

Investigating the Grain Yield Stability of Promising Durum Wheat Lines using the combination of AMMI and BLUP Methods

Tohid Najafi Mirak¹, Manouchehr Dastfal², Manouchehr Sayyahfar³, Hossein Farzadi⁴, Shahryar Sasani⁵, Hassan Zali^{2*}, Fariba Naghipour¹

Received: 16 January 2023 Accepted: 01 June 2023

1-Prof. and Assist. Prof., Seed and Plant Improvement Dept., Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.

2-Res. Instructor and Assist. Prof., Crop and Horticultural Science Research Dept, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran.

3-Assist. Prof., Crop and Horticultural Science Research Dept, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Khorramabad, Iran.

4-Res. Instructor, Crop and Horticultural Science Research Dept, Dezful Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Dezful, Iran.

5-Assoc. Prof., Crop and Horticultural Science Research Dept, Kermanshah Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Kermanshah, Iran.

*Corresponding Author Email: HZali90@yahoo.com

Abstract

Background and Objectives: The aim of this research was to select promising durum wheat lines in terms of stability and high grain yield by combining BLUP and AMMI methods and using REML/BLUP based on different indices.

Materials and Methods: In this study, 20 durum wheat genotypes were compared in five research stations of Karaj, Kermanshah, Khorramabad, Dezful and Darab based on randomized complete blocks design in 3 replications and in two growing seasons (2019-2021).

Results: The results showed that the genotype \times environment interaction was significant for grain yield. Comparison of the predicted averages of grain yield by BLUP method and HMGV, PRGV and HMRPGV statistics showed that genotypes G10, G8, G18, G9 and G14 with the highest predicted average were superior compared to genotypes others. According to the third type biplot, G1, G8, G10, G18 and G19 genotypes with high yield and low WAASB value were among the superior genotypes. Based on the polygonal biplot, G19, G1 and G10 genotypes with the lowest line slope were more stable. Based on the heat map of WAASB/Y, genotypes G8, G19, G18, G4, G10 and G1 were introduced as superior genotypes. The comparison between stability statistics and BLUP-based indices showed that there is a high agreement between their results.

Conclusion: In general, according to the results of BLUP based on methods and stability statistics, genotypes G8, G10, G18 and G19 were introduced as stable genotypes and can be candidates for new cultivar introduction.

Keywords: AMMI Model, Heat Map, Mixed Model, REML/BLUP Method, WAASBY

بررسی پایداری عملکرد دانه لاین‌های امیدبخش گندم دوروم با استفاده از ترکیب خصوصیات روش‌های AMMI و BLUP

توحید نجفی میرک^۱، منوچهر دست فال^۲، منوچهر سیاح فر^۳، حسین فرزادی^۴، شهریار ساسانی^۵،
حسن زالی^{۲*}، فریبا نقی پور^۱

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۱۰/۲۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۳/۱۱

- ۱-استاد و استادیار پژوهشی، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
 - ۲-مربی و استادیار پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران
 - ۳-استادیار پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران
 - ۴-مربی پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی صفی آباد دزفول، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، دزفول، ایران
 - ۵-دانشیار پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی کرمانشاه، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه، ایران
- * مسئول مکاتبه: Email: hzali90@yahoo.com

چکیده

اهداف: هدف از این تحقیق، انتخاب لاین‌های امیدبخش گندم دوروم از نظر پایداری و عملکرد دانه بالا با ترکیب روش‌های BLUP و AMMI و با استفاده از شاخص‌های مختلف مبتنی بر REML/BLUP بود.

مواد و روش‌ها: در این تحقیق تعداد ۲۰ ژنوتیپ گندم دوروم در پنج ایستگاه تحقیقاتی کرج، کرمانشاه، خرم‌آباد، دزفول و داراب در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در ۳ تکرار و در دو فصل زراعی (۱۳۹۸-۱۴۰۰) مقایسه شدند.

یافته‌ها: نتایج نشان داد که برهمکنش اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای عملکرد دانه معنی‌دار است. مقایسه میانگین‌های پیش‌بینی شده عملکرد دانه با روش BLUP و همچنین آماره‌های HMGV، PRGV و HMRPGV نشان داد که ژنوتیپ‌های G10، G8، G18، G9 و G14 با داشتن بیشترین میانگین پیش‌بینی شده نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برتر هستند. بر مبنای بای‌پلات نوع سوم، ژنوتیپ‌های G1، G8، G10، G18 و G19 با عملکرد بالاتر از متوسط کل و مقدار پایین WAASB، جزء ژنوتیپ‌های برتر بودند. بر مبنای بای‌پلات چند ضلعی ژنوتیپ‌های G1، G10 و G19 با کمترین شیب خط از پایداری بیشتری برخوردار بودند. بر مبنای نقشه حرارتی WAASB/GY ژنوتیپ‌های G8، G19، G18، G4، G10 و G1 به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر معرفی شدند. مقایسه بین آماره‌های پایداری و شاخص‌های مبتنی بر BLUP نشان داد انطباق بالایی بین نتایج آنها وجود دارد.

نتیجه‌گیری: در مجموع با توجه به نتایج بیشتر روش‌های مبتنی بر BLUP و آماره‌های تجزیه پایداری، ژنوتیپ‌های G8، G10، G18 و G19 به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار معرفی شدند و می‌توانند نامزد معرفی به‌عنوان رقم جدید باشند.

واژه‌های کلیدی: روش REML/BLUP، مدل AMMI، مدل مخلوط، WAASBY، نقشه حرارتی

مقدمه

این روش پیش‌بینی دقیق‌تری از اثرات تصادفی را فراهم می‌کند (اسمیت و همکاران ۲۰۰۵).

روش REML/BLUP دقت بهتری در روند برنامه‌های اصلاحی به‌واسطه در نظر گرفتن مقادیر ژنوتیپی (نه مقادیر فنوتیپی) ایجاد می‌کند و اجازه انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها را می‌دهد. همچنین این روش می‌تواند از طریق میانگین هارمونیک عملکرد نسبی ارزش ژنتیکی (MHPRVG-BLUP)^۲، ژنوتیپ‌ها را بر اساس ارزش ژنتیکی ارزیابی نماید (ریسند ۲۰۰۲). آماره‌های میانگین هارمونیک ارزش ژنوتیپی (HMGV)^۴، کارایی نسبی ارزش‌های ژنوتیپی (RPGV)^۵ و میانگین هارمونیک کارایی نسبی ارزش‌های ژنوتیپی^۶ (HMRPGV) به‌عنوان مهم‌ترین آماره‌های پایداری مبتنی بر مدل BLUP شناسایی شده‌اند. از روش HMRPGV_i برای انتخاب هم‌زمان عملکرد و پایداری و سازگاری ژنوتیپ‌ها استفاده می‌شود. کاربرد این آماره‌ها توسط سایر محققین در شناسایی ارقام پایدار گندم (علیپور و همکاران ۲۰۱۸، کوان و همکاران ۲۰۱۸) و جو (براتی و همکاران ۲۰۲۲a) گزارش شده است. اولیوتو و همکاران (۲۰۱۹a) به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌های ایده‌آل از نظر عملکرد دانه و پایداری، خصوصیات مدل AMMI^۷ و BLUP را ترکیب نمودند. با تلفیق روش‌های AMMI و BLUP یک ماتریس اثر متقابل ژنوتیپ با محیط در قالب یک مدل مخلوط خطی مبتنی بر BLUP ایجاد می‌شود که با تجزیه این ماتریس آماره‌ای تحت عنوان شاخص پایداری میانگین وزنی نمرات مطلق (WAASB)^۸ بدست خواهد آمد که قادر به وزن‌دهی بین عملکرد دانه و پایداری آن است (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹b). از دیگر شاخص‌های بدست آمده از تلفیق مدل‌های AMMI و BLUP می‌توان به شاخص WAASBY^۹ اشاره نمود که هر دو معیار عملکرد و پایداری را توأم در نظر گرفته و باعث می‌شود گزینش بر اساس آن با دقت و کارایی

گندم دوروم (*Triticum turgidum* L. var. durum) محصولی صنعتی است که عمدتاً در صنایع تولید ماکارونی مورد استفاده قرار می‌گیرد. اهمیت آن به‌واسطه خصوصیتی است که آرد آن دارد به گونه‌ای که آن را مناسب تهیه انواع ماکارونی و اسپاگتی می‌نماید (برنان و همکاران ۲۰۰۲). با توجه به اهمیتی که گندم دوروم در صنعت و تغذیه دارد، تولید و اصلاح ارقام جدید و پرمحصول با پایداری عملکرد ضروری است. در همین راستا تولید ارقام پرمحصول که دارای ویژگی‌های مناسبی برای کشت در مناطق مختلف کشور باشند از اهداف مهم برنامه‌های به‌نژادی موسسات تحقیقاتی است (آقایی سربرزه و همکاران ۲۰۱۴).

روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML)^۱ یکی از روش‌های مهم برای تجزیه داده‌های چند محیطی است. در این روش محدودیت تجزیه واریانس به روش کمترین مربعات برای داده‌های نامتعادل و همچنین نامتجانس برطرف می‌شود (هولند ۲۰۰۶). مدل‌های مخلوط مانند REML روش‌هایی مناسب برای محاسبه اجزای واریانس و بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP)^۲ است که برای پیش‌بینی مقادیر ژنتیکی و اجزای واریانس استفاده می‌شوند (ریسند ۲۰۱۶). تجزیه BLUP روشی مناسب در زمان معنی‌دار بودن برهمکنش ژنوتیپ × محیط می‌باشد (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹b). BLUP راهکاری برای توانایی پیش‌بینی بهتر است که در آن بهترین پیش‌بینی نااریب خطی بر روی ماتریس برهمکنش ژنوتیپ × محیط تخمین زده می‌شود و تجزیه پایداری به روش AMMI بر روی این پیش‌بینی‌ها انجام می‌شود (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹a). یکی از مزایای BLUP، تخمین میانگین‌ها با دقت بالا در مدل‌های مخلوط می‌باشد و زمانی که اثر مخلوط خطی وجود داشته باشد

⁶ - Harmonic mean of the relative performance of genetic values

⁷ - Additive main effect and multiplicative interaction

⁸ - Weighted average of absolute scores

⁹ - Weighted average of WAASB

¹ - Restricted maximum likelihood

² - Best linear unbiased prediction

³ - Harmonic mean of the relative performance of predicted genetic values-BLUP

⁴ - Harmonic mean of genetic values

⁵ - Relative performance of genetic values

ژنوتیپ‌های ایده‌آل افزایش می‌یابد. بر همین اساس شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل^{۱۰} (SIIG) به منظور ادغام روش‌های مختلف تجزیه پایداری (زالی و همکاران ۲۰۱۵)، روشی مناسب برای ارزیابی بهتر ژنوتیپ‌ها است.

هدف از این تحقیق، انتخاب لاین‌های امیدبخش گندم دوروم از نظر پایداری و عملکرد دانه بالا با ترکیب روش‌های BLUP و AMMI و با استفاده از شاخص‌های مختلف مبتنی بر REML/BLUP بود. برای اطمینان از نتایج حاصل از روش‌های مبتنی بر BLUP از آماره‌های مختلف تجزیه پایداری نیز استفاده شد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق تعداد ۱۸ لاین امیدبخش گندم دوروم به‌همراه دو شاهد هانا و آران در پنج ایستگاه تحقیقاتی کرج، کرمانشاه، خرم‌آباد، دزفول و داراب در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار و در دو فصل زراعی (۱۳۹۸-۱۴۰۰) کشت و مورد مقایسه قرار گرفتند. در داراب این تحقیق در دو شرایط آبیاری نرمال و قطع آبیاری در مرحله گل‌دهی اجرا شد. شجره لاین‌های مورد بررسی در جدول ۱ نشان داده شده است. مشخصات فنی و زراعی اجرای طرح در کلیه مناطق یکسان و مشابه بود. زمین مورد کشت تحت تناوب دو ساله غلات- آیش بوده و عملیات تهیه زمین شامل شخم کلش بعد از برداشت محصول قبل، یک نوبت شخم بهاره، یک نوبت دیسک، دو بار لولر عمود برهم، کود پاشی و ایجار فارو بود. بذور آزمایشی قبل از کاشت به‌منظور جلوگیری از سیاهک پنهان با قارچ کش کاربوکسین تیرام به نسبت دو در هزار ضد عفونی گردید. میزان بذر مصرفی بر اساس ۴۵۰ بذر در متر مربع و با در نظر گرفتن وزن هزار دانه برای هر لاین تعیین گردید. کشت به‌صورت جوی و پشته و آبیاری به‌صورت نشتی انجام گرفت. نوع و میزان کود بر اساس آزمون خاک هر منطقه مصرف گردید. کود پتاس از منبع سولفات پتاس و کود فسفر از منبع فسفات آمونیوم به‌صورت پایه و کود ازته از منبع اوره به‌صورت پایه و سرک به‌مصرف رسید. هر کرت آزمایشی

بالاتری صورت گیرد (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹a). در این شاخص، به‌نژادگر بر اساس هدف اصلاحی خود به هر یک از دو معیار عملکرد دانه و پایداری وزن‌های متفاوتی داده و می‌تواند ارزیابی ژنوتیپ‌ها را بر اساس آن انجام دهد. در نمودار WAASB از رویکرد مدل مخلوط استفاده می‌شود که با آن تخمین پارامترهای واریانس ژنوتیپی، برهمکنش ژنوتیپ × محیط، وراثت-پذیری عمومی، وراثت‌پذیری بر اساس میانگین و همبستگی‌های ژنتیکی در نظر گرفته می‌شود. از دیگر مزیت‌های این شاخص استفاده از همه مؤلفه‌های اصلی است؛ بنابراین پایداری را به شکل بهتری نشان می‌دهد و ژنوتیپ‌های انتخابی از پایداری مطمئن‌تری برخوردار خواهند بود (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹b).

در یک مطالعه مشخص شد تلفیق ویژگی‌های AMMI و BLUP و استفاده از شاخص WAASB به‌عنوان یک معیار پایداری، نقش مهمی در شناسایی ژنوتیپ‌های دارای عملکرد دانه بالا و پایدار ژنوتیپ‌های جو داشته است (پورابوقداره و همکاران ۲۰۲۱). نتایج مشابهی هم توسط شریفی و همکاران (۲۰۲۲) در عدس از تلفیق ویژگی‌های AMMI و BLUP گزارش شده است. علاوه بر روش‌های تجزیه پایداری چند متغیره، روش‌های پایداری تک متغیره پارامتری و ناپارامتری متعددی نیز معرفی شده‌اند. از روش‌های پارامتری می‌توان واریانس محیطی، ضریب تغییرات محیطی (فرانسیس و کنبرگ ۱۹۷۸)، اکووالانس ریک، واریانس پایداری شوکلا (شوکلا ۱۹۷۲) و انحرافات از خط رگرسیون (ابرهارت و راسل ۱۹۶۶) اشاره کرد و از روش‌های ناپارامتری می‌توان به آماره‌های میانگین تفاوت قدرمطلق ($S_i^{(1)}$) و واریانس یا انحراف استاندارد ($S_i^{(2)}$) (ناسار و هیون ۱۹۸۷) و روش‌های ناپارامتری $NP_i^{(1)}$ ، $NP_i^{(2)}$ ، $NP_i^{(3)}$ و $NP_i^{(4)}$ (تتارازو ۱۹۹۵) اشاره کرد.

برای انتخاب ارقام پرمحصول با عملکرد پایدار استفاده از یک روش به‌تنهایی ممکن است منجر به نتایج مطلوبی نباشد، ولی با ارزیابی ژنوتیپ‌ها با استفاده از روش‌های مختلف تجزیه پایداری، احتمال پیدا کردن

¹⁰ - Selection index of ideal genotype

مدل BLUP برای آزمایشات چند محیطی (MET) ساده‌ترین و شناخته‌شده‌ترین مدل خطی با برهمکنش ژنوتیپ × محیط، برای تجزیه و تحلیل داده‌های آزمایشات چند محیطی مدل زیر است:

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \tau_j + (\alpha\tau)_{ij} + \gamma_{jk} + \varepsilon_{ijk}$$

ژنوتیپ i ام با محیط j ام؛ γ_{jk} اثر بلوک k ام درون محیط j ام؛ و ε_{ijk} خطای تصادفی است. در مدل اثر مخلوط با فرض این‌که α_i و $(\alpha\tau)_{ij}$ اثرات تصادفی هستند، مدل بالا به صورت رابطه ۲ نوشته می‌شود:

$$y = X\beta + Zu + \varepsilon$$

ماتریس $(eb) \times n$ است که y را به β مرتبط می‌کند. Z یک ماتریس $n \times m$ است که y را به u مرتبط می‌کند؛ ε بردار خطاهای تصادفی $n \times 1$ است $(\varepsilon = [\gamma_{11}, \gamma_{12}, \dots, \gamma_{geb}]')$. بردارهای β و u با استفاده از معادله مدل مخلوط زیر محاسبه می‌شوند (هندرسون ۱۹۷۵):

$$\begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1} + G^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

درست‌نمایی محدود شده برآورد شدند. همچنین به منظور تجزیه پایداری از آماره‌های مبتنی بر مدل مخلوط REML/BLUP شامل HMGV، RPGV و HMRPGV استفاده شد که فرمول محاسبه آنها به ترتیب به صورت روابط ۴، ۵ و ۶ می‌باشد (ریسند ۲۰۰۲):

$$HMGV_i = n / \sum_{j=1}^n GV_{ij}$$

$$RPGV_i = \sum_{j=1}^n GV_{ij} / nM_j$$

$$HMRPGV_i = n / \sum_{j=1}^n (1/RPGV_{ij})$$

از کمیت‌های پایداری $WAASB_i$ و $WAASBY_i$ برای کمی‌سازی پایداری با استفاده از روابط ۷ و ۸ استفاده شد. میانگین وزنی نمرات مطلق بر اساس SVD اثرات متقابل BLUP ژنوتیپ یا محیط ($WAASB_i$) با استفاده از رابطه ۷ محاسبه شد (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹):

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

شده توسط IPCA k ام است. ژنوتیپ‌ها با کمترین مقدار $WAASB_i$ پایدارتر هستند.

شامل ۶ خط ۵ متری به فاصله ۲۰ سانتی‌متر بود (تراکم ۳۵۰ تا ۴۰۰ بوته در مترمربع). برای مبارزه با علف‌های هرز پهن برگ و باریک برگ، مخلوطی از علفکش‌های گرانستار و پوماسوپر به ترتیب به مقدار ۲۰ گرم و یک لیتر در هکتار در مرحله پنجه‌زنی تا ساقه‌رفتن استفاده شد.

رابطه (۱)

در این مدل y_{ijk} متغیر پاسخ (یعنی عملکرد دانه) مشاهده شده در بلوک k ام از ژنوتیپ i ام در محیط j ام ($i = 1, 2, \dots, g$ ؛ $j = 1, 2, \dots, e$ ؛ $k = 1, 2, \dots, b$) میانگین کل؛ α_i اثر ژنوتیپ i ام؛ τ_j اثر محیط j ام؛ $(\alpha\tau)_{ij}$ اثر متقابل i ام و j ام؛ β یک بردار متغیر پاسخ $1 \times n = [\sum_{j=1}^e (gb)]$ است $(y = [y_{111}, y_{112}, \dots, y_{geb}]')$ ؛ β یک بردار اثرات ثابت ناشناخته $1 \times (eb)$ است $(\beta = [\gamma_{11}, \gamma_{12}, \dots, \gamma_{geb}]')$ ؛ u یک بردار اثرات تصادفی $1 \times m = [g + ge]$ است $(u = [\alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_g, (\alpha\tau)_{11}, (\alpha\tau)_{12}, \dots, (\alpha\tau)_{ge}]')$ یک

رابطه (۲)

رابطه (۳)

G و R به ترتیب ماتریس‌های واریانس-کواریانس بردار اثر تصادفی u و بردار باقیمانده ε هستند.

به منظور تعیین پایداری ژنوتیپ‌ها از تجزیه به مقادیر منفرد^{۱۱} (SVD)، بر روی ماتریس BLUP‌های برهمکنش های ژنوتیپ در محیط با یک مدل اثر مخلوط خطی^{۱۲} (LMM) استفاده شد. اجزای واریانس با روش حداکثر

رابطه (۴)

رابطه (۵)

رابطه (۶)

در روابط ۴، ۵ و ۶، n تعداد محیط، GV_{ij} ارزش ژنوتیپی ژنوتیپ i در محیط j است که به عنوان نسبت میانگین در این محیط‌ها بیان می‌شود و M_j میانگین عملکرد دانه در محیط j است. در همه این روش‌ها بیشترین مقدار نشان‌دهنده ژنوتیپ پایدار است.

رابطه (۷)

در رابطه ۷، $IPCA_{ik}$ مؤلفه اصلی اثر متقابل ژنوتیپ (محیط) i ام و $IPCA$ k ام؛ و EP_k مقدار واریانس توجیه

¹² - Linear mixed modal

¹¹ - Singular value decomposition

شاخص WAASBY برای انتخاب همزمان بر اساس عملکرد دانه (Y) و پایداری (WAASB) با رابطه ۸ محاسبه شد (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹a):

$$WAASBY_i = [(rG_i \times \theta_Y) + (rW_i \times \theta_S)] / (\theta_Y \times \theta_S) \quad \text{رابطه (۸)}$$

(WAASB) هستند و θ_Y و θ_S به ترتیب وزن میانگین عملکرد و پایداری (WAASB) هستند. rG_i و rW_i به ترتیب با استفاده از روابط ۹ و ۱۰ محاسبه شدند:

$$rG_i = [(100 - 0) / (G_{max} - G_{min})] \times (G_i - G_{max}) + 100 \quad \text{رابطه (۹)}$$

$$rW_i = [(100 - 0) / (W_{max} - W_{min})] \times (W_i - W_{max}) + 100 \quad \text{رابطه (۱۰)}$$

و انحرافات از خط رگرسیون (ابرهارت و راسل ۱۹۶۶) استفاده شد. همچنین از روش‌های ناپارامتری $S_i^{(1)}$ ، $S_i^{(2)}$ ، $S_i^{(3)}$ و $S_i^{(6)}$ (ناسار و هیون ۱۹۸۷) و چهار روش ناپارامتری $NP_i^{(1)}$ ، $NP_i^{(2)}$ ، $NP_i^{(3)}$ و $NP_i^{(4)}$ (تتارازو ۱۹۸۷) استفاده شد. به منظور ادغام روش‌های پایداری پارامتری و ناپارامتری و افزایش کارایی انتخاب ژنوتیپ-های برتر، از شاخص SIIG (زالی و همکاران ۲۰۱۵، ۲۰۱۷) استفاده شد (رابطه ۱۱).

$$SIIG_i = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \quad i = 1, 2, \dots, n, \quad 0 \leq SIIG_i \leq 1 \quad \text{رابطه (۱۱)}$$

داراب، دزفول، خرم‌آباد، کرج و کرمانشاه و شرایط خشکی آخر فصل در داراب نشان داد که اثر سال برای همه ایستگاه‌ها (به جزء خرم‌آباد) معنی‌دار است و این نشان داد که سال‌های اجرای آزمایش اثرات متفاوتی روی عملکرد دانه ژنوتیپ‌های گندم دوروم در این ایستگاه‌ها به جزء خرم‌آباد داشته است. از نظر عملکرد دانه اختلاف بین ژنوتیپ‌ها در ایستگاه‌های داراب (شرایط نرمال)، دزفول و کرمانشاه معنی‌دار بود ولی در ایستگاه‌های داراب (شرایط تنش)، کرج و خرم‌آباد معنی‌دار نبود؛ بنابراین برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه باید به میانگین ژنوتیپ‌ها در کل مناطق توجه داشت. اثر متقابل ژنوتیپ در سال در داراب (هر دو شرایط نرمال و تنش خشکی) در داراب و کرمانشاه معنی‌دار ولی در کرج، دزفول و خرم‌آباد معنی‌دار نبود (جدول ۲).

در رابطه ۸، $WAASBY_i$ شاخص برتری برای ژنوتیپ‌ها است؛ rG_i و rW_i به ترتیب مقادیر افزایش یافته (۰-۱۰۰) برای صفت پاسخ (Y) و پایداری

در شاخص $WAASBY_i$ ژنوتیپ‌هایی با بیشترین مقدار، ژنوتیپ‌های برتر از نظر پایداری و عملکرد دانه هستند.

روش‌های تجزیه پایداری تک متغیره

در این تحقیق به منظور تجزیه پایداری عملکرد دانه لاین‌ها، از روش‌های پارامتری شامل واریانس محیطی، ضریب تغییرات محیطی (فرانسیس و کنبرگ ۱۹۷۸)، اکووالانس ریک، واریانس پایداری شوکلا (شوکل ۱۹۷۲)

مقدار SIIG بین صفر و یک تغییر می‌کند و هر چه گزینه مورد نظر به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر باشد مقدار SIIG آن به یک نزدیک‌تر خواهد بود (زالی و همکاران ۲۰۱۵).

تجزیه‌های روش‌های مبتنی بر BLUP و اجزای واریانس ژنتیکی با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده برای عملکرد دانه با استفاده از بسته تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی (Metan)^{۱۳} در نرم‌افزار R برآورد گردید (اولیوتو و لوسیو ۲۰۲۰). برای محاسبه آماره‌های پارامتری و ناپارامتری از نرم‌افزار STABILITYSOFT (ابوقدره و همکاران ۲۰۱۹) و برای محاسبه شاخص SIIG از برنامه تهیه شده در نرم‌افزار R (زالی و همکاران ۲۰۲۳) استفاده شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس مرکب دو ساله برای عملکرد دانه در شرایط آبیاری نرمال در پنج ایستگاه تحقیقاتی

جدول ۱- شجره لاین‌های گندم دوروم مورد بررسی در سال زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۸

شماره	کد	شجره
ژنوتیپ‌ها	ژنوتیپ‌ها	
G1	D-98-1	Aran
G2	D-98-2	Hana
G3	D-98-3	GUAYACAN INIA/2*SNITAN/7/ALTAR 84/BINTEPE 85/3/STOT//ALTAR 84/ALD/4/POD_11/YAZI_1/5/VANRRIKSE_12/SNITAN/6/SOOTY_9/RASCON_37//WODUCK/CHAM_3
G4	D-98-4	CAMAYO//HYDRANASSA30/SILVER_5/3/SOOTY_9/RASCON_37/5/DUKEM_15/3/BISU_1/PLATA_16//RISSA/4/SOOTY_9/RASCON_37/6/SOOTY_9/RASCON_37//TILO_1/LOTUS_4/7/BCRIS/BICUM//LLARETA INIA/3/DUKEM_12/2*RASCON_21
G5	D-98-5	ALTAR84/BINTEPE 85/3/STOT//ALTAR 84/ALD/4/POD_11/YAZI_1/5/VANRRIKSE_12/SNITAN/6/SOOTY_9/RASCON_37//WODUCK/CHAM_3/7/YAV79/4/ARMENT//SRN_3/NIGRIS_4/3/CANELO_9.1/5/MINIMUS/COMB DUCK_2//CHAM_3/GREEN_19
G6	D-98-6	MINIMUS/COMB DUCK_2//CHAM_3/FICHE_6/4/MOJO/AIRON/5/SOMAT_3.1/6/CHEN/ALTAR 84/3/HUI/POC//BUB/RUFO/4/FNFOOT/5/TILO_1/LOTUS_4/10/CBC509 CHILE//SOOTY_9/RASCON_37/9/USDA595/3/D67.3/RABI//CRA/4/ALO/5/HUI/YAV_1/6/ARDENTE/7/HUI/YAV79/8/POD_9/11/ALTAR 84/5
G7	D-98-7	CBC509CHILE/5/2*AJAIA_16/HORA/JRO/3/GAN/4/ZAR/6/SOOTY_9/RASCON_37//GUAYACANINIA/10/COMARA//SOOTY_9/RASCON_37/3/2*AJAIA_12/F3LOCAL(SEL.ETHIO.135.85)//PLATA_13/9/USDA595/3/D67.3/RABI//CRA/4/ALO/5/HUI/YAV_1/6/ARDENTE/7/HUI/YAV79/8/POD_9
G8	D-98-8	STORLOM/3/RASCON_37/TARRO_2//RASCON_37/4/D00003A/5/1A.ID5+1-06/3*MOJO/3/AJAIA_12/F3LOCAL(SEL.ETHIO.135.85)//PLATA_13/6/SOOTY_9/RASCON_37//WODUCK/CHAM_3/3/SOMAT_3/PHAX_1//TILO_1/LOTUS_4/7/BCRIS/BICUM//LLARETAINIA/3/DUKEM_12/2*RASCON_21
G9	D-98-9	GEROMTEL-3/7/ALTAR 84/BINTEPE 85/3/STOT//ALTAR 84/ALD/4/POD_11/YAZI_1/5/VANRRIKSE_12/SNITAN/6/SOOTY_9/RASCON_37//WODUCK/CHAM_3
G10	D-98-10	GERUFTEL-1//GUAYACAN INIA/2*SNITAN
G11	D-98-11	GUAYACAN INIA/2*SNITAN/7/ALTAR 84/BINTEPE 85/3/STOT//ALTAR 84/ALD/4/POD_11/YAZI_1/5/VANRRIKSE_12/SNITAN/6/SOOTY_9/RASCON_37//WODUCK/CHAM_3
G12	D-98-12	ALTAR 84/BINTEPE 85/3/STOT//ALTAR 84/ALD/4/POD_11/YAZI_1/5/VANRRIKSE_12/SNITAN/6/SOOTY_9/RASCON_37//WODUCK/CHAM_3/7//TOPDY_18/FOCHA_1//ALTAR 84/3/AJAIA_12/F3LOCAL(SEL.ETHIO.135.85)//PLATA_13/4/SOMAT_3/GREEN_22/5/VRKS_3/3/AJAIA_12/F3LOCAL(SEL.ETHIO.135
G13	D-98-13	BCRIS/BICUM//LLARETA INIA/3/DUKEM_12/2*RASCON_21/5/CAMAYO/GUANAY/4/ARMENT//SRN_3/NIGRIS_4/3/CANELO_9.1
G14	D-98-14	CBC509CHILE/6/ECO/CMH76A.722//BIT/3/ALTAR84/4/AJAIA_2/5/KJOVE_1/7/AJAIA_12/F3LOCAL(SEL.ETHIO.135.85)//PLATA_13/8/SOOTY_9/RASCON_37//WODUCK/CHAM_3/9/BCRIS/BICUM//LLARETA INIA/3/DUKEM_12/2*RASCON_21
G15	D-98-15	GUAYACANINIA/POMA_2//SNITAN/4/D86135/ACO89//PORRON_4/3/SNITAN/5/CAMAYO/GUANAY/4/ARMENT//SRN_3/NIGRIS_4/3/CANELO_9.1/9/CBC509CHILE/6/ECO/CMH76A.722//BIT/3/ALTAR84/4/AJAIA_2/5/KJOVE_1/7/AJAIA_12/F3LOCAL(SEL.ETHIO.135.85)//PLATA_13/8/SOOTY_9/RASCON_37//WODUCK/CHAM_3/3/SOMAT_3/PHAX_1//TILO_1/LOTUS_4/7/BCRIS/BICUM//LLARETAINIA/3/DUKEM_12/2*RASCON_21
G16	D-98-16	ATIL/BAIRDS
G17	D-98-17	IcamorTA0471//IcamorTA0459/Arishahn10/3/Mgnl3/Ainzen1
G18	D-98-18	ICAMPORTA0469/4/ICAMPORTA0463/3/CandocrossH25//Msbll/Quarmal04182/5/Icasyr2/6/Geromtel1/Icasyr1
G19	D-98-19	ICAMPORTA0469/4/ICAMPORTA0463/3/CandocrossH25//Msbll/Quarmal04182/5/Icasyr2/6/Geromtel1/Icasyr1
G20	D-98-20	Miki3(Stj3//Bcr/Lks4)

منشاء ژنوتیپ‌ها از چهل و هشتمین آزمایش بین المللی IDSN و IDYN بود.

برای عملکرد دانه سبب خواهد شد تا بتوان ژنوتیپ‌های مطلوبی از نظر تطبیق با هر یک شرایط محیطی پیدا کرد. این نتیجه به‌طور مشخصی با پاسخ متفاوت هر یک از ژنوتیپ‌ها و همچنین اثر متقابل آن‌ها با محیط قابل توجیه می‌باشد. در سایر تحقیقات نیز نتایج مشابهی گزارش شده است (آهک پز و همکاران ۲۰۲۱، نجفی میرک و همکاران ۲۰۱۸b).

نتایج تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه در ۱۲ محیط در طی دو سال در جدول ۳ نشان داده شده است. نتایج نشان داد اختلاف معنی‌داری بین محیط‌های اجرای آزمایش وجود دارد. اختلاف بین ژنوتیپ‌ها و اثرات متقابل نیز به ترتیب در سطح احتمال ۱ و ۵ درصد معنی‌دار بود. وجود اختلاف معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه در محیط‌های مختلف بیانگر تأثیر شرایط محیطی بر آن می‌باشد. به عبارت دیگر وجود تنوع ژنتیکی

جدول ۲- تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها طی دو سال زراعی (۱۴۰۰-۱۳۹۸) به تفکیک مناطق

منابع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات				
		داراب - خشکی	داراب - نرمال	دزفول	خرم‌آباد	کرج
سال	۱	۱۱۶۱۱۲۰۱۳**	۴۴۴۸۳۷۹۹**	۷۳۴۹۷۰۹۶**	۱۱۱۹۱۰۷۸ ^{ns}	۳۴۴۴۶۵۸۲**
بلوک (در سال)	۴	۴۰۰۹۳۰۱	۴۶۷۱۳۳	۵۷۵۹۷۲	۳۶۹۶۱۴۱	۱۰۵۲۸۲۳
ژنوتیپ	۱۹	۸۱۰۷۱ ^{ns}	۱۰۹۶۸۷*	۵۹۴۴۱۹*	۱۵۳۰۱۹۵ ^{ns}	۹۷۳۶۷۳ ^{ns}
ژنوتیپ × سال	۱۹	۱۲۲۲۰۳۳ ^{ns}	۱۶۸۴۹۶۵**	۲۹۵۴۱۹ ^{ns}	۱۵۸۱۷۰۱ ^{ns}	۳۰۷۰۸۲ ^{ns}
اشتباه آزمایشی	۷۶	۵۲۰۵۶۲	۵۶۵۵۵۷	۲۸۴۱۴۹	۱۱۵۲۷۲۷	۷۶۴۰۱۷
ضریب تغییرات (%)		۱۲/۴۲	۱۰/۲۵	۸/۰۵	۱۴/۷۵	۱۱/۰۱

ns، * و ** به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد می‌باشد.

جدول ۳- تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه در ۱۲ محیط مورد بررسی در سال‌های زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۸

منابع تغییر	درجه آزادی	عملکرد دانه
محیط	۱۱	۶۲۰۷۹۳۳**
خطای ۱	۲۴	۱۷۷۰۷۲۱
ژنوتیپ	۱۹	۱۳۴۴۰۳۸**
اثرمتقابل ژنوتیپ × محیط	۲۰۹	۹۶۳۳۰۴*
خطای ۲	۴۵۶	۶۲۰۱۸۳

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد می‌باشد.

ژنوتیپ × محیط و واریانس باقیمانده را به واریانس فنوتیپی به ترتیب ۱۸ و ۵۴ درصد در گیاه برنج گزارش نمودند. میزان دقت گزینش ژنوتیپ‌ها در عملکرد دانه ۰/۵۵ بود. مقدار وراثت‌پذیری عمومی پایین بود (۰/۰۲) و مقدار وراثت‌پذیری میانگین ژنوتیپی ۰/۳۰۴ برآورد شد. برآورد وراثت‌پذیری صفات و دقت پیش‌بینی نقش مهمی در پیشرفت برنامه‌های به‌نژادی در جهت شناسایی و توصیه ژنوتیپ‌ها دارد (بناکاهالی و همکاران ۲۰۲۱، اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹a).

تعدادی از پارامترهای ژنتیکی محاسبه شده با استفاده از آزمون نسبت درست‌نمایی در جدول ۴ نشان داده شده است. بررسی نسبت اجزای واریانس برآورد شده نسبت به واریانس فنوتیپی با استفاده از REML نشان داد که نسبت واریانس ژنوتیپ، واریانس ژنوتیپ × محیط و واریانس باقیمانده به واریانس فنوتیپی به ترتیب ۱/۶، ۱۵/۳ و ۸۳/۱ درصد بود (شکل ۱A). این مطلب سهم بالای محیط در بیان تفاوت بین ژنوتیپ‌ها را نشان می‌دهد. شریفی و همکاران (۲۰۲۲) نسبت واریانس

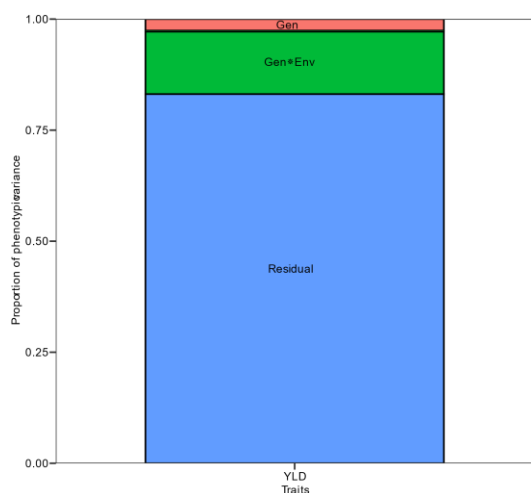
جدول ۴- پارامترهای ژنتیکی در مدل مخلوط با استفاده از روش REML برای عملکرد دانه در سال‌های زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۸

پارامترهای ژنتیکی	عملکرد دانه
واریانس ژنتیکی	۱۱۶۸۷ (۱/۶)
واریانس ژنوتیپ × محیط	۱۱۴۳۷۳ (۱۵/۳)
واریانس باقیمانده	۶۲۰۱۸۴ (۸۳/۱)
واریانس فنوتیپی	۷۴۶۲۴۴
وراثت‌پذیری عمومی	۰/۰۲
ضریب تشخیص اثرهای GEI	۰/۱۵۳
وراثت‌پذیری میانگین ژنوتیپی	۰/۳۰۴
دقت انتخاب ژنوتیپ	۰/۵۵۱
همبستگی بین مقادیر ژنوتیپی بین محیط‌ها	۰/۱۵۶
ضریب تغییرات ژنوتیپی (%)	۱/۵۲
ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده (%)	۱۱/۱
نرخ واریانس ژنوتیپ در محیط بر واریانس ژنوتیپی	۰/۱۳۷

توجیه برهمکنش ژنوتیپ × محیط حاصل از BLUP را برای عملکرد دانه دارد (شکل ۱B). ولی تنها دو مؤلفه اول در سطح ۱ درصد و مؤلفه سوم در سطح ۵ درصد

به‌منظور تعیین تعداد مؤلفه‌های توجیه‌کننده برهمکنش ژنوتیپ × محیط از آزمون اسکریت^{۱۴} استفاده شد. نتایج نشان داد که ۷ مؤلفه اول سهم قابل توجهی در

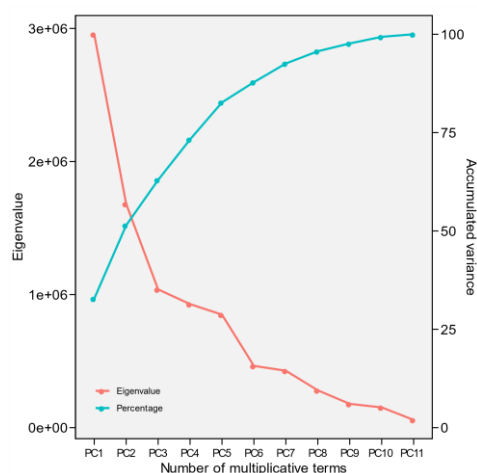
بیشترین میانگین پیش‌بینی شده برتری ویژه‌ای نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها دارند. اما با توجه به همپوشانی میله‌ای خطای افقی آنها، اختلاف معنی‌داری با سایر ژنوتیپ‌ها از نظر میانگین‌های پیش‌بینی شده برای عملکرد دانه مشاهده نشد؛ بنابراین در چنین شرایطی می‌توان تنها براساس پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های برتر و پایدار را انتخاب نمود.



A

معنی‌دار بودند و به ترتیب ۳۴/۷، ۱۹/۷ و ۱۲/۱ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ × محیط را توجیه نمودند (نتایج نشان داده نشده است). در این بررسی از روش BLUP استفاده شده و تجزیه پایداری به روش AMMI بر روی BLUPها انجام شد.

مقایسه میانگین‌های پیش‌بینی شده عملکرد دانه با روش BLUP در شکل ۲ نشان داد که ژنوتیپ‌های G10، G8، G18، G9، G14، G1 و G19 با توجه به داشتن

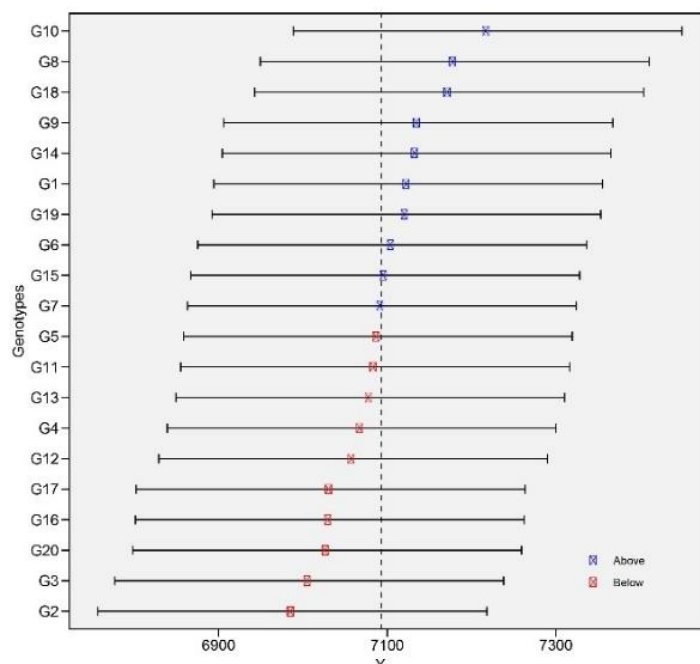


B

شکل ۱- (A) نمودار نسبت واریانس ژنوتیپی، واریانس ژنوتیپ در محیط و واریانس باقیمانده به واریانس فنوتیپی. (B) مقادیر ویژه ماتریس BLUP-GEI برای عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های گندم دوروم.

G10، G8، G18، G9 و G14 با بیشترین مقدار از نظر پایداری و عملکرد دانه نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برتر بودند. از طرفی ژنوتیپ‌های G2، G3، G20 و G17 با کمترین مقدار هر سه آماره جزء ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه و پایداری بودند (جدول ۵). علیپور و همکاران (۲۰۲۱) و کوان و همکاران (۲۰۱۸) به منظور شناسایی ارقام پایدار و پرمحصول در گندم از این آماره‌ها استفاده نمودند. استفاده از این شاخص‌ها در سایر گیاهان نیز گزارش شده است (براتی و همکاران ۲۰۲۲a).

به منظور انتخاب هم‌زمان ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه و پایداری از مدل‌های مخلوط استفاده شد. روش REML/BLUP با توجه به این‌که مقادیر ژنوتیپی را در نظر می‌گیرد و به علت دقت بالاتر در برنامه‌های اصلاحی، اجازه انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها را می‌دهد (ریسند ۲۰۰۲). به همین منظور از آماره‌های مبتنی بر مدل BLUP مانند HMGV، PRGV و HMRPGV در شناسایی ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و پایداری استفاده شد. در این روش‌ها ژنوتیپی پایدار است که بیشترین مقدار عددی را داشته باشد؛ بنابراین با توجه به نتایج هر سه آماره‌ی HMRPGV، PRGV، HMGV و ژنوتیپ‌های



شکل ۲- عملکرد دانه (Y) پیش‌بینی شده با BLUP برای ۲۰ ژنوتیپ گندم دوروم در محیط‌های مختلف مورد بررسی دایره‌های آبی و قرمز به ترتیب ژنوتیپ‌هایی را نشان می‌دهند که دارای BLUP بالاتر و پایین‌تر از میانگین BLUP بودند. میله‌های خطای افقی نشانگر فاصله اطمینان ۹۵ درصد از پیش‌بینی با آزمون t دوطرفه است.

جدول ۵- آماره‌های مختلف پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های گندم دوروم بر مبنای مدل REML/BLUP

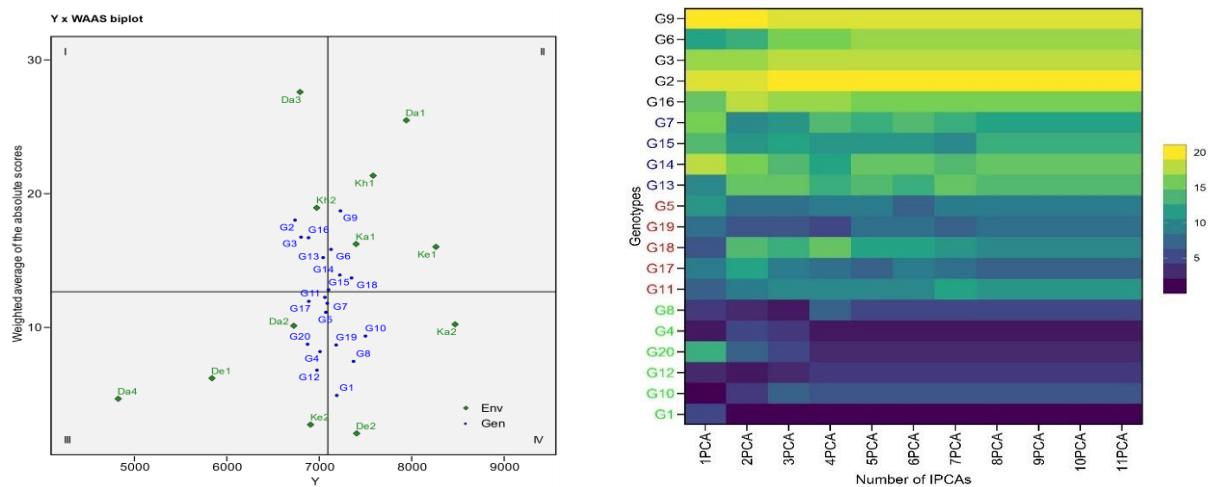
رتبه	RPGV-Y	RPGV	رتبه	HMGV	رتبه	HMRPGV-Y	HMRPGV	رتبه	Y	ژنوتیپ
۶	۷۱۵۱	۱,۰۱	۵	۶۹۹۴	۶	۷۱۵۱	۱,۰۱	۶	۷۱۹۸	G1
۲۰	۶۹۰۲	۰,۹۷۳	۲۰	۶۷۶۲	۲۰	۶۹۰۲	۰,۹۷۳	۲۰	۶۷۴۶	G2
۱۹	۶۹۳۵	۰,۹۷۸	۱۹	۶۷۸۶	۱۹	۶۹۳۵	۰,۹۷۸	۱۹	۶۸۱۱	G3
۱۴	۷۰۴۱	۰,۹۹۳	۱۵	۶۸۷۷	۱۴	۷۰۴۱	۰,۹۹۳	۱۴	۷۰۱۶	G4
۹	۷۰۹۳	۱	۸	۶۹۵۱	۹	۷۰۹۳	۱	۱۱	۷۰۷۹	G5
۸	۷۱۰۱	۱	۱۰	۶۹۳۵	۸	۷۱۰۱	۱	۸	۷۱۳۵	G6
۱۲	۷۰۸۵	۰,۹۹۹	۱۱	۶۹۲۷	۱۲	۷۰۸۵	۰,۹۹۹	۱۰	۷۰۹۵	G7
۲	۷۲۴۲	۱,۰۲	۳	۷۰۷۹	۲	۷۲۴۲	۱,۰۲	۲	۷۳۷۹	G8
۴	۷۱۷۱	۱,۰۱	۴	۷۰۲۴	۴	۷۱۷۱	۱,۰۱	۴	۷۲۳۷	G9
۱	۷۳۲۷	۱,۰۳	۱	۷۱۷۹	۱	۷۳۲۷	۱,۰۳	۱	۷۵۰۸	G10
۱۱	۷۰۸۵	۰,۹۹۹	۹	۶۹۴۱	۱۱	۷۰۸۵	۰,۹۹۹	۱۲	۷۰۶۹	G11
۱۵	۷۰۳۲	۰,۹۹۱	۱۴	۶۸۸۱	۱۵	۷۰۳۲	۰,۹۹۱	۱۵	۶۹۸۳	G12
۱۳	۷۰۶۷	۰,۹۹۶	۱۳	۶۹۱۴	۱۳	۷۰۶۷	۰,۹۹۶	۱۳	۷۰۵۰	G13
۵	۷۱۵۶	۱,۰۱	۶	۶۹۹۴	۵	۷۱۵۶	۱,۰۱	۵	۷۲۳۰	G14
۱۰	۷۰۸۶	۰,۹۹۹	۱۲	۶۹۱۵	۱۰	۷۰۸۶	۰,۹۹۹	۹	۷۱۰۸	G15
۱۶	۶۹۷۳	۰,۹۸۳	۱۶	۶۸۱۵	۱۶	۶۹۷۳	۰,۹۸۳	۱۷	۶۸۹۲	G16
۱۷	۶۹۷۲	۰,۹۸۳	۱۷	۶۸۰۹	۱۷	۶۹۷۲	۰,۹۸۳	۱۶	۶۸۹۵	G17
۳	۷۲۳۷	۱,۰۲	۲	۷۰۸۰	۳	۷۲۳۷	۱,۰۲	۳	۷۳۵۷	G18
۷	۷۱۳۷	۱,۰۱	۷	۶۹۷۵	۷	۷۱۳۷	۱,۰۱	۷	۷۱۹۱	G19
۱۸	۶۹۶۷	۰,۹۸۲	۱۸	۶۸۰۵	۱۸	۶۹۶۷	۰,۹۸۲	۱۸	۶۸۸۲	G20
	۷۰۹۳			۶۹۳۲		۷۰۸۸			۷۰۹۳	میانگین

Y: عملکرد دانه؛ HMGV: آماره‌های میانگین هارمونیک ارزش ژنوتیپی؛ RPGV: کارایی نسبی ارزش‌های ژنوتیپی؛ RPGV-Y: عملکرد تصحیح شده بر مبنای RPGV؛ HMRPGV: میانگین هارمونیک عملکرد نسبی ارزش ژنتیکی؛ HMRPGV-Y: عملکرد تصحیح شده بر مبنای HMRPGV

شکل ۳B بسته به تعداد مولفه‌های اصلی (PCA) مورد استفاده برای تخمین شاخص WAASB، رتبه ژنوتیپ‌ها را نشان می‌دهد. برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس رتبه آنها، از دندروگرام مبتنی بر فاصله اقلیدسی استفاده شده است. نتایج نشان داد که رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها با افزایش تعداد PCAها در برآورد WAASB تغییر یافته است و این مطلب در مورد سه مولفه اول کاملاً مشهود است. در این شکل، ژنوتیپ‌هایی با پایداری عملکرد مشابه به راحتی قابل شناسایی هستند. برای مثال ژنوتیپ‌های G1 و G4 با کمترین مقدار WAASB و با توجه به بیشتر PCAها پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. از طرفی بر مبنای اولین مولفه اصلی، ژنوتیپ‌های G10 و G4 جزء پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. ولی در مجموع براساس بیشتر PCAهای مورد بررسی، ژنوتیپ‌های G1، G10، G4، G12، G8، G20 با کمترین مقدار WAASB پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. از طرفی ژنوتیپ‌های G9 و G2 با بیشترین مقدار WAASB از نظر همه PCAها در گروه ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها قرار گرفتند. از ویژگی‌های شکل ۳B، تقویت استفاده از شاخص WAASB است زیرا تغییرات همه PCAها برای محاسبه پایداری ژنوتیپ‌ها در نظر گرفته می‌شود (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹a).

بای‌پلات مؤلفه اصلی اول محیطی در برابر عملکرد اسمی (شکل ۴)، شکل دیگری از بای‌پلات چندضلعی است که در محور افقی آن، مؤلفه اصلی اول محیطی و در محور عمودی عملکرد اسمی ژنوتیپ‌ها قرار دارد (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹b). در بای‌پلات شکل ۴، ژنوتیپ G19، G20 و G11 با کمترین شیب خط نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها از پایداری بیشتری برخوردار بودند. در مجموع این نوع بای‌پلات تنها براساس اولین مولفه اصلی است و در تفسیر آن باید دقت لازم را داشت؛ بنابراین تجزیه‌های تکمیلی براساس مؤلفه‌های دیگر می‌تواند نتایج مطمئن‌تری در بر داشته باشد. استفاده از این روش در سایر تحقیقات نیز گزارش شده است (شریفی و همکاران ۲۰۲۲؛ کریمی زاده و همکاران ۲۰۲۲).

به منظور انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از شاخص WAASBY استفاده شد که در آن، گزینش هم‌زمان بر اساس میانگین عملکرد دانه و شاخص پایداری WAASB انجام می‌شود. در معیار WAASBY، می‌توان وزن‌های متفاوتی به عملکرد دانه و WAASB داد. در این پژوهش، از وزن ۵۰:۵۰ برای هر دو شاخص استفاده شد که بیانگر اهمیت یکسان هر دو شاخص است. در شکل ۳A محور افقی نشان‌دهنده عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار) و محور عمودی نشان‌دهنده WAASB است. این بای‌پلات ژنوتیپ‌ها را در چهار گروه دسته‌بندی نموده است. در گروه اول ژنوتیپ G2، G3، G13، G7 و G16 و محیط‌های Kh2 (خرم‌آباد، سال دوم)، Da2 (داراب، سال دوم) و Da3 (داراب، سال اول تنش خشکی) قرار دارد. سهم نسبی این ژنوتیپ‌ها در اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، بالا و ناپایدار و دارای عملکرد دانه پایین‌تر از متوسط کل است. در گروه دو ژنوتیپ‌های G6، G9، G14 و G15 به همراه محیط‌های Da1 (داراب، سال اول)، Kh1 (خرم‌آباد، سال اول)، Ka1 (کرج، سال اول) و Ke1 (کرمانشاه، سال اول) قرار داشت. این ژنوتیپ‌ها با وجود عملکرد دانه بالاتر از متوسط کل ولی به دلیل بالا بودن مقدار WAASB، جزء ژنوتیپ‌های ناپایدار محسوب می‌شوند. گروه سوم شامل ژنوتیپ‌های G4، G5، G11، G12 و G17 و G20 به همراه محیط‌های De1 (دزفول، سال اول)، Da4 (داراب، سال دوم تنش) و Ke2 (کرمانشاه، سال دوم) بودند. ژنوتیپ‌های این گروه با وجود کم بودن مقدار WAASB عملکرد دانه آنها از متوسط کل پایین‌تر بود. در گروه چهارم ژنوتیپ‌های شماره‌ی G1، G8، G10، G18 و G19 و محیط‌های Ka2 و De2 قرار گرفتند که به دلیل عملکرد بالاتر از متوسط کل و مقدار پایین WAASB جزء ژنوتیپ‌های برتر از نظر پایداری و عملکرد دانه بالا بودند. در این گروه کمترین مقدار WAASB متعلق به ژنوتیپ G1 بود و ژنوتیپ‌های شماره‌ی G10، G8 و G18 به ترتیب بیشترین مقدار عملکرد دانه را داشتند.

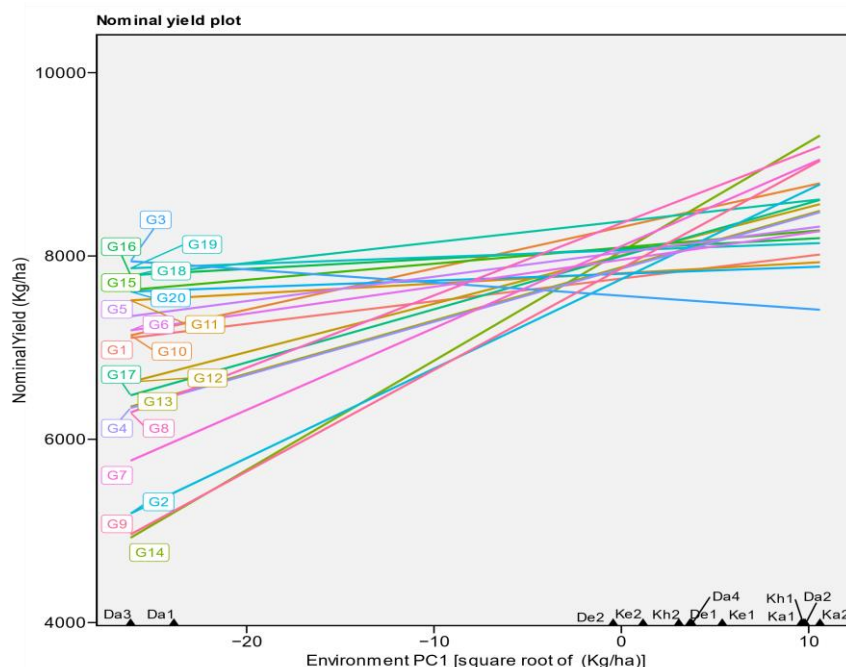


A

B

شکل ۳- (A) مقادیر تخمینی WAASB و میانگین عملکرد (Y) برای ۲۰ ژنوتیپ گندم دوروم با در نظر گرفتن وزن ۵۰ برای عملکرد دانه و ۵۰ برای پایداری. (B) الگوی گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با توجه به تعداد PCA مورد استفاده برای تخمین WAASB.

کدهای محیطی Da، Ke، De، Kh و Ka به ترتیب معرف ایستگاه‌های داراب، کرمانشاه، دزفول، خرم‌آباد و کرج می‌باشند. اعداد ۱ و ۲ در کدهای محیطی به ترتیب معرف سال اول (۱۳۹۸-۱۳۹۹) و سال دوم (۱۴۰۰-۱۳۹۹) می‌باشند. همچنین اعداد ۳ و ۴ در کد محیطی داراب (Da) به ترتیب معرف تنش در سال اول و دوم می‌باشند.



شکل ۴- دیاگرام ارزیابی عملکرد دانه ۲۰ ژنوتیپ گندم دوروم در ۱۲ محیط. محور عمودی نشان دهنده عملکرد اسمی دانه در برابر نمرات اولین مؤلفه اصلی محیطی (محور افقی) می‌باشد.

کدهای محیطی Da، Ke، De، Kh و Ka به ترتیب معرف ایستگاه‌های داراب، کرمانشاه، دزفول، خرم‌آباد و کرج می‌باشند. اعداد ۱ و ۲ در کدهای محیطی به ترتیب معرف سال اول (۱۳۹۸-۱۳۹۹) و سال دوم (۱۴۰۰-۱۳۹۹) می‌باشند. همچنین اعداد ۳ و ۴ در کد محیطی داراب (Da) به ترتیب معرف تنش در سال اول و دوم می‌باشند.

روش به‌ترتیب پایدارترین ژنوتیپ، رتبه ۱ و ناپایدارترین ژنوتیپ رتبه ۲۰ گرفته است. در ضمن به ژنوتیپ‌هایی با بیشترین عملکرد دانه رتبه ۱ و با کمترین عملکرد دانه رتبه ۲۰ تعلق گرفته است. بنابراین ژنوتیپ‌هایی با کمترین مقدار رتبه جزء ایده‌آل‌ترین ژنوتیپ‌ها می‌باشند. بنابراین براساس نقشه حرارتی شکل ۵B پنج گروه برآورد شده است؛ گروه اول شامل ژنوتیپ‌های پرتانسیل ولی ناپایدار (ژنوتیپ‌های G9 و G6)، گروه دوم ژنوتیپ‌های کم پتانسیل و ناپایدار که شامل ژنوتیپ‌های G3، G2 و G16 بود. گروه سوم ژنوتیپ‌های پایدار اما کم پتانسیل (ژنوتیپ‌های G4، G20 و G12)؛ گروه چهارم شامل ژنوتیپ‌های G5، G7، G17، G15، G13 و G11 بود که از نظر عملکرد دانه و پایداری در وضعیت متوسطی هستند نه خیلی پرتانسیل هستند و نه خیلی پایدار. در واقع این گروه یک وضعیت بینابین دارند. گروه پنجم ژنوتیپ‌های پرتانسیل و پایدار شامل ژنوتیپ‌های G8، G19، G18، G14، G10 و G1. با توجه به نتایج شکل ۲ که در آن ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه اختلاف معنی‌داری نداشتند می‌توان در شکل ۵B تنها به پایداری ژنوتیپ‌ها توجه کرد و ژنوتیپ‌ها را تنها براساس پایداری عملکرد دانه انتخاب کرد.

در جدول ۶ آماره‌های مختلف تجزیه پایداری پارامتری و ناپارامتری نشان داده شده است. به‌منظور انتخاب راحت‌تر و کاراتر ژنوتیپ‌ها از شاخص SIIG استفاده شد. در واقع نتایج آماره‌های پارامتری و ناپارامتری با هم ادغام و به‌صورت شاخص SIIG نشان داده شد. نتایج شاخص SIIG نشان داد که به‌ترتیب ژنوتیپ‌های G1، G4، G5، G20، G10 و G12 با بیشترین مقدار SIIG (به‌ترتیب ۰/۹۶۴، ۰/۷۷۱، ۰/۷۶۹، ۰/۷۴۹، ۰/۷۱۳ و ۰/۷۰۱) جزء پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. در این میان ژنوتیپ‌های G4، G20 و G12 بر اساس نتایج شکل ۵ جزء ژنوتیپ‌های پایدار ولی با عملکرد دانه پایین بودند و ژنوتیپ‌های G1 و G10 جزء ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه بالا و همچنین پایدار بودند. ژنوتیپ G5 بر مبنای شاخص WAASB جزء ژنوتیپ‌های متوسط از نظر پایداری و عملکرد دانه بود. در ضمن ژنوتیپ‌های G2، G3، G16، G6، G7 و G9 به‌ترتیب با کمترین مقدار

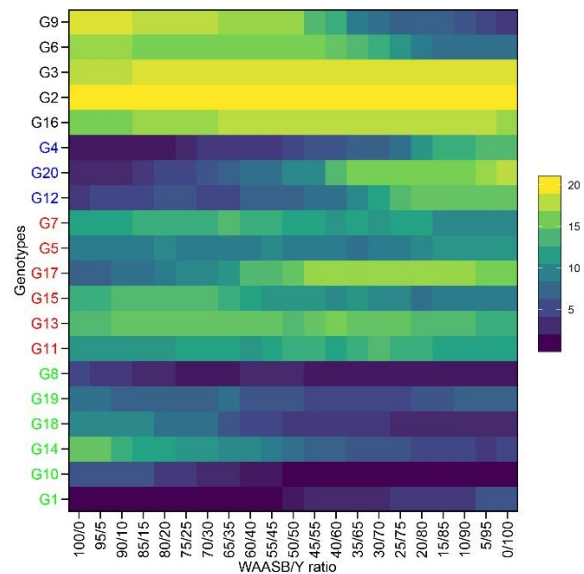
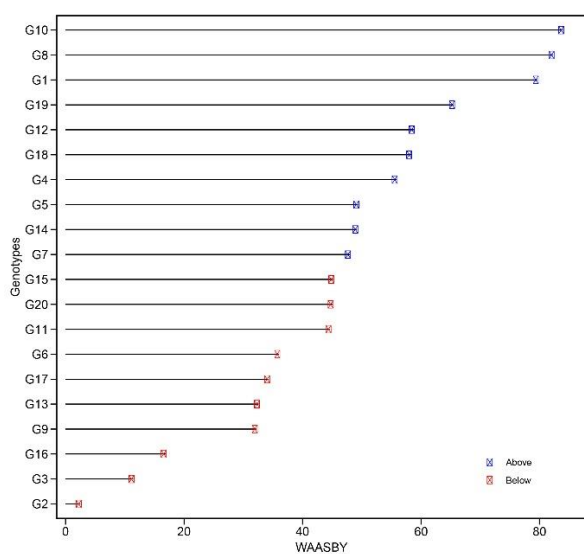
در شکل ۵A، رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها با مقادیر WASSBY انجام شده است. در این نمودار از وزن‌دهی برابر ۵۰:۵۰ برای هر دو شاخص عملکرد دانه و WAASB استفاده شده است. بر این اساس ژنوتیپ‌های G10، G1 و G8 با داشتن بیشترین مقدار WAASBY ژنوتیپ‌های پایدار و دارای عملکرد دانه بالا بودند. بای-پلات شکل ۵A که تفسیر هم‌زمان پایداری و عملکرد دانه را انجام می‌دهد، می‌تواند برای سازگاری‌های گسترده و شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار برای تمام محیط‌ها استفاده شود (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹a). از مهم‌ترین مزیت‌های این بای‌پلات نسبت به مدل AMMI1 این است که در محاسبه آن از همه مؤلفه‌های IPCA استفاده می‌شود. بنابراین اجازه می‌دهد تا آن قسمتی از برهمکنش ژنوتیپ × محیط که در اولین مؤلفه اصلی بروز پیدا نکرده است، در رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها لحاظ شود (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹b). در ضمن رویکرد مدل مخلوط امکان تخمین واریانس ژنوتیپی، وراثت‌پذیری بر اساس میانگین و همبستگی ژنتیکی واریانس را فراهم می‌کند که می‌توان در ارزیابی‌های چندمحیطی از آنها بهره برد (شریفی و همکاران ۲۰۲۲).

شکل ۵B، نوع دیگری از نقشه حرارتی را بسته به نسبت WAASB/Y رتبه ژنوتیپ نشان می‌دهد. در این شکل به دو شاخص عملکرد دانه (Y) و پایداری (WAASB) وزن‌های متفاوتی داده شده است، به‌طوری که در اولین ستون سمت چپ این نمودار، رتبه‌بندی فقط بر اساس شاخص پایداری WAASB انجام شده است و در محور X آن، وزن ۱۰۰ به شاخص پایداری WAASB و صفر به عملکرد دانه داده شده است. در این نمودار از چپ به راست، در هر ستون به وزن عملکرد دانه (متغیر پاسخ) ۵ درصد افزوده و از وزن شاخص پایداری WAASB، ۵ درصد کاسته شده است و در آخرین ستون سمت راست، رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها فقط بر اساس عملکرد دانه با وزن ۱۰۰ درصد انجام شده است. رتبه‌های بدست آمده با نسبت ۰/۱۰۰ منحصراً پایداری رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها را در نظر می‌گیرد. از سوی دیگر، نسبت ۱۰۰/۰ منحصراً عملکرد دانه را برای رتبه‌بندی ژنوتیپ در نظر می‌گیرد (اولیوتو و همکاران ۲۰۱۹a). در این

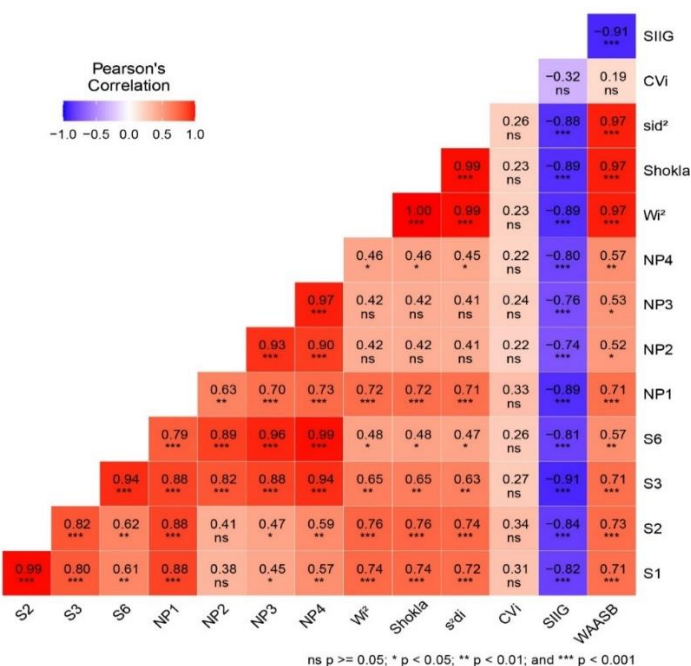
(شکل ۶). بنابراین نتایج نشان داد شاخص SIIG به خوبی توانسته آماره‌های پایداری را ادغام کند و بهترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها را از نظر پایداری عملکرد دانه شناسایی نماید. کاربرد شاخص SIIG در سایر تحقیقات هم گزارش شده است (زالی و همکاران ۲۰۲۳، براتی و همکاران ۲۰۲۲b، میرزایی و همکاران ۲۰۲۱، قلی زاده و همکاران ۲۰۲۱، حقیقت نیا و الهانی ۲۰۲۰، نجدی میرک و همکاران ۲۰۱۸a، نجدی میرک و همکاران ۲۰۱۸b).

SIIG جزء ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها از نظر پایداری عملکرد دانه بودند. این ژنوتیپ‌ها براساس شکل ۵A جزء ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها از نظر پایداری بودند.

نتایج همبستگی بین آماره‌های پایداری و شاخص های SIIG و WAASB نشان داد که همه آماره‌های پایداری (به جزء ضریب تغییرات محیطی) همبستگی مثبت و معنی‌داری با شاخص WAASB دارند و از طرفی همبستگی منفی اما معنی‌داری با شاخص SIIG داشتند



شکل ۵- (A) رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از WAASBY، (B) گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با توجه به نسبت WAASB/Y



شکل ۶- همبستگی بین آماره‌های مختلف تجزیه پایداری و شاخص‌های SIIG و WAASB

جدول ۶- آماره‌های مختلف پایداری پارامتری و ناپارامتری و شاخص SIIG

رتبه	شاخص SIIG	آماره‌های پایداری پارامتری				آماره‌های پایداری ناپارامتری								ژنوتیپ
		CV _i	s ² d _i	σ ² _i	W _i ²	NP _i ⁽⁴⁾	NP _i ⁽³⁾	NP _i ⁽²⁾	NP _i ⁽¹⁾	S _i ⁽⁶⁾	S _i ⁽³⁾	S _i ⁽²⁾	S _i ⁽¹⁾	
۱	-۰/۹۶۴	۱۴/۳۶	۱۱۱۳۹۰	۶۱۳۵۱	۷۸۳۹۷۹	۰/۴۲	۰/۳۴	۰/۲۶	۳/۰۸	۳/۳۴	۱۶/۲	۱۶/۸	۴/۸۳	G1
۲۰	-۰/۱۰۴	۱۵/۵۰	۷۸۷۹۹۶	۶۰۸۱۸۶	۶۱۹۷۶۵۰	۰/۹۳	۰/۸۴	۰/۷۹	۶/۶۷	۷/۹۲	۵۸/۲	۴۴/۱	۷/۷۹	G2
۱۹	-۰/۲۵۸	۱۵/۴۶	۵۶۴۱۵۸	۴۰۶۸۳۳	۴۲۰۴۲۵۶	۰/۹۳	۰/۸۵	۰/۸۳	۶/۱۷	۷/۸۴	۵۶/۵	۴۱/۵	۷/۵۳	G3
۲	-۰/۷۷۱	۱۶/۸۰	۱۸۲۶۴۵	۱۲۴۷۶۸	۱۴۱۱۸۰۷	۰/۵۹	۰/۵۹	۰/۳۹	۴/۳۳	۴/۷۶	۲۶/۲	۲۱/۸	۵/۴۲	G4
۳	-۰/۷۶۹	۱۳/۴۰	۳۰۸۴۱۴	۲۳۵۹۸۱	۲۵۱۲۸۲۰	۰/۵۰	۰/۴۱	۰/۳۲	۲/۹۲	۳/۸۱	۲۱/۸	۲۰/۸	۵/۲۱	G5
۱۷	-۰/۳۱۸	۱۹/۴۶	۶۳۲۱۰۱	۴۸۱۳۲۷	۴۹۴۱۷۴۱	۰/۶۸	۰/۶۷	۰/۶۴	۵/۸۳	۶/۱۳	۴۰/۱	۳۷/۷	۷/۰۰	G6
۱۶	-۰/۴۰۵	۱۷/۶۱	۵۲۸۸۵۳	۳۶۴۷۳۶	۳۷۸۷۴۸۷	۰/۷۳	۰/۶۱	۰/۴۹	۶/۰۰	۶/۷۱	۴۵/۸	۴۴/۱	۷/۷۴	G7
۷	-۰/۶۶۲	۱۷/۴۰	۳۵۰۵۷۴	۲۶۴۴۷۶	۲۷۹۴۹۱۴	۰/۴۷	۰/۳۹	۰/۳۶	۴/۷۵	۴/۰۰	۲۶/۸	۳۵/۰	۶/۷۳	G8
۱۵	-۰/۴۱۵	۱۶/۲۸	۸۱۱۲۵۷	۵۶۳۷۴۵	۵۷۵۷۶۸۴	۰/۵۳	۰/۴۵	۰/۳۳	۴/۹۲	۴/۳۶	۳۱/۱	۳۷/۰	۶/۸۹	G9
۵	-۰/۷۱۳	۱۳/۹۶	۴۱۱۲۰۲	۲۸۴۸۲۲	۲۹۹۶۳۴۵	۰/۳۷	۰/۳۵	۰/۴۳	۳/۹۲	۳/۱۳	۱۵/۱	۱۹/۴	۵/۲۴	G10
۱۴	-۰/۴۵۸	۱۳/۵۱	۴۶۰۳۵۶	۳۶۷۳۳۲	۳۸۱۳۱۹۳	۰/۷۱	۰/۵۸	۰/۵۱	۵/۳۳	۶/۱۹	۴۰/۹	۳۸/۴	۷/۳۳	G11
۶	-۰/۷۰۱	۱۵/۱۳	۲۷۲۸۷۸	۱۷۷۶۲۹	۱۹۳۵۱۳۰	۰/۶۰	۰/۵۶	۰/۴۳	۵/۰۸	۵/۵۹	۲۸/۰	۲۴/۶	۵/۷۹	G12
۱۱	-۰/۵۱۵	۱۵/۶۸	۵۲۶۶۸۹	۳۶۱۰۳۰	۳۷۵۰۷۹۸	۰/۶۴	۰/۵۸	۰/۴۴	۴/۹۲	۵/۳۷	۳۲/۴	۳۰/۲	۶/۵۶	G13
۱۰	-۰/۵۴۳	۱۸/۲۸	۵۵۸۹۸۰	۴۰۶۴۱۰	۴۲۰۰۰۶۶	۰/۵۰	۰/۴۲	۰/۳۲	۴/۵۰	۴/۳۱	۲۷/۴	۳۲/۴	۶/۵۵	G14
۱۲	-۰/۵۰۳	۱۷/۹۱	۴۶۵۴۶۶	۳۳۰۸۳۸	۳۴۵۱۹۰۰	۰/۶۸	۰/۵۵	۰/۵۴	۴/۵۸	۵/۶۷	۳۷/۴	۳۴/۳	۶/۸۹	G15
۱۸	-۰/۲۷۲	۱۷/۲۳	۵۸۶۹۲۶	۳۹۷۱۶۰	۴۱۰۸۴۸۵	۰/۹۲	۰/۸۸	۰/۹۷	۵/۶۷	۷/۹۳	۵۲/۲	۳۲/۸	۶/۳۸	G16
۸	-۰/۵۹۹	۱۷/۵۲	۳۵۰۳۳۱	۲۳۹۶۰۸	۲۵۴۸۷۲۲	۰/۷۰	۰/۶۱	۰/۵۸	۴/۵۰	۶/۰۶	۳۲/۲	۲۴/۶	۵/۸۶	G17
۹	-۰/۵۹۹	۱۵/۸۴	۴۹۷۵۵۴	۳۳۳۹۷۲	۳۴۸۲۹۲۵	۰/۴۹	۰/۴۳	۰/۳۶	۵/۰۰	۴/۱۹	۲۵/۸	۳۰/۶	۶/۴۱	G18
۱۳	-۰/۴۸۷	۱۷/۱۳	۴۱۵۲۵۱	۲۸۷۰۸۴	۳۰۱۸۷۳۶	۰/۷۱	۰/۵۷	۰/۵۲	۵/۵۸	۵/۹۴	۴۴/۰	۴۴/۷	۷/۹۴	G19
۴	-۰/۷۴۹	۱۶/۵۲	۱۹۵۵۲۶	۱۲۴۷۳۹	۱۴۱۱۵۲۷	۰/۶۴	۰/۶۰	۰/۵۷	۳/۲۵	۵/۲۷	۲۳/۶	۱۵/۲	۴/۵۰	G20

S_i²: واریانس محیطی، CV_i: ضریب تغییرات، W_i²: اکووالانس ریک، σ_i²: واریانس شوکلا، S_i²d_i: انحراف از رگرسیون، S_i⁽¹⁾: میانگین تفاوت قدر مطلق ژنوتیپ در محیطها؛ S_i⁽²⁾: واریانس مشترک انحراف از رتبه‌ها؛ S_i⁽³⁾: واریانس بین رتبه‌ها در محیطها؛ S_i⁽⁶⁾: مجموع انحراف مطلقها؛ NP_i⁽¹⁾، NP_i⁽²⁾، NP_i⁽³⁾ و NP_i⁽⁴⁾: آماره‌های ناپارامتری تنارازو

بودند. بر مبنای بای‌پلات چند ضلعی (مؤلفه اصلی اول محیطی در برابر عملکرد اسمی ژنوتیپ‌ها)، ژنوتیپ‌های G1، G19 و G10 با کمترین شیب خط از پایداری بیشتری برخوردار بودند. بر مبنای نقشه حرارتی WAASB/Y ژنوتیپ‌های G8، G19، G18، G4، G10 و G1 جزء ژنوتیپ‌های پر پتانسیل و پایدار بودند. نتایج شاخص SIIG نشان داد که ژنوتیپ‌های G1، G4، G5، G10، G20 و G12 جزء پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. در ضمن انطباق بالایی بین نتایج شاخص‌های مبتنی بر BLUP و روش‌های مختلف تجزیه پایداری پارامتری و ناپارامتری وجود داشت با این تفاوت که در شاخص‌های مبتنی بر BLUP (مانند WAASBY) به عملکرد دانه نیز

به‌طور کلی نتایج نشان داد که برهمکنش اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای عملکرد دانه معنی‌دار بود. مقایسه میانگین‌های پیش‌بینی شده عملکرد دانه با روش BLUP و همچنین آماره‌های مبتنی بر BLUP (آماره‌های - HMRPGV و PRGV، HMGV) نشان داد که ژنوتیپ‌های G10، G8، G18، G9 و G14 با توجه به داشتن بیشترین میانگین پیش‌بینی شده، برتری ویژه‌ای نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها داشتند. بر مبنای بای‌پلات نوع سوم (عملکرد دانه در برابر WASSB) ژنوتیپ‌های شماره‌ی G1، G8، G10، G18 و G19 (گروه چهار) به دلیل عملکرد دانه بالاتر از متوسط کل و مقدار پایین WAASB جزء ژنوتیپ‌های برتر از نظر پایداری و عملکرد دانه بالا

برتر و کاندید برای معرفی رقم و کشت در زمین کشاورزان معرفی شدند.

سپاسگزاری

از همه همکاران مراکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی فارس (ایستگاه داراب)، کرمانشاه، خرم‌آباد، کرج و دزفول که نسبت به اجرا و یادداشت برداری صفات مورد بررسی همکاری مفید و مؤثری داشته‌اند تشکر و قدردانی می‌نمایم.

توجه می‌شود و در روش‌های تجزیه پایداری پارامتری و ناپارامتری انتخاب ژنوتیپ‌ها تنها براساس تجزیه پایداری است و این مطلب کارایی شاخص‌های مبتنی بر BLUP را در انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد دانه بالا را نشان می‌دهد. در مجموع با توجه به نتایج بیشتر روش‌های مبتنی بر BLUP و روش‌های تک متغیره ژنوتیپ‌های G8، G10، G18 و G19 به‌عنوان ژنوتیپ‌های

منابع مورد استفاده

- Aghaee-Sarbarzeh M, Bahari M, Farzadi H, Andarzian B, Dastfal M and NajafiMirak T. 2014. Evaluation of grain yield and its stability in durum wheat genotypes in warm and dry areas of Iran. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 16(1): 1-11. (In Persian). DOR: 20.1001.1.15625540.1393.16.1.1.6
- Ahakpaz F, Abdi H, Neyestani E, Hesami A, Mohammadi B, Nader Mahmoudi K, Abedi-Asl G, Jazayeri Noshabadi MR, Ahakpaz F and Alipour H. 2021. Genotype-by-environment interaction analysis for grain yield of barley genotypes under dryland conditions and the role of monthly rainfall. *Agricultural Water Management*, 245:106665. <https://doi.org/10.1016/j.agwat.2020.106665>
- Alipour H, Abdi H, Rahimi Y and Bihamta MR. 2021. Genotype-by-year interaction for grain yield of Iranian wheat cultivars and its interpretation using Vrn and Ppd functional markers and environmental covariables. *Cereal Research Communications*, 49(4):1-10. <https://doi.org/10.1007/s42976-021-00130-8>
- Barati A, Zali H, Pour-Aboghadare AR, Gholipour A, Koohkan SA, Shahbazi K, Mazooghian A, Jabari M, Poodineh O and Kheirgoo M. 2022a. Investigation of genotype \times environment interaction using path analysis and mixed models in barley superior lines. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 53 (2): 164-178. (In Persian). <https://doi.10.22059/ijfcs.2021.323545.654826>
- Barati A, Zali H, Mazooghian A, Naghipour F, Pour-Aboghadareh A, Askari Kelestani A. 2022b. Selection of hull-less barley lines using the selection index of ideal genotype (SIIG) in Ahvaz and Darab regions. *Crop Production*, 15(2): 7-14. (In Persian). <https://doi.10.22069/ejcp.2022.19690.2468>
- Benakanahalli NK, Sridhara S, Ramesh N, Olivoto T, Sreekantappa G, Tamam N, Abdelbacki AMM, Elansary HO and Abdelmohsen SAM. 2021. A framework for identification of stable genotypes based on MTSI and MGDII Indexes: an example in guar (*Cymopsis tetragonoloba* L.). *Agronomy*, 11: 1221. <https://doi.org/10.3390/agronomy11061221>
- Brennan JP, Aw-Hassan A, Quade KJ and Nordblom TL. 2002. Impact of ICARDA Research on Australian Agriculture, Economic Research Report No. 11. NSW Agriculture, Wagga. <https://hdl.handle.net/20.500.11766/8728>
- Coan MMD, Marchioro VS, Franco FDA, Pinto RJB, Scapim CA and Baldissera JNC. 2018. Determination of genotypic stability and adaptability in wheat genotypes using mixed statistical models. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 20: 1525-1540. DOR: 20.1001.1.16807073.2018.20.7.16.0
- Eberhart SA and Russel WA. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6: 36-40. <https://doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x>
- Francis TR and LW Kannenberg. 1978. Yield stability studies in short-season maize. 1. A descriptive method for grouping genotypes. *Canadian Journal of Plant Science*, 58: 1029-1034. <https://doi.org/10.4141/cjps78-157>

- Gholizadeh A, Ghaffari M and Shariati F. 2021. Use of selection index of ideal genotype (SIIG) in order to select new high yielding sunflower hybrids with desirable agronomic characteristics. *Journal of Crop Breeding*, 13(38): 116-123. (In Persian). <https://doi.10.52547/jcb.13.38.116>
- Haghighatnia, H. and Alhani, F. 2020. Evaluation of irrigation water salinity tolerance indices in new cultivars and lines of safflower. *Iranian Journal of Soil and Water Research*, 51(7): 1181-1821. (In Persian). <https://doi.10.22059/ijswr.2020.299239.668552>
- Henderson CR. 1975. Best linear unbiased estimation and pre-diction under a selection model. *Biometrics*, 31: 423-447. <https://doi.org/10.2307/2529430>
- Holland JB. 2006. Estimating genotypic correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc MIXED. *Crop Science*, 46: 642-654. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.0191>
- Karimizadeh R, Pezeshkpour P, Barzali M, Mehraban A and Sharifi P. 2020. Evaluation the mean performance and stability of lentil genotypes by combining features of AMMI and BLUP techniques. *Journal of Crop Breeding*, 12 (36): 160-170. (In Persian). <https://doi.10.52547/jcb.12.36.160>
- Mirzaei MR, Hemayati, SS. 2021. The effect of environment and maternal plant on germination traits of sugar beet seeds and an approach to select the superior genotype. *Agricultural Research*, 11, 608-614. <https://doi.org/10.1007/s40003-021-00607-2>
- Najafi Mirak T, Dastfal M, Andarzian B, Farzadi H, Bahari M and Zali H. 2018a. Stability analysis of grain yield of durum wheat promising lines in warm and dry areas using parametric and non-parametric methods. *Journal of Crop Production and Processing*, 8 (2): 79-96. (In Persian). <https://doi.10.29252/jcpp.8.2.79>
- Najafi Mirak T, Dastfal M, Andarzian B, Farzadi H, Bahari M and Zali H. 2018b. Assessment of non-parametric methods in selection of stable genotypes of durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. durum). *Iranian Journal of Crop Sciences*, 19(2): 126-138. (In Persian). DOR: 20.1001.1.15625540.1397.20.2.3.8
- Nassar R and Huehn M. 1987. Studies on estimation of phenotypic stability: Tests of significance for non-parametric measures of phenotypic stability. *Biometrics*, 43: 45-53. <https://doi.org/10.2307/2531947>
- Olivoto T, Licio ADC, da Silva JAG, Sari BG and Diel MI. 2019a. Mean performance and stability in multi-environment trials II: selection based on multiple traits. *Agronomy Journal*, 111(6): 2961-2969. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0221>
- Olivoto T, Licio ADC, da Silva JAG, Marchioro VS, de Souza VQ and Jost E. 2019b. 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 and Lucio AD. 2020. Metan: an R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution*, 11: 783-789. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>
- Pour-Aboughadareh A, Yousefian M, Moradkhani H, Poczai P and Siddique KHM. 2019. STABILITYSOFT: A new online program to calculate parametric and non-parametric stability statistics for crop traits. *Applications in Plant Sciences*, 7(1): 1-6. <https://doi.10.1002/aps3.1211>
- Pour-Aboughadareh A, Sanjani S, Nikkiah-Chamanabad H, Mehrvar MR, Asadi A and Amini A. 2021. Identification of salt-tolerant barley genotypes using multiple-traits index and yield performance at the early growth and maturity stages. *Bulletin of the National Research Centre*, 45: 117. <https://doi.org/10.1186/s42269-021-00576-0>
- Resende MDVd. 2002. Software SELEGEND-REML/BLUP. Colombo: EMBRAPA Floresta. <https://doi.10.4236/ajps.2013.412300>
- Resende MDVd. 2016. Software Selegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16: 330-339. <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>

- Sharifi P, Abbasian A, Mohaddesi A. 2021. Evaluation the mean performance and stability of rice genotypes by combining features of AMMI and BLUP techniques and selection based on multiple traits. *Plant Genetic Researchers*, 7 (2):163-180. <https://doi.10.52547/pgr.7.2.13>
- Shukla GK. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity*, 29: 237-245. <https://doi.org/10.1038/hdy.1972.87>
- Smith AB, Cullis BR and Thompson R. 2005. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: An overview of current mixed model approaches. *Journal of Agriculture Science*, 143 (1): 449-462. <https://doi.org/10.1017/S0021859605005587>
- Thennarasu K. 1995. On certain non-parametric procedures for studying genotype-environment interactions and yield stability. Ph.D. Thesis. P. J. School, IARI, New Delhi.
- Zali H, Sofalian O, Hasanloo T, Asgharii A and Hoseini SM. 2015. Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method. *Biological Forum – An International Journal*, 7(2): 703-711. <https://www.researchgate.net/publication/284898993>
- Zali H, Hasanloo T, Sofalian O, Asghari A and Zeinalabedini M. 2017. Appropriate Strategies for Selection of Drought Tolerant Genotypes in Canola. *Journal of Crop Breeding*, 8(20): 77-90. (In Persian). DOR: 20.1001.1.22286128.1395.8.20.7.4
- Zali H, Barati A, Pour-Aboughadareh A, Gholipour A, Koohkan S, Marzoghiyan A, Bocianowski J, Bujak H, Nowosad K. 2023. Identification of superior barley genotypes using selection index of ideal genotype (SIIG). *Plants*, 12: 1-16. <https://doi.org/10.3390/plants12091843>