

Crop Science Research in Arid Regions

homepage: <https://cropscience.uoz.ac.ir/>

Research Article

Volume 7, Issue 2, 2025, P. 337-362

Analysis of gnotype-by-environmental interaction in genotypes of chickpea using AMMI and BLUP- based indices

Payam Pezeshkpour ^{*a}, Davood Fallahi ^b, Rahmatollah Karimizadeh ^c, Amir Mirzaei ^d, Mohammad Barzali ^e

^a Crop and Horticultural Science Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Khorramabad, Iran

^b Department of Computer Engineering and Information Technology, Payam Noor University, Tehran, Iran

^c Dryland Agricultural Research Institute, Kohgiluyeh and Boyerahmad Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gachsaran, Iran

^d Crop and Horticultural Science Research Department, Ilam Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Ilam, Iran

^e Crop and Horticultural Science Research Department., Golestan Agricultural and Natural Resources, Research and Education Center, AREEO, Gonbad, Iran

*Corresponding Author: azizi.kh@lu.ir

Received: 12 December 2023 Accepted: 15 November 2024 DOI: 10.22034/CSRAR.2025.429311.1382

How to cite this article:

Pezeshkpour, P., Fallahi, D., Karimizadeh, R., Mirzaei, A. and Barzali, M., 2025. Analysis of gnotype-by-environmental interaction in genotypes of chickpea using AMMI and BLUP- based indices. *Crop Science Research in Arid Regions*, 7(2), 337-362. <https://doi.org/10.22034/CSRAR.2025.429311.1382>

Abstract

Introduction: Identifying a congenially targeted production environment and understanding the effects of genotype by environmental interactions on the adaptation of chickpea genotypes is essential for achieving an optimal yield stability. Different models like additive main effect and multiplicative interactions (AMMI 1, AMM2), weighted average absolute scores of BLUPs (WAASB), and genotype plus genotype–environment (GGE) interactions were used to understand their suitability in the precise estimation of variance and their interaction.

Chickpea (*Cicer arietinum* L.) is a cool-season grain legume traditionally important in the human diet of Mediterranean and Asian countries that has been increasingly adopted as food globally. GEI can be studied by a number of methods, such as AMMI (additive main effect and multiplicative interaction) analysis or GGE biplot (genotype plus genotype-by environment). However, as long as these methods assume genotypes as random variables, they are not appropriate for analyzing the structure of the linear mixed-effect model (LMM). WAASB (weighted average of absolute scores) has been proposed to better characterize ideal genotypes and a superiority index, WAASBY, to select genotypes based on both yield performance and the WAASB stability score. One of the multivariate methods is AMMI analysis. The BLUP provides reliable estimates, but new insights to deal graphically with a random GEI structure are needed. using LMM, and proposes a new quantitative genotypic stability measure called WAASB, which is the Weighted Average of Absolute Scores from the singular value decomposition of the matrix of BLUPs for the GEI effects generated by an LMM. measure called



©2024 The author(s). This is an open access article distributed under [Creative Commons Attribution 4.0 International License \(CC BY 4.0\)](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).

WAASB, which is the eighted Average of Absolute Scores from the singular value decomposition of the matrix of BLUPs for the GEI effects generated by an LMM. The aim of this study was to evaluate the efficiency of yield stability analysis models and to assess genotype \times environment interaction effect on seed yield of 18 chickpea genotypes for identifying high-yielding and adapted genotypes by BLUP and AMMI models.

Materials and Methods: Seventeen selective advanced genotypes of chickpea from ICARDA with one check variety (Azad) were evaluated across four locations (Gachsaran, Ilam, Gonbad, and Khoramabad) at two growing seasons (2014-2016), in a completely randomized block design with three replications. The data, the analysis of data was performed on 8 environments. Eighteen chickpea genotypes for identifying high-yielding and adapted genotypes by BLUP and AMMI models. Statistical analyses, including simple analysis of variance, combined analysis of variance, and stability analysis carried out by the metan (Multi-environment trial analysis) R package. Five AMMI stability indices, including ASV (AMMI stability value), SIPC (Sum of IPCs scores), EV (Eigenvalue stability parameter of AMMI), Za (Absolute value of the relative contribution of IPCs to the interaction), WASS (Weighted average of absolute scores), and simultaneous selection index (ssi) of these parameters, were used for stability evaluation of genotypes.

Results and Discussion: The results of Likelihood ratio test (LRT) showed that the effect of genotype and genotype \times environment interaction on seed yield was significant. Therefore, the best linear unbiased predictors (BLUPs) analysis was considered appropriate for these data. According to AMMI stability value (ASV) index, genotypes 13, 16, 11, 4 and 6 had more yield stability. Simultaneous selection index (SSIASV) based on ASV identified genotypes 6, 16, 2,5 and 11 in terms of seed yield and yield stability as superior genotypes. Given that by using these simultaneous selection indices, genotypes with different patterns for multivariate trials can be considered similar, the results can be misleading. Based on the first two main components, AMMI2 biplot diagram identified genotypes 18, 12, 6 and 15 as genotypes with yield stability. The results of the mosaic diagram showed that the contribution of genotype and genotype \times environment interaction were 15.45% and 84.55% of the total variation, respectively. Based on weighted average of absolute scores (WAASBY) index using BLUP analysis, genotypes 5, 12, 14, 15 and 18 were identified as high yielding with yield stability.

Conclusion: In general, us in mixed models as well as all the components in calculating the WAASBY index, it can be concluded that this index is superior to other indices. Genotypes 5, 12, 14, and 15 had high yield in most environments, and in most methods had good stability and could be candidates for the introduction of new cultivars.

Keywords: Heatmap plot, Mosaic plot, Single Value Decomposition (SVD), Simultaneous Selection, Weighted average of absolute scores

تجزیه برهمکنش ژنوتیپ - محیط در ژنوتیپ‌های نخود با استفاده از شاخص‌های مبتنی بر مدل BLUP و AMMI

پیام پزشکیپور^{۱*}، داود فلاحی^۲، رحمت‌الله کریمی‌زاده^۳، امیر میرزایی^۴، محمد برزعلی^۵

۱- بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران

۲- گروه مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات، دانشگاه پیام نور تهران، ایران

۳- موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی کهگیلویه و بویراحمد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گچساران، ایران

۴- بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی ایلام، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ایلام، ایران

۵- بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گنبد، ایران

* مسئول مکاتبه: papezeshkpour@yahoo.com

DOI: 10.22034/CSRAR.2025.429311.1382

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۸/۲۵

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۹/۲۱

چکیده

در این پژوهش ۱۷ ژنوتیپ نخود به همراه شاهد آزاد به مدت دو سال زراعی (۹۵-۱۳۹۳) در مناطق خرم‌آباد، ایلام، گچساران و گنبد در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند. تجزیه مقادیر منفرد (SVD) که اساس تجزیه روش اثرات اصلی جمع پذیر و اثرات متقابل ضرب‌پذیر (AMMI) است، بر روی ماتریس حاصله انجام شد. نتایج نسبت درست‌نمایی (LRT) نشان داد که اثر ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط بر عملکرد دانه معنی‌دار بود. بنابراین، تجزیه بهترین پیش‌بینی خطی ناریب (BLUPs) برای این داده‌ها مناسب تشخیص داده شد. بر اساس شاخص ارزش پایداری امی (ASV)، ژنوتیپ‌های ۱۶، ۱۳، ۴ و ۱۱ دارای عملکرد پایدارتر بودند. شاخص انتخاب همزمان (SSIASV) بر اساس ASV، ژنوتیپ‌های ۶، ۱۶، ۵، ۲ و ۱۱ را از نظر عملکرد دانه و پایداری عملکرد، به عنوان ژنوتیپ‌های برتر شناسایی کرد. نمودار بای‌پلات AMMI₂ بر مبنای دو مؤلفه اصلی اول، ژنوتیپ‌های ۱۸، ۱۲، ۶ و ۱۵ را بعنوان ژنوتیپ‌های دارای پایداری عملکرد شناسایی کرد. نتایج نمودار موزائیکی نشان داد که سهم ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط به ترتیب ۱۵/۴۵ درصد و ۸۴/۵۵ درصد از تنوع کل بود. بر اساس شاخص WAASBY مبتنی بر تجزیه BLUP، ژنوتیپ‌های ۵، ۱۲، ۱۴ و ۱۵ پر محصول با عملکرد پایدار شناخته شدند. در مجموع، با توجه به استفاده از مدل مختلط، استفاده از تمام مؤلفه‌های اصلی، تلفیق مدل‌های AMMI و BLUP، استفاده از عملکرد و رتبه پایداری به طور همزمان در محاسبه شاخص WAASBY، به نظر می‌رسد که این شاخص برتر از سایر شاخص‌ها باشد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه مقادیر منفرد، گزینش همزمان، میانگین وزنی نمرات مطلق، نمودار گرمایی، نمودار موزائیکی

مقدمه

خسارت کرم پيله‌خوار کاشته می‌شود (Mazid et al., 2013; Singh et al., 2022). نخود سومین گیاه مهم از گروه حبوبات در جهان و مهم‌ترین آن‌ها در ایران است. سطح زیر کشت نخود در کشور حدود ۴۳۹ هزار هکتار است که از این سطح، سالیانه حدود ۱۶۸ هزار تن نخود برداشت می‌شود (FAO, 2021). کشاورزان نخود کار به ارقامی نیاز دارند که عملکرد بالایی داشته باشند و این خصوصیت مطلوب را در دامنه وسیعی از شرایط محیطی و در طول سال‌های مختلف حفظ نمایند (Zali

نخود بومی منطقه مدیترانه و خاورمیانه است که به طور گسترده‌ای کشت می‌گردد. دانه‌های نخود سرشار از فیبر و پروتئین هستند و منبع خوبی از آهن، فسفر و اسید فولیک هستند (Britannica, 2021). نخود به طور سنتی در رژیم غذایی کشورهای مدیترانه‌ای و آسیایی نقش مهمی دارد، به طور فزاینده‌ای مورد استفاده قرار می‌گیرد، و معمولاً به صورت دیم در اوایل بهار بخاطر کاهش خسارت سرما، بیماری برق‌زدگی و

(*et al.*, 2009).

انجام پژوهش‌هایی برای دستیابی به ارقام جدید نخود که در مقایسه با ارقام موجود دارای پتانسیل عملکرد بیشتر، سازگاری گسترده‌تر و پایداری عملکرد بالاتری باشند، از اهمیت زیادی برخوردار است. پدیده برهمکنش ژنوتیپ در محیط از ارزش ویژه‌ای نزد دانشمندان علوم ژنتیک و به‌نژادی گیاهان زراعی برخوردار است و آگاهی از آن به‌نژادگران گیاهی را کمک می‌کند تا ارزیابی ژنوتیپ‌ها را با دقت بیشتری انجام داده و بهترین ژنوتیپ‌ها را شناسایی کنند (*Sharifi et al.*, 2017).

امکان کاشت نخود در پائیز و زمستان، بخاطر مزیت‌های افزایش درصد جوانه‌زنی بذور، استفاده بهتر از بارندگی در زمستان، افزایش راندمان مصرف آب، ایجاد محصول پابلند، امکان مکانیزه نمودن مراحل کاشت، داشت و برداشت، افزایش تثبیت بیولوژیکی نیتروژن از طریق همزیستی با باکتری ریزوبیوم، افزایش مقاومت ارقام نسبت به خسارت کرم پبله‌خوار، کاهش بیماری پژمردگی فوزاریومی، افزایش دوره رشد زایشی و انتقال مجدد بهتر مواد از اندام‌های رویشی، زودرس‌تر بودن نسبت به کاشت بهاره، بیشتر بودن میزان پروتئین برداشت شده نسبت به کشت بهاره، افزایش پایداری تولید کشاورزان خرده‌پا، ایجاد فرصت‌های شغلی برای کشاورزان فقیر و افزایش میزان تولید محصول بعدی در تناوب مانند غلات دیم به دلیل افزایش حاصلخیزی خاک، وجود دارد (*Iliadis, 2001; Rubiales et al., 2022*). نخود عمدتاً در مناطق خشک و نیمه خشک کشت می‌گردد و بیشتر مواقع در مراحل زایشی و پر شدن دانه در این مناطق با تنش دمای بالا مواجهه می‌گردد (*Krishnamurthy et al.*, 2011).

پایداری عملکرد یک ژنوتیپ ارتباط مستقیمی با برهمکنش ژنوتیپ در محیط داشته و یک ژنوتیپ موفق باید عملکرد و پایداری بالایی در دامنه وسیعی از شرایط محیطی داشته باشد (*Becker and Leon, 1988*). در صورت وجود برهمکنش ژنوتیپ در محیط، لازم است ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد نسبتاً ثابت در دامنه‌ای از محیط‌ها شناسایی شوند. تعیین پایداری و سازگاری ژنوتیپ‌ها توسط محققان مورد مطالعه قرار گرفته است (*Hussein et al., 2000; Katsura et al., 2016*).

با در نظر گرفتن سطح زیر کشت نخود، تنوع شرایط اقلیمی- زراعی مناطق مورد کشت و عکس‌العمل ارقام مختلف

در شرایط محیطی متفاوت، معرفی ارقام پرمحصول که سازگاری وسیع داشته باشند حائز اهمیت است. عملکرد ژنوتیپ‌های نخود تا حد زیادی به محیط بستگی دارد. به‌طور کلی ژنوتیپ، محیط و اثر برهمکنش ژنوتیپ در محیط، عملکرد یک رقم زراعی را تعیین می‌کنند (*Farshadfar, 2008*). سازگاری و پایداری عملکرد دو مفهوم مهم در برنامه‌های اصلاح گیاهان زراعی می‌باشند (*Cooper et al., 1994; José et al., 2008*). توانایی یک ژنوتیپ به دارا بودن حداقل برهمکنش در برابر تغییرات محیطی، تحت عنوان پایداری عملکرد ژنوتیپ تعریف شده است (*Eberhart and Russell, 1966; Falconer and Mackey, 1996*). یکی از عوامل مهم اختلاف بین عملکرد بالقوه (پتانسیل) و عملکرد واقعی، عدم پایداری کافی عملکرد است (*Messina et al., 2011*). فنوتیپ ژنوتیپ‌ها ممکن است در محیط‌های مختلف تفاوت معنی‌داری نشان دهند (*Bocianowski et al., 2019*). مهمترین هدف در تمام برنامه‌های اصلاحی محصولات زراعی افزایش عملکرد است و بهبود عملکرد نیازمند استفاده از روش‌های آماری کارآمد برای تعیین ژنوتیپ برتر است (*Kang, 2020*).

عملکرد تحت تأثیر ژنوتیپ، محیط و برهمکنش ژنوتیپ در محیط قرار می‌گیرد و با توجه به ماهیت چند ژنی آن، شدیداً تحت تأثیر عوامل محیطی است. برهمکنش ژنوتیپ در محیط پدیده‌ای است که به پاسخ مختلف ژنوتیپ‌ها در طیف وسیعی از محیط‌ها اشاره دارد. هر چقدر برهمکنش ژنوتیپ در محیط بیشتر باشد، گزینش ژنوتیپ‌ها مشکل‌تر خواهد بود (*Sharifi, 2020*). نیاز مبرمی به شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار وجود دارد که می‌توانند در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار گیرند (*Singh et al., 2016*).

شناسایی توده‌های سازگار در محیط‌های نامناسب، یک پیش‌نیاز اساسی در برنامه‌های اصلاحی است. برهمکنش ژنوتیپ در محیط زمانی اتفاق می‌افتد که ژنوتیپ‌های مختلف واکنش‌های متفاوتی به محیط‌های در حال تغییر با نوسانات در عملکرد محصول نشان می‌دهند. روش‌های متفاوتی برای ارزیابی اثر برهمکنش ژنوتیپ در محیط به وسیله محققین مختلف ارائه شده است که به طور کلی در دو گروه اصلی روش‌های تک متغیره و چند متغیره تقسیم‌بندی می‌شوند. در میان روش‌های چند متغیره مدل اثرات اصلی جمع‌پذیر و برهمکنش ضرب‌پذیر

(*et al.*, 2008).

هدف از انتخاب برای سازگاری عمومی، شناسایی ژنوتیپی است که تقریباً در همه محیط‌ها عملکرد خوبی داشته باشد. برهمکنش ژنوتیپ در محیط به‌عنوان تغییر نسبی عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف تعریف شده است که به‌عنوان یک چالش برای به‌زادگران محسوب می‌شود و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر را مشکل ساخته و باعث کاهش پیشرفت ژنتیکی می‌شود (*Cattivelli et al.*, 1994). متداول‌ترین روش تجزیه آزمایش‌های چند محیطی مبتنی بر فرض یکنواختی واریانس خطا در همه محیط‌های مورد آزمایش است، اما اغلب این موضوع در عمل اتفاق نمی‌افتد و می‌تواند صحت ارزیابی ژنوتیپ‌ها را محدود نماید. پر واضح است که در چنین آزمایش‌هایی، به علت اختلاف عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌ها، واریانس برهمکنش ژنوتیپ در محیط تغییر کرده و واریانس باقیمانده^۷ در محیط‌ها به علت تفاوت در شرایط طبیعی (خاک، آب و هوا) و همچنین عملیات اجرایی در محیط‌های مختلف تغییر می‌کند (*Hussein et al.*, 2000).

روش‌های AMMI و GGE بای‌پلات از روش‌های پارامتری چند متغیره هستند. علاوه بر روش‌های یاد شده، بهترین پیش‌بینی‌های خطی ناریب (BLUP)ها^۸ نیز برای ارزیابی داده‌های آزمایش‌های چند محیطی پیشنهاد شده است. بهترین پیش‌بینی‌های خطی ناریب، میانگین اثرات تصادفی را با دقت بالا، به ویژه در مدل‌های مختلط، مانند اثر مختلط خطی (LMM) تخمین می‌زند (*Smith et al.*, 2005). مدل‌سازی الگوهای برهمکنش ژنوتیپ در محیط با تجزیه AMMI در نخود به وسیله پژوهشگران زیادی انجام شده است (*Funga et al.*, 2017; *Erdemci et al.*, 2018; *Pezeshkpour et al.*, 2021; *Mohammed et al.*, 2022).

در سال‌های اخیر از مزایای دو روش AMMI و BLUP به صورت همزمان و تلفیقی استفاده شده است که در آن، یک ماتریس برهمکنش ژنوتیپ در محیط با مدل مختلط خطی مبتنی بر BLUP بدست می‌آید و از تجزیه این ماتریس با یک روش شبه - AMMI با تجزیه ارزش منفرد (SVD)^۹، یک

(AMMI) و مدل گرافیکی GGE بای‌پلات از اهمیت بالایی برخوردار هستند. روش AMMI در واقع ترکیبی از مدل تجزیه واریانس و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی است. دلیل استفاده گسترده از این مدل قدرت تفکیک بالای اثرات اصلی و برهمکنش ژنوتیپ در محیط و نیز توجه بخش بزرگی از مجموع مربعات برهمکنش می‌باشد (*Ebdon and Gauch*, 2002). بای‌پلات‌ها، ابزارهای گرافیکی بسیار مؤثری هستند که برای نمایش روابط بین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها به صورت بصری و برای تجزیه و تحلیل برهمکنش ژنوتیپ در محیط به طور گسترده مورد استفاده قرار می‌گیرند (*Woldemeskel et al.*, 2021).

مدل^۱ AMMI بجز مزیت‌هایی که دارد نواقصی مانند حساسیت به حضور داده‌های پرت (*Rodrigues et al.*, 2016)، و عدم وجود موارد موفقیت آمیز تحلیل مدل خطی اثرات مختلط (LMM)^۲ دارد. در آزمایش‌های چند محیطی (MET)^۳، عملکرد تحت تأثیر اثرات ژنوتیپ، محیط و برهمکنش‌های ژنوتیپ در محیط قرار می‌گیرد. برهمکنش ژنوتیپ در محیط را می‌توان با تعدادی از روش‌های تجزیه‌ای مانند اثر اصلی افزایشی و برهمکنش ضرب‌پذیر (AMMI) و GGE بای‌پلات^۴ بررسی نمود (*Yan et al.*, 2000). تا زمانی که در روش‌های AMMI و GGE بای‌پلات، ژنوتیپ‌ها را به‌عنوان متغیرهای تصادفی فرض کنند، برای تحلیل، ساختار مدل خطی اثر مختلط (LMM) مناسب نیستند (*Olivoto et al.*, 2019 a). شاخص WAASB^۵ (میانگین وزنی نمرات مطلق) برای توصیف بهتر ژنوتیپ‌های ایده‌آل و شاخص برتری WAASBY^۶ برای انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس عملکرد و رتبه پایداری پیشنهاد شده است (*Yan et al.*, 2000; *Olivoto et al.*, 2019 b). جهت دستیابی ارقام با عملکرد بالاتر در محیط‌های ایده‌آل، سازگاری آنها در محیط‌های مختلف مورد بررسی قرار می‌گیرد که این موضوع تحت عنوان سازگاری خصوصی نامیده می‌شود (*Baquedano et al.*, 2008).

در سازگاری خصوصی ژنوتیپ در یک محیط خاص که دارای عملکرد مطلوب می‌باشد معرفی می‌گردد (*Baxevanos*)

⁶ - Weighted average of WAASB and response variable (WAASBY)

⁷ - Residual

⁸ - Best linear unbiased predictors, BLUPs

⁹ - Singular value decomposition

¹ - Additive Main effect and Multiplicative

² - Linear mixed-effects models

³ - Multi-environment trials (MET)

⁴ - Genotype + Genotype × Environment

⁵ - Weighted average of absolute scores, WAASB

شده در تجزیه پایداری برای شناسایی ژنوتیپ‌های پر محصول نخود سازگار با شرایط آب و هوایی مناطق دیم کشور به صورت کاشت پاییزه با بهره‌گیری از شاخص‌های مختلف AMMI و ترکیب دو روش AMMI و BLUP، با شاخص‌های WAASB و WAASBY و همچنین ترسیم نمودارهای مختلف برای درک بهتر اثر متقابل ژنوتیپ در محیط بوده است.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق به منظور بررسی پایداری و الگوی سازگاری ژنوتیپ‌ها، ۱۷ ژنوتیپ پیشرفته نخود کابلی همراه با رقم آزاد (شاهد) در یک آزمایش مقایسه عملکرد به صورت کشت پاییزه دیم طی دو سال زراعی (۹۵-۱۳۹۳) مورد ارزیابی قرار گرفتند. مناطق اجرای آزمایش شامل خرم‌آباد (اقلیم معتدل و نیمه مرطوب)، گچساران (معتدل و نیمه خشک، ایلام (نیمه گرم و نیمه مرطوب) و گنبد (مدیترانه ای، گرم و خشک) بودند. مشخصات جغرافیایی ایستگاه‌های محل اجرای آزمایش و کد آن‌ها در جدول ۱ و نام، مبدأ و کد ژنوتیپ‌های نخود مورد بررسی در جدول ۲ ارائه شده است.

طرح مورد استفاده در هر آزمایش، بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار بود. هر ژنوتیپ در یک کرت شامل چهار خط به طول چهار متر و فاصله بین خطوط ۳۰ سانتی‌متر کشت شد. فاصله بوته‌ها روی ردیف هفت سانتی‌متر بود. میزان بذر در هر ردیف کاشت ۶۰ عدد در نظر گرفته شد (Zali et al., 2009).

عملیات تهیه زمین شامل شخم، دیسک، تسطیح و استفاده از دستگاه فاروئر برای تهیه جوی و پشته به‌طور معمول انجام شد. کلیه عملیات داشت شامل کود دهی و وجین به‌صورت یکسان برای همه کرت‌ها انجام شد. برداشت محصول پس از حذف حاشیه شامل دو ردیف کناری و ۲۵ سانتیمتر از ابتدا و انتهای هر کرت، از سطحی معادل ۲/۱ مترمربع انجام شد.

داده‌ها از تمام محیط‌ها برای نرمال بودن تحت آزمون شاپیرو-ویلک^۲ قرار گرفتند. برای بررسی یکنواختی واریانس خطای آزمایش‌ها، آزمون بارتلت انجام شد، سپس با ثابت در نظر گرفتن اثر ژنوتیپ و تصادفی در نظر گرفتن اثر محیط، تجزیه واریانس مرکب صورت گرفت.

معیار پایدار ژنوتیپی به نام شاخص پایداری میانگین وزنی نمرات مطلق (WASSB) محاسبه می‌شود که در حقیقت حاصل تلفیق دو روش AMMI و BLUP است و قادر به وزن‌دهی بین صفت وابسته (عملکرد دانه) و پایداری عملکرد است (Olivoto et al., 2019a; Olivoto et al., 2019b). علاوه بر این شاخص، شاخص دیگری به نام WAASBY نیز معرفی شده است که در آن، هر دو معیار عملکرد و پایداری عملکرد همزمان در نظر گرفته می‌شوند تا علاوه بر کاهش برهمکنش ژنوتیپ در محیط، گزینش‌ها دقیق‌تر و قابل ارزیابی باشند (Olivoto et al., 2019 a).

در این شاخص به نژادگر بسته به هدف اصلاحی خود، وزن‌های متفاوتی به هر کدام از دو معیار میانگین عملکرد یا پایداری عملکرد داده و ارزیابی ژنوتیپ‌ها را بر اساس آن انجام می‌دهد. پزشکپور و کریمی‌زاده (Pezeshkpour and Karimizadeh, 2023) با بررسی ۱۷ ژنوتیپ پیشرفته نخود به همراه دو شاهد عادل و آزاد با استفاده از تلفیق مدل‌های AMMI و BLUP و شاخص‌های WAASBY و GGE پایلات بیان کردند که ژنوتیپ FLIP06-43C پایدار می‌باشد و چهار مؤلفه اصلی اول سهم قابل توجهی در توجیه برهمکنش ماتریس ژنوتیپ در محیط حاصل از BLUP را داشتند.

کریمی‌زاده و همکاران (Karimizadeh et al., 2021) با ارزیابی کارایی مدل‌های AMMI و BLUP و تلفیق آن‌ها برای شناسایی ژنوتیپ‌های گندم پرمحصول دوروم، بیان کردند که نتایج آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT)^۱ نشان داده است که اثر ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط بر عملکرد دانه معنی‌دار بوده است و بر اساس شاخص WAASBY مبتنی بر تجزیه BLUP، پنج ژنوتیپ پرمحصول و پایدار معرفی شدند.

دستیابی به ارقامی که بتواند به طیف گسترده‌ای از مناطق سازگار باشد، یکی از ضرورت‌های مهم در برنامه‌های به نژادی است از آنجا که تجزیه واریانس مرکب، فقط اطلاعاتی درباره برهمکنش ژنوتیپ و محیط به دست می‌دهد، تعیین میزان پایداری عملکرد ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی آنها برای دستیابی به ارقام مناسب ضروری می‌باشد.

هدف از پژوهش حاضر، ارزیابی کارایی مدل‌های استفاده

² - Shapiro-Wilk

¹- Likelihood Ratio Test, LRT

جدول ۱- اطلاعات آب‌وهوایی و مشخصات ایستگاه‌های محل اجرای آزمایش (۱۳۹۳-۱۳۹۵)

Table 1- Meteorological and geographical information of experimental locations (2014-2016)

مکان	طول و عرض جغرافیایی	ارتفاع از سطح دریا	سال زراعی	کد	میانگین دمای گرمترین ماه	میانگین دمای سردترین ماه	تبخیر	بارندگی
	Longitude and latitude	Height above sea level (m)	Crop year	Code	Average temperature of the hottest month	Average temperature of the coldest month	Evaporation (mm)	Rainfall(mm)
خرم‌آباد Khoramabad	37 ° 28' N	1170	2014-2015	E1	40.4	-5.2	1224	326.3
خرم‌آباد Khoramabad	48 ° 21' E	1170	2015-2016	E2	39	-5.4	1068	743.4
ایلام Ilam	33 ° 38' N	970	2014-2015	E3	41	-4.6	1102.2	325.8
ایلام Ilam	46 ° 24' E	970	2015-2016	E4	46.5	-2.6	936.6	738.8
گچساران Gachsaran	30 ° 21' N	722	2014-2015	E5	47	-1.2	1324	351.6
گچساران Gachsaran	50° 48' E	722	2015-2016	E6	43.2	-1.8	1214	390.1
گنبد Gonbad	37 ° 17' N	52	2014-2015	E7	47.2	-0.9	638.7	279.4
گنبد Gonbad	55° 18' E	52	2015-2016	E8	45.3	-0.8	613	521.5

جدول ۲- نام، مبدأ* و کد ژنوتیپ‌های نخود مورد مطالعه

Table 2- Name, origin and code of the chickpea genotypes

نام ژنوتیپ	کد
Name Genotype	Code
FLIP03-63C	G1
FLIP03-87C	G2
FLIP05-16C	G3
FLIP03-123C	G4
FLIP03-145C	G5
FLIP01-24C	G6
FLIP05-183C	G7
FLIP05-19C	G8
FLIP05-18C	G9
FLIP07-21C	G10
FLIP07-31C	G11
FLIP07-32C	G12
FLIP07-91C	G13
FLIP08-12C	G14
FLIP08-23C	G15
FLIP01-52C	G16
FLIP88-85C	G17
Azad	G18

* مبدأ کلیه ژنوتیپ‌ها مرکز تحقیقات بین‌المللی مناطق خشک (ایکاردا) می باشد

آزمایش‌های چند محیطی Metan (Olivoto, 2019) و GGE (Wright and Laffont, 2018) در نرم افزار R انجام شد. از پارامترهای تجزیه امی و همچنین پارامترهای مبتنی بر تجزیه

هر محیط ترکیبی از سال و مکان بود. بنابراین، هشت محیط برای تجزیه و تحلیل پایداری ۱۸ ژنوتیپ و رقم در نظر گرفته شد. تجزیه‌های آماری با استفاده از بسته تجزیه

(WAASB)، پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها در محیط‌ها ارزیابی گردید (Olivoto et al., 2019 a). در تمام این شاخص‌ها، ژنوتیپ‌های با مقادیر پایین این شاخص‌ها، پایدارترین ژنوتیپ‌ها در نظر گرفته شدند.

AMMI که شامل ASV^1 ، $SIPC^2$ ، EV^3 ، ZA^4 ، SSI^5 ، WAASBY و WAASB روی ماتریس برهمکنش ژنوتیپ در محیط حاصل از بهترین پیش بینی ناریب خطی (BLUP) استفاده شد (جدول ۳). با استفاده از میانگین وزنی نمرات مطلق حاصل از تجزیه ارزش منفرد ماتریس BLUPs

جدول ۳- شاخص‌های تجزیه پایداری

Table 3- Stability analysis indices

شماره Code	شاخص Index	فرمول Formula	رفرنس References
(۱)	ارزش پایداری امی AMMI stability value (ASV)	$ASV = \sqrt{\left[\frac{SSIPC1}{SSIPC2} (IPC1) \right]^2 + (IPC2)^2}$	Purchase et al., 2000
(۲)	مجموع نمره‌های محورهای مؤلفه‌ها Sum of IPCs scores (SIPC)	$SIPC = \sum_{n=1}^N \lambda_n^{0.5} \gamma_{in}$	Sneller et al., 1997
(۳)	مقدار ویژه پارامتر پایداری AMMI Eigenvalue (EV) stability parameter of AMMI	$EV = \sum_{n=1}^N \gamma_{in}^2 / n$	Zobel et al., 1988
(۴)	قدرمطلق سهم نسبی IPC در برهمکنش Absolute value of the relative contribution of IPCs to the interaction (Za)	$Za_i = \sum_{n=1}^N \theta_n \gamma_{in} $	Zali et al., 2012
(۵)	شاخص انتخاب همزمان Simultaneous selection index (ssi)	$SSI = R(\text{AMMI stability Indices}) + RY$	Farshadfar, 2008
(۶)	میانگین وزنی نمرات مطلق Weighted average of absolute scores (WAASB)	$WAASB_i = \frac{\sum_{k=1}^p IPCA_{ik} \times EP_k }{\sum_{k=1}^p EP_k}$	Olivoto et al., 2019 b

شاخص‌ها هستند. در رابطه ۵، شاخص گرینش همزمان، حاصل جمع رتبه ژنوتیپ‌ها بر پایه هرکدام از شاخص‌های پایداری AMMI و رتبه میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها در تمام محیط‌ها است.

در رابطه ۶، $IPCA_{ik}$ ، نمره ژنوتیپ k امین محور مؤلفه اصلی برهمکنش (IPCA)، و EP_k ، واریانس توجیه شده توسط k امین IPCA است. ژنوتیپ با کمترین مقدار WAASB پایدار در نظر گرفته می‌شود (Olivoto et al., 2019 b). نمودارهای بای‌پلات نوع اول ($IPCA_1$ vs grain yield) و نوع دوم ($IPCA_1$ vs $IPCA_2$) AMMI₁ با روش استاندارد توضیح داده شده توسط زوبل و همکاران

نسبت $SSIPC_1/SSIPC_2$ در رابطه ۱، وزن ویژه شده برای مؤلفه اصلی نخست (IPC_1) است که از تقسیم مجموع مربعات IPC_1 بر مجموع مربعات IPC_2 (محور مؤلفه اصلی دوم) بدست آمده است. در رابطه ۲، λ_n ، ریشه مشخصه IPC در n امین محور است که برای $SIPC_1$ و $SIPC_2$ به ترتیب برابر با ۱ و تعداد مؤلفه‌های اصلی باقیمانده در مدل است. در رابطه‌های ۳ و ۴، γ_{in} ، ریشه مشخصه n امین محور و N (N' در رابطه ۴)، تعداد مؤلفه‌های اصلی معنی‌دار شده در تجزیه واریانس AMMI با آزمون F است. در رابطه ۴، درصد مجموع مربعات توجیه شده به وسیله n امین محور IPC با θ_n نشان داده شده است. در تمام این رابطه‌ها، پایدارترین ژنوتیپ‌ها، دارای کمترین مقادیر این

⁴ - Absolute value of the relative contribution of IPCs to the interaction, Za

⁵ - Simultaneous selection index, SSI

¹ - AMMI stability value, ASV

² - Sum of IPCs scores, SIPC

³ - Eigenvalue stability parameter of AMMI

(Zobel et al., 1988) با بسته Metan کشیده شدند.

اجزای واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) برآورد شدند و برای ارزیابی معنی‌داری اثرهای تصادفی، آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT) به کار گرفته شد. از کمیت‌های پایداری WAASBi و WAASBYi برای کمی

سازی پایداری با رابطه‌های γ و λ بهره گرفته شد.

$$WAASBi = \frac{\sum_{k=1}^p |IPCA_{ik} \times EP_k|}{\sum_{k=1}^p EP_k} \quad (7)$$

(8)

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

که در آن، WAASBi، میانگین وزنی نمرات مطلق ژنوتیپ i ، $IPCA_{ik}$ ، نمره ژنوتیپ i در K امین محور مؤلفه اصلی برهمکنش (IPCA)، و EP_k ، مقدار واریانس توجیه شده توسط K امین IPCA است. ژنوتیپ با کمترین مقدار WAASB پایدار در نظر گرفته می‌شود (Olivoto et al., 2019 b). انتخاب همزمان برای میانگین عملکرد و پایداری (MPS)² با شاخص WAASBY انجام شد که در آن به میانگین عملکرد (Y) و شاخص پایداری (WAASB) وزن داده می‌شود و $WAASBY_i$ ، میانگین وزنی WAASB و عملکرد دانه (GY) برای ژنوتیپ i ، W_Y ، وزن داده شده به متغیر پاسخ (در این مورد، عملکرد دانه)، GY_i ، میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ i با توجه به تمام محیط‌ها، GY_{max} ، بالاترین متوسط عملکرد دانه مشاهده شده، W_S ، وزن نسبت داده شده به شاخص پایداری (در این مورد، شاخص WAASB)، $WAASBi$ ، میانگین وزنی نمرات مطلق ژنوتیپ i ، $WAASB_{min}$ ، کمترین مقدار WAASB مشاهده شده در بین ژنوتیپ‌ها است. جنبه‌های دیگری از تلفیق دو روش AMMI و BLUP بهره‌گیری از ابزارهای گرافیکی تجزیه AMMI در شاخص‌های برآورده شده است. به طوری که برای کمک به تفسیر چشمی، گرافیک‌هایی برای نشان دادن میانگین متغیر پاسخ در برابر WAASB ایجاد شدند (Olivoto et al., 2019 a). این ابزارهای گرافیکی که در پدیدآوری آن‌ها از ابزارهای AMMI و بای‌پلات‌های GGE بهره گرفته می‌شوند، برای نشان دادن چشمی جایگاه ژنوتیپ‌ها از نظر پایداری و میزان عملکرد بسیار کاربردی هستند. وراثت پذیری عمومی ($H2 = VG/VP$) برای عملکرد با استفاده از

مقادیر BLUP در مکان‌ها و سال‌ها با تقسیم تنوع ژنوتیپی به تنوع کل برآورد شد (Piepho and Möhring, 2007).

نتایج و بحث

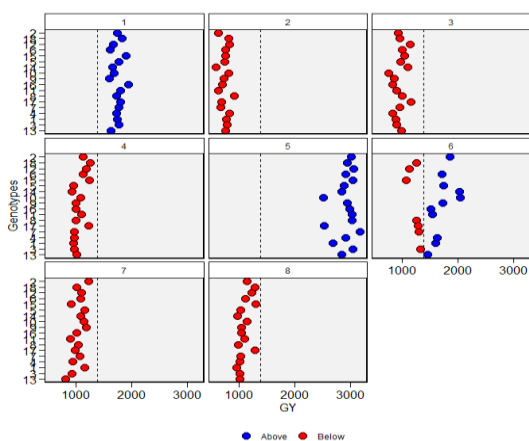
تعیین سهم مؤلفه‌ها در برهمکنش ژنوتیپ در محیط و نمودار گرمایی و موزائیکی

واریانس برآورد شده به سه جزء واریانس ژنوتیپی، برهمکنش ژنوتیپ در محیط و باقیمانده تفکیک شد. بر اساس اطلاعات جدول ۴، ۳۱/۲۶ درصد از واریانس توسط برهمکنش ژنوتیپ در محیط توجیه می‌شود، حال آنکه اثر ژنوتیپ، تنها توجیه کننده ۱۵/۴۵ درصد از واریانس برآورد شده است. عمده واریانس (۵۳/۲۹ درصد) نیز توسط اثر باقیمانده توجیه گردید. اثر باقیمانده عمدتاً^۱ به اثر محیط مربوط می‌شود که با توجه به تفاوت‌های زیاد بین محیط‌های آزمایشی از نظر ویژگی‌های خاک، مقدار و پراکنش بارندگی و سایر عوامل قابل توجیه است. نتایج تحقیقات محققان روی نخود نیز نشان داده است که بخش عمده واریانس توسط اثر محیط توجیه می‌شود (Tekalign et al., 2017; Brankovic-Radojic et al., 2018). تجزیه واریانس جداگانه در هر کدام از محیط‌ها نشان داد که اثر ژنوتیپ در پنج محیط از هشت محیط مطالعه شده معنی‌دار بود (نتایج ارائه نشده‌اند). بنابر این ژنوتیپ‌ها در محیط‌های آزمایشی دارای تنوع کافی بودند و برای ارزیابی برهمکنش ژنوتیپ × محیط نیاز به تجزیه‌های پایداری بود. متوسط عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها بین ۱۲۶۶ (برای ژنوتیپ ۱۳) تا ۱۵۱۰ (برای ژنوتیپ ۲) کیلوگرم در هکتار متغیر بود. در این پژوهش اثر محیط بیشترین سهم را در توجیه مجموع مربعات کل به خود اختصاص داد که این موضوع نشان دهنده دامنه وسیع‌تر اثرات اصلی محیط نسبت به اثرات اصلی داده نشده است) برای هر محیط واریانس ساده (داده‌ها نشان داده نشده است) برای هر محیط انجام و آزمون بارتلت برای بررسی همگن بودن واریانس‌های خطای آزمایش‌ها نیز انجام شد. با انجام آزمون بارتلت روی داده‌های هشت محیط، فرض همگنی واریانس خطاهای آزمایش مورد تأیید قرار گرفت ($\chi^2=7/86^{ns}$). مقادیر محاسبه شده برای چولگی (۱/۵۴)، کشیدگی (۲/۴۹) و عدم معنی‌دار بودن سطح

² - Mean performance and stability, MPS

¹ - Restricted maximum likelihood, REML

(۷) و گنبد (۴ و ۸) کمترین تغییرات عملکرد کلی را طی دو سال داشته‌اند، در حالیکه مقدار این تغییرات در ایستگاه‌های خرم آباد (۱ و ۵) و ایلام (۲ و ۶) بالاست (شکل ۱-ب). این موضوع می‌تواند از نوسان‌های بیشتر در وضعیت اقلیمی دو سال آزمایش در این دو منطقه ناشی شود. پژوهشگران دیگری نیز واکنش‌های متفاوت ژنوتیپ‌های نخود را در محیط‌های مختلف گزارش کرده‌اند (Azam *et al.*, 2020; karimizadeh *et al.*, 2020; Sellami *et al.*, 2021; Dhuria and Babbar, 2021; Pezeshkpour *et al.*, 2022; Jorben *et al.*, 2022).

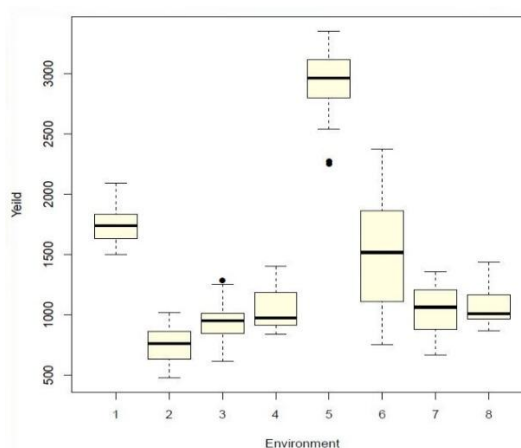


شکل ۱- نمایش باکس پلات میانگین عملکرد دانه (الف) و عملکرد ژنوتیپ‌ها (ب) در محیط‌های هشت گانه

Figure 1- Boxplot showing average seed yield in eight environments

است، به گونه‌ای که ستون اول در برگیرنده ۳۴/۳۱ درصد از کل مساحت مربع است و اولین مؤلفه اصلی از مجموع مربعات کل را تشکیل می‌دهد. ستون (مؤلفه اصلی) دوم ۳۱/۳۸ درصد از مجموع مربعات کل را در بر می‌گیرد. این دو مؤلفه اصلی، با یکدیگر ۶۵/۶۹ درصد از مجموع مربعات کل، ۱۴/۰۶ درصد (۱۰/۷۶ درصد + ۳/۳ درصد) از مجموع مربعات ژنوتیپ را تشکیل می‌دهند. در هر ستون، ردیف‌های نمودار موزائیکی، آن ستون (یا محور مؤلفه اصلی) را به بخش برآمده از مجموع مربعات ژنوتیپ و بخش برآمده از مجموع مربعات ژنوتیپ در محیط تقسیم می‌کند. با توجه به اینکه سهم ژنوتیپ (۹/۲۸ درصد) در نخستین محور مؤلفه اصلی کمتر از اثر ژنوتیپ در محیط (۹۰/۷۲ درصد) است، نمی‌توان این محور را محور ژنوتیپ نامید و بر اساس آن تفاوت میانگین ژنوتیپ‌ها را از نظر عملکرد دانه با یکدیگر سنجید. بنابراین توجه به سایر مؤلفه‌ها

احتمال ($P < 0.06$) بر اساس آزمون کولموگروف - اسمیرنوف (Smirnov, 1948; Sa'diyah and Hadi, 2016) نشان‌دهنده نرمال بودن توزیع داده‌ها هست. با مقایسه داده‌های بارندگی و متوسط درجه حرارت در زمان آزمایش و داده‌های دراز مدت، به نظر می‌رسد که بیشترین میزان کاهش عملکرد ناشی از کاهش بارندگی و افزایش درجه حرارت و به عبارتی عوامل ناشی از تغییرات تصادفی سال می‌باشد. این نتیجه در بر همکنش معنی دار ژنوتیپ \times سال نیز دیده می‌شود. در شکل ۱ - الف، میانگین عملکرد ژنوتیپ‌ها در هر یک از محیط‌ها به نمایش گذاشته شده است. همانگونه که مشخص است، ایستگاه‌های گچساران (۳) و

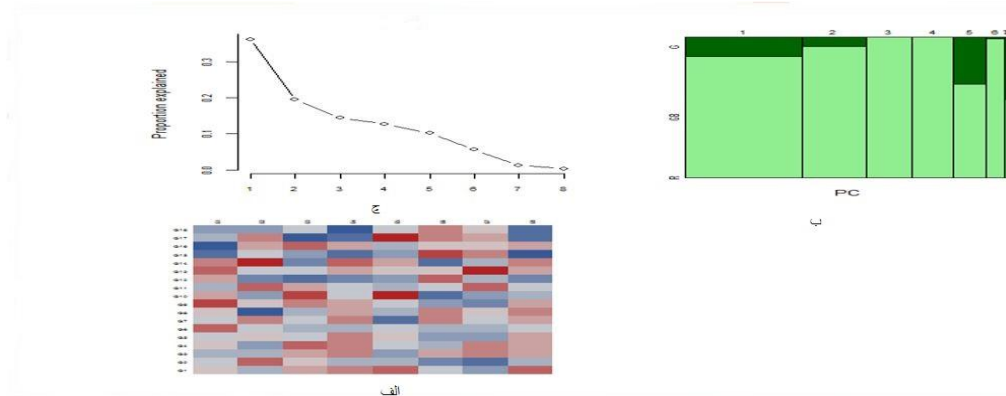


ارزیابی فاکتورهای تصادفی و ثلثت، برآورد اجزای واریانس و تخمین میانگین‌های پیش بینی شده

پیش از تجزیه پایداری، مجموع مربعات کل (TSS) به دو جزء مجموع مربعات ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط با بهره‌گیری از نمودار موزائیکی از یکدیگر جدا شدند. در این نمودار که به وسیله لافونت و همکاران (Laffont *et al.*, 2007) پیشنهاد شده است، کل مربع نمودار ۱۰۰ درصد مجموع مربعات کل است و نواحی با رنگ تیره تنوع کل ناشی از اثر ژنوتیپی یا اختلاف بین میانگین ژنوتیپ‌ها را نشان می‌دهد که در این تحقیق ۱۵/۴۵ درصد از تنوع کل است و نواحی با رنگ روشن، تنوع ناشی از برهمکنش ژنوتیپ در محیط را نشان می‌دهد که ۸۴/۵۵ درصد از تنوع کل را در بر می‌گیرد (شکل ۲-ب). ستون‌های این نمودار وابسته به محورهای مؤلفه اصلی

از BLUP داشتند (شکل ۳)، به طوری که مؤلفه اصلی اول و دوم به ترتیب ۳۴/۳۱ و ۳۱/۳۸ درصد از تغییرات را توجیه کردند، بنابراین نتایج تجزیه پایداری فقط بر اساس مؤلفه‌های اصلی اول و دوم ممکن است نتایج اشتباهی در پی داشته باشد، چون این دو مؤلفه در مجموع ۶۵/۶۹ درصد (مؤلفه اول ۳۴/۳۱ درصد و مؤلفه دوم ۳۱/۳۸ درصد) از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ در محیط را توجیه می‌کنند، لذا استفاده از مؤلفه‌های سوم، چهارم و پنجم که سهم قابل توجهی در توجیه برهمکنش ژنوتیپ در محیط دارند می‌تواند نتایج مطمئن‌تری را ارائه دهد. با توجه به بهره‌گیری از مدل مختلط LMM^۲ در تجزیه داده‌ها، از آزمون نسبت درست نمایی LRT^۳ برای ارزیابی معنی‌داری عوامل آزمایشی استفاده شد. نتایج نشان داد که اثر ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ × محیط بر عملکرد دانه معنی‌دار بود.

نیز در بررسی اثر اصلی ژنوتیپ ضروری است. مجموع مربعات محور مؤلفه اصلی دوم، سهم کمتری از اثرهای ژنوتیپ در محیط (۹۶/۷ درصد) را نسبت به اثرهای ژنوتیپ (۳/۳ درصد) دارد، بنابراین می‌توان این ستون را به عنوان محور برهمکنش ژنوتیپ در محیط نام نهاد، هر چند نقش مؤلفه‌های بعدی به ویژه پنجم با سهم ۳۸ درصد را نمی‌توان در این برهمکنش نادیده گرفت و باید از آن برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف بهره گرفت، بنابراین ارزیابی ژنوتیپ‌ها در رابطه با عملکرد و پایداری باید بر اساس مجموعه مؤلفه‌ها باشد. از آزمون اسکریت^۱ برای شناسایی بهترین شمار مؤلفه‌های توجیه کننده برهمکنش ژنوتیپ در محیط استفاده شد. نتایج نشان داد که تا مؤلفه اصلی پنجم هر کدام از مؤلفه‌ها سهم قابل توجهی در توجیه برهمکنش ماتریس ژنوتیپ در محیط حاصل



شکل ۲- پیش تجزیه‌های برهمکنش ژنوتیپ در محیط (GEI)^۱. الف. نمودار گرمایی پراکنش عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌ها، ب. نمودار موزائیکی جهت نمایش سهم مؤلفه‌ها از واریانس G+GE، ج. ریشه مشخصه ماتریس GEI

Figure 2- Pre-analysis of GEI. a. Heatmap plot for yield of genotypes in environments; b. Mosaic plot for indication of PCs contribution in G+GE; c. Eigenvalues of the BLUP_GEI matrix

ژنوتیپ در محیط و باقیمانده به واریانس فنوتیپی نشان داد که این سه جزء به ترتیب ۱۵/۴۵ درصد، ۳۱/۲۶ درصد و ۵۳/۲۹ درصد از واریانس فنوتیپی را توجیه کردند (جدول ۴). همانطور که ملاحظه می‌شود واریانس فنوتیپی پایین‌ترین سهم را از واریانس فنوتیپی داشت. این موضوع حاکی از تأثیر پایین ژن‌ها در ایجاد تنوع میان ژنوتیپ‌ها بود، بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه، تحت تأثیر شرایط محیطی قرار گرفتند. از آنجایی که نسبت تنوع ژنتیکی به محیطی کمتر است، کارایی گزینش کاهش خواهد یافت و شناسایی و انتخاب

برهمکنش معنی‌دار ژنوتیپ در محیط نشان داد که بیان فنوتیپی عملکرد دانه یک ژنوتیپ ممکن است در یک محیط بیشتر و در محیطی دیگر کمتر باشد (Thennarsu, 1995)، بنابراین تجزیه BLUP برای چنین داده‌هایی مناسب است (Olivoto et al., 2019 a)، و از این رو اقدام به برآورد بهترین پیش‌بینی‌های ناریب خطی (BLUP ها) گردید و تجزیه پایداری به روش AMMI روی این BLUP ها انجام شد. ارزیابی نسبت اجزای واریانس برآورد شده به روش درست نمایی محدود شده (REML) شامل واریانس فنوتیپی، برهمکنش

^۳ - Likelihood ratio test

^۴ - Genotype × environment interaction (GEI)

^۱ - Screenshot

^۲ linear mixed-effect model

همچنین نسبت این دو ضریب تغییرات به ترتیب برابر با ۶/۲۶ درصد، ۱۱/۶۲ درصد، و ۰/۵۳ بود. نسبت برهمکنش ژنوتیپ در محیط بر اثر ژنوتیپی دو برابر بود. برای افزایش دقت پیش‌بینی، استفاده از مدل‌های آماری با طولانی‌پیش‌بینی بهتر همچون بهترین پیش‌بینی نارایب خطی (BLUP)، یکی از گزینه‌های پیش‌روی به نژادگران است که تجزیه پایداری به روش AMMI می‌تواند بر روی این پیش‌بینی‌ها انجام شود (Olivoto et al., 2019a). بر اساس نتایج تجزیه واریانس AMMI، اثر محیط، و برهمکنش ژنوتیپ در محیط معنی‌دار بود (نتایج ارائه نشده). پنج مؤلفه اصلی اول نقش مهمی در توجیه برهمکنش ژنوتیپ در محیط داشتند. این مؤلفه‌های اصلی در مجموع ۹۶/۲ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ در محیط را توجیه می‌کردند. اثر معنی‌دار محیط، و برهمکنش ژنوتیپ × محیط نشان‌دهنده پیش‌زمینه گسترده مواد ژنتیکی و تنوع مکان‌های آزمایشی و سال‌های زراعی است. نتایج تحقیقات پیشین نیز اثر ژنتیکی و برهمکنش ژنوتیپ در محیط را برای عملکرد دلنه نخود گزارش داده‌اند (Tamang et al., 2022; Danyali et al., 2012; Rashidi et al., 2013; Sellami et al., 2021). وجود برهمکنش ژنوتیپ در محیط، نیاز به تشخیص سازگاری عملکرد ژنوتیپ‌ها را بر اساس ارزیابی در چند مکان و سال نشان می‌دهد. کاهش برهمکنش ژنوتیپ در محیط متضمن گزینش ژنوتیپ‌هایی با بالاترین پایداری عملکرد در طیف گسترده‌ای از محیط‌ها است. تجزیه AMMI و BLUP ابزارهای مهمی برای به دست آوردن درک درستی از عوامل دخیل در پدیدآوری برهمکنش ژنوتیپ در محیط هستند. از این رو، نخست پایداری ژنوتیپ‌ها با شاخص‌های مختلف AMMI سنجیده شده و سپس با ابزارهای گرافیکی مختلف و تلفیق روش‌های AMMI و BLUP، ژنوتیپ‌های با پایداری عملکرد شناسایی شدند.

شناختن شاخص‌های پایداری AMMI و شاخص انتخاب هم‌زمان^۲

از شاخص‌های مختلف AMMI، همچون ASV برای کمی‌سازی و طبقه‌بندی ژنوتیپ‌ها، بر اساس پایداری عملکرد دانه آن‌ها، استفاده شد. بر اساس شاخص پایداری ASV، ژنوتیپ‌های ۱۳، ۱۶، ۱۱، ۴ و ۶ با نمره‌های پایین، پایدارترین ژنوتیپ‌ها

ژنوتیپ‌های مطلوب از نامطلوب به شکل صحیح‌تری انجام خواهد شد. واریانس پایین برهمکنش ژنوتیپ در محیط نسبت به واریانس محیطی مبین تأثیرگذاری کم این اثر بر بیان فنوتیپی عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های مختلف نخود بود که سبب ایجاد نوسان کمتر عملکرد دانه از محیطی به محیط دیگر شد. پژوهشگران دیگری نیز برهمکنش معنی‌دار ژنوتیپ در محیط را بر عملکرد دلنه نخود با تجزیه واریانس به روش کمترین مربعات گزارش کرده‌اند (Sellami et al., 2021; Rubiales et al., 2021; Jorben et al., 2022).

با توجه به استوار بودن بسیاری از تلاش‌ها در گام‌های نهایی برنامه‌های به‌نژادی در آزمایش‌های چند محیطی، دقت پیش‌بینی، برای گزینش درست ژنوتیپ‌ها، توصیه ژنوتیپ‌ها و شناسایی محیط‌های کلان^۱ بسیار مهم است (Olivoto et al., 2019 a). میزان وراثت پذیری عمومی برای عملکرد دانه در این تحقیق ۰/۱۵۴ بود. ضریب تبیین برهمکنش ژنوتیپ در محیط و میزان وراثت پذیری بر میانگین به ترتیب برابر با ۰/۳۱۲ و ۰/۸۱۵ درصد بود. دقت گزینش ژنوتیپ و همبستگی بین ارزش‌های ژنوتیپی در سراسر محیط‌ها نیز به ترتیب ۰/۹۰۲ و ۰/۳۶۹ بود. دقت گزینش همبستگی بین مقادیر مشاهده شده و پیش‌بینی شده را نشان می‌دهد (Olivoto et al., 2019 b). دقت گزینش بالای صفات نشان‌دهنده پایایی مدل در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بود. همبستگی ژنوتیپی بین محیط‌ها پایین بود. همبستگی پایین نشان‌دهنده مشکلاتی در انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه پایدار برتر بود. در این راستا نیاز به اطلاعات و جزئیات دقیق‌تری برای گزینش ژنوتیپ‌های برتر می‌باشد (Koundinya et al., 2021). برآورد وراثت‌پذیری نقش مهمی را در پیشرفت برنامه‌های به‌نژادی در جهت شناسایی و توصیه ژنوتیپ‌ها ایفا می‌کند (Olivoto et al., 2019 b). در واقع وراثت‌پذیری یک مفهوم آماری است که درجه تنوع در یک صفت فنوتیپی را که ناشی از تنوع ژنتیکی بین افراد است را برآورد می‌کند. اگر وراثت‌پذیری صفتی کمتر از ۰/۲ باشد نشان‌دهنده وراثت‌پذیری پایین، اگر بین ۰/۲ تا ۰/۵ باشد دارای وراثت‌پذیری متوسط و اگر بیش از ۰/۵ باشد از وراثت‌پذیری بالایی برخوردار است.

ضریب تغییرات ژنوتیپی، ضریب تغییرات باقیمانده و

^۲ - Simultaneous selection index, SSI

^۱ - Mega- environment

بودند. شاخص انتخاب همزمان (SSIASV) بر اساس ASV، ژنوتیپ‌های ۶، ۱۶، ۲، ۵ و ۱۱ را ژنوتیپ‌های برتر از نظر پایداری و عملکرد دانه شناسایی کرد. بر اساس شاخص SIPC، ژنوتیپ‌های ۱۳، ۱۱، ۶، ۱۶ و ۴ پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. انتخاب همزمان ژنوتیپ‌ها بر اساس این شاخص و عملکرد دانه، ژنوتیپ‌های ۶، ۲، ۱۱، ۵ و ۱۶ به عنوان ژنوتیپ‌های برتر شناسایی کرد. ژنوتیپ‌های ۱۳، ۱۱، ۶ و ۴ از نظر شاخص EV و ژنوتیپ‌های ۱۳، ۱۶، ۴، ۱۱ و ۶ از نظر شاخص ZA پایدار بودند، حال آنکه انتخاب همزمان این شاخص‌ها و عملکرد دانه برای SSIEV، ژنوتیپ‌های ۶، ۲، ۵، ۱۱، ۱۸ و ۱۶ برای SSIZA، ژنوتیپ‌های ۶، ۲، ۱۶، ۵، ۱۱ و ۱۸ را برترین ژنوتیپ‌ها شناسایی کرد (جدول ۵). از ASV به عنوان یک شاخص مفید برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار نخود استفاده شده است (Zali et al., 2009; Pouresmael et al., 2018; Pezeshkpour et al., 2021; Fikre et al., 2018). آماره‌های SSI که ترکیبی از دو معیار پایداری و عملکرد یک ژنوتیپ در یک شاخص واحد است، مشکلات و محدودیت‌های مربوط به انتخاب ژنوتیپ بر اساس تنها شاخص پایداری را کاهش می‌دهد و استفاده از این شاخص‌ها وابسته به این واقعیت است که پایدارترین ژنوتیپ‌ها، همواره بالاترین عملکرد را ندارند (Farshadfar, 2008). با در نظر گرفتن این موضوع که اگر درصد دو مؤلفه اصلی اول بیش از ۵۰ درصد از کل تغییرات ژنوتیپ در محیط را توجیه کند، بای‌پلات می‌تواند ابزار مناسبی برای ارزیابی برهمکنش ژنوتیپ × محیط باشد (Crossa, 1990)، اما در این تحقیق با آنکه دو مؤلفه اصلی اول ۶۵/۶۹ درصد از برهمکنش ژنوتیپ × محیط را توجیه کردند، اما دیده می‌شود که گزینش ژنوتیپ‌ها فقط بر پایه این دو مؤلفه و صرف نظر از سایر مؤلفه‌ها و همچنین عملکرد دانه می‌تواند به نتیجه‌گیری نادرستی منجر شود. برای نمونه ژنوتیپ ۴ که در هر چهار شاخص AMMI پایدار بود، زمانی که از SSI برای هر یک از شاخص‌ها استفاده شد، یکی از ژنوتیپ‌های منتخب شناخته نشد. در مقابل، ژنوتیپ ۲ که بر اساس پارامترهای AMMI پایدار نبود، به عنوان ژنوتیپ برتر با توجه به شاخص‌های SSI آن‌ها شناخته شد. در این راستا اظهار شده است که زمانی که توجیه الگوی برهمکنش ژنوتیپ در محیط با دو مؤلفه اصلی اول کم تا متوسط باشد (برای نمونه در محاسبه

شاخص ASV)، لازم است در تفسیر نتایج احتیاط شود. با افزایش برهمکنش ژنوتیپ در محیط، الگوی برهمکنش ژنوتیپ در محیط در تعداد بیشتری از محورهای باقی می‌ماند، به طوری که حتی مؤلفه‌های اصلی آخر نیز سهمی در این برهمکنش‌ها دارند (Olivoto et al., 2019 a). بنابراین در ادامه برای تجزیه پایداری داده‌ها از مدل‌هایی استفاده شد که در آن‌ها تمام مؤلفه‌ها در ارزیابی‌ها نقش داشتند. در بای‌پلات نوع اول AMMI (عملکرد دانه در برابر مؤلفه اصلی اول) که تعدادی از پژوهشگران از آن برای تجزیه پایداری در نخود استفاده کرده‌اند (Pezeshkpour et al., 2021; Karimizadeh et al., 2022) در محور افقی، عملکرد دانه به عنوان نمود یا بیان فنوتیپی یک ژنوتیپ و در محور عمودی، اولین مؤلفه اصلی برای برهمکنش ژنوتیپ در محیط قرار داده می‌شوند و بر پایه مقادیر بزرگی (مثبت یا منفی) و کوچکی (نزدیک به صفر و مبدأ مختصات) اولین مؤلفه اصلی، به ترتیب ژنوتیپ‌ها یا محیط‌ها دارای برهمکنش بالا و یا پایین در نظر گرفته می‌شوند، اما با توجه به نتایج نمودار موزائیکی (شکل ۲-ب) که در نخستین محور مؤلفه اصلی آن، مجموع مربعات ژنوتیپ در محیط سهم بالایی از تنوع کل را داشت، به نظر می‌رسد که ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها با این محور مؤلفه اصلی می‌تواند همراه با چالش باشد و چندان نمی‌توان به نتایج آن اطمینان داشت. با این وجود، برای مقایسه نتایج نمودارهای بعدی با این نمودار، به چگونگی قرار گرفتن ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها در این نمودار اشاره شده است. بر این اساس، ژنوتیپ‌های ۱۶، ۱۱، ۱۳، ۴ و ۶ نزدیکترین ژنوتیپ‌ها به مبدأ بای‌پلات بودند. البته بیشتر ژنوتیپ‌ها در اطراف محور عمودی پراکنده بودند و کمترین فاصله را از این محور داشتند. اگر بنابر تصمیم‌گیری درباره پایداری ژنوتیپ‌ها بر پایه نخستین محور مؤلفه اصلی می‌بود، ژنوتیپ‌های ۱۵، ۱۲، ۱۸، ۲، ۱۴ و ۱۰ (با علامت مثبت) و ژنوتیپ‌های ۷، ۸، ۱۷ و ۹ (با علامت مثبت) را باید ناپایدار و ژنوتیپ‌های ۱۱، ۴، ۱۳ و ۶ پایدار در نظر گرفته می‌شوند (شکل ۵-الف). که البته در بخش‌های بعدی و با تجزیه‌های بیشتر، نادرستی بخش‌هایی از این نتایج نشان داده شده است. به نظر می‌رسد که ارزیابی ژنوتیپ‌ها با بای‌پلات نوع دوم (AMMI₂)، که در پایداری عملکرد ژنوتیپ‌ها بر پایه جایگاه آن‌ها در محورهای مختصات برآمده از دو مؤلفه اصلی اول سنجیده می‌شود، با توجه به سهم

دلیل شیب خط بالا، ژنوتیپ‌های ناپایدار بودند. بررسی همزمان این نمودار با شکل ۴ نشان می‌دهد که ژنوتیپ‌های ۱۲ و ۶ و ۱۵ و ۵ با آنکه میانگین مشابهی داشتند (شکل ۴)، اما الگوی خط آن‌ها (شکل ۵-ج) کاملاً متفاوت بود، دلیل این موضوع این است که قدر مطلق نمره مؤلفه اصلی اول ژنوتیپ‌های شماره ۱۲ و ۱۵ به ترتیب ۲۱/۵ و ۲۷/۴ می‌باشد که نسبت به ژنوتیپ‌های ۶ و ۵ با قدر مطلق نمره به ترتیب ۷/۸۲ و ۱۱/۶ بسیار بیشتر بود (شکل ۵-الف) که نشان‌دهنده ناپایداری ژنوتیپ‌های ۱۲ و ۱۵ و پایداری ژنوتیپ‌های ۵ و ۶ است. در ادامه رتبه‌های کاملاً متفاوت این ژنوتیپ‌ها از نظر شاخص پایداری و عملکرد دانه دیده خواهد شد. از مقایسه شکل ۴ با شکل ۵-ج ملاحظه شد که ژنوتیپ‌های ۱۵، ۱۸ و ۱۲ با آنکه بیشترین میانگین را داشتند، اما معادله خط آن‌ها دارای شیب نزولی در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌های پایدار بودند. باید توجه شود که رسم این نمودار بر اساس اولین مؤلفه اصلی است که ۳۴/۳۱ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ در محیط را توجیه می‌کند. از این رو تجزیه‌های تکمیلی بر اساس سایر شاخص‌ها ارائه شده است که در برآورد آن‌ها از امتیازهای تمام مؤلفه‌ها بهره گرفته شده است.

رتبه بندی ژنوتیپ با توجه به وزن دهی شاخص پایداری و متغیر وابسته (عملکرد دانه)

در شکل ۴، شناسایی ژنوتیپ‌ها با مقادیر WAASBY انجام شده است که نوعی معیار گزینش همزمان مبتنی بر میانگین عملکرد دانه و شاخص پایداری (WAASB) است و در محاسبه آن وزن‌های متفاوتی به عملکرد دانه و شاخص WAASB داده شده است.

در این نمودار از وزن دهی برابر ۵۰:۵۰ برای هر دو شاخص عملکرد دانه و شاخص پایداری (WAASB) استفاده شد، که بیانگر نگرش یکسان به پایداری و عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها و اهمیت یکسان هر دو شاخص در گزینش یک ژنوتیپ است.

بای پلات نوع سوم (عملکرد دانه در برابر میانگین وزنی نمرات مطلق یا (WAASB)، به چهار بخش یا چارک تقسیم شد (شکل ۵-د) که در آن ژنوتیپ‌ها از نظر پایداری با شاخص WAASB و میانگین عملکرد دانه به طور همزمان ارزیابی

بالای این دو مؤلفه در برهمکنش ژنوتیپ در محیط (۶۵/۶۹ درصد)، نسبت به بای پلات نوع اول به واقعیت نزدیک‌تر باشد. ژنوتیپ‌های ۱۶، ۶، ۷، ۹ و ۲ با بیشترین فاصله از مبدأ بای پلات، سهم بالایی در برهمکنش ژنوتیپ در محیط داشتند و از نظر عملکرد دانه ناپایدار بودند، اما این ژنوتیپ‌ها بهترین یا ضعیف‌ترین در برخی یا تمام محیط‌ها و دارای سازگاری به برخی از محیط‌ها بودند، به طوری که در هر بخش بهترین ژنوتیپ، ژنوتیپ قرار گرفته در رأس آن بخش برای محیط‌های واقع در آن است (Yan et al., 2000). در هر کدام از بخش‌های این نمودار چند ضلعی، ژنوتیپ‌های سازگار با برخی از محیط‌ها قابل شناسایی است، برای نمونه، ژنوتیپ‌های ۱۶ و ۱۲ برای محیط ۵ مناسب بودند، بنابراین ژنوتیپ‌های ۱۸، ۱۲، ۶ و ۱۵ علاوه بر عملکرد بالا (با بیشترین مقادیر در PC₁) از پایداری بالایی (با کمترین مقادیر در PC₂) نیز برخوردار بودند و می‌توانند به عنوان ژنوتیپ‌های بهینه در نظر گرفته شوند. مشابه این تحقیق، پژوهشگران دیگری نیز با استفاده از روش بای پلات نوع دوم، ژنوتیپ‌های پایدار خود را شناسایی کرده‌اند (Houasli et al., 2021; Sabaghpour et al., 2012; Funga et al., 2017; Mohammed et al., 2022). شکل دیگر بای پلات چند ضلعی یا "کدام-برنده-کجا"^۱، نمودار عملکرد اسمی^۲ است (Olivoto et al., 2019b). که محور X و Y آن به ترتیب، مربوط به امتیاز اولین مؤلفه اصلی محیط و عملکرد ژنوتیپ‌ها است (شکل ۵-ج). در این نمودار، برای هر کدام از ژنوتیپ‌ها یک خط با معادله $Y=a+bx$ نوشته می‌شود که در آن X، نمره محور مؤلفه اصلی اول (IPCA₁) محیطی؛ a، میانگین کل هر ژنوتیپ و b، اولین مؤلفه اصلی هر ژنوتیپ است (Olivoto et al., 2019b).

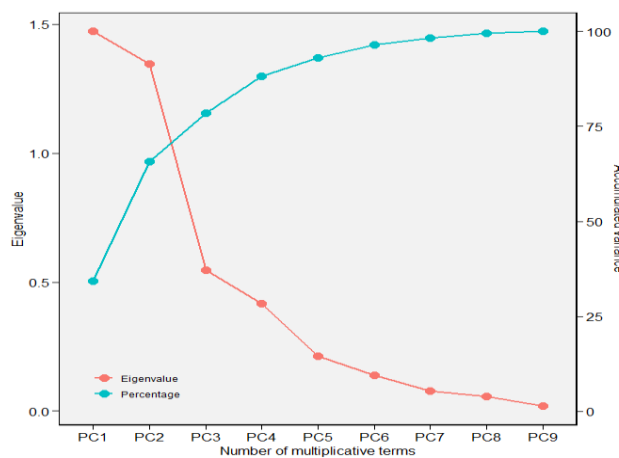
ژنوتیپ‌های ۱۳، ۱۷، ۱۱ و ۴ با توجه به کمترین امتیاز مؤلفه اصلی اول (ضرایب b یا شیب خط)، سهم ناچیزی در برهمکنش ژنوتیپ در محیط داشته و از پایداری بیشتری برخوردار بودند. حال آنکه ژنوتیپ‌های دیگر در محیط‌های مختلف عملکرد متفاوتی داشته و ناپایدار بودند. ژنوتیپ‌های ۵ و ۱۵ که در برخی از محیط‌ها و بر اساس گزینش همزمان مبتنی بر مقادیر برآورد شده از میانگین وزنی پایداری (WAASB) و میانگین عملکرد دارای عملکرد دانه بالایی بودند (شکل ۴)، به

² - Nominal yield

¹ - Which-won-where

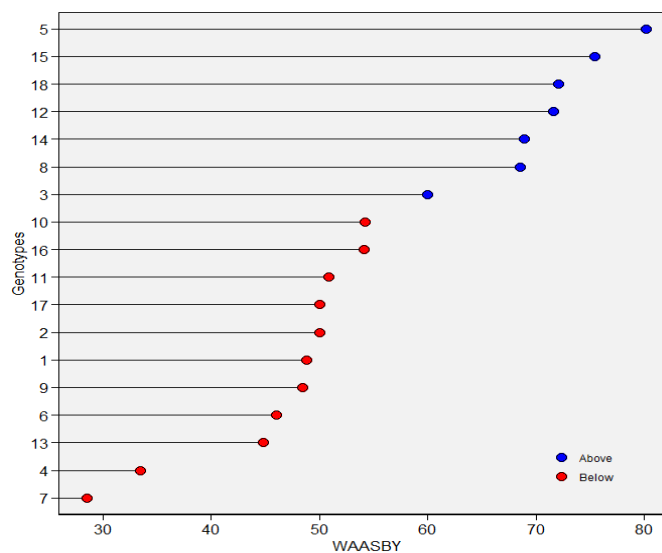
ناحیه (به ویژه محیط ۶) به دلیل داشتن مقادیر بالای متغیر پاسخ و همچنین توانایی تشخیص خوب می‌تواند به صورت ویژه مورد توجه واقع شود. ژنوتیپ‌های ۱۳، ۱۱، ۴، ۱، ۳، و ۸ در چارک سوم (ربع III)، با آنکه عملکرد کمتر از میانگین کل داشتند، اما به دلیل پایین بودن مقادیر WAASB (هر قدر این شاخص پایین تر باشد، عملکرد ژنوتیپ پایدار تر خواهد بود)، دارای عملکرد پایدار شناخته شدند که در بای پلات نوع دوم نیز پایدار بودند. محیط‌های این ناحیه، محیط‌های با قابلیت تشخیص پایین و دارای عملکرد پایین بودند (شکل ۱ الف و ب)

می‌شوند. در چارک اول (ربع I)، ژنوتیپ‌های ۱۷ و ۷ با توجه به سهم زیاد در برهمکنش ژنوتیپ در محیط، ژنوتیپ‌های ناپایدار و دارای عملکرد کمتر از متوسط کل بودند (Olivoto *et al.*, 2019 b). بنابراین این ژنوتیپ‌ها علاوه بر ناپایداری بالا، با توجه به اینکه در این چارک هیچ محیطی قرار نداشت، به محیط‌های ویژه‌ای نیز سازگار نیستند و ژنوتیپ‌های مطلوبی محسوب نمی‌شوند. در چارک دوم (ربع II)، ژنوتیپ‌های ۱۰، ۱۵، ۱۲، ۱۴ و ۱۸ با وجود داشتن عملکرد بالاتر از میانگین کل، به دلیل مقدار بالای WAASB، ناپایدار هستند. محیط‌های واقع در این



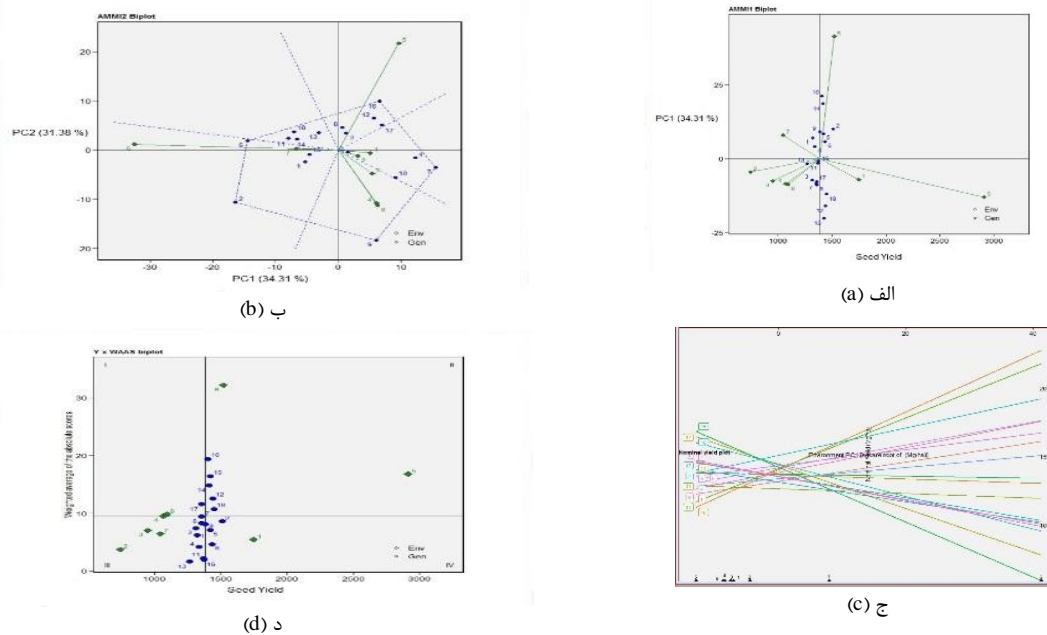
شکل ۳- مقادیر ویژه ماتریس BLUP-GEI عملکرد دانه ژنوتیپ‌های نخود در آزمایش‌های چند محیطی

Figure 3 - Eigenvalues of the BLUP-GEI matrix of seed yield of chickpea genotypes in multi environment yield trial



شکل ۴- مقادیر برآورد شده از میانگین وزنی پایداری (WAASB) و میانگین عملکرد (Y)(WAASBY) برای ۱۸ ژنوتیپ نخود با توجه به وزن در نظر گرفته شده ۵۰:۵۰ برای عملکرد و پایداری

Figure 4 - Estimated values of weighted average of the stability (WAASB) and mean performance (Y)(WAASBY) for 18 chickpea Genotypes considering the weights of 50 and 50 for yielding and stability, respectively



شکل ۵- دیاگرام‌های ارزیابی عملکرد دانه ژنوتیپ‌های نخود در هشت محیط. بای پلات $AMMI_1$ (الف)، بای پلات $AMMI_2$ (ب)، نمودار عملکرد اسمی در برابر اولین محور مؤلفه اصلی محیطی برهمکنش $(IPCA_1)$ (ج) و بای پلات عملکرد دانه در مقابل میانگین وزنی نمرات مطلق برای بهترین پیش‌بینی‌های ناریب خطی از برهمکنش ژنوتیپ‌ها با محیط (WAASB) (د).

Figure 5- Diagrams for analysis the grain yield of chickpea genotypes evaluated in eight environments. $AMMI_1$ biplot (a), $AMMI_2$ biplot (b), Nomina; seed yield vs the first environmental interaction principal component axis ($IPCA_1$) plot (c) and biplot of the seed yield vs weighted average of absolute scores for the best linear unbiased predictions of the genotypes- environment interaction (WAASB) (d).

بهره‌گیری از همه محورهای مؤلفه‌های اصلی در محاسبه آن است که از آن بخشی از برهمکنش ژنوتیپ در محیط که در مؤلفه‌های اصلی اول و دوم بروز پیدا نکرده است را نیز در رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها به کار می‌برد (Olivoto *et al.*, 2019 a). بعلاوه در رسم این نمودار بای پلات (شکل ۵-د) رویکرد مدل مختلط به کار برده می‌شود که امکان تخمین پارامترهای مهم در ژنتیک کمی همچون واریانس‌های ژنوتیپی، برهمکنش ژنوتیپ \times محیط، وراثت پذیری عمومی، وراثت پذیری بر اساس میانگین و همبستگی‌های ژنتیکی واریانس را هم فراهم می‌کند (Olivoto *et al.*, 2019 b). در شکل ۶ رتبه‌های ژنوتیپ‌ها بسته به وزن‌های داده شده به هر کدام از دو شاخص متغیر وابسته (GY) و پایداری (WAASB) نشان داده شده است. در مستطیل سیاه رنگ، شناسایی ژنوتیپ‌ها با معیار گزینش همزمان بر اساس میانگین عملکرد دانه (GY) و شاخص پایداری (WAASB)، یعنی مقادیر WAASBY انجام شده است که در آن وزن دهی ۵۰:۵۰ برای هر دو شاخص عملکرد دانه و WAASB استفاده شد که بیانگر اهمیت یکسان ژنوتیپ‌ها

ژنوتیپ‌های واقع در چارک چهارم (ربع IV) به دلیل بزرگی متغیر پاسخ (دارا بودن عملکرد بالا) و پایداری عملکرد بالا (مقادیر پایین WAASB)، بسیار پر محصول و دارای پایداری عملکرد بیشتری هستند که شامل ژنوتیپ‌های ۲، ۵، و ۶ بودند. در شکل ۵-ج، ژنوتیپ ۲ در مقایسه با ژنوتیپ‌های ۵ و ۶ دارای شیب خط رو به بالا بود و از پایداری عملکرد کمتری برخوردار بود، حال آنکه بر پایه شاخص WAASB پایدار بودند. با توجه به اینکه در محاسبه شاخص WAASB، کلیه مؤلفه‌های اصلی به کار گرفته شدند، پایداری عملکرد را به شکل بهتری نشان می‌دهند و ژنوتیپ‌های برگزیده با این شاخص از پایداری مطمئن‌تری برخوردار هستند. بای پلات $WAASB \times GY$ (شکل ۵-د) که تفسیر همزمان پایداری و عملکرد را انجام می‌دهد، می‌تواند برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار برای همه محیط‌ها به کار رود، حال آنکه نمودارهای بای پلات $AMMI_1$ (شکل ۵-الف) و $AMMI_2$ (شکل ۵-ب) برای شناسایی ژنوتیپ‌های سازگار برای محیط‌های ویژه کاربرد بیشتری دارد. مهم‌ترین مزیت این بای پلات نسبت به دو بای پلات $AMMI$ ،

رتبه بندی ژنوتیپ‌ها فقط بر اساس عملکرد دانه (با وزن ۱۰۰ درصد) انجام گرفت. بر این اساس ژنوتیپ‌های ۲، ۶، ۱۸، ۱۲، ۱۵ و ۵ بالاترین عملکرد دانه و ژنوتیپ‌های ۱۳، ۳، ۱، ۴، ۱۷ و ۷ کمترین میزان عملکرد دانه را داشتند. خوشه‌های سمت چپ این نمودار، برای شناسایی گروه‌های ژنوتیپی با نمود مشابه پایداری عملکرد و میانگین عملکرد دانه به کار برده می‌شود. ژنوتیپ‌های ۱، ۳، ۸، و ۱۳ ضعیف از نظر عملکرد و پایدار (سبز رنگ)، ژنوتیپ ۲ پر محصول اما ناپایدار (قرمز رنگ)، ژنوتیپ‌های ۴، ۶، ۷، ۹، ۱۰، ۱۱، ۱۶ و ۱۷ ناپایدار و کم محصول (رنگ آبی)، و ژنوتیپ‌های ۵، ۱۲، ۱۴، ۱۵ و ۱۸ بسیار پر محصول و پایدار (مشکی رنگ) از نظر عملکرد دانه بودند، که بر اساس وزن ۵۰:۵۰ برای دو شاخص نیز در رتبه‌های اول تا چهارم گزینش همزمان با پایداری عملکرد و عملکرد دانه (WAASBY) قرار داشتند. برای افزایش کارایی انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایداری عملکرد از شاخص انتخاب همزمان استفاده شد (شکل ۶)، که حاصل جمع رتبه ژنوتیپ‌ها در هر کدام از شاخص‌های AMMI (در اینجا شامل ASV، SIPC، EV و ZA) و رتبه ژنوتیپ از نظر متغیر پاسخ (عملکرد دانه) است و مقادیر پایین‌تر مطلوب است (Bocianowski et al., 2019). با وجود آسان بودن تفسیر پایداری و میانگین عملکرد دانه با این شاخص‌ها، وجود ابهام‌هایی در آن می‌تواند به درک نادرست در انتخاب یا توصیه یک ژنوتیپ نخود بینجامد. برای مثال، مقدار مشخص SSIEV برای دو ژنوتیپ ۱۱ و ۱۸ برابر با ۱۴ بود، حال آنکه این عدد از جمع ۳+۱۱ برای ژنوتیپ ۱۱ و ۱۲+۲ برای ژنوتیپ ۱۸ حاصل شده است. با توجه به اینکه در ژنوتیپ ۱۸، رتبه عملکرد دانه (۲) بهتر است و در ژنوتیپ ۱۱، رتبه پایداری عملکرد دانه (۳) بهتر است، با استفاده از این شاخص انتخاب همزمان (SSIEV) ژنوتیپ‌هایی با الگوهای متفاوت برای آزمایش‌های چند محیطی، مشابه در نظر گرفته شده‌اند. باید در نظر داشت که توصیه یک ژنوتیپ با پایداری عملکرد دانه، اما با عملکرد پایین (مانند ژنوتیپ ۱۳) با توصیف ژنوتیپی که در یک محیط عملکرد خوبی دارد، اما در سایر موارد دارای عملکرد پایینی است (یعنی یک ژنوتیپ ناپایدار، مانند ژنوتیپ ۷) کاملاً متفاوت است و در حالت دوم، توصیه ژنوتیپ برای محیط‌های خاص باید بررسی شود (Olivoto et al., 2019 b). حال آنکه شاخص SSI، هر دو ژنوتیپ را دارای ارزش یکسان

از نظر پایداری و عملکرد دانه است، یعنی در گزینش یک ژنوتیپ این دو شاخص هر دو به یک اندازه اهمیت داده شده‌اند. بر این اساس، ژنوتیپ‌های ۵، ۱۲، ۱۴، ۱۵ و ۱۸ با داشتن بیشترین مقدار WAASBY بر اساس وزن دهی ۵۰:۵۰ (شکل ۶)، ژنوتیپ‌های پایدار بودند. در شکل ۵ - د، این ژنوتیپ‌ها در چارک‌های دوم (۱۲، ۱۴ و ۱۵، با عملکرد دانه بالا، اما ناپایدار)، سوم (۸ با عملکرد کمتر از میانگین کل، اما ناپایدار) و چهارم (۵ پر محصول و پایدار) قرار داشتند، بنابراین به نظر می‌رسد بسته به وزن دو شاخص پایداری و میانگین عملکرد، می‌توان با مقایسه این دو نمودار به یک ارزیابی فراگیر از پایداری ژنوتیپ‌ها دست یافت. با توجه به اینکه امتیازهای برخی از ژنوتیپ‌ها (مانند ۱۲ و ۱۵) در دو مؤلفه اصلی اول، پایین بود، گزینش یا حذف این ژنوتیپ‌ها بر اساس آماره‌های مبتنی بر دو مؤلفه اصلی اول یا نمودارهای بای‌پلات مربوطه ممکن است به نتایج اشتباهی بینجامد، شاخص WAASB مبتنی بر ماتریس BLUP قابل توصیه است و نتایج بدست آمده از آن قابلیت اعتماد بیشتری دارد. در صورت سهم پایین دو مؤلفه اصلی اول در برهمکنش ژنوتیپ در محیط، باید تفسیر نتایج با شاخص ASV با احتیاط انجام شود، زیرا تنها بخش ساده برهمکنش ژنوتیپ × محیط را می‌توان در اولین مؤلفه اصلی نشان داد و ممکن است بخش پیچیده برهمکنش ژنوتیپ در محیط در این شاخص و بای‌پلات‌های مربوطه حذف شده باشد (Olivoto et al., 2019 b). در این شرایط، برای شناسایی ژنوتیپ‌های پر محصول و پایدار، بای‌پلات WAASB × GY (شکل ۵-د) یا نمودار WAASBY (شکل ۶) می‌تواند مناسب‌تر باشد. در اولین ستون سمت چپ این نمودار (شکل ۴)، رتبه بندی فقط بر اساس شاخص پایداری WAASB انجام شد که در محور X آن، وزن شاخص پایداری (WAASB) و شاخص متغیر وابسته (عملکرد دانه) به ترتیب ۱۰۰ و صفر در نظر گرفته شده است و بر اساس آن پلیدارترین ژنوتیپ‌ها ۳، ۸، ۱۳، ۵ و ۱۵ بودند و ژنوتیپ‌های ۲، ۷، ۶ و ۴ کمترین پایداری را داشتند. روشن است که این رتبه بندی نمی‌تواند درست باشد، زیرا در آن هیچ گونه توجهی به عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها نشده است. در این نمودار از چپ به راست، در هر ستون به وزن متغیر پاسخ (عملکرد دانه) ۵ درصد افزوده و از وزن شاخص پایداری (WAASB)، ۵ درصد کاسته شد، به طوری که در آخرین ستون سمت راست،

پذیرش است که رتبه برای پایداری با ASV یا هر کدام از شاخص‌های AMMI دیگر قابل اعتماد باشد. برای مثال دو مؤلفه اصلی که در محاسبه ASV استفاده شده‌اند، سهم بالایی از برهمکنش ژنوتیپ در محیط را داشته باشند. اگر توجیه الگوی برهمکنش ژنوتیپ در محیط در دو مؤلفه اصلی پایین باشد، رتبه ASV ممکن است گمراه کننده باشد، بنابراین هنگام استفاده از این شاخص باید به این موضوع دقت شود. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس ماتریس همبستگی رتبه بین معیارهای پایداری انجام گرفت (شکل ۷).

فرض می‌کند. رتبه بندی چنین ژنوتیپ‌هایی با شاخص WAASBY با توجه به وزن‌دهی‌های متفاوت می‌تولند مشابه هم نباشد، چنانچه در شکل ۶ دیده می‌شود ژنوتیپ ۱۸ در خوشه چهارم (ژنوتیپ با عملکرد پایدار و پر محصول) و ژنوتیپ ۱۱ در خوشه سوم (ژنوتیپ‌های پایدار اما کم محصول) قرار گرفتند.

آن توجه کرد این است که استفاده از شاخص انتخاب همزمان غیر پارامتری (SSI) برای شناسایی ژنوتیپ‌هایی که میانگین و پایداری عملکرد دلنه بالایی دارند، به شرطی قابل

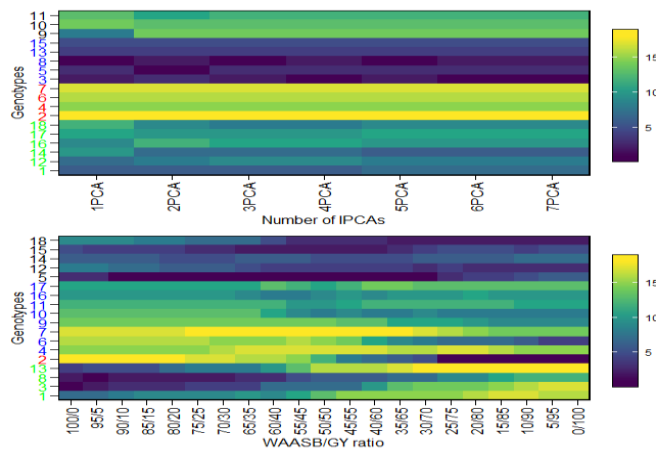
جدول ۴- ارزیابی معنی‌داری فاکتورها در مدل مختلط و برآورد اجزای واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده در ژنوتیپ‌های نخود

Table 4- Evaluation of significance of factors by LRT (χ^2) and estimation of variance components by REML in durum wheat genotypes

آماره Statistics	آزمون نسبت درست‌نمایی Likelihood ratio test	
	ژنوتیپ در محیط (G×E)	ژنوتیپ (G)
کای اسکور χ^2	44.832	19.315
مقدار احتمال p- Value	2.147e-11	1.008e-05
اجزای واریانس Variance components		
پارامترهای برآورد شده به روش درست‌نمایی محدود شده (REML)	برآوردها Estimates (%)	
واریانس ژنوتیپی GEN σ^2 g	2803 (15.45)	
واریانس ژنوتیپ در محیط σ^2 i GEN:ENV	5671 (31.26)	
واریانس باقیمانده σ^2 e Residual	9669 (53.29)	
واریانس فنوتیپی σ^2 P Phenotypic variance	1814	
وراثت پذیری عمومی h ² g Heritability	0.1545	
ضریب تشخیص اثرهای R ² gei GEI _r 2 GEI	0.3126	
وراثت پذیری میانگین ژنوتیپی h ² mg	0.8152	
دقت انتخاب ژنوتیپ As	0.9029	
همبستگی بین مقادیر ژنوتیپی در میان محیط‌ها rge	0.3697	
ضریب تغییرات ژنوتیپی (%) CVg	6.260	
ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده (%) CVe	11.63	
نرخ ضریب تغییرات ژنوتیپی بر ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده CVg/CVe ratio	0.5384	
انحراف معیار ^۱	0.92	
خطای استاندارد ^۲	0.05	

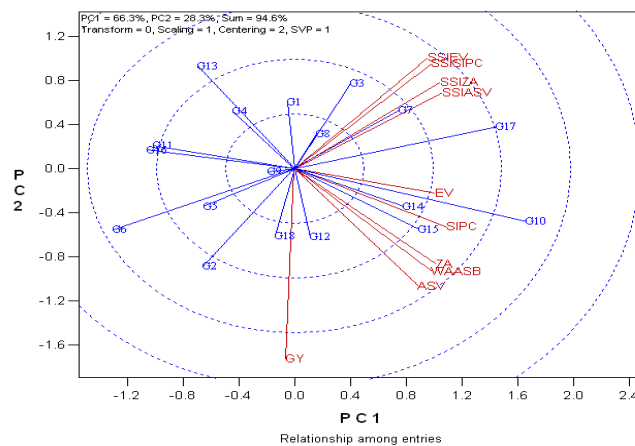
¹ - Standard deviation

² - Standard error



شکل ۶- نقشه حرارتی، رتبه بندی ژنوتیپ بر اساس محورهای مؤلفه اصلی مورد استفاده برای تخمین شاخص WAASB و رتبه‌های ژنوتیپ‌های نخود با در نظر گرفتن وزن‌های مختلف برای پایداری و عملکرد دانه. اولین رتبه سمت چپ، صرفاً بر اساس پایداری بدست آمده است. آخرین رتبه سمت راست نیز با در نظر گرفتن عملکرد دانه بدست آمده است. میان این دو انتها، رتبه‌ها از وزن‌های مختلف پایداری و عملکرد بدست آمده است. چهار خوشه، چهار گروه ژنوتیپی را نشان می‌دهد: (۱) ژنوتیپ‌های ضعیف از نظر عملکرد و ناپایدار (سبز رنگ)، (۲): ژنوتیپ‌های پر محصول اما ناپایدار (قرمز رنگ)، (۳) ژنوتیپ‌های پایدار اما کم محصول (رنگ آبی)، و (۴) ژنوتیپ‌های بسیار پر محصول و پایدار (رنگ مشکی)

Figure 6- Heatmap shows the genotype ranking depending on the number of principal component axes used for estimating the WAASB index. An euclidean distance-based dendrogram is used for grouping the genotype ranking for both genotypes and principal component axes. Ranks of chickpea genotypes considering different weights for stability and yielding. The most-left ranks were obtained considering the stability only. The most right-ranks were obtained considering the grain yield only. Between the extremes, the ranks were obtained different weights for stability and yielding. The four clusters represent four classes of genotypes: (1) Poorly productive and unstable genotypes (green color); (2) productive but unstable genotypes (Red color); (3) stable but poorly productive genotypes (blue color); and (4), highly productive and stable genotypes (black color)



شکل ۷- بای پلات مؤلفه اصلی اول در مقابل مؤلفه اصلی دوم بر اساس میانگین عملکرد دانه و آماره‌های پایداری ۱۸ ژنوتیپ نخود در هشت محیط
Figure 7- Biplot (PC1 vs. PC2) of stability procedures based on the rank correlation matrix with yield in 18 chickpea genotypes in eight environments

از واریانس متغیرهای اصلی را توجیه کردند. بای پلات مؤلفه اصلی اول در مقابل مؤلفه اصلی دوم روابط بین میانگین عملکرد دانه و پارامترهای پایداری را نشان می‌دهد. زاویه بین بردارهایی

نکته دیگری که در هنگام استفاده از این شاخص‌ها باید به بر اساس نتایج حاصله دو مؤلفه اصلی اول ۹۴/۶ درصد (به ترتیب ۶۶/۳ و ۲۸/۳۹ درصد به وسیله مؤلفه اصلی اول و دوم)

دارند ولی با عملکرد دانه همبستگی معنی داری نشان ندادند. گروه سوم شامل ZA، WAASB و ASV هستند که ارتباط و همبستگی مثبتی با میانگین عملکرد دانه داشتند، بنابراین این پارامترها دارای مفهوم دینامیکی (زراعی) پایداری هستند. طول بردار هر پارامتر، انحراف معیار درونی آن را تقریب می‌زند، که این انحراف معیار توانایی تمایز پارامتر را نشان می‌دهد. بررسی بای پلات همبستگی بین پارامترها در مجموع نشان‌دهنده قدرت تمایز بالا در همه پارامترهای مورد آزمایش بود. از میان پارامترهای مورد بررسی، پارامترهای EV و SIPC نسبت به سایر پارامترها قدرت تمایز کمتری نشان داد.

که پارامترهای پایداری را به مرکز بای پلات متصل می‌کند، همبستگی تقریبی بین آن‌ها را نشان می‌دهد. زاویه حاده نشانگر همبستگی مثبت و زاویه منفرجه نشانگر استقلال و همبستگی بسیار ضعیف یا همبستگی منفی بین پارامترهای پایداری است. بر اساس این بای پلات، پارامترهای پایداری مورد مطالعه در چهار گروه تقسیم شدند. گروه اول شامل SSIEV، SSISIPC، SSISIAV و SSIZA بودند. این آماره‌ها رابطه مثبتی با یکدیگر و رابطه منفی با عملکرد دانه داشتند. بنابراین این پارامترها دارای مفهوم ایستا (بیولوژیکی) از پایداری هستند. گروه دوم شامل EV و SIPC هستند که همبستگی مثبتی با همدیگر

جدول ۵- شاخص‌های پایداری، رتبه ژنوتیپ‌ها و شاخص انتخاب همزمان (SSI)، برای ژنوتیپ‌های نخود

Table 5- Stability indices, rank of genotypes and simultaneous selection index (SSI) for chickpea genotypes

Code	Grain yield(kg/ha)	ASV	SIPC	EV	ZA	WAASB	rGY	rASV	rSIPC	rEV	rZA	rWAASB	SSIASV	SSISIPC	SSIEV	SSIZA
G1	1320	23.2	10.6	0.016	0.11	6.22	16	6	6	6	6	6	22	22	22	22
G2	1510	33	14	0.029	0.151	8.61	1	12	9	9	11	11	13	10	10	12
G3	1315	24.8	15.2	0.038	0.136	7.38	17	7	10	11	8	8	24	27	28	25
G4	1338	14.2	8.34	0.011	0.076	4.16	15	4	5	4	4	4	19	20	19	19
G5	1419	27.5	11.3	0.019	0.124	7.1	6	8	7	7	7	7	14	13	13	13
G6	1434	18.9	6.6	0.008	0.079	4.62	4	5	3	2	5	5	9	7	6	9
G7	1355	30.1	21.2	0.082	0.176	9.41	14	11	14	15	12	12	25	28	29	26
G8	1357	29.7	15.2	0.034	0.149	8.29	12	9	11	10	10	10	21	23	22	22
G9	1385	30	13.9	0.028	0.143	8.08	9	10	8	8	9	9	19	17	17	18
G10	1404	70.3	34.9	0.178	0.346	19.4	8	18	18	17	18	18	26	26	25	26
G11	1368	6.66	5.98	0.009	0.043	2.21	11	3	2	3	3	3	14	13	14	14
G12	1439	51.9	17.5	0.058	0.214	12.6	3	15	12	13	14	15	18	15	16	17
G13	1266	5.73	3.05	0.001	0.029	1.62	18	1	1	1	1	1	19	19	19	19
G14	1412	60.7	21.2	0.081	0.254	14.8	7	16	15	14	16	16	23	22	21	23
G15	1424	65.7	24.3	0.099	0.282	16.4	5	17	16	16	17	17	22	21	21	22
G16	1373	6.35	6.61	0.014	0.041	1.96	10	2	4	5	2	2	12	14	15	12
G17	1355	34.8	31.6	0.244	0.228	11.6	13	13	17	18	15	14	26	30	31	28
G18	1448	39.4	18.7	0.051	0.19	10.7	2	14	13	12	13	13	16	15	14	15

نتیجه‌گیری کلی

۱۶، ۱۳، ۱۱، ۴ و ۶، شاخص SIPC، ژنوتیپ‌های ۱۳، ۱۱، ۶، ۱۶ و ۴؛ شاخص EV، ژنوتیپ‌های ۱۳، ۱۱، ۶، ۱۱، ۴ و ۱۶؛ و شاخص ZA، ژنوتیپ‌های ۱۳، ۱۶، ۱۱، ۴ و ۶ پایدار بودند. هنگامی که از شاخص انتخاب همزمان (SSI) برای این شاخص‌ها استفاده شد، بر اساس معیار SSIASV، ژنوتیپ‌های ۱۶، ۱۱، ۲، ۵، ۶، ۱۱ و ۱۶؛ معیار SSISIPC، ژنوتیپ‌های ۱۱، ۲، ۵، ۶، ۱۱ و ۱۶؛ معیار SSIEV، ژنوتیپ‌های ۱۲، ۱۱، ۵، ۲، ۱۱ و ۱۸؛ معیار SSIZA، ژنوتیپ‌های ۱۱، ۱۶، ۲، ۵، ۱۱ و ۱۸ برترین ژنوتیپ‌های نخود بودند. نمودار بای پلات 2 AMMI بر مبنای دو مؤلفه اصلی اول، ژنوتیپ‌های ۱۸، ۱۲، ۶ و ۱۵ را به عنوان

در این پژوهش پس از بدست آوردن اطمینان از اثر معنی‌دار برهمکنش ژنوتیپ در محیط با روش‌های مختلف تجزیه پایداری عملکرد دانه انجام شد و نتایج آن‌ها با یکدیگر سنجیده شد. البته پیش از انجام این تجزیه‌ها با نمودار موزائیکی مشاهده شد که نخستین محور مؤلفه اصلی سهم بالایی از تنوع ژنوتیپی و محور مؤلفه اصلی دوم سهم بالایی از تنوع ژنوتیپ × محیط را داشتند. کارایی نمودار موزائیکی در این است که سهم هر یک از اجزای ژنوتیپ و ژنوتیپ در محیط را در هر کدام از مؤلفه‌ها به صورت چشمی نشان می‌دهد. بر پایه شاخص ASV، ژنوتیپ‌های

بهره‌گیری از تجزیه‌هایی مانند تجزیه عاملی، BLUP و AMMI در شناسایی ژنوتیپ‌های برگزیده کمک کند. با توجه به اینکه از مدل مختلط و همچنین تمام مؤلفه‌ها در محاسبه شاخص WAASBY استفاده شد، به نظر می‌رسد که این شاخص برتر از سایر شاخص‌ها باشد.

سپاسگزاری

این مقاله، برگرفته از نتایج پروژه پژوهشی با شماره مصوب ۰-۵۹-۱۵-۹۳۲۲۰ و شماره فروست ۵۲۵۷۳ می‌باشد و با عنوان " بررسی سازگاری و پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های نخود در آزمایش‌های یکنواخت سراسری مناطق نیمه گرمسیر دیم " در موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور می‌باشد.

ژنوتیپ‌های با عملکرد پایدار شناسایی کردند. با توجه به اینکه در محاسبه بای‌پلات AMMI₂، تمام مؤلفه‌های اصلی سهم نیستند و فقط مؤلفه‌های اصلی اول و دوم با توجیه ۳۴/۳ و ۳۱/۴ درصد از برهمکنش ژنوتیپ در محیط به کار گرفته شده‌اند، از شاخص پایداری ژنوتیپی WAASBY استفاده شد که پتانسیل ارائه برآوردهای قابل اطمینان از پایداری عملکرد را دارد و امکان تفسیر همزمان بر پایه میانگین عملکرد و پایداری عملکرد را در یک نمودار دو بعدی فراهم می‌آورد. بر اساس این شاخص ژنوتیپ‌های ۵، ۱۲، ۱۴، ۱۵ و ۱۸ بسیار پر محصول و پایدار بودند. در مجموع به نظر می‌رسد که برای یک نتیجه‌گیری با اطمینان بالا، استفاده از نمودار WAASBY با وزن‌دهی متغیر از صفر تا صد برای شاخص WAASB و میانگین عملکرد دانه می‌تواند به نتایج مطمئن تری از تجزیه پایداری با

References

- Azam, M.G., Iqba, M.S., Hossain, M.A. and Hossain, M.F., 2020. Stability investigation and genotype× environment association in chickpea genotypes utilizing AMMI and GGE biplot model. *Genetics and Molecular Research*, 19(3), pp.1-15.
- Baquedano, F.J., Valladares, F. and Castillo, F.J., 2008. Phenotypic plasticity blurs ecotypic divergence in the response of *Quercus coccifera* and *Pinus halepensis* to water stress. *European Journal of Forest Research*, 127, pp.495-506. <https://doi.org/10.1007/s10342-008-0232-8>
- Baxevanos, D., Goulas, C., Rossi, J. and Braojos, E., 2008. Separation of cotton cultivar testing sites based on representativeness and discriminating ability using GGE biplots. *Agronomy Journal*, 100(5), pp.1230-1236. <https://doi.org/10.2134/agronj2007.0363>
- Becker, H.C. and Leon, J., 1988. Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding*, 101, pp.1-23. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.1988.tb00261.x>
- Bocianowski, J., Warzecha, T., Nowosad, K. and Bathelt, R., 2019. Genotype by environment interaction using AMMI model and estimation of additive and epistasis gene effects for 1000-kernel weight in spring barley (*Hordeum vulgare* L.). *Journal of Applied Genetics*, 60(2), pp.127-135. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2008.06.004>
- Branković-Radojčić, D.V., Babić, V., Filipović, M., Srdić, J., Girek, Z., Zivanović, T. and Radojčić, A., 2018. Evaluation of maize grain yield and yield stability by AMMI analysis. *Genetika*, 50(3), pp.1067-1080. <https://doi.org/10.2298/gensr1803067b>
- Britannica, The Editors of Encyclopaedia. "Chickpea." Encyclopaedia Britannica. 2021. Available online: <https://www.britannica.com/plant/chickpea> (accessed on 28 January 2021). <https://doi.org/10.3390/agronomy11050962>

- Cattivelli, L., Crosatti, C., Grossi, M., Faccioli, P., and Stanca, A.M. 1994. Molecular study on cold-and drought resistance in barley. *Genetica Polonica*, 35, 39-45.
- Cooper, M. and DeLacy, I.H., 1994. Relationships among analytical methods used to study genotypic variation and genotype-by-environment interaction in plant breeding multi-environment experiments. *Theoretical and Applied Genetics*, 88(5), pp.561-572. <https://doi.org/10.1007/bf01240919>
- Crossa, J., 1990. Statistical analyses of multilocation trials. *Advances in Agronomy*, 44, pp.55-85. [https://doi.org/10.1016/s0065-2113\(08\)60818-4](https://doi.org/10.1016/s0065-2113(08)60818-4)
- Danyali, S.F., Razavi, F., Segherloo, A.E., Dehghani, H. and Sabaghpour, S.H., 2012. Yield Stability in Chickpea (*Cicer arietinum* L.) and Study Relationship among the univariate and multivariate stability Parameters. *Research in Plant Biology*, 2(3), pp.6-61.
- Dhuria, N. and Babbar, A., 2021. Genotype× Environment (G×E) interaction and stability analysis of diverse elite kabuli chickpea lines for phenological and yield related traits under normal and heat stress environment. *Legume Research-An International Journal*, 44(1), pp.31-35. <https://doi.org/10.18805/lr-4064>
- Ebdon, J.S. and Gauch Jr, H.G., 2002. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials: I. Interpretation of genotype× environment interaction. *Crop Science*, 42(2), pp.489-496. <https://doi.org/10.2135/cropsci2002.4890>
- Eberhart, S.T. and Russell, W.A., 1966. Stability parameters for comparing varieties 1. *Crop Science*, 6(1), pp.36-40. <https://doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x>
- Erdemci, I., 2018. Investigation of genotype× environment interaction in chickpea genotypes using AMMI and GGE biplot analysis. *Turkish Journal of Field Crops*, 23(1), pp.20-26. <https://doi.org/10.17557/tjfc.414846>
- Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C., 1996. Hardy-Weinberg Equilibrium. Introduction to Quantitative Genetics, 4th edition. Addison Wesley Longman, Harlow, Essex, UK, pp.5-18. <https://doi.org/10.1017/s0016672300028573>
- FAO. 2021. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Accessed 30 September , 2019.
- Farshadfar, E., 2008. Incorporation of AMMI stability value and grain yield in a single non-parametric index (GSI) in bread wheat. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 11(14), pp.1791-1796. <https://doi.org/10.3923/pjbs.2008.1791.1796>
- Fikre, A., Funga, A., Korbu, L., Eshete, M., Girma, N., Zewdie, A., Bekele, D., Muhamed, R., Daba, K. and Ojiewo, C.O., 2018. Stability analysis in chickpea genotype sets as tool for breeding germplasm structuring strategy and adaptability scoping. *Ethiopian Journal of Crop Science*, 6(2), pp.19-37.
- Funga, A., Tadesse, M., Eshete, M., Fikre, A., Korbu, L., Girma, N., Bekele, D., Mohamed, R., Bishaw, Z., Rao, G. and Siambi, M., 2017. Genotype by environment interaction on yield stability of desi type chickpea ('*Cicer arietinum*'L.) at major chickpea producing areas of Ethiopia. *Australian Journal of Crop Science*, 11(2), pp.212-219. <https://doi.org/10.21475/ajcs.17.11.02.p297>

- Houasli, C., Sahri, A., Nsarellah, N. and Idrissi, O., 2021. Chickpea (*Cicer arietinum* L.) breeding in Morocco: genetic gain and stability of grain yield and seed size under winter planting conditions. *Euphytica*, 217(8), pp.1-14. <https://doi.org/10.1007/s10681-021-02885-x>
- Hussein, M.A., Bjornstad, A.S. and Aastveit, A.H., 2000. SASG× ESTAB: A SAS program for computing genotype× environment stability statistics. *Agronomy Journal*, 92(3), pp.454-459. <https://doi.org/2134/agronj2000.923454x>
- Iliadis, C., 2001. Evaluation of six chickpea varieties for seed yield under autumn and spring sowing. *The Journal of Agricultural Science*, 137(4), pp.439-444. <https://doi.org/10.1017/s0021859601001502>
- Jorben, J., Rao, A., Bharadwaj, C., Nitesh, S., Tiwari, N., Kumar, T. and Hegde, V., 2022. Multi-trait multi environment analysis for stability in MABC lines of Chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 92(8), pp.1005-1009. <https://doi.org/10.56093/ijas.v92i8.122599>
- José, F. and Cunha Melo, L., 2008. Yield stability and adaptability of common bean lines developed by Embrapa. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 38(2), pp.141-145.
- Kang, M.S., 2020. Genotype-environment interaction and stability analyses: An update. *Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding*, pp.140-161. <https://doi.org/10.1079/9781789240214.0140>
- Karimizadeh, R., Ghogh, H., Hosseinpour, T., Armion, M., Shahbazi Homonlo, K. and Sharifi, P., 2021. Evaluating of the efficiency of AMMI and BLUP models and their integration for identifying high-yielding durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. durum) genotypes adapted to warm rainfed regions of Iran. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 23(1), pp.30-48. [In Persian]. <https://doi.org/20.1001.1.15625540.1400.23.1.3.7>
- 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), pp.160-170. [In Persian]. <https://doi.org/10.52547/jcb.12.36.160>
- Karimizadeh, R., Pezeshkpour, P., Mirzaei, A., Barzali, M., Keshavarzi, K. and Sharifi, P., 2022. Evaluation of Seed Yield Stability of Chickpea Genotypes Using GGE Biplot Method. *Isfahan University of Technology Journal of Crop Production and Processing*, 11(4), pp.81-92. [In Persian]. <https://doi.org/10.47176/jcpp.11.4.21613>
- Katsura, K., Tsujimoto, Y., Oda, M., Matsushima, K.I., Inusah, B., Dogbe, W. and Sakagami, J.I., 2016. Genotype-by-environment interaction analysis of rice (*Oryza* spp.) yield in a floodplain ecosystem in West Africa. *European Journal of Agronomy*, 73, pp.152-159. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2015.11.014>
- Koundinya, A.V.V., Ajeesh, B.R., Hegde, V., Sheela, M.N., Mohan, C. and Asha, K.I., 2021. Genetic parameters, stability and selection of cassava genotypes between rainy and water stress conditions using AMMI, WAAS, BLUP and MTSI. *Scientia Horticulturae*, 281, pp.109949. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2021.109949>
- Krishnamurthy, L., Gaur, P.M., Basu, P.S., Chaturvedi, S.K., Tripathi, S., Vadez, V., Rathore, A., Varshney, R.K. and Gowda, C.L.L., 2011. Large genetic variation for heat tolerance in the reference collection of chickpea (*Cicer arietinum* L.) germplasm. *Plant Genetic Resources*, 9(1), pp.59-69. <https://doi.org/10.1017/s1479262110000407>

- Laffont, J.L., Hanafi, M. and Wright, K., 2007. Numerical and graphical measures to facilitate the interpretation of GGE biplots. *Crop Science*, 47(3), pp.990-996. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.08.0549>
- Mazid, A., Shideed, K., El-Abdullah, M., Zyadeh, G. and Jumaa, M., 2013. Impacts of crop improvement research on farmers livelihoods: The case of winter –sown chickpea in Syria. *Experimental Agriculture*, 49(3), pp.336-351. <https://doi.org/10.1017/s0014479712001342>
- Messina, C.D., Podlich, D., Dong, Z., Samples, M. and Cooper, M., 2011. Yield–trait performance landscapes: from theory to application in breeding maize for drought tolerance. *Journal of Experimental Botany*, 62(3), pp.855-868. <https://doi.org/10.1093/jxb/erq329>
- Mohammed, A., Tefera, M., Kindie, Y., Bisetegn, S., Wudu, E., Asres, F., Assefie, S., Dagnachew, W. and Tefera, A., 2022. Evaluation of desi type chickpea (*Cicer artinum* L.) genotypes for yield and yield components in Eastern Amhara, Ethiopia. *Agricultural Science Digest-A Research Journal*, 42(1), pp.8-13. <https://doi.org/10.18805/ag.d-275>
- Olivoto, T., 2019. Metan: multi environment trials analysis. R package version 1.1. 0 [online]
- Olivoto, T., Lúcio, A.D., da Silva, J.A., Sari, B.G. and Diel, M.I., 2019 b. Mean performance and stability in multi-environment trials II: Selection based on multiple traits. *Agronomy Journal*, 111(6), pp.2961-2969. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0221>
- Olivoto, T., Nardino, M., Meira, D., Meier, C., Follmann, D.N., de Souza, V.Q., Konflanz, V.A. and Baretta, D., 2021. Multi-trait selection for mean performance and stability in maize. *Agronomy Journal*, 113(5), pp.3968-3974. <https://doi.org/10.1002/agj2.20741>
- Olivoto, T.; Lúcio, A.D., da Silva, J.A., Marchioro, V.S., de Souza, V.Q. and Jost, E., 2019 a. Mean performance and stability in multienvironment trials I: Combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*, 111, pp.2949–2960. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220>
- Pezeshkpour, P. and Karimizadeh, R., 2023. Evaluation of the mean performance and stability of chickpea genotypes by integration AMMI and BLUP models and selection based on multi-trait stability index (MTSI). *Journal of Crop Breeding*, 15(46), pp.73-83. [In Persian]. <https://doi.org/10.61186/jcb.15.46.73>
- Pezeshkpour, P., Karimizadeh, R., Mirzaei, A. and Barzali, M., 2021. Analysis of Yield Stability of Chickpea (*Cicer arietinum* L.) Genotypes using AMMI Method. *Journal of Crop Breeding*, 13(38), pp.60-70. [In Persian]. <https://doi.org/10.52547/jcb.13.38.60>
- Pezeshkpour, P., Minapour, A. and Raeisvand, M., 2022. Seed Yield Stability of Autumn Sowing Chickpea Genotypes Using Nonparametric Methods. *Journal of Crop Production*, 14(4), pp.1-20. [In Persian]. <https://doi.org/10.22069/ejcp.2022.18882.2408>
- Piepho, H.P. and Möhring, J., 2007. Computing heritability and selection response from unbalanced plant breeding trials. *Genetics*, 177(3), pp.1881-1888. <https://doi.org/10.1534/genetics.107.074229>
- Pouresmael, M., Kanouni, H., Hajihassani, M., Astraki, H., Mirakhorli, A., Nasrollahi, M. and 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), pp.387-400.

- Purchase, J.L., Hatting, H. and Van Deventer, C.S., 2000. Genotype× environment interaction of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) in South Africa: II. Stability analysis of yield performance. *South African Journal of Plant and Soil*, 17(3), pp.101-107. <https://doi.org/10.1080/02571862.2000.10634878>
- Rashidi, M., Farshadfar, E. and Jowkar, M.M., 2013. AMMI analysis of phenotypic stability in chickpea genotypes over stress and non-stress environments. *International Journal of Agriculture and Crop Sciences*, 5(3), pp.253-260.
- Rodrigues, P.C., Monteiro, A. and Lourenc, V.M., 2016. A robust AMMI model for the analysis of genotype-by-environment data. *Bioinformatics*, 32, pp.58–66. <https://doi.org/10.31742/ijgpb.81.1.9>
- Rubiales, D., Moral, A. and Flores, F., 2022. Performance of Winter-Sown Chickpea Breeding Lines with Contrasting Levels of Resistance to Ascochyta Blight. *Agronomy*, 12(9), pp.2194-2206. <https://doi.org/10.3390/agronomy12092194>.
- Sa'diyah, H. and Hadi, A.F., 2016. AMMI model for yield estimation in multi-environment trials: a comparison to BLUP. *Agriculture and Agricultural Science Procedia*, 9, pp.163-169. <https://doi.org/10.1016/j.aaspro.2016.02.113>
- Sabaghpour, S.H., Razavi, F., Fatemeh Danyali, S., Tobe, D. and Ebadi, A., 2012. Additive main effect and multiplicative interaction analysis for grain yield of chickpea (*Cicer arietinum* L.) in Iran. *International Scholarly Research Notices*, pp.1-6. <https://doi.org/10.5402/2012/639381>
- Sellami, M.H., Lavini, A. and Pulvento, C., 2021. Phenotypic and quality traits of chickpea genotypes under rainfed conditions in south Italy. *Agronomy*, 11(5), pp.962-977. <https://doi.org/10.3390/agronomy11050962>
- Sharifi P., Aminpanah, H., Erfani, R., Mohaddesi, A. and Abbasian, A., 2017. Evaluation of Genotype × Environment Interaction in Rice Based on AMMI model in Iran. *Rice Science*, 24(3), pp.173–180. <https://doi.org/10.1016/j.rsci.2017.02.001>
- Sharifi, P., 2020. Application of Multivariate Analysis Methods in Agricultural Sciences. Rasht branch, Islamic Azad University Press, pp.288. [In Persian].
- Singh, M., Bhardwaj, C., Singh, S., Panatu, S., Chaturvedi, S.K., Rana, J.C., Rizvi, A.H., Kumar, N. and Sarker, A., 2016. Chickpea genetic resources and its utilization in India: Current status and future prospects. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 76(04), pp.515-529. <https://doi.org/10.5958/0975-6906.2016.00070.5>
- Singh, R., Kumar, K., Purayannur, S., Chen, W. and Verma, P.K., 2022. Ascochyta rabiei: A threat to global chickpea production. *Molecular Plant Pathology*, 23(9), pp.1241-1261. <https://doi.org/10.1111/mpp.13235>
- Smirnov, N., 1948. Table for estimating the goodness of fit of empirical distributions. *The Annals of Mathematical Statistics*, 19(2), pp.279-281. <https://doi.org/10.1214/aoms/1177730256>
- Smith, A.B., Cullis, B.R. and Thompson, R., 2005. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. *The Journal of Agricultural Science*, 143(6), pp.449-462. <https://doi.org/10.1017/s0021859605005587>

- Sneller, C.H., Kilgore-norquest, L. and Dombek, D., 1997. Repeatability of yield stability statistics in soybean. *Crop Science*, 7, pp.383–390. <https://doi.org/10.2135/cropsci1997.0011183X003700020013x>
- Tamang, S., Saha, P., Bhattacharya, S. and Das, A., 2022. Unveiling genotype× environment interactions towards identification of stable sources of resistance in chickpea—collar rot pathosystem exploiting GGE biplot technique. *Australasian Plant Pathology*, 51(1), pp.47-58. <https://doi.org/10.1007/s13313-021-00834-9>
- Tekalign, A., Sibiy, J., Derera, J. and Fikre, A., 2017. Analysis of genotype× environment interaction and stability for grain yield and chocolate spot ('Botrytis fabae') disease resistance in faba bean ('*Vicia faba*'). *Australian Journal of Crop Science*, 11(10), pp.1228-1235. <https://doi.org/10.21475/ajcs.17.11.10.pne413>
- Woldemeskel, T.A., Fenta, B.A., Mekonnen, G.A., Endalamaw, H.Z. and Alemu, A.F., 2021. Multi-environment trials data analysis: An efficient biplot analysis approach, pp.1-16. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-1086830/v1>
- Wright, K. and Laffont, J.L., 2018. Package 'gge', [online], pp.36-351.
- Yan, W., Hunt, L.A., Sheng, Q. and Szlavnic, Z., 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science*, 40(3), pp.597-605. <https://doi.org/10.2135/cropsci2000.403597x>
- Zali, H., Farshadfar, E., Sabaghpour, S.H. and Karimizadeh, R., 2012. Evaluation of genotype × environment interaction in chickpea using measures of stability from AMMI model. *Annals of Biological Research*, 3, pp.3126–3136
- Zali, H., Sabaghpour, S.H., Farshadfar, E., Pezeshkpour, P., Safikhani, M., Sarparast, R. and Hashem, A., 2009. Stability analysis of chickpea genotypes using ASV parameter compare to other stability methods. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 40(2), pp.21-29. [In Persian].
- Zobel, R.W., Wright, A.J. and Gauch H.G., 1988. Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*, 80, pp.388-393. <https://doi.org/10.2134/agronj1988.00021962008000030002x>