای مقادیر بزرگ (مثبت یا منفی) برای اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل می‌باشند. بر این اساس ژنوتیپ‌های G6، G1، G3، G18 و G20 از پایداری بیشتری برخوردار هستند. اگر ژنوتیپ و محیطی از لحاظ اولین مؤلفه اثر متقابل هم‌علامت باشند، دارای اثر متقابل مثبت و اگر از نظر این مؤلفه دارای علامت یکسان نباشند، اثر متقابل منفی دارند. محیط‌های Jol₁، Ard₁ و Ard₂ با محیط‌های Jol₂، Ham₁، Ham₂، Kar₁ و Qaz₂ عملکردی بیشتر از میانگین داشته، ولی از لحاظ اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل روند مشابهی نداشتند. محیط‌های Jol₁، Ard₁ و Ard₂ با ژنوتیپ‌های G2، G12، G13 و G7 اثر متقابل مثبت داشتند. از طرف دیگر محیط‌های Jol₂، Ham₁، Ham₂، Kar₁ و Qaz₂ با ژنوتیپ‌های G1، G5، G16 و G19 اثر متقابل مثبت داشتند. در این نمودار ژنوتیپ‌ها و محیط‌هایی که در امتداد یک خط عمودی هستند، عملکرد یکسانی دارند و همچنین ژنوتیپ‌ها و محیط‌هایی که در امتداد یک خط افقی قرار گرفته باشند، اثر متقابل مشابهی را نشان می‌دهند. ارقامی که دارای عملکرد کمتری باشند، اما دارای مقادیر مثبت برای اولین مؤلفه اصلی برهمکنش باشند، برای کاشت در مناطق و نواحی ضعیف و فقیر مطلوب می‌باشند؛ به بیان بهتر با مناطق فقیر اثر متقابل مثبت دارند. این ارقام نسبت به سایر ارقام در محیط‌های فقیر عملکرد بهتری خواهند داشت. در این مطالعه ژنوتیپ G15 چنین حالتی را نشان داد. محیط‌های دارای مقادیر بزرگ برای اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل مانند محیط‌های Kar₂، Mas₂، Mia₁ و Mia₂ جهت تمایز و غربال ژنوتیپ‌ها مناسب می‌باشند. در مقابل محیط‌هایی که دارای مقادیر اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل نزدیک به صفر هستند، جهت تمایز و جداکردن ژنوتیپ‌ها مناسب نیستند. Ham₂، Eql₁، Ard₂ و Jol₂ در این نمودار چنین حالتی را دارا می‌باشند.



شکل ۱. نمودار بای پلات AMMI1 برای ۲۰ ژنوتیپ گندم در ۱۸ محیط

از بای پلات AMMI2 که در آن محیط‌ها از طریق خط‌هایی به مبدأ بای پلات وصل می‌شوند برای ارزیابی توانایی جداکنندگی یا تفکیک (Discriminating) محیط‌ها و درک روابط بین آن‌ها استفاده می‌شود (شکل ۲). بر این اساس محیط‌های Kar₂ و Ham₁ با بردارهای بلند، از توانایی جداکنندگی بالایی برخوردار بودند و می‌توانند کارایی نسبی ژنوتیپ‌ها را به درستی ارزیابی کرده و ژنوتیپ‌ها را بهتر تفکیک کنند. این محیط‌ها می‌توانند برای گزینش ژنوتیپ‌های ویژه، با توجه به تقسیم محیط‌های هدف به محیط‌های کلان استفاده شوند. محیط‌های دیگر که در نزدیک‌ترین فاصله از مبدأ بای پلات قرار دارند، توانایی جداکنندگی ندارند و اطلاعات اندکی در مورد ژنوتیپ‌ها ارائه می‌دهند و از این رو نباید به عنوان محیط‌های آزمایشی مرجع به کار گرفته شوند.

(Karimizadeh *et al.*, 2020). از دیگر کاربردهای این بای پلات، بررسی همبستگی بین محیطها است. بر این اساس، محیطهای Ham₁, Jol₂, Ham₂ و Ara₂ و نیز Kar₁, Eql₁, Eql₂, Qaz₂ و Ard₂ و Jol₁ بیشترین همبستگی را با هم داشتند؛ همچنین Ard₁, Mas₂ و Mia₁ و نیز Mia₂ و Qaz₁ نیز بیشترین همبستگی را با هم نشان دادند. در این بای پلات همچنین مشاهده می شود که ژنوتیپهای G3 و G6 در نزدیکی مرکز بای پلات پایدارترین ژنوتیپها بودند.



شکل ۲. بای پلات AMMI2 برای شناسایی ژنوتیپهای برتر و تفکیک کنندگی محیطها بر اساس دو مؤلفه اصلی اول و دوم

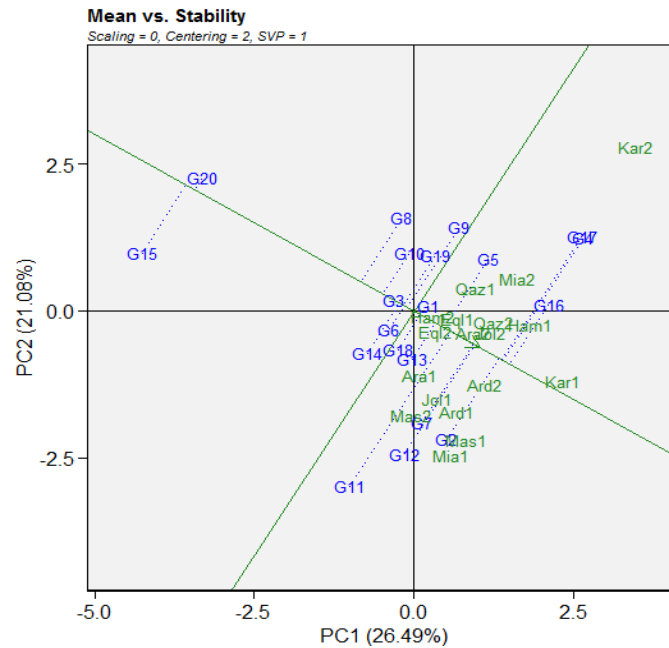
۲-۳. تجزیه GGE biplot

۱-۲-۳. میانگین عملکرد و پایداری

تجسم میانگین عملکرد و پایداری ژنوتیپها از طریق ترسیم مختصات محیط متوسط در بای پلات (AEC) مبتنی بر ژنوتیپ حاصل می شود. شکل ۳، رتبه بندی ژنوتیپها را بر اساس میانگین عملکرد دانه و میزان پایداری در محیطهای مورد مطالعه نشان می دهد. ابتدا یک محیط متوسط که با یک دایره کوچک (در شکل مشخص نیست) نشان داده شده است، با استفاده از میانگین نمره های PC1 و PC2 محیطها تعریف می شوند. خطی که از مبدأ بای پلات و محیط متوسط عبور می کند را می توان به عنوان محور محیط متوسط در نظر گرفت که عبارت از محور افقی AEC است. ارقام در طول این محور رتبه بندی شده و پیکان موجود در روی این محور، میانگین عملکرد بیشتر را نشان می دهد. بر این اساس میانگین عملکرد ژنوتیپها به ترتیب زیر است:

G16>G4>G17>G2>G12>G7>G11>G5>G13>G18>G1>G19>G9>G6>G14>G3>G10>G8>G20>G15

محور عمودی AEC از یک خط با دو پیکان تشکیل می شود که از مبدأ بای پلات می گذرد و عمود بر محور افقی AEC است. عمود معنی اورتوگونال (مستقل) را می دهد؛ بنابراین اگر محور افقی AEC نشان دهنده ژنوتیپ باشد، محور عمودی AEC باید برآوردی از اثر متقابل ژنوتیپ×محیط مرتبط با هر ژنوتیپ را فراهم کند که معیار تغییرپذیری یا ناپایداری ژنوتیپها است. محور عمودی بیان می کند که تصاویر بزرگتر صرف نظر از جهت آنها به مفهوم ناپایداری بیشتر است. بنابراین ژنوتیپهای G4, G16, G17, G5, G9, G8, G15, G14, G11, G12, G7, G2, G8 و G1 که نزدیک به بالا و پایین بای پلات قرار دارند، متغیرتر بوده و پایداری کمتری نسبت به سایر ژنوتیپها دارند. ژنوتیپهای نزدیک به محور افقی AEC شامل G1, G3 و G6 دارای بیشترین پایداری عمومی نسبت به سایر ژنوتیپها هستند. ژنوتیپ G20 دارای پایداری بالا ولی کمترین عملکرد نسبت به بقیه بود.

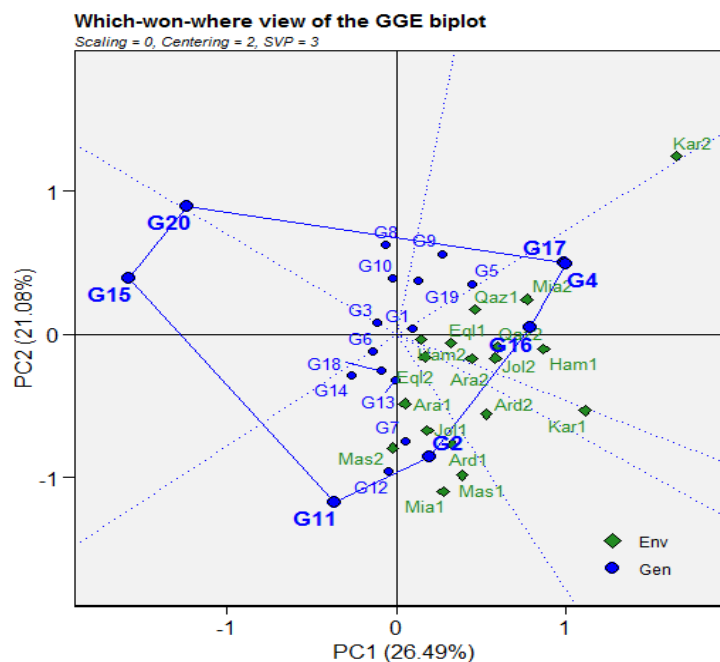


شکل ۳. ارزیابی ژنوتیپ‌ها در محیط‌های تحت آزمون به‌طور هم‌زمان بر اساس عملکرد دانه و پایداری عملکرد.

۳-۲-۲. الگوی کدام-برتر-کجا

شکل ۴، نمایش چندضلعی از ۲۰ ژنوتیپ مورد بررسی در ۱۸ محیط را نشان می‌دهد. تجسم الگوی کدام-برتر-کجا در داده‌های چند محیطی برای مطالعه امکان وجود محیط‌های کلان در یک منطقه اهمیت دارد. نمای چندضلعی بای پلات، بهترین روش برای تجسم الگوهای اثر متقابل بین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها و تفسیر صحیح یک بای پلات است (Yan & Tinker, 2006). چندضلعی با پیوستن ژنوتیپ‌هایی که دورترین فاصله را از مبدأ بای پلات دارند (ارقام رأس)، به‌وسیله خطوط مستقیم ترسیم می‌شود، به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های دیگر درون چندضلعی قرار می‌گیرند. ژنوتیپ‌های رأس، بردارهای طولی در جهت‌های مربوط به خود دارند که معیاری از میزان پاسخ به محیط است و لذا در زمره لاین‌های واکنش‌پذیر هستند. سایر ژنوتیپ‌ها در جهت‌های مربوط به خود واکنش کمتری نشان می‌دهند. قرارگرفتن ژنوتیپ‌های G1، G3 و G6 نزدیک به مبدأ نشان می‌دهد که این ژنوتیپ‌ها در کلیه محیط‌ها داری رتبه یکسانی بوده و به محیط‌های مورد بررسی واکنش نشان نمی‌دهند. ژنوتیپ‌های رأس در این مطالعه G11، G15، G20، G16، G2، G17 و G14 بودند. این ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه بهترین یا ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها در بعضی از محیط‌ها و یا همه محیط‌ها بودند، زیرا بیشترین فاصله را از مرکز بای پلات داشتند. خطوط عمود به ضلع‌ها، چندضلعی بای پلات را به چند بخش تقسیم می‌کنند. هر بخش دارای یک ژنوتیپ رأس است و سایر ژنوتیپ‌ها در برخی یا تمام محیط‌های آزمون از کمترین عملکرد برخوردار هستند.

بر اساس شکل الگوی چندضلعی بای پلات، محیط‌ها به دو گروه محیطی (محیط کلان) و ژنوتیپ‌ها به چهار گروه تقسیم شدند. اولین گروه محیطی شامل محیط‌های Kar₂، Kar₂، Qaz₁، Qaz₂، Ham₁، Ham₂، Mia₂، Egl₁، Jol₂، Ard₂ و Ara₁ بود که در این گروه به‌طور میانگین ژنوتیپ‌های G4، G16 و G17 دارای بیشترین عملکرد بودند. البته ژنوتیپ‌های G9، G19 و G5 نیز تا حدودی در این محیط عملکرد بالاتری نسبت بقیه ژنوتیپ‌ها داشتند. دومین گروه محیطی شامل محیط‌های Mas₁، Mas₂، Mia₁، Ard₁، Jol₁، Ara₁ و Egl₂ بودند که در این محیط کلان نیز ژنوتیپ‌های G2، G11، G7 و G12 بیشترین عملکرد را نشان می‌دادند و ژنوتیپ‌های G13، G12، G7، G14 و G18 در رده‌های بعدی اهمیت قرار داشتند. درنهایت نیز دو گروه ژنوتیپی شامل ژنوتیپ‌های G8 و G10 در یک گروه و ژنوتیپ‌های G15 و G20 در گروه دیگر قرار گرفتند که این ژنوتیپ‌ها در هیچ کدام از محیط‌ها عملکرد بالایی را نشان ندادند.



شکل ۴. نمایش چندضلعی اثر متقابل ژنوتیپ در محیط برای ۲۰ ژنوتیپ گندم نان در ۱۸ محیط مورد بررسی.

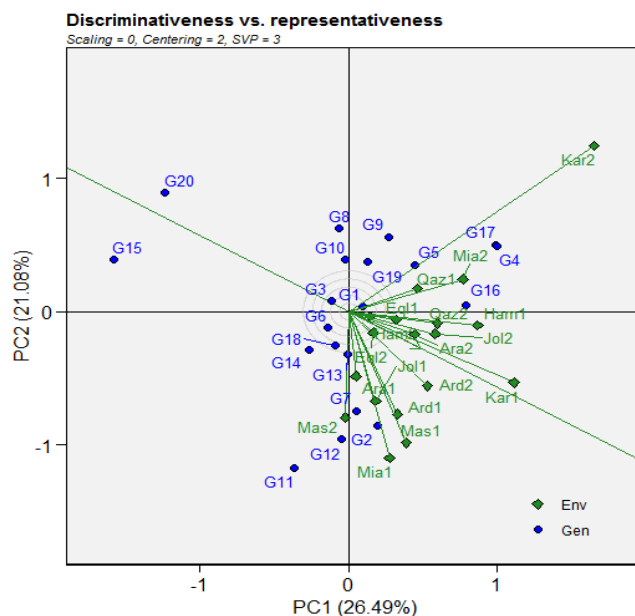
۳-۲-۳. روابط بین محیطها و ژنوتیپها

اگرچه آزمایش‌های چندمحیطی اغلب برای ارزیابی ژنوتیپها به کار می‌روند، اما می‌توان از اطلاعات به‌دست‌آمده برای ارزیابی محیطها نیز بهره برد. توانایی تفکیک و تمایز یک محیط به توانایی محیط برای نشان دادن حداکثر تنوع بین ژنوتیپها برمی‌گردد، ولی توانایی نمایندگی یک محیط بیانگر این است که محیط مورد نظر تا چه میزان نماینده شرایط سایر محیطهای آزمایشی است؛ بنابراین محیط ایده‌آل باید ترکیبی از این دو ویژگی را داشته باشد تا بتواند ژنوتیپهای سازگار را تشخیص دهد. این خصوصیت در مدل GGE-biplot تحت عنوان قدرت تفکیک محیطها در برابر میزان نمایندگی آنها (Discriminateness vs. Representativeness) ارائه شده است (Yan & Tinker, 2003). همان‌طور که گفته شد نمای برداری بای‌پلات می‌تواند اطلاعات مربوط به واریانس درون محیط را نیز ارائه دهند، به طوری که طول بردارهای محیط (در یک بای‌پلات محیط محور) تقریباً متناسب با انحراف استاندارد ژنوتیپها در هر محیط است (Kroonenberg, 1995)، درحالی‌که برای یک بای‌پلات متمرکز بر ژنوتیپ، تقریباً تنوع را در میان محیطها نشان می‌دهد (Yan & Kang, 2003). طول بردارهای محیط متناسب با انحراف استاندارد در محیطهای مربوطه و معیار توانایی تمایز محیطها است (Yan & Tinker, 2003). توضیح این که محیطهای با زاویه بسته نسبت به خط ATC، به‌خصوص آنهایی که بردارهای بلندتری نیز دارند، علاوه بر نمود عملکرد بالا (نمایندگی)، به‌خوبی می‌توانند ژنوتیپهای پایدار را از ژنوتیپهای ناپایدار تمیز دهند. این نمای بای‌پلات نشان داد که محیطهای با توانایی تمایز و نمایندگی (کوچک‌ترین زاویه) (به‌عنوان مثال محیطهای Kar_1 و Ham_2 و Egl_2) محیطهای مناسبی برای انتخاب ژنوتیپهای سازگار هستند. محیطهای با توانایی تمایز ولی غیر نماینده (به‌عنوان مثال محیطهای Kar_2 ، Mia_1 و Mas_1 و Mas_2) برای گزینش ژنوتیپهای خاص با توجه به محیطهای کلان قابل استفاده هستند. این دیدگاه از بای‌پلات همچنین محیطهای اضافه را مشخص می‌کند. اگر برخی از محیطها با یکدیگر همبستگی مثبت دارند، اطلاعات مربوط به ژنوتیپهای به‌دست‌آمده از این محیطها مشابه خواهند بود. اگر این شباهت در طول سالها قابل تکرار باشد، این محیطها اضافه هستند و یک محیط واحد کفایت می‌کند. به‌دست‌آوردن اطلاعات یکسان یا بهتر با استفاده از محیط آزمایش کمتر، باعث کاهش هزینه و افزایش بازده اصلاحی می‌شود و پیشنهاد شده است که کاهش مکانها سبب کاهش هزینه آزمایش می‌شود (Yan & Rajcan, 2002). بررسی روابط بین محیطها، وجود همبستگی بسیار بالایی را بین محیطهای مورد بررسی به نمایش گذاشتند. زاویه کمتر از ۹۰ درجه در بین محیطها حاکی از

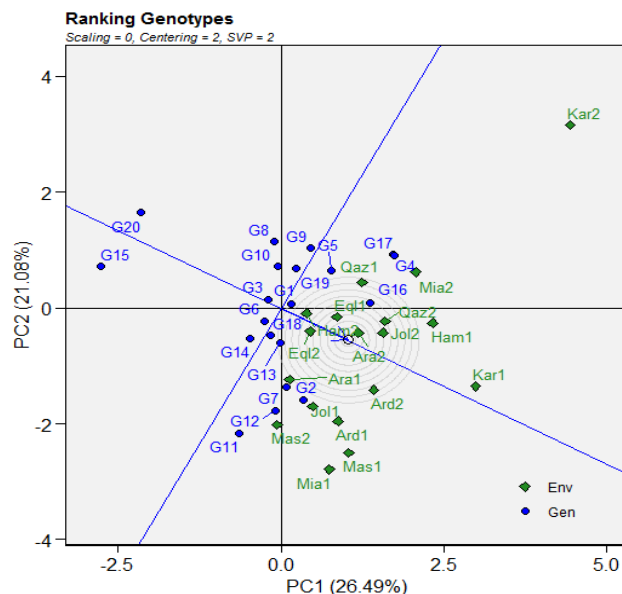
عملکرد مشابه آن‌ها در شناسایی و تفکیک ژنوتیپ‌ها می‌باشد. زاویه بین محیط‌ها درون دو گروه محیطی کلان شناسایی شده نیز کمتر از ۹۰ درجه بود که حاکی از رفتار مشابه در رتبه‌بندی و تفکیک ژنوتیپ‌ها می‌باشد.

۳-۲-۴. رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس ژنوتیپ ایده‌آل

دایره کوچک در شکل (شکل ۶) که روی محور افقی AEC واقع است و با یک پیکان به آن اشاره شده است، نشان دهنده رقم ایده‌آل است که به وسیله دو معیار تعریف می‌شود. دارای بالاترین عملکرد در محیط‌های مورد مطالعه بوده و کاملاً پایدار نسبت به شرایط محیطی باشد زیرا بر محور افقی AEC قرار گرفته است (Roustaie et al., 2003). چنین ژنوتیپی به عنوان ژنوتیپی که دارای بیشترین طول روی بردار میانگین ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و دارای حداقل نقش در پدیده اثر متقابل ژنوتیپ×محیط باشد، تعریف شده است. چنین رقم ایده‌آلی به ندرت در واقعیت وجود دارد. باین حال، می‌توان آن را به عنوان یک مرجع برای ارزیابی ارقام استفاده کرد. برای استفاده از ژنوتیپ ایده‌آل به عنوان مرجع ارزیابی، دایره‌های هم‌مرکزی در بای پلات به منظور تعیین گرافیکی فاصله بین ژنوتیپ‌های مطالعه شده با ژنوتیپ ایده‌آل ایجاد شده است. دوایر هم‌مرکز، با برخورداری از ژنوتیپ ایده‌آل در مرکز، به تجسم فاصله بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و رقم ایده‌آل کمک می‌کنند. همان‌طور که گفته شد ژنوتیپی که در مرکز دایره‌ها قرار می‌گیرد ژنوتیپی با میانگین عملکرد بالا و دارای پایداری عملکرد بالاست. بنابراین هیچ‌کدام از ژنوتیپ‌ها را نمی‌توان به عنوان ژنوتیپ مطلوب که دارای میانگین عملکرد بالا و نیز پایداری عملکرد بالایی باشد، در نظر گرفت؛ ولی ژنوتیپ G16 و در مرحله بعد ژنوتیپ‌های G1 و G13 نسبت به ژنوتیپ ایده‌آل قرار دارند. ولی ژنوتیپ‌های G20، G15 و G11 با بیشترین فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل به عنوان ژنوتیپ‌های نامطلوب شناخته شدند.



شکل ۵. روابط میان محیط‌ها و مقایسه هم‌زمان محیط‌ها از نظر قابلیت تفکیک ژنوتیپ‌ها در مقابل نماینده بودن آن‌ها.



شکل ۶. بای پلات رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس ژنوتیپ ایده‌آل.

۴. نتیجه‌گیری

به منظور ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌های گندم در اقلیم سرد از شاخص‌های روش AMMI و روش GGE biplot استفاده شد. بر اساس شاخص ارزش پایداری AMMI، ژنوتیپ‌های G1، G3، G6 و G20 و بر اساس شاخص میانگین وزنی نمرات مطلق، ژنوتیپ‌های G1، G3، G6 و G14 به عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. جهت اجتناب از گزینش ژنوتیپ‌هایی با عملکرد پایین به عنوان ژنوتیپ برتر، از شاخص انتخاب هم‌زمان استفاده شد. استفاده از این شاخص، امکان گزینش ژنوتیپ‌های پایدار اما با عملکرد پایین را کاهش می‌دهد. بر این اساس به ترتیب ژنوتیپ‌های G1، G3، G2، G6، G16 و G7 بر اساس شاخص گزینش هم‌زمان ارزش پایداری AMMI و عملکرد و ژنوتیپ‌های G2، G1، G3، G13، G6 و G7 بر مبنای شاخص گزینش هم‌زمان میانگین وزنی نمرات مطلق و عملکرد به عنوان برترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند. تجزیه GGE biplot نشان داد که ژنوتیپ‌های G1، G3 و G6 دارای بیشترین پایداری عمومی نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها هستند. این ژنوتیپ‌ها در کلیه محیط‌ها دارای رتبه یکسانی بوده و به محیط‌های مورد بررسی واکنش نشان ندادند. همچنین ژنوتیپ G20 دارای پایداری بالا ولی کمترین عملکرد بود. هیچ کدام از ژنوتیپ‌ها، به عنوان ژنوتیپ مطلوب که دارای میانگین عملکرد بالا و پایداری عملکرد بالایی باشد شناسایی نشد؛ ولی ژنوتیپ G16 و در مرحله بعد ژنوتیپ‌های G1 و G13 نزدیک به ژنوتیپ ایده‌آل قرار داشتند. ژنوتیپ‌های G15 و G11 نیز با بیشترین فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل به عنوان ژنوتیپ‌های نامطلوب شناخته شدند.

۵. منابع

- Aghaee-Sarbarzeh, M., Dastfal, M., Farzadi, H., Andarzian, B., Shahbazzpour-Shahbazi, A., Bahari, M., & Rostami, H. (2012). Evaluation of durum wheat genotypes for yield and yield stability in warm and dry areas of Iran. *Seed and Plant Improvement Journal*, 2, 315-325. (In Persian).
- Akbarpour, O.A., Dehghani, H., & Sorkhi-Lalehloo, B. (2011). Investigating univariate and multivariate stability parameters of barley (*Hordeum vulgare* L.) promising genotypes in cold climates of Iran. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 42(1), 23-32. (In Persian).
- Amini, A., Tabatabaee, M.T., Akbari Mogadam, H., Ravari, Z., Amin Azarm, D., & Tajali, H. (2021). Evaluation of grain yield and its stability in bread wheat genotypes in saline regions of Iran. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 51(4), 191-202. (In Persian).
- Brancourt-Hulmel, M., & Lecomte, C. (2003). Effect of environmental varieties on genotype 3 environment interaction of winter wheat: A comparison of biadditive factorial regression to AMMI. *Crop Science*, 43, 608-617.

- Cooper, M., & Hammer, G.L. (1996). Plant adaptation and crop improvement. CAB International: Wallingford, UK; ICRISAT: Patancheru, India; and IRRI: Manila, The Philippines.
- Crossa, J., Cornelius, P.L., & Yan, W. (2002). Biplots of linear-bilinear models for studying crossover genotype \times environment interaction. *Crop Science*, 42, 136-144.
- Dehghanpour, Z., Karimizadeh, R., Dehghani, H., & Sabaghnia, N. (2007) Determination of adaptability and stability of seed yield in foreign earl maturity corn hybrids. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, 38, 249-257. (In Persian).
- Elakhdar, A., Kumamaru, T., Smith, K.P., Brueggeman, R.S., Capo-chichi, L.J.A., & Solanki, S. (2017). Genotype by environment interactions (GEIs) for barley grain yield under salt stress condition. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 20(3), 193-204.
- Esmailzadeh Moghaddam, M., Zakizadeh, M., Akbari Moghaddam, H., Abedini Esfahlani, M., Sayahfar, M., Nikzad, A.R., Tabib Ghafari, S.M., & Lotfali Ayeneh, G.A. (2011). Genotype \times environment interaction and stability of grain yield of bread wheat genotypes in dry and warm areas of Iran. *Seed and Plant Improvement Journal*, 27(2), 257-273. (In Persian).
- Fan, X.M., Kang, M.S., Chen, H., Zhang, Y., Tan, J., & Xu, C. (2007). Yield stability of maize hybrids evaluated in multi-environment trials in Yunnan, China. *Agronomy Journal*, 99, 220-228.
- Farayedi, Y., Abdi, H., Ahakpaz, F., Kanouni, H., & Mahmoodi, A.A. (2021). Genotype and environment interaction analysis for grain yield of chickpea genotypes using AMMI and GGE biplot models. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 52(1), 155-166. (In Persian).
- Farshadfar, E., Rashidi, M., Jowkar, M.M., & Zali, H. (2012). GGE biplot analysis of genotype \times environment interaction in chickpea genotypes. *European Journal of Experimental Biology*, 3(1), 417-423.
- Ghaedrahmati, M., Hosseinpour, T., & Ahmadi, A. (2017). Study of grain yield stability of durum wheat genotypes using AMMI. *Journal of Crop Breeding*, 9, 67-75. (In Persian).
- Gauch, H.G., & Zobel, R.W. (1997). Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Science*, 31, 311-326.
- Jamshidi Moghaddam, M., & Pourdard, S. (2012) Evaluation of seed yield adaptability of spring safflower genotypes using nonparametric parameters and GGE biplot method in rain-fed conditions. *Seed and Plant Improvement Journal*, 29(1), 29-41.
- Kang, M.S. (1998). Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. *Advances in Agronomy*, 62, 199-252.
- Karimizadeh, R., Hosseinpour, T., Sharifi, P., Alt Jafarby, J., Shahbazi Homonlo, K., & Keshavarzi, K. (2020). Grain yield stability of durum wheat genotypes in semi-warm rainfed regions. *Cereal Research*, 10(2), 135-147. (In Persian).
- Karimizadeh, R., Mohammadi, M., Sabaghnia, N., & Shefazadeh, M.K. (2012). Using different aspects of stability concepts for interpreting genotype by environment interaction of some lentil genotypes. *Australian Journal of Crop Science*, 6(6), 1017-1023.
- Karimizadeh, R., Mohammadi, M., Sheikh, M.M., Bavi, V., Hosseinpour, T., Khanzadeh, H., Ghogh, H., & Armion, M. (2011). Application of multi-variate methods in determining grain yield stability of durum wheat genotypes in semi-warm dry land areas of Iran. *Modern Genetics Journal*, 6, 33-48. (In Persian).
- Kaya, Y., Akcura, M., & Taner, S. (2006). GGE-biplot analysis of multi-environment yield trials in bread wheat. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 30, 325-337.
- Kroonenberg, P.M. (1995). Introduction to biplots for GE tables. Department of Mathematics, Research Report 51. Australia: University of Queensland. 22 p.
- Laffont, J.L., Hanafi, M., & Wright, K. (2007) Numerical and graphical measures to facilitate the interpretation of GGE biplots. *Crop Science*, 47, 990-996.
- Mohammadi, R., Farshadfar, E., & Amri, A. (2015). Interpreting genotype environment interactions for grain yield of rainfed durum wheat in Iran. *The Crop Journal*, 3(6), 526-535.
- Mohammadi, R., Armion, M., Sadeghzadeh, B., Golkari, S., Khalilzadeh, G., Ahmadi, H., Abedi-Asl, G., & Eskandari, M. (2016). Assessment of grain yield stability and adaptability of rainfed durum wheat breeding lines. *Applied Field Crops Research*, 29(4), 25-42. (In Persian).
- Mohammadi, R., & Amri, A. (2013). Genotype \times environment interaction and genetic improvement for yield and yield stability of rainfed durum wheat in Iran. *Euphytica*, 192(2), 227-249.
- Mortazavian, S.M., NikKhah, M., Hassani, H.R., Sharif-al-Hosseini, F.A., Taheri, M., & Mahlooji, M.M. (2014). GGE-biplot and AMMI analysis of yield performance of barley genotypes across different environments in Iran. *Journal Agricultural Science of Technology*, 16, 609-622.
- Najafi Mirak, T., Agaee Sarbarzeh, M., Moayedi, A., Kaffashi, A., & Sayahfar, M. (2021). Yield stability analysis of durum wheat genotypes using AMMI method. *Journal of Agricultural Science and Sustainable Production*, 31(2), 17-28.

- Najafi Mirak, T., Moayedi, A.A., Sasani, S., & Ghandi, A. (2019). Evaluation of adaptation and grain yield stability of durum wheat (*Triticum turgidum* L.) genotypes in temperate agro-climate zone of Iran. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 21(2), 127-138. (In Persian).
- Olivoto, T. (2019). Metan: Multi environment trials analysis. R package version 1.1.0. <https://github.com/TiagoOlivoto/metan> (accessed 24 June 2019).
- Pouresmael, M., Kanouni, H., Hajihassani, M., Astraki, H., Mirakhorli, A., Nasrollahi, M., & Mozaffari, J. (2018). Stability of chickpea (*Cicer arietinum* L.) landraces in national plant gene bank of Iran for drylands. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 20(2), 387-400.
- Purchase, J.L., Hatting, H., & Van Deventer, C.S. (2000). Genotype \times environment interaction of winter wheat in south Africa: II. Stability analysis of yield performance. *South Africa Journal of Plant and Soil*, 17(3), 101-107.
- Rodriguez, M., Rau, D., & Papa, R. (2007). Genotype by environment interactions in barley (*Hordeum vulgare* L.): Different responses of landraces, recombinant inbred lines and varieties to Mediterranean environment. *Euphytica*, 163(2), 231-247.
- Roustaie, M., Sadeghzadeh Ahari, D., Hesami, A., Soleymani, K., Pashapour, H., Nader-Mahmoudi, K., Pour Siahbidi, M.M., Ahmadi, M., Hassanpour Hosni, M., & Abedi-Asl, M. (2003). Study of adaptability and stability of grain yield of bread wheat genotypes in cold and moderate-cold dry land areas. *Seed and Plant Improvement Journal*, 19(2), 263-275. (In Persian).
- Sabaghnia, N., Dehghani, H., & Sabaghpour, S.H. (2008) Graphic analysis of genotype and environment interaction for lentil (*Lens culinaris* Medik) yield in Iran. *Agronomy Journal*, 100, 760-764.
- Sadiyah, H., & Hadi, A.F. (2016). AMMI model for yield estimation in multi-environment trials: A comparison to BLUP. *Agriculture and Agricultural Science Procedia*, 9, 163-169.
- Sharifi, P. (2020). Application of multivariate analysis methods in agricultural sciences. Rasht Branch, Islamic Azad University press. 308 p.
- Sharifi, P., Aminpanah, H., Erfani, R., Mohaddesi, A., & Abbasian, A. (2017). Evaluation of genotype \times environment interaction in rice based on AMMI model in Iran. *Rice Science*, 24(3), 173-180.
- Trethowan, R., & Reynolds, M. (2007). Drought resistance: Genetic approaches for improving productivity under stress. In: Trethowan, R.M., & Reynolds, M. (eds.) *Wheat production in stressed environments*, 289-299. Springer Pub. The Netherlands.
- Yan, W., Kang, M.S., Ma, B., Wood, S., & Cornelious, P.L. (2007). GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype by environment data. *Crop Science*, 47, 643-655.
- Yan, W., & Tinker, N.A. (2006). Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*, 86, 623-645.
- Yan, W., & Kang, M.S. (2003). GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists and agronomists. 1st Edn, CRC Press LLC., Boca Raton, Florida, 271 pp.
- Yan, W., & Hunt, L.A. (2003). Biplot analysis of multi-environment trial data. p.289-303. In: M. S. Kang (ed.) *Quantitative Genetics, Genomics, and Plant Breeding*, CAB International, Wallingford, Oxon, UK.
- Yan, W., & Rajcan, I. (2002). Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*, 42(1), 11-20.
- Yan, W., Hunt, L.A., Shen, Q., & Szlavnic, Z. (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science*, 40, 597-605.